



UNIVERSIDAD NACIONAL DEL ALTIPLANO
ESCUELA DE POSGRADO
DOCTORADO EN CIENCIAS DE LA COMPUTACIÓN



TESIS

**MODELO DE IDENTIFICACIÓN DE COVID 19 USANDO TÉCNICAS DE
DEEP LEARNING A PARTIR DE IMÁGENES DE RAYOS X DE TORAX DE
LOS PULMONES DE LOS PACIENTES**

**PRESENTADA POR:
FIDEL HUANCO RAMOS**

**PARA OPTAR EL GRADO ACADÉMICO DE:
DOCTOR EN CIENCIAS DE LA COMPUTACIÓN**

PUNO, PERÚ

2023

Reporte de similitud

NOMBRE DEL TRABAJO

MODELO DE IDENTIFICACIÓN DE COVID-19 USANDO TÉCNICAS DE DEEP LEARNING A PARTIR DE IMÁGENES DE RAYOS

AUTOR

FIDEL HUANCO RAMOS

RECUENTO DE PALABRAS

22138 Words

RECUENTO DE CARACTERES

121870 Characters

RECUENTO DE PÁGINAS

93 Pages

TAMAÑO DEL ARCHIVO

1.7MB

FECHA DE ENTREGA

Jan 21, 2024 1:33 PM GMT-5

FECHA DEL INFORME

Jan 21, 2024 1:34 PM GMT-5

● 10% de similitud general

El total combinado de todas las coincidencias, incluidas las fuentes superpuestas, para cada base

- 9% Base de datos de Internet
- Base de datos de Crossref
- 3% Base de datos de trabajos entregados
- 1% Base de datos de publicaciones
- Base de datos de contenido publicado de Crossref

● Excluir del Reporte de Similitud

- Material bibliográfico
- Material citado
- Material citado
- Coincidencia baja (menos de 12 palabras)


Dr. Alejandro Apaza Jarqui



Resumen



UNIVERSIDAD NACIONAL DEL ALTIPLANO

ESCUELA DE POSGRADO

DOCTORADO EN CIENCIAS DE LA COMPUTACIÓN

TESIS

TÍTULO DE LA TESIS

**MODELO DE IDENTIFICACIÓN DE COVID 19 USANDO TÉCNICAS DE
DEEP LEARNING A PARTIR DE IMÁGENES DE RAYOS X DE TORAX DE
LOS PULMONES DE LOS PACIENTES**



PRESENTADA POR:

FIDEL HUANCO RAMOS

PARA OPTAR EL GRADO ACADÉMICO DE:

DOCTOR EN CIENCIAS DE LA COMPUTACIÓN

APROBADA POR EL JURADO SIGUIENTE:

PRESIDENTE


.....
Dr. CONFESOR MILAN VARGAS VALVERDE

PRIMER MIEMBRO


.....
D.Sc. JUAN CARLOS JUAREZ VARGAS

SEGUNDO MIEMBRO


.....
Dr. RAMIRO PEDRO LAURA MURILLO

ASESOR DE TESIS


.....
D.Sc. ALEJANDRO APAZA TARQUI

Puno, 27 de octubre de 2023

ÁREA: Ingeniería de software

TEMA: Modelo de identificación de COVID 19 usando técnicas de deep learning a partir de imágenes de rayos x de tórax de los pulmones de los pacientes

LÍNEA: Desarrollo de aplicaciones



DEDICATORIA

Agradezco a Dios, así como a mis padres Melchor y Casimira, y a mi hermano Percy, por su apoyo constante, sus sabios consejos, los valores que me han inculcado y la motivación que me ha permitido desarrollarme como una persona íntegra. Reconozco la valentía que han demostrado para superar desafíos y, sobre todo, aprecio profundamente el amor incondicional que me han brindado.



AGRADECIMIENTOS

Agradezco a mi alma mater, la Universidad Nacional del Altiplano Puno, y especialmente a la Escuela de Posgrado del Doctorado en Ciencias de la Computación.

Un reconocimiento especial a aquellas personas que contribuyeron en la elaboración de este trabajo:

Quiero expresar mi agradecimiento al Dr. Alejandro Apaza Tarqui, mi asesor, por su valioso respaldo y orientación a lo largo de la realización de este proyecto profesional.

Quiero expresar mi sincero agradecimiento a todos mis amigos que me brindaron su respaldo incondicional durante la elaboración de este proyecto.

Agradezco profundamente a cada uno de ustedes.



| ÍNDICE GENERAL | Pág. |
|-----------------------|-------------|
| DEDICATORIA | i |
| AGRADECIMIENTOS | ii |
| ÍNDICE GENERAL | iii |
| ÍNDICE DE TABLAS | vi |
| ÍNDICE DE FIGURAS | vii |
| ÍNDICE DE ANEXOS | ix |
| RESUMEN | x |
| ABSTRACT | xi |
| INTRODUCCIÓN | 1 |

CAPÍTULO I

REVISIÓN DE LITERATURA

| | |
|--|----|
| 1.1. Marco Teórico | 5 |
| 1.1.1. La enfermedad de Covid – 19 | 5 |
| 1.1.2. Las imágenes de rayos X del tórax en el contexto de situaciones de respuesta ante la pandemia de SARS-CoV-2 | 7 |
| 1.1.3. Observaciones realizadas en las radiografías de tórax en relación con el SARS-CoV-2 | 8 |
| 1.1.4. Deep Learning | 12 |
| 1.1.5. Rede neuronal convolucional | 13 |
| 1.1.6. Arquitectura de red neuronal convolucional | 13 |
| 1.1.7. Métricas de experimentación | 20 |
| 1.2. Antecedentes | 23 |

CAPÍTULO II

PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

| | |
|----------------------------------|----|
| 2.1. Identificación del problema | 34 |
|----------------------------------|----|



| | |
|------------------------------|----|
| 2.2. Enunciados del problema | 34 |
| 2.2.1. Problema General | 34 |
| 2.2.2. Problemas | 35 |
| 2.3. Justificación | 35 |
| 2.4. Objetivos | 35 |
| 2.4.1. Objetivo general | 35 |
| 2.4.2. Objetivos específicos | 35 |
| 2.5. Hipótesis | 36 |
| 2.5.1. Hipótesis general | 36 |

CAPÍTULO III

MATERIALES Y MÉTODOS

| | |
|---|----|
| 3.1. Lugar de estudio | 37 |
| 3.2. Población | 37 |
| 3.3. Muestra | 37 |
| 3.4. Métodos de investigación | 38 |
| 3.5. Descripción detallada de métodos por objetivos específicos | 38 |
| 3.5.1. Descripción de variables analizadas en los objetivos específicos | 38 |
| 3.5.2. Descripción detallada del uso de materiales, equipos, instrumentos, insumos. | 41 |

CAPÍTULO IV

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

| | |
|---|----|
| 4.1. Analizar las imágenes de rayos X pulmonares de pacientes se emplean en el entrenamiento de los algoritmos para diagnóstico COVID -19 | 43 |
| 4.2. Evaluar el desempeño del modelo en el conjunto de prueba, evaluado a través de métricas clave como precisión, sensibilidad y especificidad | 47 |
| 4.3. Comparar el rendimiento del modelo con otros métodos de diagnóstico para asegurar su eficacia y precisión. | 53 |



| | |
|------------------------------|----|
| 4.4. Discusión de resultados | 54 |
| CONCLUSIONES | 55 |
| RECOMENDACIONES | 56 |
| BIBLIOGRAFÍA | 57 |
| ANEXOS | 69 |



ÍNDICE DE TABLAS

| | Pág. |
|---|-------------|
| 1. Matriz de confusión con cuatro categorías (covid, lung_Opacity, Normal y Viral Pneumonia) | 22 |
| 2. Las imágenes infectadas con Covid 19 y no infectados. | 37 |
| 3. Puntuación RALE en radiografías de tórax de pacientes afectados por SARS-CoV-2 y Puntuación RALE en radiografías de tórax en individuos con SARS-CoV-2 | 40 |
| 4. Clase de imágenes de rayos x | 43 |
| 5. Diagnóstico clasificatorio de la infección por SARS-CoV-2 en la radiografía de tórax | 46 |
| 6. Las Métricas de medición del modelo VGG19 | 47 |
| 7. las Métricas de medición del modelo DenseNet169 | 49 |
| 8. Las métricas de medición del modelo ResNet101 | 50 |
| 9. Las Métricas de medición del modelo EfficientNetB0 | 52 |
| 10. Comparación de la matriz de rendimiento de los modelos VGG19, DenseNet169, ResNet101 y EfficientNetB0 | 54 |

ÍNDICE DE FIGURAS

| | Pág. |
|--|-------------|
| 1. Manifestaciones típicas en la radiografía de tórax durante la infección por SARS-CoV-2. A: Opacidad leve y difusa. B: Opacidad alveolar. C: Opacidades alveolo-intersticiales | 10 |
| 2. Los hallazgos típicos y lesiones indicativas por la presencia de SARS COV-2. | 11 |
| 3. La posición y la distribución de los hallazgos en la RxT en el contexto SARS-COV-2. A. | 11 |
| 4. La ubicación principal de varias lesiones causadas por el SARS-CoV-2 es predominantemente periférica y bilateral | 11 |
| 5. Casos con una alta probabilidad de estar infectados por el SARS-CoV-2 | 12 |
| 6. Aprendizaje profundo | 12 |
| 7. Arquitectura del modelo VGG-19 | 14 |
| 8. Modelo de red convolucional DenseNet-169 | 16 |
| 9. Arquitectura de DenseNet-169 | 16 |
| 10. La arquitectura de ResNet | 17 |
| 11. Diagrama de un bloque residual | 18 |
| 12. a) bloque residual ResNet y b) derecha bloque ResNetXt | 19 |
| 13. Arquitectura de EfficientNet-B0 | 20 |
| 14. Imagen de rayos x del tórax de los pulmones afectados por covid | 38 |
| 15. Síntomas clínicos del SARS-CoV-2 en su presentación moderada a severa | 39 |
| 16. Score real. Se determina asignando 1 punto por cada 25% de afectación en cada pulmón | 40 |



| | |
|--|----|
| 17. Diseño del modelo Deep Learning (VGG19, DenseNet169, resNet101 y EfficientNetB0) | 41 |
| 18. Base de datos de imágenes de rayos x de tórax | 44 |
| 19. Radiografías de tórax pulmonar | 45 |
| 20. Matriz de confusión de multiclase de VGG19 | 48 |
| 21. a) Pérdida de entrenamiento y validación y b) precisión de entrenamiento y validación | 48 |
| 22. Matriz de confusión de multiclase de DenseNet169 | 49 |
| 23. Pérdida de entrenamiento y validación y b) precisión de entrenamiento y validación | 50 |
| 24. Matriz de confusión de multiclase de ResNet101 | 51 |
| 25. Pérdida de entrenamiento y validación y b) precisión de entrenamiento y validación | 51 |
| 26. Matriz de confusión de multiclase de EfficientNetB0 | 52 |
| 27. Pérdida de entrenamiento y validación y b) precisión de entrenamiento y validación. | 53 |



ÍNDICE DE ANEXOS

| | Pág. |
|--|-------------|
| 1. Código fuente del programa de entrenamiento del modelo EfficientNetB0 | |
| . | 70 |
| 2. Matriz de consistencia | 80 |

RESUMEN

La pandemia, conocida como COVID-19, ha preocupado al mundo entero desde diciembre de 2019. Hasta la fecha, ha tenido un impacto en los pacientes. En la lucha contra esta enfermedad, que ocasiona la neumonía y provoca síntomas desde tos seca hasta fiebre, se requieren con urgencia herramientas que faciliten a los expertos un diagnóstico eficiente para identificar pacientes infectados con COVID-19. El estudio tiene como objetivo determinar el modelo de proceso diagnóstico del COVID-19 mediante la aplicación de técnicas de deep learning a partir de imágenes de rayos X del tórax de los pulmones de los pacientes. Por medio de la radiografía de tórax se obtienen las 21165 imágenes de pacientes y se seleccionan las infectadas con COVID-19; posteriormente, se lleva a cabo el preprocesamiento y procesamiento, utilizando modelos de redes neuronales convolucionales como VGG19, DenseNet169, ResNet101 y EfficientNetB0. Asimismo, se evalúa y compara el rendimiento de los algoritmos mediante matrices de confusión. Se han codificado utilizando el lenguaje de programación Python. El resultado de desempeño más efectivo entre los cuatro modelos evaluados fue EfficientNetB0, con un 99.130% de exactitud y un 99% de precisión en la implementación del algoritmo.

Palabras clave: Aprendizaje profundo, COVID-19, imágenes de rayos X de tórax, neumonía, redes neuronales convolucionales.

ABSTRACT

The pandemic, known as COVID-19, has been a global concern since December 2019, impacting numerous individuals to date. In the battle against this disease, which induces pneumonia and manifests symptoms ranging from a dry cough to fever, there is an urgent need for tools that can enable experts to efficiently diagnose and identify individuals infected with COVID-19. This study aims to establish a diagnostic process model for COVID-19 by employing deep learning techniques on chest X-ray images of patients' lungs. A dataset of 21,165 chest X-ray images is acquired, and those depicting COVID-19-infected patients are selected. Subsequently, preprocessing and processing steps are conducted using convolutional neural network models, including VGG19, DenseNet169, ResNet101, and EfficientNetB0. Furthermore, the algorithms' performance is assessed and compared utilizing confusion matrices. The implementation is carried out using the Python programming language. Among the four models evaluated, EfficientNetB0 exhibited the most effective performance, achieving an accuracy of 99.130% and a precision of 99%.

Keywords: COVID-19, chest X-ray images, deep learning, pneumonia, convolutional neural networks.



Dr. Mario Silva Dueñas
DOCENTE
UNA-PUNO

INTRODUCCIÓN

El COVID-19 ha afectado a diversos países y para finales de abril alcanzó más de tres millones de casos confirmados (Mujica-Rodríguez et al., 2020). En diciembre de 2019, se detectaron los primeros casos de enfermedad respiratoria causada por un coronavirus emergente, al que se denominó SARS-CoV-2, los primeros meses de 2020 se ha extendido rápidamente por el mundo con características de pandemia (Chérrez-Ojeda et al., 2021). Hacia mediados de septiembre de 2020, la pandemia había afectado a 213 países y se acercaba a los 30 millones de casos, con un millón de fallecidos y, además, el efecto dejado por la enfermedad en los más de 20 millones de personas recuperadas es un tema activo de investigación (Rosete et al., 2020).

El Perú ha sido uno de los países más afectados por este virus, ya que, según el reporte estadístico del Instituto Nacional de Salud y Centro Nacional de Epidemiología, Prevención y Control de Enfermedades (Minsa Perú 2021), hasta el 30 de enero del 2021, se han confirmado 474 199 casos de COVID-19 y 16 237 muertos a nivel nacional, cifras sumamente preocupantes para la comunidad médica dedicada a la ciencia. En este marco, afirma que alrededor del 80 % de las personas que adquirieron el virus superan la enfermedad sin requerir tratamiento hospitalario; por lo cual, solo un 20 % de personas con COVID-19 experimentan un cuadro grave con dificultad para respirar, siendo este grupo conformado por personas de la tercera edad, personas con comorbilidades, como hipertensión, problemas cardíacos o pulmonares, diabetes, cáncer, artrosis, gastritis, entre otros (Martínez Chamorro et al., 2021a). Los pacientes con un riesgo mayor de tener un peor pronóstico al padecer la enfermedad son los pacientes mayores de 60 años, fumadores, con obesidad ($IMC > 30 \text{ kg/m}^2$), hipertensión, enfermedad pulmonar crónica (EPOC, bronquiectasias, fibrosis pulmonar, asma), diabetes, enfermedad cardiovascular crónica (cardiopatía isquémica, insuficiencia cardíaca), accidente cerebrovascular, hepatopatía crónica (cirrosis hepática), enfermedad renal crónica (filtrado glomerular reducido), tumor maligno sólido o neoplasia hematológica activa, inmunosupresión (incluida la farmacológica con esteroides a dosis inmunosupresoras o con agentes biológicos) y embarazadas por el principio de precaución (M. Xie & Chen, 2020). Todos estos pacientes acuden recurrentemente a la farmacia a retirar sus medicamentos, al menos una vez al mes, y en caso de comenzar con sintomatología leve, la farmacia puede ser el primer punto

de consulta(Javier Plaza Zamora, Guillermo Estrada Riobos, Jesús C. Gómez Martínez, Vicente J. Baixauli Fernández, Ana Molinero Crespo, Eduardo Satué de Velasco, Luis Salar Ibáñez, 2020).

En este escenario, las radiografías de tórax de pacientes con COVID-19 han demostrado ser una herramienta alternativa importante para el diagnóstico de COVID19 debido a su alta sensibilidad(D. Wang et al., 2020). La precisión del diagnóstico mediante rayos X depende en gran medida de experiencia radiológica(Bardález-trigoso et al., 2020). Muchos recomiendan en referencia del diagnóstico a través de un sistema que puede ayudar al médico a examinar por medio de las imágenes pulmonares de los pacientes reducirá la carga diagnóstica para el medico(Sethi et al., 2020). Esta enfermedad provoca los principales síntomas son: fiebre, dolor de garganta, dolor muscular, tos seca y dificultad respiratoria aguda(López-Cabrera et al., 2020), hasta complicaciones más graves como la insuficiencia respiratoria y neumonía(Acevedo-flores et al., 2020). La rápida difusión del coronavirus y los graves efectos que provoca en seres humanos hacen imperioso un diagnóstico temprano de la enfermedad(M. Xie & Chen, 2020). Así mismo existen pacientes de tres a más meses tienen complicaciones en los pulmones(Juárez-Hernández, García-Benítez, et al., 2020).

En este sentido las cantidades ingentes de datos en múltiples formatos y fuentes, lo que conocemos como *big data*, y tienen una relación directa con la adquisición de experiencia por parte de las máquinas que se exponen a situaciones o estímulos muy diversos(Avila-Tomás et al., 2020). El aprendizaje automático es una disciplina de la inteligencia artificial que se vale de algoritmos que permiten la identificación de patrones, efectuar predicciones, aprender de los datos y sirve para toma de decisiones, para el caso COVID-19(Márquez Díaz, 2020). Los algoritmos son para una sola enfermedad o huella radiológica pueden tener un valor limitado en la práctica clínica real, ya que la interpretación radiológica requiere la evaluación de diversas enfermedades y anomalías(Corbacho Abelaira et al., 2021).

Deep learning es una disciplina de las Ciencias de la Computación englobada dentro del machine learning o aprendizaje automático(Gallego Mejía, 2022), y además son redes neuronales artificiales, en el que cada capa tiene múltiples neuronas que funcionan de manera similar a las neuronas del cuerpo humano(Amanullah et al., 2020). El desarrollo de aplicaciones de aprendizaje profundo ha sido muy popular en cuanto a tareas de detección de objetos o en tareas de clasificación de imágenes

médicas; por ello, utilizar los beneficios de la toma de decisiones médicas basadas en sistemas asistidos por computadora se está volviendo cada vez más una realidad(Díaz-Escobar et al., 2021). En este escenario aparece la oportunidad de utilizar estas tecnologías como apoyo a las pruebas estándar para reducir la brecha en infraestructura y aliviar el colapso del sistema sanitario(Bardález-trigoso et al., 2020).

Dentro del ámbito de la inteligencia artificial, podríamos comenzar destacando ciertas propiedades esenciales de la inteligencia humana, como la aptitud para enfrentar situaciones novedosas, solucionar problemas, responder preguntas y elaborar planes, entre otras habilidades fundamentales. Por tanto, la diferencia principal entre los ordenadores del futuro y los del pasado es que los primeros serán capaces de aprender y mejorar por sí mismos(Rouhiainen, 2018). En este sentido, se podría considerar a la inteligencia artificial como un dialecto simbólico constituido por cadenas de caracteres que representan conceptos del mundo real(Ponce Cruz, 2010). Por otra parte, con la emergencia de la inteligencia artificial y su uso en el campo de la radiología, en un esfuerzo por realizar un análisis cuantitativo de los estudios de imagen y de tal manera también un diagnóstico de mayor precisión, se han evaluado algoritmos que pueden proveer una estimación automática y objetiva de la severidad de la enfermedad facilitando la interpretación durante la pandemia(Muñoz-Jarillo et al., 2020a).

Una red neuronal artificial es un modelo computacional inspirado en el sistema nervioso del ser humano, es decir, que su funcionamiento y estructura están basados en una neurona biológica, donde se compara la estructura de una neurona artificial con la estructura de una neurona biológica(Belman-López, 2022). La cual consiste en una capa de entrada, una o varias capas ocultas y una capa de salida(Mera-Jiménez & Ochoa-Gómez, 2021). Las redes neuronales se utilizan en su mayor dimensión en los últimos años. En este sentido Keras es una API de redes neuronales escrita en lenguaje Python(Koduru & Zhang, 2021), Se trata de una biblioteca de código abierto que se ejecuta sobre frameworks como Theano y TensorFlow, diseñada para ser modular, rápida y fácil de usar, Keras fue creada por el ingeniero de Google, François Chollet. Ofrece una forma sencilla e intuitiva de crear modelos de Deep Learning(Laporte et al., 2019).En la actualidad, Keras es una de las API de redes neuronales más utilizadas para el desarrollo y las pruebas de redes neuronales(Nandy & Biswas, 2017). Facilita enormemente la creación de capas para las redes neuronales o la configuración de arquitecturas complejas(Ketkar & Moolayil, 2021).



Los coronavirus son virus envueltos de ARN de sentido positivo no segmentados que pertenecen a la familia Corona-viridae y al orden Nido virales, y se distribuyen ampliamente en humanos y otros mamíferos, originando múltiples afecciones que van desde una gripe común hasta la muerte(Palacios-Cruz et al., 2021). Los problemas de la enfermedad, provoca los principales síntomas son: fiebre, dolor de garganta, dolor muscular, tos seca y dificultad respiratoria aguda(López-Cabrera et al., 2020). La rápida difusión del coronavirus y los graves efectos que provoca en seres humanos hacen imperioso un diagnóstico temprano de la enfermedad(M. Xie & Chen, 2020), el problema general es: ¿Cómo beneficia el modelo de diagnóstico mediante la aplicación de técnicas de Deep Learning a partir de imágenes de rayos X de los pulmones de los pacientes? El objetivo principal de este estudio de investigación es determinar un modelo de proceso diagnóstico para COVID-19 utilizando la técnica de Deep Learning. Además, se busca analizar el nivel de precisión y los impactos de investigaciones relacionadas con este tema.

CAPÍTULO I

REVISIÓN DE LITERATURA

1.1. Marco Teórico

1.1.1. La enfermedad de COVID – 19

La pandemia de COVID-19 representa el desafío de supervivencia más crítico registrado, al menos desde la Segunda Guerra Mundial. En diciembre de 2019 los médicos del Hospital Central de Wuhan, la capital de la Provincia de Hubei, en China, luchaban contra una enfermedad desconocida (Villaruel-Ábrego, 2020). Más tarde, el 11 de febrero de 2020, se dio a conocer el nombre de la enfermedad infecciosa causada por el coronavirus, denominándola como COVID-19 (abreviatura de enfermedad por coronavirus 2019) y el 11 de marzo de 2020, fue declarada pandemia por el director general de la OMS, Tedros Adhanom Ghebreyesus y además es importante señalar que este es el primer africano en dirigir este organismo, de nacionalidad etíope, nacido en Asmara, Eritrea (Arévalo, 2021). Los estudios epidemiológicos iniciales mostraron que la enfermedad se expandía rápidamente, que se comportaba más agresivamente en adultos entre los 30 y 79 años, con una letalidad global del 2,3%, además este virus denominado SARS-CoV-2 (Javier Díaz-Castrillón & Toro-Montoya, 2020). La enfermedad es considerada una zoonosis; en la actualidad, se está investigando el origen animal de la misma y así mismo se ha especulado, basándose en la secuenciación genética del virus, en los murciélagos y en el pangolín como origen más probable (Rubio-Pérez et al., 2020). Esta enfermedad contagiosa es causada por el virus SARS-CoV-2; sin embargo, la mayoría de las personas infectadas experimentarán una afección respiratoria leve a moderada y se recuperarán sin necesidad de un tratamiento específico.

Origen

Taxonómicamente hablando, el virus SARS-COV-2 se ubica en la familia Coronaviridae (Z. Wang et al., 2020). Esta familia se subdivide en cuatro géneros:

Alphacoronavirus, Betacoronavirus, Gammacoronavirus y Deltacoronavirus (Pal et al., 2020). Los coronavirus de importancia médica, actualmente conocidos, pertenecen a uno de los dos primeros géneros mencionados (Pal et al., 2020).

Los coronavirus humanos circulan libremente en la población mundial y suelen causar enfermedades respiratorias leves (Pal et al., 2020). Por otro lado, los coronavirus zoonóticos circulan transitoriamente y pueden generar grandes epidemias de enfermedades respiratorias graves (Khaitovich, 2021).

En particular, los betacoronavirus zoonóticos están filogenéticamente relacionados con los coronavirus de murciélagos, los cuales podrían haber sido su fuente para el hombre, ya sea directamente o a través de un agente intermediario (Chan et al., 2020). Es relevante destacar que hasta ahora no se ha determinado quién pudo haber actuado como intermediario para el SARS-CoV-2, ni tampoco se ha establecido si la transmisión ocurrió directamente del murciélago al ser humano.

Síntomas

La mayoría de los pacientes experimenta los síntomas más comunes, como fiebre, tos seca y cansancio, aunque no todos los casos sintomáticos los presentan. Algunos pacientes pueden experimentar síntomas menos habituales, como pérdida del gusto u olfato, congestión nasal, dolor de cabeza, dolor de garganta, dolores musculares o articulares, náuseas, vómitos y diarrea. En los casos graves de COVID-19, se pueden observar síntomas como dificultad respiratoria (disnea), dolor u opresión persistente en el pecho y fiebre alta (por encima de los 38 °C) (OMS., 2021).

Diagnostico

El diagnóstico de la COVID-19 tiene ciertas limitaciones y actualmente se confirma mediante la prueba de reacción en cadena de la polimerasa con transcriptasa reversa en tiempo real (RT-PCR, por sus siglas en inglés). Sin embargo, la obtención de resultados y el aislamiento temprano de los pacientes pueden verse afectados por demoras en la entrega de los resultados y la insuficiencia de equipos de pruebas (Rosa et al., 2020).

Algunos estudios han demostrado una considerable tasa inicial de falsos negativos, incluso en pacientes sintomáticos; algunos de ellos ya presentaban anomalías en la imagen de CT de tórax y luego se volvieron positivos en los resultados de laboratorio (Rosa et al., 2020). Aunque la tomografía computarizada

no puede sustituir a la RT-PCR, se convierte en una herramienta de diagnóstico valiosa para estos pacientes y resulta muy útil para monitorear la evolución de la enfermedad.

Radiografía de tórax

La radiografía de tórax es el examen de diagnóstico por rayos X más comúnmente realizado (Pico et al., 2022a). Los Rayos X (RX) de tórax son las pruebas de imágenes más usadas en pacientes con sospecha o confirmados de COVID-19 debido a su utilidad, disponibilidad y bajo costo, aunque es menos sensible que la TC (Martínez et al., 2021b), al ser de bajo costo están disponibles incluso en áreas rurales. La inspección visual de las imágenes de RX de tórax consume mucho tiempo y puede conducir al error del diagnóstico sobre todo si no se tiene conocimiento previo del virus, por lo que es necesario métodos automatizados que ayuden en un diagnóstico rápido y exacto del COVID-19 (Nayak et al., 2021).

1.1.2. Las imágenes de rayos X del tórax en el contexto de situaciones de respuesta ante la pandemia de SARS-CoV-2

La imagen radiográfica del área torácica (RxT), se encuentra disponible en la mayoría de los centros de salud y representa la primera evaluación de imágenes para la detección de enfermedades pulmonares. En el contexto de la epidemia de coronavirus, que resultó el SARS-COV en 2003, la RxT desempeñó un papel crucial en la evaluación del compromiso pulmonar y en la predicción del riesgo de ventilación mecánica o fallecimiento (Chau et al., 2004). En la actual pandemia por coronavirus tipo 2 del 2019 (SARS-COV-2), el Colegio Americano de Radiología (ACR) recomienda el uso de la RxT en la modalidad portátil (Mayanga-Sausa, Guerra-Tueros, Lira-Villasante, & Pastor-Gutiérrez, 2020a) para pacientes hospitalizados; sin embargo, en los servicios de emergencia de los Estados Unidos se realiza una RxT a todo paciente disneico con /sin infección por SARS-COV-2 (Toussie et al., 2020).

La sensibilidad reportada para la RxT es de 69% (Wong et al., 2020a) y para la TC de 97% (Ai et al., 2020a); sin embargo, la RxT supera los resultados de la prueba serológica para detectar infección SARS-COV-2 aplicadas en primera semana de inicio de los síntomas (pruebas positivas 50%), la cual depende de la variabilidad de producir anticuerpos de cada individuo (OPS & OMS, 2020). Muchos establecimientos de salud prefieren la TC porque tiene mayor capacidad para

detectar alteraciones pulmonares en la fase presintomática y sintomática temprana de COVID-19(Shi et al., 2020).

1.1.3. Observaciones realizadas en las radiografías de tórax en relación con el SARS-CoV-2

En la mayoría de las situaciones, los métodos de imagen no presentan una alta especificidad para identificar la causa de la afección pulmonar; sin embargo, las investigaciones que vinculan las imágenes con la patología han ayudado a establecer pautas que orientan en el proceso diagnóstico.

Hallazgos comunes en el parénquima pulmonar

Los hallazgos más comunes encontrados en RxT se describen según el glosario de términos de la sociedad de Fleischner(Hansell et al., 2008).

- **Opacidad intersticial:** Las pequeñas opacidades lineales, ya sea focalizadas o distribuidas de manera difusa, se originan debido a la ocupación parcial del espacio aéreo. En relación con el incremento del grosor intersticial, este puede surgir a causa de la existencia de líquido, células o fibrosis, así como por el colapso parcial de los alvéolos, el aumento del volumen de los capilares sanguíneos o una combinación de estos elementos(Vargas Romero, 2010) Y se presenta en la Figura 1A. En las imágenes radiográficas del área torácica, estas opacidades son evidentes como regiones de sombra, aunque con una densidad mayor que la del espacio aéreo pulmonar. Durante la afectación por SARS-CoV-2, estas imágenes persisten a lo largo del curso de la enfermedad, siendo más prominentes en la periferia, aunque también pueden extenderse hasta la región hiliar. En las fases iniciales, la distribución es focal y unilateral, para luego volverse bilateral y difusa(Hansell et al., 2008) Y se aprecia en las Figuras 2A, 3 y 4.
- **Opacidad alveolar:** Se origina debido a la ocupación completa de exudado en los alvéolos pulmonares (Hansell et al., 2008). En la imagen radiográfica, las regiones opacas homogéneas, que tienen una densidad superior a las opacidades intersticiales, se observan con contornos poco definidos y difusos. Pueden mostrar broncograma aéreo, como se ilustra en la Figura 1B. En las infecciones por SARS-CoV-2 y otras neumonías virales, la afectación en los alvéolos es multifocal, lo que la distingue de

las neumonías bacterianas que generalmente afectan solo un segmento o lóbulo(Vargas, 2010), (Jacobi et al., 2020), Se aprecia en la Figura 5B.

- **Opacidades intersticioalveolar:** Es una imagen mixta de infiltrado intersticial a la que se agregan opacidades alveolares en los mismos lugares(Hansell et al., 2008), se observa en la Figura 1C; se han descrito en el transcurso de la evolución de la neumonía viral SARS-COV-2 y se correlacionan con enfermedad moderada a grave(Shi et al., 2020), se observa en la Figura 5A, 5C.

Hallazgos inusuales en el parénquima pulmonar

- **Efusión pleural:** La apariencia del derrame pleural puede variar según la cantidad de líquido, la posición del paciente y la presencia de adherencias. En posición vertical, se presenta como una opacidad uniforme en la región inferior de los senos costofrénicos laterales, con una interfaz cóncava hacia el pulmón(Vargas, 2010). Identificar la efusión pleural puede ser desafiante cuando el paciente está en decúbito, en un estado general desfavorable o bajo ventilación mecánica. Por lo tanto, se aconseja realizar radiografías de tórax en posición vertical o semisentada siempre que sea posible. A pesar de que informes iniciales sobre la infección por SAR-CoV-2 sugirieron la ausencia de este hallazgo, investigaciones más recientes con tomografías computarizadas en poblaciones más amplias han revelado la presencia de derrame pleural en la segunda semana de la evolución de la enfermedad, y en pacientes complicados, se ha observado derrame pleural hacia el final de la tercera semana(Shi et al., 2020).
- **Agrandamiento de la región hilar:** Las razones detrás del agrandamiento de la región hilar pueden atribuirse a trastornos linfáticos o vasculares, como el tromboembolismo pulmonar(Vargas, 2010). Las infecciones virales y bacterianas en los pulmones pueden provocar el agrandamiento de los ganglios; en individuos afectados por la infección por SARS-CoV-2, estos hallazgos se han observado en imágenes de tomografía computarizada (TC), aunque son poco frecuentes y generalmente se manifiestan en las etapas avanzadas de la infección en pacientes con una evolución clínica desfavorable(Shi et al., 2020). El tromboembolismo

pulmonar es otra complicación que se ha descrito recientemente en estos pacientes. En las radiografías de tórax, se observa un aumento en el tamaño de los hilios debido a la dilatación de las arterias pulmonares y a la redistribución vascular hacia los lóbulos superiores, causada por la expansión de la vasculatura(Vargas, 2010); el examen de elección es la angiotomografía.

- **Consolidación focal única:** Es el patrón alveolar que ocupa un segmento o lóbulo pulmonar, es causado por bacterias como el neumococo(Vargas Romero, 2010).
- **Nódulos / masas:** La presencia de estos hallazgos son poco probables que sean de causa infecciosa; sin embargo, pueden originar problemas de diagnóstico diferencial con consolidaciones y atelectasias(Vargas, 2010). Al llevar a cabo la evaluación de la radiografía de tórax, se plantea una categorización diagnóstica que simplifica la clasificación de la sospecha en niveles de alta, intermedia o baja/no concluyente, dependiendo de la presencia de hallazgos comunes. En casos donde se detecten hallazgos atípicos, se aconseja considerar la posibilidad de diagnósticos diferenciales. Es relevante destacar que algunos estudios indican que estos hallazgos son más confiables en pacientes menores de 50 años, ya que existe una menor probabilidad de que se confundan con imágenes de enfermedad pulmonar preexistente(Toussie et al., 2020).

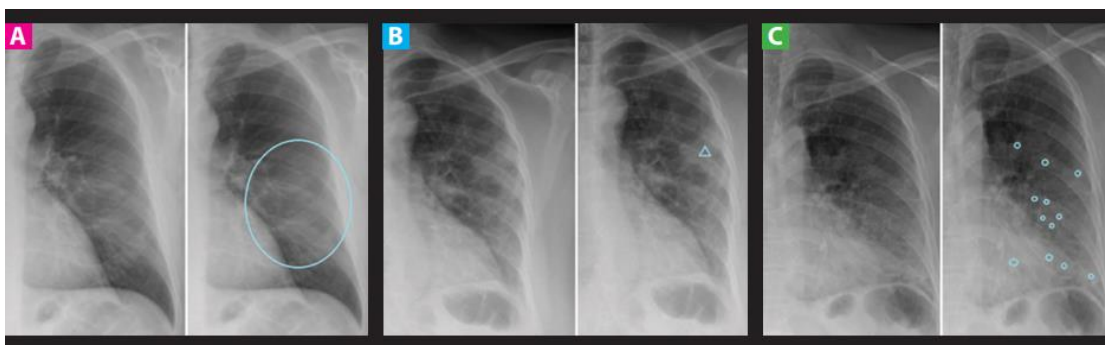


Figura 1. Manifestaciones típicas en la radiografía de tórax durante la infección por SARS-CoV-2. A: Opacidad leve y difusa. B: Opacidad alveolar. C: Opacidades alveolo-intersticiales

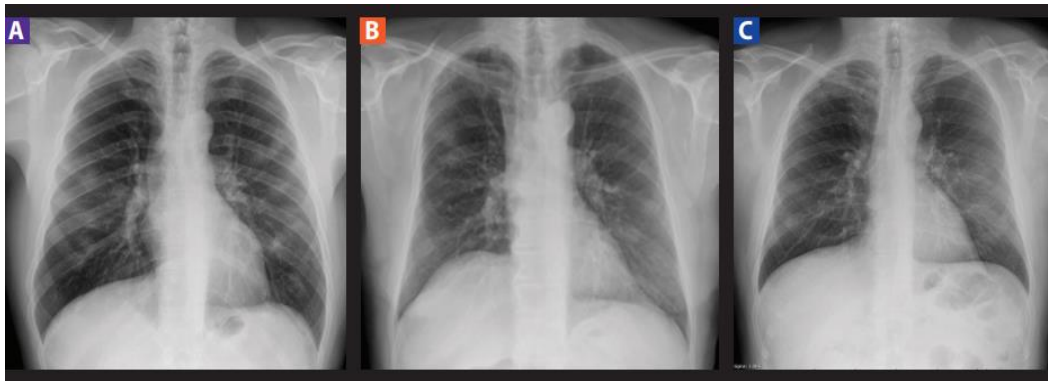


Figura 2. Los hallazgos típicos y las lesiones indicativas de la presencia de SARS-CoV-2.

Se observa en la Figura 2, los hallazgos más comunes, lo siguiente: A) Presencia de opacidades ligeras y multifocales en la periferia de los tercios medios de ambos pulmones, B) Desarrollo de opacidades alveolointersticiales multifocales en la periferia y C) Opacidad tenue y difusa en los campos pulmonares periféricos bilaterales.

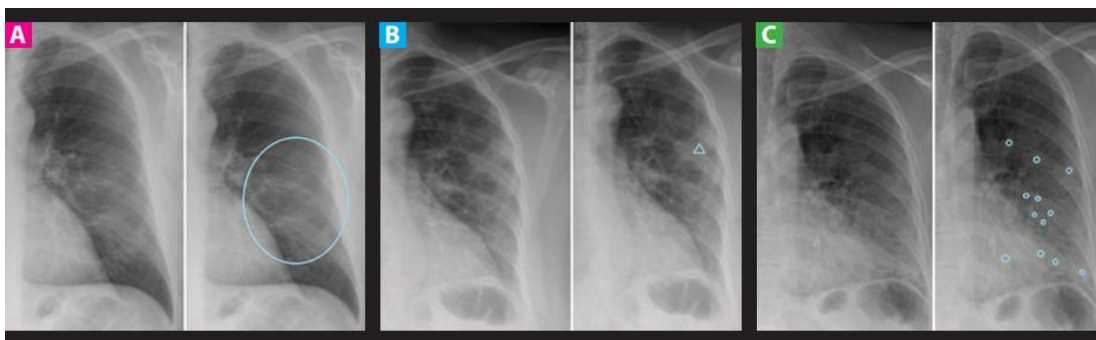


Figura 3. La posición y la distribución de los hallazgos en la RxT en el contexto SARS-CoV-2. A.

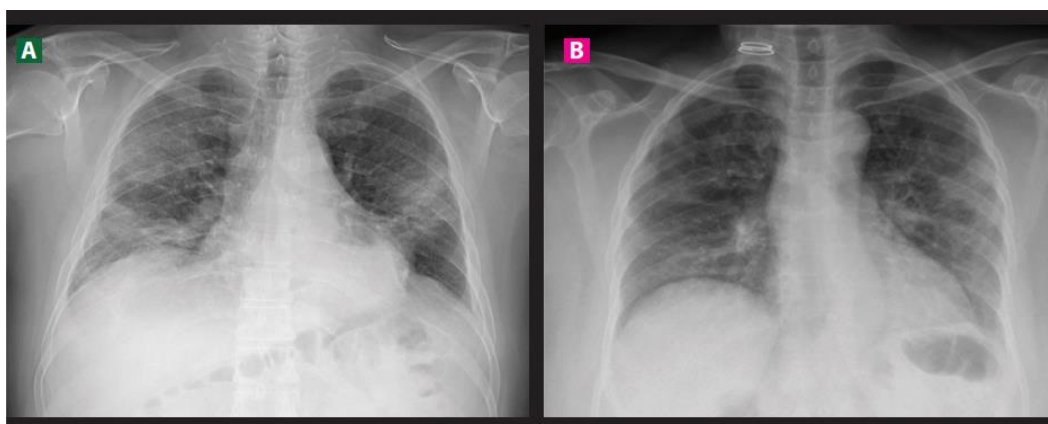


Figura 4. La ubicación principal de varias lesiones causadas por el SARS-CoV-2 es predominantemente periférica y bilateral.



Figura 5. Casos con una alta probabilidad de estar infectados por el SARS-CoV-2.

1.1.4. Deep Learning

El aprendizaje profundo, también conocido como "deep learning" en inglés, pertenece a la categoría de algoritmos dentro del aprendizaje automático que busca modelar abstracciones de alto nivel en datos mediante la utilización de arquitecturas compuestas por múltiples transformaciones no lineales. Este enfoque, según (Janiesch et al., 2021), forma parte de un conjunto más amplio de métodos de aprendizaje automático que se centran en adquirir representaciones significativas de los datos. Aunque una observación, como una imagen, puede tener varias formas de representación (por ejemplo, un vector de píxeles), algunas de estas representaciones facilitan el aprendizaje de tareas específicas (por ejemplo, determinar si una imagen contiene un rostro humano) a partir de ejemplos. La investigación en este campo se esfuerza por definir qué representaciones son más efectivas y cómo construir modelos para identificar estas representaciones, como se ilustra en la Figura 6.

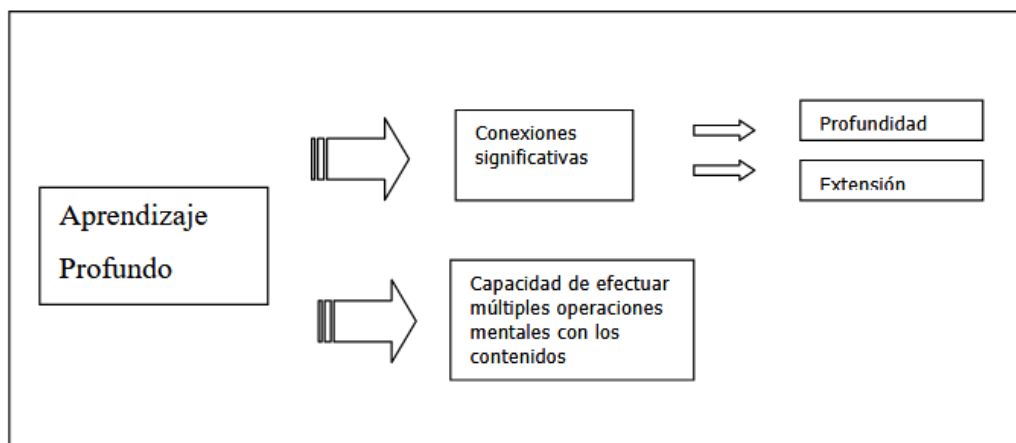


Figura 6. Aprendizaje profundo.

Fuente: (Valenzuela, 2008)

En este sentido, el aprendizaje profundo excede con mucho la mera adquisición y reproducción del conocimiento y se vincula con un nivel de comprensión más elaborado y con la capacidad de un procesamiento más complejo de los contenidos(Valenzuela, 2008).

Cuando se trata de modelos más complejos con un mayor número de parámetros entrenables, surge el desafío del sobreajuste, y los tiempos de entrenamiento del modelo se convierten en un factor importante. En estos modelos, es común incorporar un término de regularización en la función de coste utilizada para el entrenamiento, con el objetivo de penalizar la complejidad y mitigar el sobreajuste(Ying, 2019)

1.1.5. Rede neuronal convolucional

La idea comenzó a ser desarrollada con Kunihiko Fukushima, quien en 1982 desarrolló el neocognitron una red neuronal de tipo backpropagation que imita el proceso del cortex visual(Fukushima, 1980). En 1998 Yann LeCun entrenó la red denominada LeNet(Le Cun et al., 1990), la cual emplea una estructura de red neuronal convolucional y consiguiendo clasificar imágenes de dígitos escritos a mano con una precisión del 99,3%.

Las Redes Neuronales Convolucionales (CNN), también conocidas como ConvNets o CNN, se utilizan para detectar casos de COVID-19 mediante el análisis de imágenes de radiografías de tórax. Estas redes neuronales, que constituyen una tecnología avanzada en este campo, se originan a partir de perceptrones multicapa, pero se distinguen por la inclusión de capas de convolución y subsampling. Estos aspectos serán explorados con mayor detalle. La CNN es un tipo de algoritmo de máquina de aprendizaje, usado en el procesamiento de imágenes para la clasificación en clases, de acuerdo a la separación de patrones o características reconocidas utilizando operaciones de convolución y pooling(Ly et al., 2020). Estas redes han sido diseñadas específicamente para procesar datos bidimensionales, como el reconocimiento de imágenes y señales de voz en espectrogramas; además, tienen la capacidad de adaptarse para realizar tareas en una o varias dimensiones.

1.1.6. Arquitectura de red neuronal convolucional

La estructura de las redes neuronales convolucionales comienza con la inserción de imágenes como datos de entrada en una capa inicial, seguida de una o más

capas convolucionales. Entre estas capas, se incorporan capas ReLU y, si es necesario, capas de agrupación. El proceso finaliza con el uso de un conjunto de capas completamente conectadas antes de llegar a la capa de salida. Al construir una red neuronal convolucional, hay varias opciones disponibles, las cuales se detallan a continuación:

VGGNet

Desarrollada por Karen Simonyan y Andrew Zisserman de la Universidad de Oxford (Simonyan & Zisserman, 2018). Obtuvo la segunda posición en el ILSVRC en 2014, superando a AlexNet. La configuración incluye cuerpos receptivos de dimensiones 3×3 con filtros de 1×1 , un paso de 2 y un tamaño máximo de agrupación de 2×2 . La arquitectura implica el procesamiento de la entrada a través de múltiples capas convolucionales hacia tres capas completamente conectadas. Las dos primeras capas cuentan con 4096 canales cada una, mientras que la última es una capa softmax que lleva a cabo una clasificación en 1000 categorías. VGG-19 es una red neuronal convolucional que consta de 19 capas de profundidad (Dey et al., 2021). Puede cargar una versión preentrenada de la red entrenada en más de un millón de imágenes desde la base de datos (Krizhevsky et al., 2017) de ImageNet. La red preentrenada tiene la capacidad de clasificar imágenes en 1000 categorías de objetos, lo que sugiere que ha adquirido representaciones detalladas para diversos tipos de imágenes. Las dimensiones de la imagen de entrada para la red son 224 por 224 píxeles.

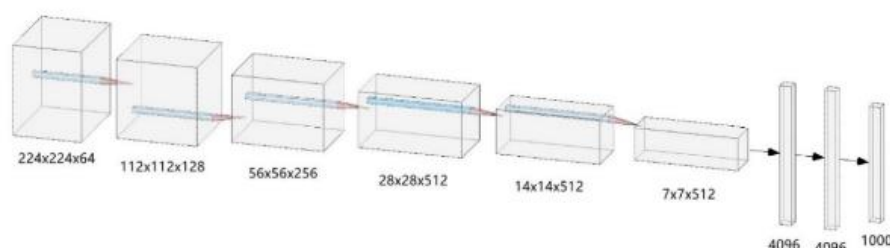


Figura 7. Arquitectura del modelo VGG-19

Fuente: (Chen et al., 2022)

DenseNet

La estructura de DenseNet se constituye mediante bloques densos que contienen un número específico de capas, pudiendo variar, por ejemplo, entre 5 y 12 capas, generando diversas versiones de la arquitectura, como el DenseNet-201, tiene

como referencia la configuración de DenseNet-121, que incorpora 8 millones de parámetros y acepta imágenes de entrada de 224x224 píxeles, la función principal de sus bloques es fusionar o concatenar las salidas de cada bloque, esto posibilita que la entrada subsiguiente adquiera gradualmente las características de cada bloque, culminando en la predicción del objeto. Además, la arquitectura utiliza la misma función de activación que AlexNet, es decir, ReLU y, además, un desafío que enfrenta esta arquitectura radica en el tiempo necesario para su entrenamiento, ya que debe atravesar todas las capas y bloques, dado que la salida de unos se convierte en la entrada de otros. No obstante, este desafío se contrarresta con su capacidad para reducir el número de parámetros a aprender, lo que implica una disminución en el costo computacional (Chouhan et al., 2020).

DenseNet169 es una red neuronal convolucional densa. Cada capa de una arquitectura DenseNet se conecta con todas las demás capas posteriores. En una red con N capas, hay $N(N + 1)/2$ conexiones. DenseNet169 consta de una capa inicial convolucional y de agrupación. Consta de cuatro bloques densos, de modo que hay una capa de transición después de cada bloque denso y hay una capa de clasificación con función de activación softmax al final de la red (Dalvi et al., 2023).

Cada capa convolucional incorpora normalización por lotes (BN), unidad lineal rectificada (ReLU) y convolución. En lo que respecta a cada bloque denso, se compone de una convolución de 1×1 seguida de una convolución de 3×3 . En DenseNet 169, se observan 6, 12, 32 y 32 conjuntos de convoluciones de 1×1 y 3×3 . Los tres primeros bloques densos son sucedidos por una capa de transición que integra una convolución de 1×1 y un agrupamiento promedio de 2×2 con un paso de 2. El cuarto bloque denso se enlaza a la capa de clasificación. En el proceso de clasificación de imágenes, se utiliza la función de activación softmax. En total, se cuentan 82 conjuntos de capas convolucionales de 1×1 y 3×3 ($6 + 12 + 32 + 32$).

Esto se traduce en un conjunto total de $82 \times 2 = 164$ capas convolucionales. Además, incluye tres capas de transición, una capa convolucional y una capa de clasificación. Por lo tanto, la suma total de capas es $164 + 3 + 1 + 1 = 169$. En lo que respecta al modelo DenseNet169, presenta una tasa de crecimiento de 32, tal como se muestra en la Figura 8. Dicha tasa de crecimiento determina la cantidad de nueva información agregada por cada capa, según (Huang et al., 2017). Se

puede observar los detalles específicos de la arquitectura DenseNet169 en la Figura 9.

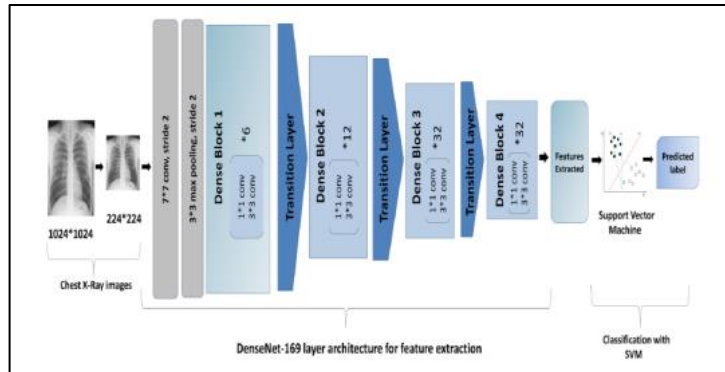


Figura 8. Modelo de red convolucional DenseNet-169

Fuente: (Varshni et al., 2019)

| Layers | Output size | DenseNet 169 Growth rate(k)=32 |
|----------------------|-------------|--|
| Convolution | 112 x 112 | 7 x 7 conv, stride = 2 |
| Pooling | 56 x 56 | 3 x 3 max pool, stride = 2 |
| Dense block 1 | 56 x 56 | $\begin{bmatrix} 1 \times 1 \text{ conv} \\ 3 \times 3 \text{ conv} \end{bmatrix} \times 6$ |
| Transition layer 1 | 56 x 56 | 1 x 1 conv |
| | 28 x 28 | 2 x 2 average pool, stride = 2 |
| Dense block 2 | 28 x 28 | $\begin{bmatrix} 1 \times 1 \text{ conv} \\ 3 \times 3 \text{ conv} \end{bmatrix} \times 12$ |
| Transition layer 2 | 28 x 28 | 1 x 1 conv |
| | 14 x 14 | 2 x 2 average pool, stride = 2 |
| Dense block 3 | 14 x 14 | $\begin{bmatrix} 1 \times 1 \text{ conv} \\ 3 \times 3 \text{ conv} \end{bmatrix} \times 32$ |
| Transition layer 3 | 14 x 14 | 1 x 1 conv |
| | 7 x 7 | 2 x 2 average pool, stride = 2 |
| Dense block 4 | 7 x 7 | $\begin{bmatrix} 1 \times 1 \text{ conv} \\ 3 \times 3 \text{ conv} \end{bmatrix} \times 32$ |
| Classification layer | 1 x 1 | 7 x 7 global average pool 1000D fully connected softmax |

Figura 9. Arquitectura de DenseNet-169

Fuente: (Dalvi et al., 2023)

ResNet101

La primera de estas redes residuales, ResNet (*Residual Net*), fue propuesta por el equipo de Microsoft Research liderado por Kaiming He, en el año 2015 Microsoft presentó una CNN basada en bloques residuales, (He et al., 2016). Emergió como la ganadora del desafío al reducir la tasa de error al 3.57%. Logró una menor complejidad durante el entrenamiento en comparación con VGGNet (Yu, 2017) mediante la implementación de bloques residuales y 152 capas. La más reciente

arquitectura ha alcanzado progresos destacados en la clasificación, localización y detección de objetos. Asimismo, ha alcanzado un hito al superar los errores humanos típicamente presentes en tareas de visión artificial, los cuales generalmente se sitúan entre el 5% y el 10%, dependiendo de las habilidades y experiencias individuales. La red exhibe una precisión excepcional, y su estructura se ilustra en la Figura 10.

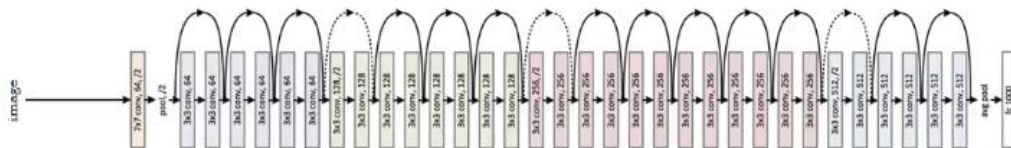


Figura 10. La arquitectura de ResNet

Fuente: (He et al., 2016)

La idea subyacente en ResNet es cuestionar por qué se deben apilar capas y capas, ya que, contrariamente a lo que podría parecer, se ha demostrado que, a partir de cierta profundidad, la red no siempre mejora. En realidad, surgen desafíos como la desaparición del gradiente y la complejidad asociada a la dimensionalidad, lo que provoca que la red deje de aprender. Además, a medida que aumenta la profundidad de las capas, la precisión alcanza un punto de estancamiento y comienza a degradarse, sugiriendo que las redes convolucionales menos profundas tienen un rendimiento superior a sus contrapartes más profundas. Aquí surge la idea de los bloques residuales, como se observa en la Figura 11. Estos bloques permiten omitir algunas capas, aumentando el número total de capas mediante la introducción de una conexión residual (junto con una capa de identidad). Los autores argumentan que esto mejora el proceso de aprendizaje, ya que la información de esta capa se transmite directamente a la siguiente.

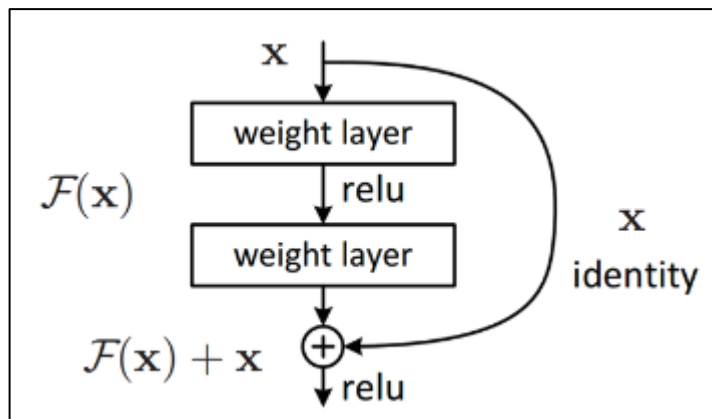


Figura 11. Diagrama de un bloque residual

Fuente: (Deshpande, 2014)

La secuencia comienza con la entrada x , que atraviesa las capas conv-ReLU-conv-ReLU en la red. Estas operaciones en serie generan $\mathcal{F}(x)$. $\mathcal{H}(x)$ se define como $\mathcal{H}(x) = \mathcal{F}(x) + x$. En una red convolucional convencional que busca que $\mathcal{F}(x)$ y $\mathcal{H}(x)$ tengan el mismo valor. Un punto adicional a favor de esta arquitectura es que, durante la retropropagación con el algoritmo de backpropagation (Rumelhart et al., 1986), el gradiente no se desvanece y se mantiene gracias a las operaciones de suma realizadas a lo largo de la red, las cuales equilibran el gradiente. Entre los puntos destacados de esta estructura, además de su precisión notable, se encuentran sus 152 capas y el hecho de que, tras las dos primeras capas, el tamaño del volumen disminuye de 224×224 a 56×56 . Los autores indican que un leve aumento en las capas de los bloques residuales produce un mejor resultado. Aunque realizaron pruebas con una arquitectura de 1022 capas, esta no obtuvo los resultados esperados, posiblemente debido a un problema de sobreajuste (overfitting). Finalmente, es importante señalar que la red original de 152 capas fue entrenada durante casi tres semanas utilizando 8 GPU.

Arquitectura ResNet; La arquitectura de finalista del reto en 2016, ResNeXt (S. Xie et al., 2017) es una ampliación del modelo ResNet, ya que añade una dimensión más, la cardinalidad a la arquitectura ResNet (He et al., 2016), quedando los bloques de la siguiente manera:

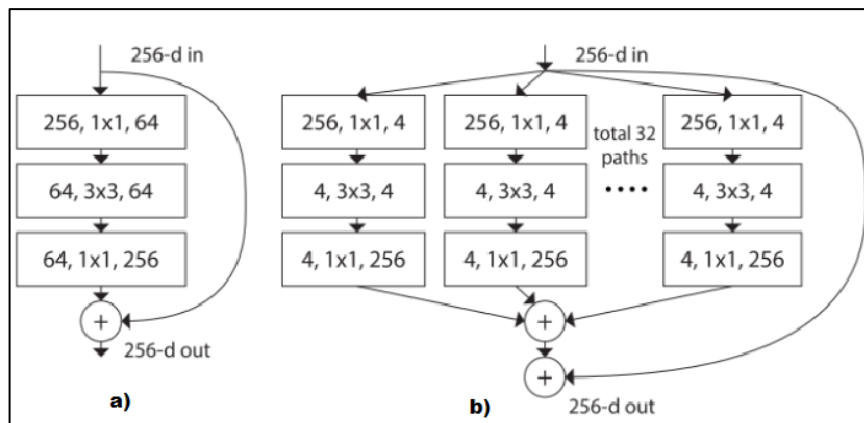


Figura 12. a) bloque residual ResNet y b) derecha bloque ResNetXt

Fuente: (Hitawala & Cheriton, 2018)

En la Figura 12, se aprecia a la izquierda un bloque ResNet (Hitawala & Cheriton, 2018) y a la derecha su equivalente con una cardinalidad de 32. Logró reducir el error Top-5 al 3.03%, lo que supone casi un 15% de mejora.

ResNet-101 es una red neuronal convolucional con una profundidad de 101 capas. Tiene la capacidad de cargar una versión preentrenada de la red, la cual fue entrenada en más de un millón de imágenes provenientes de la base de datos ImageNet (Krizhevsky et al., 2017).

EfficientNetB0

En el año 2012, AlexNet se destacó como el ganador de la competencia ImageNet Large Scale Visual Recognition (ILSVRC), superando al segundo clasificado con una diferencia de aproximadamente el 10% en la precisión de sus resultados. AlexNet utilizó alrededor de 62 millones de parámetros entrenables en su modelo. La aparición del modelo EfficientNet se fundamentó en el diseño sistemático de un modelo más eficiente, logrando reducir a la mitad su tamaño en comparación con AlexNet. Para ello, utilizaron el método de escalado de modelos, es decir, utilizando un modelo estándar por ejemplo GoogleNet o ResNet y se escala hacia abajo, cambiando el tamaño de las imágenes de entrada o la profundidad o anchura de la red (Nham et al., 2023). De esta manera, se creó una estructura fundamental conocida como EfficientNet-B0, implementando un esquema de escalado para llegar a lo que actualmente se denomina la familia EfficientNet, los científicos descubrieron las mejoras en AlexNet que aumenta su eficiencia el GoogleNet (Szegedy et al., 2015), el modelo que ganó el ILSVRC de 2014, utiliza sólo 6,8 millones de parámetros a la vez que es significativamente más exacto que

AlexNet. La corrección de las ineficiencias iniciales permitió lograr mejoras en los años posteriores mediante un significativo aumento en la cantidad de parámetros de los modelos.

Se han visto hasta ahora tres modelos de redes neuronales (ResNet18, ResNet50 y DenseNet121). En la evaluación de estos modelos, se han tenido en cuenta aspectos como el tamaño de sus salidas (resolución) y la cantidad de capas que poseen (profundidad de la red). Ahora, se abordará un nuevo concepto: la anchura. La anchura hace referencia al número de neuronas presentes en las capas de la red. Este concepto, junto con la profundidad y la resolución, desempeña un papel fundamental al explorar las características distintivas de las EfficientNet.

En la Figura 13 se observa la configuración de la red, la cual posibilita reducir tanto el número total de operaciones requeridas como el tamaño del modelo. Con esta arquitectura, se logró una precisión del 77.3% en ImageNet, utilizando solo 5.3 millones de parámetros (Tan & Le, 2019).

| Stage i | Operator \hat{F}_i | Resolution $\hat{H}_i \times \hat{W}_i$ | #Channels \hat{C}_i | #Layers \hat{L}_i |
|--------------|-------------------------|--|--------------------------|------------------------|
| 1 | Conv3x3 | 224×224 | 32 | 1 |
| 2 | MBCConv1, k3x3 | 112×112 | 16 | 1 |
| 3 | MBCConv6, k3x3 | 112×112 | 24 | 2 |
| 4 | MBCConv6, k5x5 | 56×56 | 40 | 2 |
| 5 | MBCConv6, k3x3 | 28×28 | 80 | 3 |
| 6 | MBCConv6, k5x5 | 14×14 | 112 | 3 |
| 7 | MBCConv6, k5x5 | 14×14 | 192 | 4 |
| 8 | MBCConv6, k3x3 | 7×7 | 320 | 1 |
| 9 | Conv1x1 & Pooling & FC | 7×7 | 1280 | 1 |

Figura 13. Arquitectura de EfficientNet-B0

Fuente: (Tan & Le, 2019)

1.1.7. Métricas de experimentación

Matriz de confusión

La matriz de confusión, una métrica común en problemas de clasificación aplicable tanto a la clasificación binaria como al multiclase, se estructura con filas y columnas que representan todas las clases en el problema. Las filas representan las categorías reales, mientras que las columnas indican las categorías predichas. La matriz de confusión proporciona una perspectiva sobre el rendimiento de un modelo de clasificación al predecir un conjunto de datos, identificando dónde el

modelo comete confusiones en sus predicciones (Jason Brownlee, 2016). Puede tener N dimensiones, donde $N \geq 2$. Cuando $N = 2$, se trata de una matriz de confusión binaria; si $N \geq 2$, se considera una matriz multiclase. En este proyecto, enfrentamos más de 2 clases, ya que cada píxel de la imagen hiperespectral puede pertenecer a una de las siguientes 4 clases: tejido sano, tejido canceroso, vaso sanguíneo o fondo. Por lo tanto, nuestra matriz será de dimensiones 4×4 .

Utilizaremos las matrices de confusión para obtener información sobre la precisión, sensibilidad y especificidad de un modelo tras predecir un conjunto de datos. Sin embargo, es fundamental comprender la interpretación de los números que la conforman antes de extraer estos datos de la matriz, como se indica en la Tabla 1:

- Verdadero positivo (VP): Indica la clasificación correcta de una clase como la clase de interés. Por ejemplo, si la clase de interés es "covid", los verdaderos positivos son las instancias de la clase "covid" que han sido acertadamente predichas como tal.
- Verdadero negativo (VN): Se refiere a la correcta clasificación de clases como diferentes a la clase de interés. Por ejemplo, si la clase de interés es "covid", un verdadero negativo sería cualquier clase distinta a "covid" que no ha sido predicha como tal. Puede ocurrir que una clase como "lung_Opacity" se prediga como "Viral Pneumonia" y siga siendo un verdadero negativo, ya que, aunque haya un error evidente en la predicción, este error demuestra que la clase obtenida no es la clase objetivo.
- Falso positivo (FP): Se refiere a clases incorrectamente clasificadas como la clase de interés. Si tomamos la clase "tumor" como la de interés, un falso positivo sería cualquier clase diferente a "covid" que se haya predicho como si fuera "covid". Por ejemplo, si se predice que "lung_Opacity" es "covid", se considera un falso positivo.
- Falso negativo (FN): Se refiere a la clasificación incorrecta de una clase como diferente a la clase de interés. En el caso de que el paciente con COVID sea la clase de interés, un falso negativo sería cualquier clase que se haya predicho como diferente a "COVID" cuando debería haber sido clasificada como "COVID".

Tabla 1

Matriz de confusión con cuatro categorías (covid, lung_Opacity, Normal y Viral Pneumonia)

| | Categoría real de covid | Categoría real de lung_Opacity | Categoría real de Normal | Categoría real de Viral Pneumonia |
|---|--------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------|--|
| Categoría predicha como Covid | TP | FN | FN | FN |
| Categoría predicha como lung_Opacity | FP | TN | TN | TN |
| Categoría predicha como Normal | FP | TN | TN | TN |
| Categoría predicha como Viral Pneumonia | FP | TN | TN | TN |

Exactitud

La exactitud (Accuracy) es una medida empleada para evaluar el desempeño de un modelo de clasificación, y cuantifica la proporción de predicciones exactas. Su cálculo implica dividir el número total de predicciones correctas entre el número total de predicciones.

$$\text{Exactitud} = \frac{TP + TN}{TP + FP + TN + FN}$$

Precisión

La precisión es una métrica que indica la probabilidad de que una predicción específica sea correcta. Se calcula dividiendo las predicciones correctas de la clase entre la suma de las predicciones correctas de la clase y los falsos positivos.

$$\text{Precision} = \frac{TP}{TP + FP}$$

Exhaustividad

La exhaustividad (Recall) es una métrica que indica la probabilidad de detectar correctamente una clase y se calcula dividiendo las predicciones correctas de la clase entre la suma de las predicciones correctas de la clase y los falsos negativos.

$$\text{Exhaustividad} = \frac{TP}{TP + FN}$$

Valor F1

El valor F1 es otra métrica de precisión que se calcula mediante la combinación de la precisión y la exhaustividad. Esta medida resulta útil especialmente cuando las clases presentan un número desigual de ejemplos.

$$\text{Valor } F1 = 2 \times \frac{\text{Precision} \times \text{exhaustividad}}{\text{Precision} + \text{exhaustividad}}$$

1.1.8. FastIA

FastAI es una colección de herramientas para el aprendizaje profundo que proporciona componentes de alto nivel con el objetivo de lograr el estado del arte en algoritmos de aprendizaje profundo, al mismo tiempo que mantiene la facilidad de uso y el rendimiento. Una de las ventajas fundamentales de esta biblioteca radica en su capacidad para aprovechar la naturaleza dinámica del lenguaje de programación Python, junto con la flexibilidad ofrecida por PyTorch, una biblioteca utilizada para implementar algoritmos de aprendizaje profundo.

1.2. Antecedentes

Lopez-Betancur et al. (2021), En este estudio se analizaron treinta y dos arquitecturas de CNNs y se compararon para diagnosticar COVID-19 utilizando imágenes radiográficas. Se utilizó un conjunto de 5,953 radiografías de tórax en posición frontal, que incluía las 117 imágenes de pacientes con diagnóstico de COVID-19, 4,273 de pacientes con neumonía no relacionada con COVID-19 y 1,563 imágenes etiquetadas como "Normal" de pacientes saludables, con el propósito de entrenar y evaluar las arquitecturas. El modelo Resnext101_32x8d destacó como el más efectivo para el diagnóstico de COVID-19, según los resultados proporciona la matriz de confusión y las métricas, se obtiene la sensibilidad, especificidad, F1-score, G_mean, IBA y el tiempo de entrenamiento, con valores obtenidos el 97.75%, 96.40%, 97.75%, 97.06%, 94.34% y 76.98 minutos, respectivamente.

En la investigación realizada por Pico Briones et al. (2022b), Se propone un complemento en la detección del virus una red neuronal convolucional con la arquitectura RESNET34, que permite clasificar las imágenes de radiografías de tórax entre aquellas con COVID-19 e imágenes sin COVID. En este estudio, se examinaron 1406 imágenes de radiografías de tórax correspondientes a pacientes con confirmación de COVID-19 y pacientes sin COVID. Se utilizó como

herramienta el software de Inteligencia Artificial Fastai, desarrollado por la Universidad de San Francisco mediante el lenguaje de programación Python. Los resultados obtenidos revelaron un elevado nivel de precisión y clasificación de casos de COVID, con una superación de 90%.

En la investigación realizada por Kumari et al. (2021), tuvieron como objetivo realizar un análisis comparativo de imágenes médicas como tomografía computarizada (TC) y rayos X mediante diferentes sistemas de aprendizaje profundo. Analiza la estructura de COVID 19 usando modelos como Inception, VGG, Xception, Resnet del aprendizaje profundo. en conclusión, el uso de radiografías de tórax tiene mayor presión que las imágenes computarizadas al entrenar los modelos.

En la investigación realizada por López-Cabrera et al. (2020), tiene el objetivo del estudio es exponer a la comunidad científica nacional los principales trabajos que se centran en la clasificación automática de COVID-19 basada en imágenes de radiografías de tórax, junto con una presentación crítica, según la perspectiva de los autores de este trabajo, sobre los modelos utilizados. En este estudio, se abordan las dificultades en la literatura científica actual al utilizar las técnicas de inteligencia artificial para la clasificación automática de COVID-19 mediante imágenes de radiografías de tórax. Se destaca que, en la mayoría de los trabajos.

En la investigación realizada por Batista et al. (2020), con el objetivo predecir el riesgo de diagnóstico positivo de COVID-19 con aprendizaje automático, utilizando como predictores únicamente los resultados de los exámenes de ingreso a atención de emergencia. Los datos obtenidos de 235 pacientes adultos del Hospital Israelita Albert Einstein en la ciudad de São Paulo, Brasil, recopilados durante el periodo del 17 al 30 de marzo de 2020, se emplearon en el análisis y de estos, 102 pacientes (43%) recibieron un diagnóstico positivo de COVID-19 mediante pruebas RT-PCR. Se realizaron entrenamientos con diversos algoritmos de aprendizaje automático, como redes neuronales, bosques aleatorios, árboles de aumento de gradiente, regresión logística y máquinas de vectores de soporte. El algoritmo de máquinas de vectores de soporte mostró el mejor rendimiento

predictivo, con valores de AUC: 0,85; Sensibilidad: 0,68; Especificidad: 0,85; y Puntuación de Brier: 0,16.

En la investigación realizada por Catal-Reis (2022), Su objetivo principal fue la detección automatizada de COVID-19 a través de un conjunto de datos de tomografía computarizada (TC) de tórax. Se emplearon arquitectura de red neuronal convolucional (CNN), red Zeiler, Fergus (ZFNet) y la red convolucional densa-121 (DenseNet121), en modelos de aprendizaje profundo. Este enfoque logró un rendimiento óptimo, tiene una precisión del 94,7%, una tasa de recuperación del 90%, una especificidad del 100%, y una puntuación F1 del 94,7% para el modelo CNN.

Soriano-Aguadero et al. (2021) en el presente estudio tiene como objetivo identificar los hallazgos por tomografía de tórax en pacientes con la enfermedad de coronavirus 2019 en cuatro distintas etapas de la infección y el score radiológico óptico para discernir la amplitud de la afectación. Se incluyeron 182 individuos con resultados positivos en la prueba de RT-PCR para SARS-CoV-2, y, además, el estudio es de tipo observacional retrospectivo. En conclusión, la tomografía computarizada de tórax resulta altamente beneficiosa para la evaluación pulmonar.

Liao et al. (2021), este estudio presenta una estrategia preventiva ante el COVID-19 que involucra un Modelo de Difusión basado en SIRVD (Susceptibles-Infectados-Recuperados-Muertos) dependiente del tiempo. Este enfoque utiliza el aprendizaje profundo respaldado por inteligencia artificial para predecir enfermedades infecciosas. Los resultados experimentales indican que el modelo de predicción no solo logra una mejora del 50% en las predicciones a un solo día en comparación con los métodos exclusivos de aprendizaje profundo, sino que también se adapta eficazmente a previsiones a corto y medio plazo.

En la investigación realizada por Márquez (2020), muestran algunos proyectos de investigación relacionados con el aprendizaje profundo, el aprendizaje automático, el Big Data y la ciencia de datos, tendientes a dar soluciones plausibles bien en el monitoreo, detección, diagnóstico y tratamiento de las enfermedades asociadas con el virus. La detección del COVID-19 se ha mejorado significativamente con la integración de la inteligencia artificial y el radiodiagnóstico, logrando una

precisión superior al 90%. En este porcentaje podría incrementarse aún más mediante el entrenamiento del sistema con una cantidad mayor de datos. En este contexto, la Big Data, junto con otras disciplinas analíticas, juega un papel fundamental para llevar a cabo un estudio de manera exitosa.

En la investigación realizada por Cotino (2020), Sostiene que, a pesar de las limitaciones observadas en la prevención, tanto el big data como la inteligencia artificial pueden ser herramientas valiosas en la lucha contra la COVID-19, contribuyendo a evitar confinamientos y otras restricciones de derechos. La inteligencia artificial ha demostrado una eficacia destacada al integrar, organizar y extraer información y conocimiento de extensos volúmenes y variedades de datos biomédicos destinados a la investigación. Se pueden identificar dos modelos principales en este contexto. Desde un punto de vista legal, se sostiene que hay el impulso tecnológico necesario para optimizar tanto la efectividad en la lucha contra la COVID-19 como la protección de todos nuestros derechos.

En la investigación realizada por Makris et al. (2020), el enfoque de este artículo utiliza modelos de aprendizaje profundo (VGG19 y U-Net) permite procesar las imágenes y clasificarlas como positivas o negativas para COVID-19. Las imágenes de radiografías de tórax se emplean para entrenar los algoritmos, logrando que el mejor modelo alcance una precisión del 97% en la detección de COVID-19.

El estudio realizado por Marium et al. (2021) tiene como objetivo analizar el rendimiento y la precisión de los modelos de redes neuronales convolucionales (CNN) en la identificación de la enfermedad COVID-19. Esta investigación se lleva a cabo mediante un análisis exhaustivo de radiografías de tórax, evaluando su nivel de éxito, limitaciones y tasa de fallos. En contraste con los métodos convencionales como el RTPCR, que presentan desventajas como una alta tasa de falsos positivos y el costo de kits especializados, las CNN ofrecen una alternativa eficaz. Los resultados de las pruebas revelan una precisión del 95.11% en un conjunto de datos de 2905 imágenes y una precisión del 96.07% en un conjunto de datos aumentado de 9337 imágenes para la detección de COVID-19 en radiografías de tórax. Esto demuestra que los modelos de aprendizaje profundo funcionan de

manera más eficiente al incrementar el tamaño del conjunto de datos de entrenamiento.

En la investigación realizada por Ji et al. (2020), tiene el objetivo de realizar el reconocimiento de covid-19 y la neumonía. La metodología utiliza las imágenes de CT, se procesan las imágenes con aprendizaje por transferencia. Los resultados experimentales indican que la precisión de reconocimiento en este experimento alcanza aproximadamente el 96%, lo cual posee un valor significativo para el diagnóstico.

En la investigación realizaron por Wong et al. (2020b), con el propósito de correlacionar la prueba molecular (RT-PCR) con el tiempo de enfermedad y la gravedad de los resultados en la radiografía de tórax. Fue un análisis retrospectivo de pacientes confirmados con COVID-19 realizado entre enero y marzo de 2020. En este estudio, dos radiólogos examinaron 255 radiografías, incluidas las iniciales y las de seguimiento, con el propósito de evaluar los patrones radiológicos identificados y establecer un índice de gravedad. En conclusión, se determinó que los patrones radiológicos y la consolidación fueron los más relevantes, abarcando el 47% de los 64 pacientes, seguidos por el patrón de vidrio esmerilado, que representó el 33% (21 de 64). Además, se observó una predominancia en la distribución periférica y en las zonas inferiores, alcanzando el 41% y el 50% de los 64 casos, respectivamente, con una mayor presencia bilateral (50% de 64). Por último, se resaltó que el derrame pleural fue poco común, registrando un 3% de los 64 casos.

En la investigación realizada por (Mayanga-Sausa, et al. (2020), se realiza la elección de una modalidad de imagen que ayude al diagnóstico se basa en las condiciones clínicas del paciente, las pruebas de laboratorio y la disponibilidad de equipos de imágenes en los establecimientos de salud- tiene el objetivo del artículo es orientar en la toma de decisiones para elegir una modalidad de imagen de acuerdo a escenarios, teniendo en cuenta sus potenciales beneficios y profundizando en la descripción de las características radiográficas de sospecha de infección por SARS-COV-2 que pueden servir en las emergencias y que permiten evaluar la progresión de la enfermedad usando un sistema de puntuación.

En la investigación realizada por Romero et al. (2022), ofrece un enfoque apropiado para caracterizar la neumonía a través del procesamiento y análisis de radiografías torácicas. La propuesta incluye el uso de técnicas de mejora de contraste como parte del preprocesamiento y lleva a cabo la segmentación automática del pulmón mediante la aplicación de umbrales múltiples y operadores morfológicos. Para evaluar la eficacia del método, se elige una muestra de 30 imágenes de radiografías de individuos sanos y 30 de aquellos con la patología en cuestión. Se extraen las características propuestas previamente, logrando una especificidad del 76,6% y una sensibilidad del 83,3%, con el propósito de clasificar la población en estudio según la presencia o ausencia de neumonía.

En la investigación realizada por Calderon-Ramirez et al. (2021), tiene como objetivo es mejorar las estimaciones de incertidumbre utilizando datos no etiquetados a través de marco semisupervisado MixMatch. Las estimaciones se realizan con Softmax, Monte-Carlo. Los mejores resultados se obtienen con el uso del método de deserción escolar de Monte Carlo.

Castillo A. et al. (2020), tiene el propósito de la revisión es analizar los estudios de tomografía computarizada y radiografías de tórax, evaluando las imágenes de pacientes con sospecha, confirmación y seguimiento de la enfermedad. En resumen, las principales sociedades radiológicas recomiendan la estandarización de los informes radiológicos para aquellos individuos con sospecha de COVID-19.

En la investigación realizada por Wu et al. (2020), La finalidad de la investigación consiste en establecer la relación entre los hallazgos de la tomografía computarizada de tórax y examinar las características clínicas en pacientes con COVID-19. El estudio abarcó a 80 pacientes y tuvo un diseño retrospectivo. En conclusión, los resultados de la tomografía computarizada del torácica mostraron rasgos tales como opacidad en vidrio esmerilado, consolidación, patrón en panal y engrosamiento del tabique interlobulillar en los pulmones, con una distribución mayoritaria en la región subpleural. Asimismo, se observó una correlación significativa entre los síntomas, los resultados de las pruebas de RT-PCR y el grado de afectación pulmonar.

En la investigación realizada por Zhou et al. (2020), tiene como objetivo analizar los hallazgos obtenidos por la TC de tórax en la etapa inicial y progresiva de la enfermedad por coronavirus 2019, y explorar los cambios potenciales en las anomalías del parénquima pulmonar durante estas dos etapas. Incluyendo a 62 pacientes con diagnóstico de COVID-19, el estudio sigue un enfoque retrospectivo. En síntesis, la característica más destacada se presenta con opacidades de vidrio esmerilado y la consolidación alrededor de los pulmones. Las imágenes de tomografía computarizada (TC) son útiles para evaluar la extensión de la enfermedad. En situaciones donde se identifiquen estas anomalías características, así mismo se debe considerar el diagnóstico diferencial de COVID-19.

Es la investigación realizada por Inui et al. (2020), tiene como objetivo estimar la evaluación de los hallazgos de la tomografía de tórax en una población ambientalmente homogénea de enfermedad por coronavirus 2019 del crucero Diamond Princess. Contando con la participación de 104 pacientes con diagnóstico confirmado de COVID-19, el estudio sigue un enfoque retrospectivo. En resumen, este estudio documenta una significativa diversidad en los descubrimientos subclínicos de la tomografía computarizada (TC) en pacientes con COVID-19. Se evidencia una disparidad en los casos sin síntomas, donde se caracterizan por la presencia de opacidades de vidrio esmerilado y una extensión menos pronunciada, en contraste con los casos sintomáticos que muestran una consolidación más marcada que opacidades de vidrio esmerilado.

En la investigación realizada por (Juárez-Hernández y García-Benítez, et al. (2020), El objetivo es detallar los resultados tomográficos relacionados con la afectación pulmonar en casos de COVID-19. El estudio sigue un enfoque transversal y descriptivo, con la participación de 56 sujetos. En resumen, los patrones tomográficos más frecuentes en la población mexicana fueron opacidad de vidrio esmerilado, mixta y patrón empedrado, y estos variaron según la etapa de desarrollo de la enfermedad. Se concluye que la tomografía de tórax se presenta como una alternativa en la imagenología para evaluar, pronosticar y dar seguimiento a las afecciones estudiadas.

En la investigación realizada por Acosta et al. (2020), tiene como objetivo es detallar las manifestaciones ocurridas de los pacientes con COVID-19. Se incluyeron 17 pacientes en este estudio de carácter observacional retrospectivo. En resumen, se obtuvieron observaciones directas acerca de la evaluación y los procedimientos realizados en pacientes adultos graves con COVID-19 en un hospital peruano. Los casos se distinguen por la presencia de neumonía bilateral, siendo más frecuente en hombres con historial médico, requerimientos de oxígeno y una tasa de mortalidad considerable.

En la investigación realizada por Ai et al. (2020b), tiene el objetivo de examinar la estimación diagnóstica y coherencia del estudio de la tomografía de tórax en paralelo con el análisis de las pruebas de RT-PCR en coronavirus 2019. En este estudio retrospectivo, se incorporaron 1014 pacientes. En conclusión, la tomografía de tórax tiene una elevada sensibilidad y baja especificidad, que se evaluó mediante los datos y análisis del estudio, sugieren que 7 es una herramienta principal para la detección, evaluación integral y seguimiento en áreas epidémicas con elevada incidencia de casos sospechosos por COVID-19

En la investigación realizada por La Salvia et al. (2021), Se propuso desarrollar un algoritmo con el objetivo de identificar y categorizar patrones de COVID-19 en cuadros de ultrasonografía. Para ello se emplearon 2908 frames en el entrenamiento del modelo, utilizando datos de 450 pacientes atendidos en el Departamento de Emergencias (ED) de Pavía de la Fondazione IRCCS Policlinico San Matteo. En la metodología utilizada las dos redes residuales profundas, una con 18 capas (ResNet18) y la otra con 50 capas (ResNet50). En resumen, el modelo basado en aprendizaje profundo (DL) aplicado para la detección y clasificación automática de la gravedad de la neumonía por COVID-19 en imágenes de ultrasonido pulmonar (LUS) ha proporcionado resultados novedosos, confiables y destacados en comparación con otros estudios.

En la investigación realizada por En la investigación que realizaron Mento et al. (2021), tuvieron como objetivo informar sobre el nivel de acuerdo entre los expertos de deep learning (DL) y ultrasonografía pulmonar (LUS, por sus siglas en inglés), al evaluar los datos correspondientes a videos de LUS en el cual se

proporcionó, para cada frame de video, una puntuación y la segmentación semántica. Dentro del ámbito de este estudio, se analizaron un total de 314,879 cuadros procedentes de 1,488 videos de ultrasonografía pulmonar, obtenidos de 82 pacientes de la Fondazione Policlinico Universitario Agostino Gemelli (Roma, Italia) y de la Fondazione Policlinico San Matteo (Pavía, Italia). En resumen, estos resultados alentadores subrayan el potencial de los modelos de aprendizaje profundo (DL) para la evaluación automática de datos de ultrasonido pulmonar (LUS), especialmente cuando se aplican a información de alta calidad adquirida bajo un protocolo de imágenes.

En la investigación realizada por Bardález-Trigoso et al. (2021), según el autor, la tasa de infección está en aumento constante y la capacidad del sistema de salud resulta insuficiente. Por esta razón, se han propuesto diversos métodos para identificar el nuevo coronavirus de manera más rápida y económica. La base de datos utilizada fue COVIDx3, que incluye 15,476 imágenes radiográficas de pulmón. En resumen, se obtuvieron resultados prometedores, destacándose que la combinación más efectiva fue aquella que incorporó MobileNetV2 con aumento de datos, logrando una sensibilidad por clase COVID-19 de 0.97 y, en promedio, una precisión y sensibilidad de 0.92 y 0.91, respectivamente. En vista de la crisis sanitaria generada por el COVID-19, este trabajo se presenta como un respaldo para la detección de la enfermedad y como una referencia para investigaciones futuras.

En la investigación realizada por Roy et al. (2020), El propósito de la investigación es explorar la aplicación de técnicas de aprendizaje profundo (DL) en el análisis de imágenes de ultrasonografía pulmonar (LUS). Para llevar a cabo este estudio, se empleó una base de datos italiana de ultrasonografía pulmonar para COVID-19 (ICLUS-DB), que actualmente incluye un total de 277 videos de LUS de 35 pacientes, equivalentes a 58,924 cuadros. Además, se introduce un nuevo método basado en uninormas para realizar una agregación eficiente de las puntuaciones de los cuadros a nivel de video. Finalmente, se lleva a cabo una comparación entre modelos de vanguardia para estimar segmentaciones a nivel de píxel de biomarcadores en imágenes de COVID-19. En resumen, los ensayos realizados en el conjunto de datos sugerido han proporcionado resultados positivos en todas las

tareas analizadas, abriendo perspectivas para futuras investigaciones sobre el uso de aprendizaje profundo en el diagnóstico asistido por COVID-19 a través de datos de ultrasonografía pulmonar.

En la investigación realizada por Liang et al. (2022), su objetivo fue diseñar una nueva propuesta de red neuronal profunda del tipo Generative Adversarial Networks (GAN) para generar imágenes sintéticas realistas. En la presente investigación, se emplearon numerosas imágenes de ecografía pulmonar, articulación de cadera y ovario, compuestas por 6054, 1231 y 3261 imágenes, respectivamente. Los hallazgos del estudio indican que la red neuronal propuesta se posiciona como una herramienta valiosa para generar imágenes de ultrasonografía con alta resolución y fidelidad a partir de mapas de etiquetas.

En la investigación realizada por Arntfield et al. (2020), el objetivo consiste en determinar si la integración de la ultrasonografía pulmonar (LUS) con técnicas de aprendizaje profundo puede igualar o incluso mejorar la especificidad diagnóstica humana en imágenes LUS con características similares. Para llevar a cabo este análisis, se emplearon 600 vídeos de ultrasonografía pulmonar, que contienen 121,381 cuadros, provenientes de 243 pacientes diferentes, los cuales fueron categorizados en tres grupos: COVID-19, síndrome de dificultad respiratoria aguda (NCOVID) y edema pulmonar hidrostático. La conclusión de la investigación destaca que un modelo de aprendizaje profundo puede diferenciar entre patologías en imágenes de ultrasonografía pulmonar que presentan similitudes visuales, incluido el COVID-19, lo cual no es posible para los humanos. La discrepancia en el rendimiento entre los humanos y el modelo sugiere la posible existencia de biomarcadores subvisibles en las imágenes de ultrasonografía, señalando la necesidad de investigaciones multicéntricas al respecto.

En la investigación realizada por Loey et al. (2020), su objetivo fue diseñar una red neuronal profunda del tipo GAN para generar imágenes sintéticas para de esa manera aumentar la base de datos de entrenamiento para la red neuronal de detección. Este estudio recopiló un total de 307 imágenes distribuidas en cuatro clases distintas: COVID-19, normal, neumonía bacteriana y virus de la neumonía.



Se eligieron tres modelos de transferencia de conocimientos para el análisis, específicamente AlexNet, GoogleNet y ResNet18. Los resultados obtenidos en la investigación indican que los modelos de aprendizaje profundo alcanzaron niveles equiparables de precisión, recall y métricas de puntuación F1. Estos hallazgos respaldan la selección de GoogleNet como el modelo preferido en la investigación, ya que mostró la mayor validez durante la fase de validación.

En la investigación realizada por Muñoz-Jarillo et al. (2020b), se presenta un resumen de las características clínicas y radiológicas identificadas en la infección, así como de las limitaciones de diversos métodos de imagen y su conexión con la progresión temporal de la enfermedad. Además, se discute la utilización de la inteligencia artificial en el campo de la radiología para el diagnóstico de casos de COVID-19.

CAPÍTULO II

PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

2.1. Identificación del problema

La pandemia de la COVID-19 ha afectado a diversos países del mundo y a finales del mes de abril alcanzó más de tres millones de casos confirmados (Mujica-Rodríguez, Toribio-Salazar, & Córdor-Cámara, 2020). En diciembre de 2019, se detectaron los primeros casos de enfermedad respiratoria causada por un coronavirus emergente, al que se denominó SARS-CoV-2, que en los primeros meses de 2020 se ha extendido por todo el mundo con características de pandemia (Ruiz-bravo & Jiménez-Valera, 2020). Los coronavirus son virus envueltos de ARN de sentido positivo no segmentados que pertenecen a la familia Coronaviridae y al orden Nido virales, y se distribuyen ampliamente en humanos y otros mamíferos, originando múltiples afecciones que van desde una gripe común hasta la muerte (Palacios-Cruz, Santos, Velázquez-Cervantes, & León-Juárez, 2021). Esta enfermedad provoca los principales síntomas son: fiebre, dolor de garganta, dolor muscular, tos seca y dificultad respiratoria aguda (López-Cabrera, Portal-Díaz, Orozco-Morales, & Pérez-Díaz, 2020), hasta complicaciones más graves como la insuficiencia respiratoria y neumonía. La rápida difusión del coronavirus y los graves efectos que provoca en seres humanos hacen imperioso un diagnóstico temprano de la enfermedad llamado Covid – 19.

2.2. Enunciados del problema

2.2.1. Problema General

¿En qué ayuda el modelo de proceso diagnóstico de covid – 19 mediante la aplicación de la técnica de deep learning a partir de imágenes de rayos X de los pulmonares de los pacientes?

2.2.2. Problemas

- ¿Qué tipo de imágenes de rayos X pulmonares de pacientes se emplean en el entrenamiento de los algoritmos para diagnosticar COVID-19?
- ¿Cómo se desempeña el modelo en el conjunto de prueba, evaluado a través de métricas clave como precisión, sensibilidad y especificidad?
- ¿Cómo se compara el rendimiento del modelo con otros métodos de diagnóstico para garantizar su eficacia y precisión?

2.3. Justificación

En la presente investigación, se propone apoyo al proceso de diagnóstico de neumonía asociada al COVID – 19 aplicando Deep Learning en radiografías de tórax. Por ello, es necesario reducir el tiempo del proceso de diagnóstico de esta enfermedad para que el tratamiento proporcionado pueda ser más efectivo. Razón por la cual, la investigación propone la evaluación de cuatro modelos de redes neuronales convolucionales, en la aplicación de clasificación de imágenes, utilizando radiografías de tórax, apoyar al proceso de diagnóstico. De esta manera, señalar cuál de los cuatro modelos es el más indicado para detectar la neumonía asociada al COVID-19 por medio de radiografías de tórax, así apoyar al proceso de diagnóstico, de la enfermedad y reducir el tiempo que ocupa este proceso

2.4. Objetivos

2.4.1. Objetivo general

Determinar el modelo de proceso diagnóstico de COVID – 19 mediante la aplicación de la técnica de deep learning a partir de imágenes de rayos X de los pulmonares de los pacientes.

2.4.2. Objetivos específicos

- Analizar las imágenes de rayos X pulmonares de pacientes se emplean en el entrenamiento de los algoritmos para diagnosticar COVID-19
- Evaluar el desempeño del modelo en el conjunto de prueba, evaluado a través de métricas clave como precisión, sensibilidad y especificidad
- Compara el rendimiento del modelo con otros métodos de diagnóstico para garantizar su eficacia y precisión



2.5. Hipótesis

2.5.1. Hipótesis general

La mejora del modelo de diagnóstico de COVID-19 se logrará mediante la implementación de técnicas de aprendizaje profundo utilizando imágenes de rayos X pulmonares de los pacientes.

CAPÍTULO III MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. Lugar de estudio

Este estudio fue llevado a cabo en la Universidad Nacional del Altiplano Puno, situada en la región del sureste de Perú. Sin embargo, los experimentos se ejecutarán utilizando información recopilada de Kaggle.

3.2. Población

El estudio utilizó imágenes de pacientes con COVID-19 que presentaban síntomas de afectación pulmonar, incluyendo diversos casos con individuos sanos y pacientes en la primera fase de neumonía (consolidación). Este conjunto de pacientes constituye la principal población de interés.

Tabla 2

Las imágenes infectadas con Covid 19 y no infectados.

| Clases | Numero de Imágenes |
|-----------------|--------------------|
| Covid | 3616 |
| lung_Opacity | 6012 |
| Normal | 10192 |
| Viral Pneumonia | 1345 |
| Total | 21165 |

Fuente: Elaboración propia

3.3. Muestra

La selección de la muestra ha sido de tipo no probabilístico, utilizando el muestreo por conveniencia (Sampieri, 2014). Por lo que se considera como muestra que se ha tomado la dataset con un total de 21165 imágenes de rayos X de los pacientes.

3.4. Métodos

El periodo de estudios fue de 12 meses, desde noviembre del 2022 hasta noviembre del 2023 en época de pandemia, la presente investigación presenta un enfoque cuantitativo, observacional y de tipo transversal, su propósito es describir variables y analizar su incidencia e interrelación en un momento dado (Sampieri, 2014).

Se ha empleado un diseño de investigación descriptiva comparativa, se han establecido variables y propiedades de un determinado fenómeno para ser analizadas y comparadas. En este estudio el objetivo es conocer el mejor modelo de Deep Learning que permite el diagnóstico de COVID – 19.

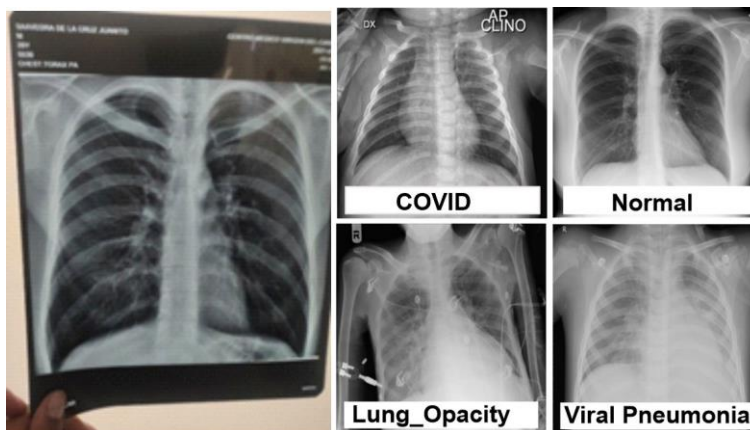


Figura 14. Imagen de rayos x del tórax de los pulmones afectados por covid

3.5. Descripción detallada de métodos por objetivos específicos

Durante la investigación se completaron los siguientes procesos:

3.5.1. Descripción de variables analizadas en los objetivos específicos

a) Recopilación de datos

Localización del conjunto de datos: se realiza la búsqueda y selección de imágenes de radiografías de tórax de pacientes, tanto con como sin COVID-19. Tratamiento de datos: se lleva a cabo la revisión y depuración del conjunto de datos, eliminando aquellas imágenes de baja calidad.

Preprocesamiento de datos: esta fase es esencial y se realiza antes de iniciar el análisis, asegurando que los datos estén aptos para el entrenamiento y la prueba del modelo. En este estudio, se empleó el paquete Pandas del lenguaje de programación Python para analizar los datos. Los datos y registros fueron validados en función del riesgo

clínico, garantizando así una clasificación adecuada del modelo. Se realizaron imputaciones de datos faltantes, se estandarizaron las características y se abordó el desequilibrio en los datos. Después de realizar el análisis, reducir las características y abordar el desequilibrio, se seleccionó una muestra de 21,165 imágenes.

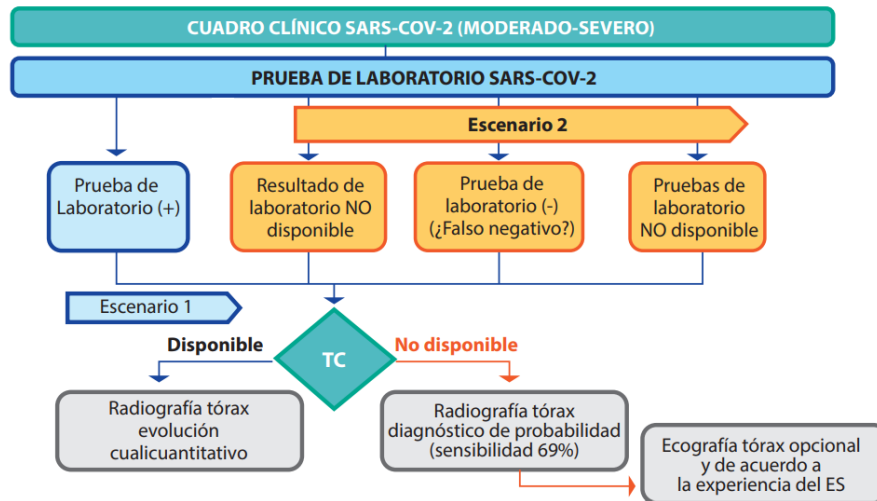


Figura 15. Síntomas clínicos del SARS-CoV-2 en su presentación moderada a severa.

La Figura 15 representa dos escenarios. En el primer escenario, se observa a un paciente con un cuadro clínico pulmonar que varía de moderado a severo y cuya infección por SARS-CoV-2 ha sido confirmada mediante pruebas de laboratorio. En el segundo escenario, se describe a un paciente con sospecha de infección por SARSCOV-2, que presenta un cuadro clínico de moderado a severo. En esta instancia, no se dispone de resultados de laboratorio o se sospecha un falso negativo, y no se tiene acceso a pruebas de tomografía. En este contexto, la radiografía podría ser beneficiosa para realizar un diagnóstico probabilístico, teniendo en cuenta la sensibilidad de la radiografía, que es del 69%, y considerando el tiempo transcurrido desde el inicio de los síntomas.

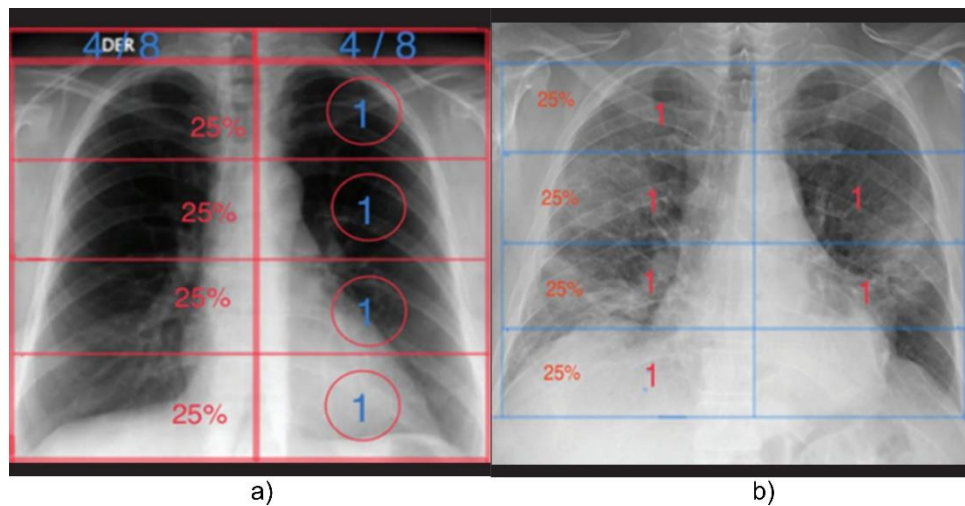


Figura 16. Score real. Se determina asignando 1 punto por cada 25% de afectación en cada pulmón

Tabla 3

Puntuación RALE en radiografías de tórax de pacientes afectados por SARS-CoV-2 y Puntuación RALE en radiografías de tórax en individuos con SARS-CoV-2.

| Score rale RxT SARS-COV-2 | | Score RxT SARS-COV-2 | |
|---------------------------|-----------|----------------------|-----------|
| Puntuación total | Severidad | Puntuación total | Severidad |
| 0 puntos | Normal | 0 puntos | Normal |
| 1-2 puntos | Leve | 1-2 puntos | Leve |
| 3-6 puntos | Moderado | 3-6 puntos | Moderado |
| > 6 puntos | Grave | > 6 puntos | Grave |

b) Evaluación del rendimiento del modelo

Selección de algoritmo de aprendizaje; existen diversas herramientas de aprendizaje automático. Para este estudio se eligió cuatro algoritmos de aprendizaje automático en conjunto, es la adecuada para la tarea de clasificaciones de imágenes médicas, que incluyen VGG19, DenseNet169, ResNet101 y EfficientNetB0.

Implementación del modelo y entrenamiento; Se ha desarrollado el programa haciendo uso del paquete Scikit-learn de Python. Se ha utilizado un conjunto de entrenamiento, que es el 70% de la muestra, y un conjunto de validación, que es el 30%, para lo cual se diseñó un

programa orientado a mejorar los resultados. De esta manera, en cada entrenamiento se minimiza el error, lo que garantiza una mejora incremental en la eficiencia del modelo.

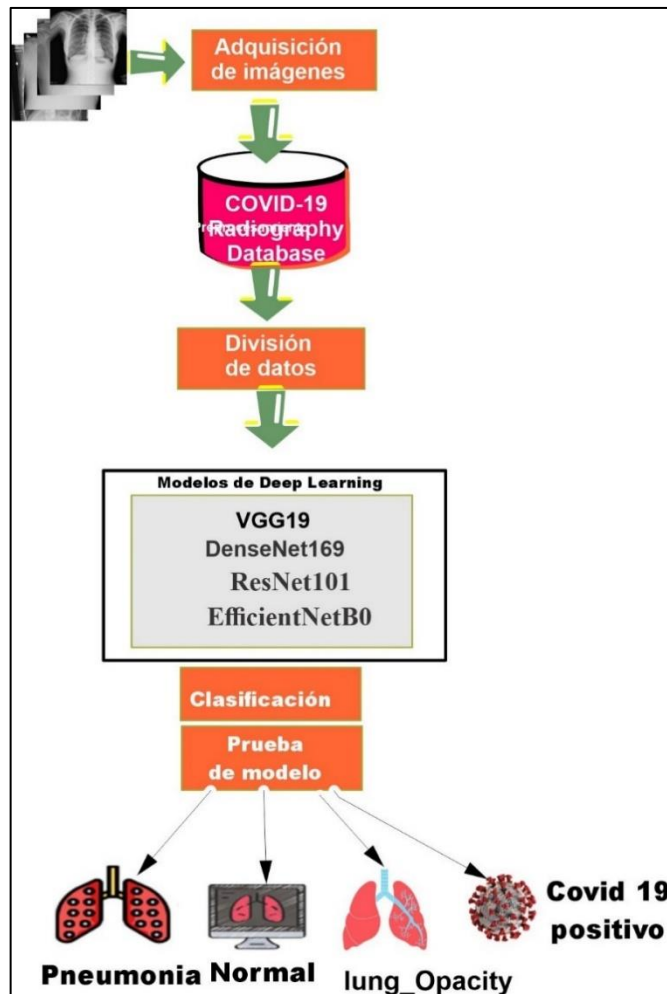


Figura 17. Diseño del modelo Deep Learning (VGG19, DenseNet169, resNet101 y EfficientNetBO)

c) Comparación de rendimiento del modelo

Las métricas de evaluación incluyen la precisión, sensibilidad, especificidad y el puntaje F1. Posteriormente, estas métricas son implementadas para evaluar y comparar el rendimiento del modelo en el conjunto de prueba.

3.5.2. Descripción detallada del uso de materiales, equipos, instrumentos, insumos.

Los recursos y materiales utilizados principalmente incluyeron libros, papel, impresiones de materiales en formato PDF, una memoria USB de la marca Kingston, una computadora con procesador Intel y suscripciones a



revistas especializadas en medicina e inteligencia artificial. Dado que la investigación sigue un enfoque cuantitativo y de revisión, se enfatizó el uso de material documental. En relación con el desarrollo de la prueba diagnóstica, se empleó Colaboratory, también conocido como "Colab", un producto de Google Research que permite a los usuarios escribir y ejecutar código Python de manera interactiva en el navegador (Marzal Varó et al., 2014). La plataforma es especialmente beneficiosa para llevar a cabo labores relacionadas con el aprendizaje automático, aprendizaje profundo, análisis de datos y propósitos educativos. Desde una perspectiva más técnica, Colab se presenta como un servicio de cuaderno Jupyter alojado que no demanda configuración y brinda acceso gratuito a recursos informáticos, como GPUs (Tillaguango Jiménez, 2021).

CAPÍTULO IV RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. Analizar las imágenes de rayos X pulmonares de pacientes se emplean en el entrenamiento de los algoritmos para diagnóstico COVID -19

La descripción del conjunto de datos de imágenes de radiografías de tórax utilizado en esta investigación se organiza en cuatro categorías: COVID, Lung Opacity, Normal y Viral Pneumonia. Cada categoría se subdivide en dos carpetas: "images", que contiene las imágenes de rayos X, y "mask", que almacena las máscaras pulmonares correspondientes. Las imágenes se encuentran en formato png y tienen una resolución de 256 x 256 píxeles. Este conjunto de datos juega un papel crucial en el entrenamiento y la evaluación de los modelos de aprendizaje profundo para la detección de COVID-19. La Tabla 4 proporciona información sobre las cuatro clases y la cantidad de imágenes asociadas.

Tabla 4

Clase de imágenes de rayos x

| Clase | Numero de Imágenes de rayos x de tórax | Porcentaje |
|-----------------|--|------------|
| Covid | 36106 | 17 % |
| lung_Opacity | 6012 | 28 % |
| Normal | 10192 | 48 % |
| Viral Pneumonia | 1345 | 6 % |
| Total | 21165 | 100 % |

Fuente: elaboración +propia

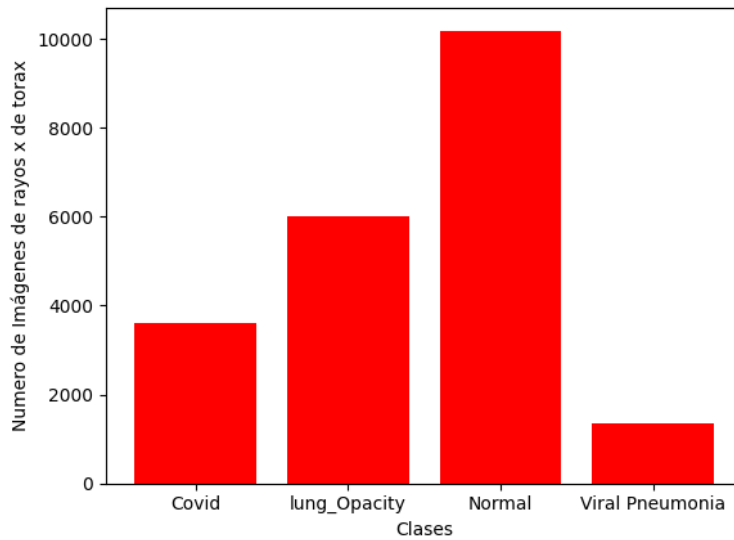


Figura 18. Base de datos de imágenes de rayos x de tórax

En la Figura 18, Se introduce el dataset de imágenes de radiografías de tórax, clasificado en distintas clases, empleado para entrenar algoritmos de redes neuronales convolucionales en la detección de COVID-19, evidenciando una elevada sensibilidad y especificidad. Esto significa que estos algoritmos son capaces de identificar de manera precisa tanto los casos positivos como los negativos, lo cual resulta esencial para evitar falsos negativos y positivos. Además, en esta fase temprana, posibilitan la identificación de síntomas clínicos que pueden ser leves o iniciales, lo que resulta crucial para implementar medidas preventivas. La Figura 19 exhibe las imágenes de rayos X de tórax de los pulmones.

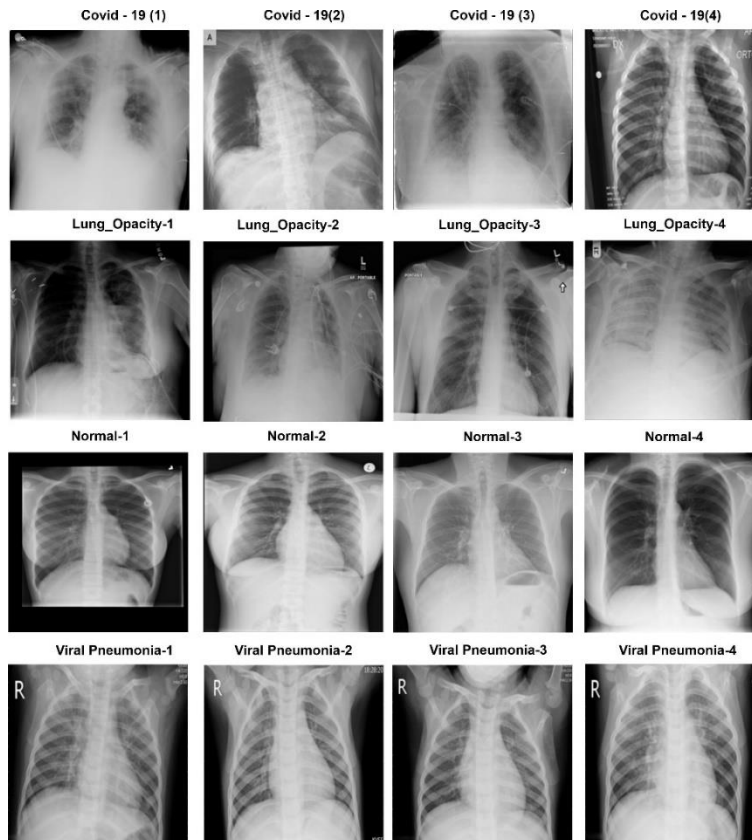


Figura 19. Radiografías de tórax pulmonar.

Tabla 5

Diagnóstico clasificadorio de la infección por SARS-CoV-2 en la radiografía de tórax.

| Clasificación de la radiografía de tórax en casos de SARS-CoV-2 | Hallazgos | Recomendaciones |
|---|---|--|
| Hallazgos radiográficos altamente sugestivos ("Típicos") de neumonía atípica por SARS-CoV-2 | Opacidades leves y multifocales, de ubicación periférica, ya sea unilateral o bilateral, con predominio en los lóbulos inferiores. Opacidades mixtas intersticioalveolares, multifocales y difusas, de ubicación periférica, ya sea unilateral o bilateral, con predominio en los lóbulos inferiores | Buscar confirmación a través de pruebas de laboratorio y evaluar la opción de realizar una tomografía computarizada (TC) |
| Hallazgos radiográficos con sospecha moderada ("Atípicos") de neumonía atípica por SARS-CoV-2 | Opacidades tenues difusas perihiliares o unilaterales, sin una distribución específica Opacidades alveolointersticiales difusas, perihiliares o unilaterales, sin un patrón de distribución específico Opacidad alveolar unilobar | Buscar confirmación mediante pruebas de laboratorio y considerar la posibilidad de realizar una tomografía computarizada (TC) |
| Hallazgo radiográfico baja sospecha/no concluyente para neumonía atípica por SARS-CoV-2 | Opacidad tenue difusa central con patrón en alas de mariposa Presencia de masa Cavitaciones Efusión pleural | Buscar confirmación mediante pruebas de laboratorio y considerar un diagnóstico alternativo en función del cuadro clínico y los antecedentes |
| Radiografía normal (pacientes asintomáticos o con síntomas menos de 5 días) | Ausencia de lesiones | No se excluye la posibilidad de una infección por SARS-CoV-2. Se recomienda realizar pruebas de laboratorio y/o considerar una tomografía computarizada (TC) |

Fuente: (Mayanga-Sausa, Guerra-Tueros, Lira-Villasante, & Pastor-Gutiérrez, 2020b)

En la Tabla 5, el diagnóstico radiográfico se debe realizar en base a algoritmos de redes neuronales convolucionales para la sospecha, esta clasificación es válida la propuesta para los informes de laboratorios, y es adaptable para el diagnóstico radiográfico, agregando las recomendaciones respectivas.

- Los hallazgos radiográficos que sugieren neumonía atípica por SARS-CoV-2 deben confirmarse mediante pruebas de laboratorio.

- Los hallazgos radiográficos con sospecha moderada de neumonía atípica por SARS-COV-2: se aconseja confirmar mediante prueba de laboratorio.
- Los resultados radiográficos con baja sospecha o sin conclusiones definitivas para neumonía atípica por SARS-COV-2: se recomienda contemplar un diagnóstico alternativo basándose en el cuadro clínico y los antecedentes; se sugiere un seguimiento clínico.
- Una radiografía que no muestre anormalidades no excluye la posibilidad de infección por SARS-COV-2: se recomienda realizar pruebas de laboratorio para confirmación.

4.2. Evaluar el desempeño del modelo en el conjunto de prueba, evaluado a través de métricas clave como precisión, sensibilidad y especificidad

Resultados del Modelo VGG19

La evaluación del rendimiento del modelo VGG19 se realizó mediante el uso de métricas que incluyen accuracy, precisión, recall y F1-score. La Tabla 6 exhibe una comparación de los valores obtenidos para estas métricas.

Tabla 6

Métricas de medición del modelo VGG19

| Clases | Precisión | recall | f1-score | support |
|-----------------|------------------|---------------|-----------------|----------------|
| COVID | 0.97 | 0.64 | 0.77 | 362 |
| Lung_Opacity | 0.88 | 0.85 | 0.86 | 602 |
| Normal | 0.84 | 0.96 | 0.90 | 1019 |
| Viral Pneumonia | 0.90 | 0.92 | 0.91 | 134 |

Fuente:

Elaboración propia

El modelo VGG19. Según la Tabla 6, se observa que la métrica "especificidad" para el modelo entrenado alcanzó un valor de 0.64.

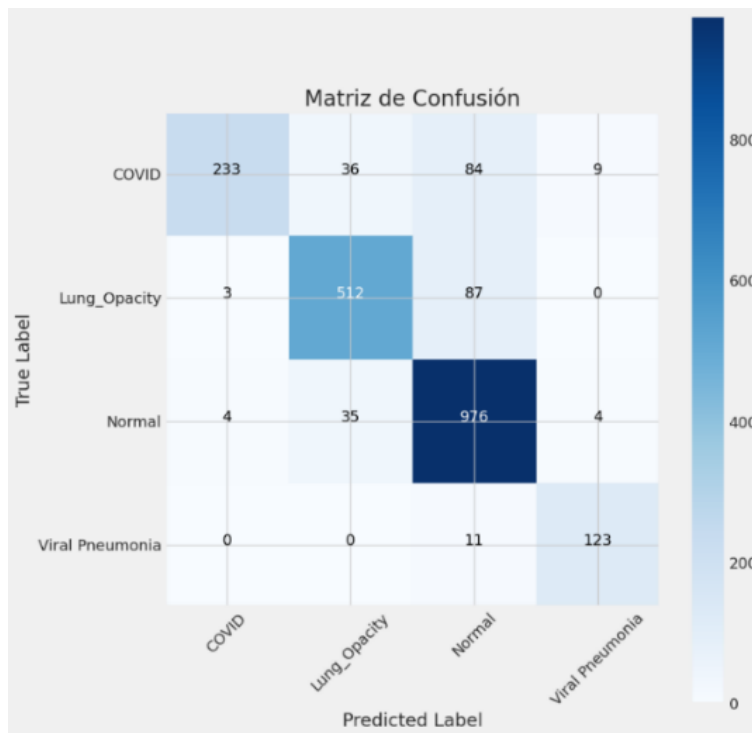


Figura 20. Matriz de confusión de multiclase de VGG19

En la Figura 20, se observa la matriz confusión de multiclase del modelo VGG19, se puede observar de las 262 imágenes de pruebas con covid - 19, la red predijo 233 correctamente y 129 incorrectamente, de las 602 imágenes de Lung_Opacity la red predijo 512 correctas y 90 incorrectamente, de las 1019 imágenes normal la red predijo 976 correctamente y 43 incorrectamente y de las 134 imágenes Viral Pneumonia la red predijo 123 correctas y 11 incorrectas.

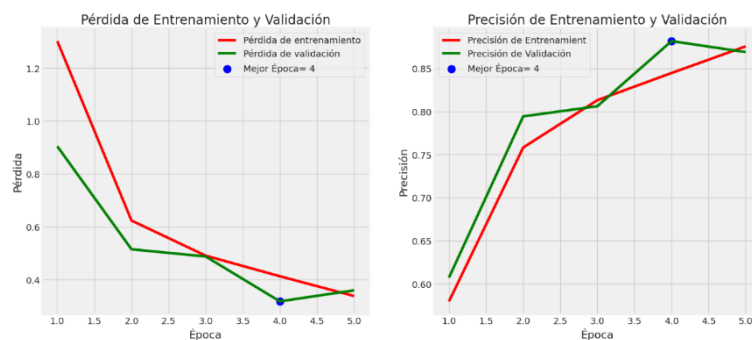


Figura 21. a) Pérdida de entrenamiento y validación y b) precisión de entrenamiento y validación

En la Figura 21, se puede observar cómo la pérdida de entrenamiento y la pérdida de validación disminuyen a medida que aumenta el número de épocas. Además, la precisión de entrenamiento y validación aumenta a lo largo de las épocas.

Resultados del Modelo DenseNet169

Para evaluar el rendimiento del modelo DenseNet169, se emplearon métricas como accuracy, precisión, recall y F1-score. La Tabla 5 presenta una comparación entre los valores de estas métricas de evaluación.

Tabla 7

Métricas de medición del modelo DenseNet169

| Clases | Precisión | recall | f1-score | support |
|-----------------|-----------|--------|----------|---------|
| COVID | 0.89 | 0.99 | 0.94 | 362 |
| Lung_Opacity | 0.83 | 0.97 | 0.89 | 602 |
| Normal | 0.99 | 0.84 | 0.91 | 1019 |
| Viral Pneumonia | 0.96 | 1.00 | 0.98 | 134 |

Fuente: Elaboración propia.

El modelo DenseNet169, según se muestra en la Tabla 7, alcanzó una métrica de "specificity" de 0.99 durante el entrenamiento.

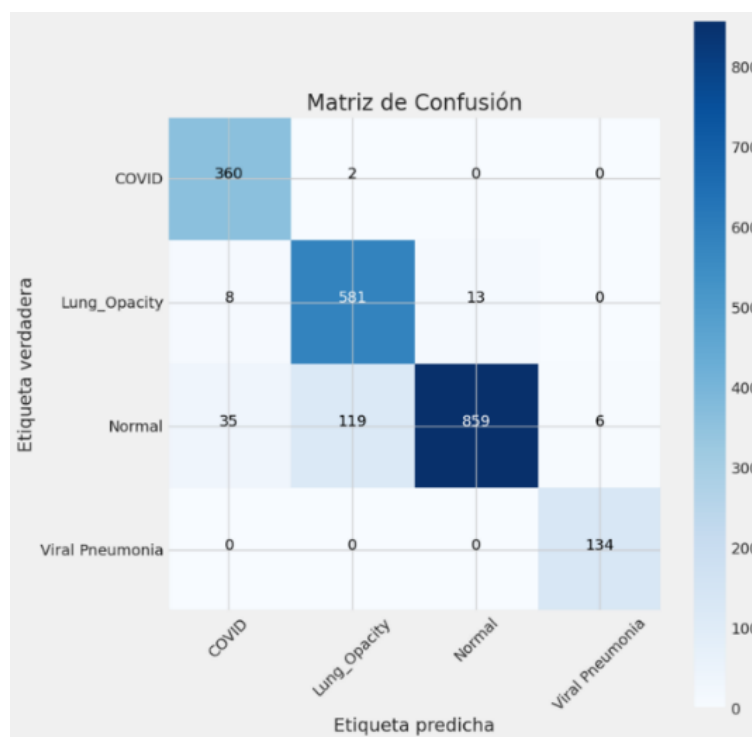


Figura 22. Matriz de confusión de multiclase de DnseNet169

En la Figura 22, se observa la matriz de confusión de multiclase del modelo DenseNet169, se puede observar de las 362 imágenes de pruebas con covid 19, la red predijo 360 correctamente y 2 incorrectamente, de las 602 imágenes de Lung_Opacity la red predijo 581 correctas y 21 incorrectamente, de las 1019

imágenes normal la red predijo 859 correctamente y 160 incorrectamente y de las 134 imágenes Viral Pneumonia la red predijo 134 correctas y 0 incorrectas.

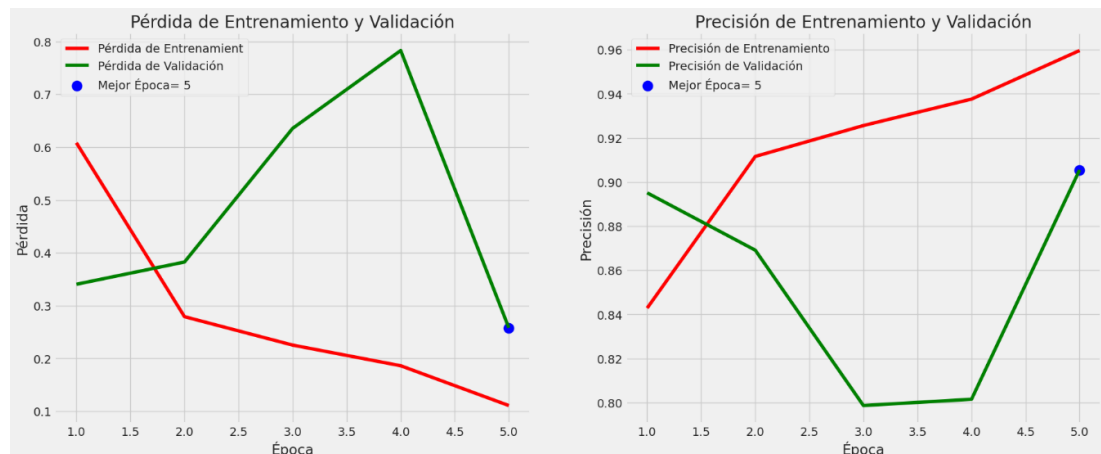


Figura 23. Perdida de entrenamiento y validación y b) precisión de entrenamiento y validación

En la Figura 23, se evidencian los siguientes aspectos: a) la reducción de la pérdida de entrenamiento y validación en función del aumento de épocas, donde la pérdida de validación alcanza su punto máximo antes de decrecer con el número de épocas. Y b) en cuanto a la precisión de validación; la precisión de entrenamiento aumenta a medida que aumenta el número de épocas, mientras que la precisión de validación experimenta variaciones, disminuyendo y aumentando en relación con el número de épocas.

Resultados del Modelo ResNet101

Para evaluar el rendimiento del modelo ResNet101, se emplearon diversas métricas de evaluación, tales como precisión, recuperación (recall), puntuación F1 y exactitud (accuracy). La Tabla 8 presenta una comparación entre los valores de estas métricas obtenidas.

Tabla 8

Las métricas de medición del modelo ResNet101

| Clases | precision | recall | f1-score | support |
|-----------------|-----------|--------|----------|---------|
| COVID | 0.98 | 0.96 | 0.97 | 362 |
| Lung_Opacity | 0.93 | 0.90 | 0.91 | 602 |
| Normal | 0.93 | 0.96 | 0.95 | 1019 |
| Viral Pneumonia | 1.00 | 0.95 | 0.97 | 134 |

Fuente: Elaboración propia

En la Tabla 8, del modelo ResNet101, se observa que la métrica de "especificidad" obtenida durante el entrenamiento fue de 0.96.

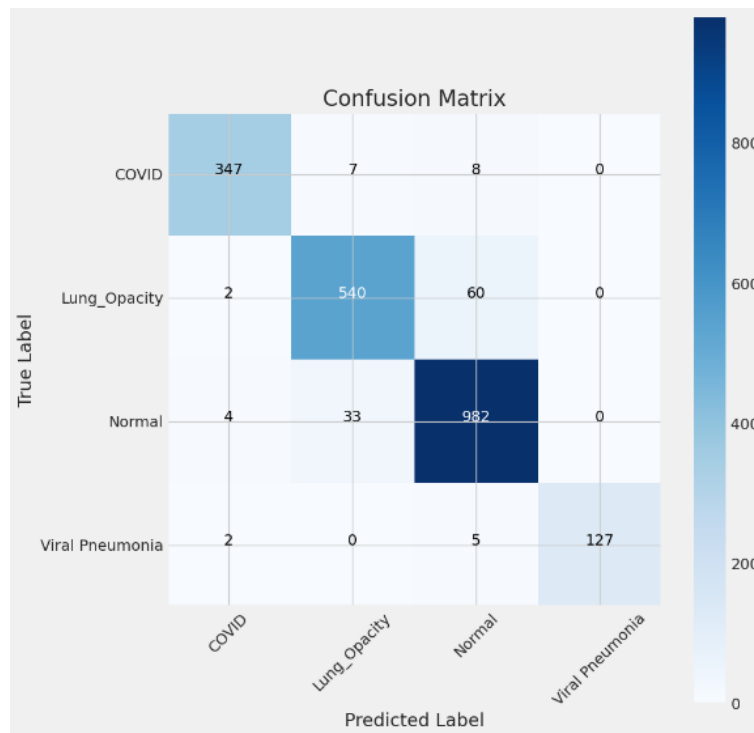


Figura 24. Matriz de confusión de multiclase de ResNet101

En la Figura 24, se observa la confusión de matriz de multiclase del modelo ResNet101, se puede observar de las 362 imágenes de pruebas con covid 19, la red predijo 347 correctamente y 15 incorrectamente, de las 602 imágenes de Lung_Opacity la red predijo 540 correctas y 62 incorrectamente, de las 1019 imágenes normal la red predijo 982 correctamente y 37 incorrectamente y de las 134 imágenes Viral Pneumonia la red predijo 127 correctas y 7 incorrectas.

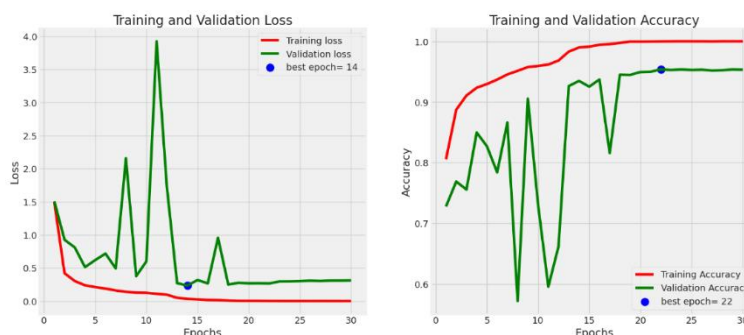


Figura 25. Perdida de entrenamiento y validación y b) precisión de entrenamiento y validación

En la Figura 25, se puede observar lo siguiente: a) la pérdida durante el entrenamiento y la validación, donde la pérdida de entrenamiento disminuye a medida que aumenta el número de épocas, y la pérdida de validación alcanza su

máximo pico y luego disminuye con el tiempo. b) la precisión durante la validación; la precisión de entrenamiento aumenta con el número de épocas, mientras que la precisión de validación aumenta y luego disminuye con el tiempo.

Resultados del modelo EfficientNetB0

Para evaluar el rendimiento del modelo EfficientNetB0, se emplearon métricas de evaluación, incluyendo accuracy, precisión, recall y F1-score (Karacı, 2022). En la Tabla 9, se ofrece una comparación entre los valores de estas métricas de evaluación adquiridos.

Tabla 9

Métricas de medición del modelo EfficientNetB0

| Clases | precision | Recall | f1-score | support |
|-----------------|-----------|--------|----------|---------|
| COVID | 0.99 | 0.99 | 0.99 | 362 |
| Lung_Opacity | | | | |
| Normal | 0.99 | 1.00 | 1.00 | 1020 |
| Viral Pneumonia | 1.00 | 0.97 | 0.98 | 134 |

Fuente: elaboración propia

Se desprende de la Tabla 9 que, al entrenar el modelo EfficientNetB0, se alcanzó un valor de 0.99 para la métrica "specificity".

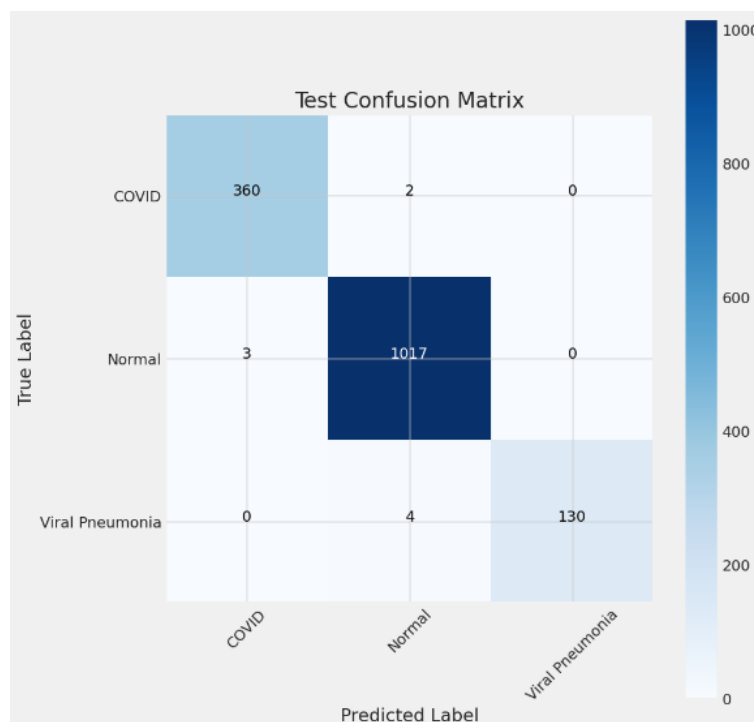


Figura 26. Matriz de confusión de multiclase de EfficientNetB0

En la Figura 26, se observa la confusión de matriz de multiclase del modelo EfficientNetB0, se puede observar de las 362 imágenes de pruebas con covid 19, la red predijo 360 correctamente y 2 incorrectamente, de las 1020 imágenes normal la red predijo 1017 correctamente y 3 incorrectamente y de las 134 imágenes Viral Pneumonia la red predijo 130 correctas y 4 incorrectas.

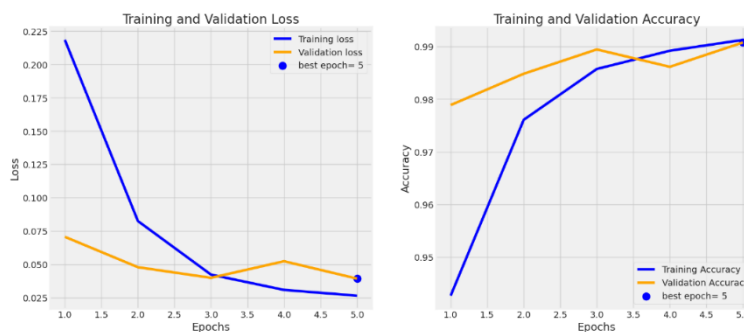


Figura 27. Perdida de entrenamiento y validación y b) precisión de entrenamiento y validación.

En la Figura 27, se observa cómo la pérdida de entrenamiento y la pérdida de validación disminuyen a medida que aumenta el número de épocas. Asimismo, en relación a la precisión de entrenamiento y validación, aumenta a medida que avanza el número de épocas.

4.3. Comparar el rendimiento del modelo con otros métodos de diagnóstico para asegurar su eficacia y precisión.

Se presenta la comparación entre los cuatro modelos de redes neuronales convolucionales basados en los resultados obtenidos por las métricas de medición y las matrices de confusión (Lopez-Betancur, Bosco Duran, et al., 2021). Estas tablas permiten evaluar el desempeño de los modelos para conocer cuál de los cuatro es apto. Son los algoritmos de las redes neuronales convolucionales VGG19, DenseNet169, ResNet101 y EfficientNetB0 para la identificación de COVID 19. Los resultados de la evaluación se muestran en la Tabla 10.

Tabla 10

Comparación de la matriz de rendimiento de los modelos VGG19, DenseNet169, ResNet101 y EfficientNetB0

| Modelo | Accuracy % | Precision % | Recall % | F1 Score % |
|----------------|------------|-------------|----------|------------|
| VGG19 | 98.394 | 99 | 99 | 99 |
| DenseNet169 | 98.394 | 99 | 99 | 99 |
| ResNet101 | 92.888 | 98 | 96 | 97 |
| EfficientNetB0 | 99.130 | 99 | 99 | 99 |

Fuente: elaboración propia.

De la información contenida en la Tabla 10, se puede deducir: El modelo EfficientNetB0 logró la mayor tasa de acierto de 99.130% entre los cuatro modelos, mientras que el modelo RestNet 101 posee la menor tasa de acierto de 92.888%, el porcentaje de la tasa de acierto obtenido, hace que se posicione el modelo VGG19 y DenseNet169 en segundo lugar con la tasa de acierto de 98.394%.

4.4. Discusión de resultados

En la investigación de Márquez Diaz (2020) para lograr el monitoreo, detección, diagnóstico y tratamiento de enfermedades asociados con el virus, utilizo el algoritmo de aprendizaje predictivo para minimizar los riesgos.

En la investigación de Catal-Reis (2022) para la lograr la detección y el diagnóstico tempranas de la infección de por COVID – 19 evitara la propagación. Los algoritmos se codificaron utilizando el lenguaje de programación Python y además los parámetros de desempeño que se utilizaron fueron exactitud, precisión, recuperación, puntaje-F1 y ROC-AUC.

En trabajo de investigación de Orozco – Arias (2021) para lograr la detección temprana es fundamental para controlar la propagación y la mortalidad de los casos, por medio de las imágenes de rayos x, utiliza modelos de aprendizaje profundo como VGG19 y U-Net.

CONCLUSIONES

Después de obtener los resultados y analizar e interpretar la información a la luz de las evidencias proporcionadas en este estudio, se puede concluir que:

- Se consiguió la identificación y clasificación del conjunto de datos utilizado para entrenar el modelo de redes neuronales convolucionales, con el objetivo de lograr una identificación más precisa en el diagnóstico de COVID-19 mediante el uso de imágenes de rayos X de tórax de pacientes. Que es difícil detectar para un observador humano, sin embargo, la detección temprana y rápida por medio de los algoritmos de redes neuronales convolucionales, permite identificar casos de enfermedad en etapas tempranas, incluso de que se manifieste síntomas clínicos significativos y permite tomar medidas preventivas.
- A lo largo de este estudio, se logró entrenar modelos destinados a la detección y predicción de COVID-19 empleando imágenes de radiografías de tórax. Los resultados obtenidos de los algoritmos VGG19, DenseNet169, ResNet101 y EfficientNetB0 están vinculados con redes neuronales convolucionales.
- La matriz de confusión, empleada en clasificación multiclase, es una herramienta para evaluar la eficacia de un modelo basado en aprendizaje automático. El algoritmo EfficientNetB0 logra una precisión del 99% y una exactitud del 99.130%, destacándose por una tasa de aciertos elevada y una predicción eficiente.



RECOMENDACIONES

- Para trabajos de investigación futuros se recomienda realizar el entrenamiento con imágenes de los hospitales regionales de la región de Puno en base de convenios interinstitucional.
- Se recomienda el uso de la arquitectura EfficientNetB0 en trabajos futuros aplicados a otras especies vegetales y/o detección de enfermedades, además considerar otras arquitecturas de redes convolucionales y analizar su desempeño en base a la dataset.
- Se recomienda en trabajos futuros el estudio de otras componentes de la medicina humana (radiografía de corazón, entre otros) que presentan diversos síntomas de deficiencias y enfermedades.

BIBLIOGRAFÍA

- Acevedo-flores, J., Pulido, V., & Neyra-rivera, C. (2020). Tecnología para el control del COVID-19 : Una revisión del caso peruano Technology for the control of COVID-19 : A review of the Peruvian case. 13(4), 473–475.
- Acosta, G., Escobar, G., Bernaola, G., Alfaro, J., Taype, W., Marcos, C., & Amado, J. (2020). Caracterización de pacientes con COVID-19 grave atendidos en un hospital de referencia nacional del Perú. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública*, 37(2). <https://doi.org/10.17843/rpmesp.2020.372.5437>
- Ai, T., Yang, Z., Hou, H., Zhan, C., Chen, C., Lv, W., Tao, Q., Sun, Z., & Xia, L. (2020a). Correlation of Chest CT and RT-PCR Testing for Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) in China: A Report of 1014 Cases. *Radiology*, 296(2), E32–E40. <https://doi.org/10.1148/radiol.2020200642>
- Ai, T., Yang, Z., Hou, H., Zhan, C., Chen, C., Lv, W., Tao, Q., Sun, Z., & Xia, L. (2020b). Correlation of Chest CT and RT-PCR Testing for Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) in China: A Report of 1014 Cases. *Radiology*, 296(2). <https://doi.org/10.1148/radiol.2020200642>
- Amanullah, A., Islam, Md. Z., Haque, Md. R., & Islam, Md. M. (2020). Deep Learning Applications to Combat Novel Coronavirus (COVID-19) Pandemic. *SN Computer Science* (2020). <https://link.springer.com/article/10.1007/s42979-020-00383-w>
- Arntfield, R., VanBerlo, B., Alaifan, T., Phelps, N., White, M., Chaudhary, R., Ho, J., & Wu, D. (2020). Development of a deep learning classifier to accurately distinguish COVID-19 from look-a-like pathology on lung ultrasound. In medRxiv.
- Avila-Tomás, J. F., Mayer-Pujadas, M. A., & Quesada-Varela, V. J. (2020). Artificial intelligence and its applications in medicine I: introductory background to AI and robotics. *Atencion Primaria*, 52(10), 778–784. <https://doi.org/10.1016/j.aprim.2020.04.013>
- Bardález-trigoso, G., Bazán-arzapalo, J. P., Fabian, J., & Montenegro-montori, P. (2020). Detección del SARS-CoV-2 en radiografías de tórax por medio de

- descriptores intermedios y técnicas de machine learning. III Congreso Internacional de Ingeniería de Sistemas Sensitividad, 123–136.
- Bardález-Trigoso, G., Bazán-Arzapalo, J. P., Fabián, J., & Montenegro-Montori, P. (2021). Detección del SARS-CoV-2 en radiografías de tórax por medio de descriptores intermedios y técnicas de machine learning. *Actas Del Congreso Internacional de Ingeniería de Sistemas 2020: Construyendo Un Mundo Inteligente Para La Sostenibilidad*. <https://doi.org/10.26439/ciis2020.5505>
- Batista, A., JI, M., Thr, D., Filho, C., André, A., De Moraes Batista, F., Luiz Miraglia, J., Dias, A., & Filho, P. C. (2020). COVID-19 diagnosis prediction in emergency care patients: a machine learning approach. *MedRxiv*.
- Belman-López, C. E. (2022). Detection of COVID-19 and other pneumonia cases using convolutional neural networks and X-ray images. *Ingenieria e Investigacion*, 42(1). <https://doi.org/10.15446/ing.investig.v42n1.90289>
- Calderon-Ramirez, S., Yang, S., Moemeni, A., Colreavy-Donnelly, S., Elizondo, D. A., Oala, L., Rodríguez-Capitán, J., Jiménez-Navarro, M., Lopez-Rubio, E., & Molina-Cabello, M. A. (2021). Improving Uncertainty Estimation with Semi-Supervised Deep Learning for COVID-19 Detection Using Chest X-Ray Images. *IEEE Access*, 9. <https://doi.org/10.1109/ACCESS.2021.3085418>
- Castillo A., F., Bazaes N., D., & Huete G., Á. (2020). Radiología en la Pandemia COVID-19: Uso actual, recomendaciones para la estructuración del informe radiológico y experiencia de nuestro departamento. *Revista Chilena de Radiología*, 26(3). <https://doi.org/10.4067/s0717-93082020000300088>
- Catal-Reis, H. (2022). COVID-19 Diagnosis with Deep Learning. 2022, 1–8.
- Chan, J. F. W., Kok, K. H., Zhu, Z., Chu, H., To, K. K. W., Yuan, S., & Yuen, K. Y. (2020). Genomic characterization of the 2019 novel human-pathogenic coronavirus isolated from a patient with atypical pneumonia after visiting Wuhan. *Emerging Microbes and Infections*, 9(1). <https://doi.org/10.1080/22221751.2020.1719902>
- Chau, T. N., Lee, P. O., Choi, K. W., Lee, C. M., Ma, K. F., Tsang, T. Y., Tso, Y. K., Chiu, M. C., Tong, W. L., Yu, W. C., & Lai, S. T. (2004). Value of initial chest radiographs for predicting clinical outcomes in patients with severe acute respiratory syndrome. *American Journal of Medicine*, 117(4). <https://doi.org/10.1016/j.amjmed.2004.03.020>

- Chen, X., Luo, X., Wu, Z., Qin, X., Shang, J., Li, B., Wang, M., & Wan, H. (2022). A VGGNet-Based Method for Refined Bathymetry from Satellite Altimetry to Reduce Errors. *Remote Sensing*, 14(23). <https://doi.org/10.3390/rs14235939>
- Chérrez-Ojeda, I., Gochicoa-Rangel, L., Salles-Rojas, A., & Mautong, H. (2021). Seguimiento de los pacientes después de neumonía por COVID-19. *Secuelas pulmonares. Revista Alergia México*, 67(4). <https://doi.org/10.29262/ram.v67i4.847>
- Chouhan, V., Singh, S. K., Khamparia, A., Gupta, D., Tiwari, P., Moreira, C., Damaševičius, R., & de Albuquerque, V. H. C. (2020). A novel transfer learning based approach for pneumonia detection in chest X-ray images. *Applied Sciences (Switzerland)*, 10(2). <https://doi.org/10.3390/app10020559>
- Corbacho Abelaira, M. D., Ruano-Ravina, A., & Fernández-Villar, A. (2021). Inteligencia artificial en radiología torácica. ¿Un reto en tiempos de la COVID-19? 57, 15–16. <https://doi.org/10.1101/2020.03.23.20041608.10>
- Cotino Hueso, L. (2020). Inteligencia artificial, big data y aplicaciones contra la COVID-19: privacidad y protección de datos. *IDP. Revista de Internet Derecho y Política*, 31. <https://doi.org/10.7238/idp.v0i31.3244>
- Dalvi, P. P., Edla, D. R., & Purushothama, B. R. (2023). Diagnosis of Coronavirus Disease From Chest X-Ray Images Using DenseNet-169 Architecture. In *SN Computer Science (Vol. 4, Issue 3)*. <https://doi.org/10.1007/s42979-022-01627-7>
- Deshpande, A. (2014). The 9 Deep Learning Papers You Need To Know About (Understanding CNNs Part 3). <https://Adeshpande3.Github.Io/Adeshpande3.Github.Io/The-9-Deep-Learning-Papers-You-Need-To-Know-About.Html>.
- Dey, N., Zhang, Y. D., Rajinikanth, V., Pugalenti, R., & Raja, N. S. M. (2021). Customized VGG19 Architecture for Pneumonia Detection in Chest X-Rays. *Pattern Recognition Letters*, 143. <https://doi.org/10.1016/j.patrec.2020.12.010>
- Diaz-Escobar, J., Ordoñez-Guillen, N. E., Villarreal-Reyes, S., Galaviz-Mosqueda, A., Kober, V., Rivera-Rodriguez, R., & Lozano-Rizk, J. E. (2021). Deep-learning based detection of COVID-19 using lung ultrasound imagery. *Plos One*.
- Fukushima, K. (1980). Neocognitron: A self-organizing neural network model for a mechanism of pattern recognition unaffected by shift in position. *Biological Cybernetics*, 36(4). <https://doi.org/10.1007/BF00344251>

- Gallego Mejía, J. A. (2022). MLOps (Machine Learning Dev Ops). *Revista Sistemas*, 165. <https://doi.org/10.29236/sistemas.n165a1>
- Hansell, D. M., Bankier, A. A., MacMahon, H., McLoud, T. C., Müller, N. L., & Remy, J. (2008). Fleischner Society: Glossary of terms for thoracic imaging. In *Radiology* (Vol. 246, Issue 3). <https://doi.org/10.1148/radiol.2462070712>
- He, K., Zhang, X., Ren, S., & Sun, J. (2016). Deep residual learning for image recognition. *Proceedings of the IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, 2016-December. <https://doi.org/10.1109/CVPR.2016.90>
- Hitawala, S., & Cheriton, D. R. (2018). Evaluating ResNeXt Model Architecture for Image Classification. <https://arxiv.org/abs/1805.08700>
- Huang, G., Liu, Z., Van Der Maaten, L., & Weinberger, K. Q. (2017). Densely connected convolutional networks. *Proceedings - 30th IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, CVPR 2017*, 2017-January. <https://doi.org/10.1109/CVPR.2017.243>
- Inui, S., Fujikawa, A., Jitsu, M., Kunishima, N., Watanabe, S., Suzuki, Y., Umeda, S., & Uwabe, Y. (2020). Chest ct findings in cases from the cruise ship diamond princess with coronavirus disease (Covid-19). *Radiology: Cardiothoracic Imaging*, 2(2). <https://doi.org/10.1148/ryct.2020200110>
- Jacobi, A., Chung, M., Bernheim, A., & Eber, C. (2020). Portable chest X-ray in coronavirus disease-19 (COVID-19): A pictorial review. In *Clinical Imaging* (Vol. 64). <https://doi.org/10.1016/j.clinimag.2020.04.001>
- Janiesch, C., Zschech, P., & Heinrich, K. (2021). Machine learning and deep learning. *Electronic Markets*, 31(3). <https://doi.org/10.1007/s12525-021-00475-2>
- Jason Brownlee. (2016). What is a Confusion Matrix in Machine Learning. In *Machinelearningmastery.Com*.
- Javier Plaza Zamora, Guillermo Estrada Riobos, Jesús C. Gómez Martínez, Vicente J. Baixauli Fernández, Ana Molinero Crespo, Eduardo Satué de Velasco, Luis Salar Ibáñez, N. C. F. (2020). Sistemas menores y COVID 19. https://www.semg.es/images/2020/Coronavirus/20201015_sintomas_menores_covid_19.pdf
- Ji, D., Zhao, Y., Zhang, Z., & Zhao, Q. (2020). Research on Recognition Method of COVID-19 Images Based on Deep Learning.

- Juárez-Hernández, F., García-Benítez, M. P., Hurtado-Duarte, A. M., Rojas-Varela, R., Farías-Contreras, J. P., Pensado Piedra, L. E., Hernández Morales, A. P., Sotelo Robledo, R., & Gómez Penagos, J. C. (2020). Hallazgos tomográficos en afectación pulmonar por COVID-19, experiencia inicial en el Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias Ismael Cosío Villegas, Ciudad de México. *NCT Neumología y Cirugía de Tórax*, 79(2). <https://doi.org/10.35366/94630>
- Juárez-Hernández, F., García-Benítez, M. P., Hurtado-Duarte, A. M., Rojas-Varela, R., Farías-Contreras, J. P., Piedra, L. E. P., Morales, A. P. H., Robledo, R. S., & Penagos, J. C. G. (2020). CT findings in COVID-19 lung disease, initial experience at instituto nacional de enfermedades respiratorias ismael cosío villegas, ciudad de México. *Neumologia y Cirugia de Torax(Mexico)*, 79(2), 71–77. <https://doi.org/10.35366/94630>
- Karacı, A. (2022). VGGCOV19-NET: automatic detection of COVID-19 cases from X-ray images using modified VGG19 CNN architecture and YOLO algorithm. *Neural Computing and Applications*, 34(10). <https://doi.org/10.1007/s00521-022-06918-x>
- Ketkar, N., & Moolayil, J. (2021). Deep learning with python: Learn Best Practices of Deep Learning Models with PyTorch. In *Deep Learning with Python: Learn Best Practices of Deep Learning Models with PyTorch*. Apress Media LLC. <https://doi.org/10.1007/978-1-4842-5364-9>
- Khaitovich, A. B. (2021). Coronavirus (taxonomy, virus structure). *Crimea Journal of Experimental and Clinical Medicine*, 10(3). <https://doi.org/10.37279/2224-6444-2020-10-3-69-81>
- Koduru, T., & Zhang, E. (2021). Using Deep Learning in Lyme Disease Diagnosis. *Journal of Student Research*, 10(4). <https://doi.org/10.47611/jsrhs.v10i4.2389>
- Krizhevsky, A., Sutskever, I., & Hinton, G. E. (2017). ImageNet classification with deep convolutional neural networks. *Communications of the ACM*, 60(6). <https://doi.org/10.1145/3065386>
- Kumari, S., Ranjith, E., & Gujjar, A. (2021). Comparative Analysis of Deep Learning Models For COVID-19 Detection. *Global Transitions Proceedings*, 0–9. <https://doi.org/10.1016/j.gltip.2021.08.030>
- La Salvia, M., Secco, G., Torti, E., Florimbi, G., Guido, L., Lago, P., Salinaro, F., Perlini, S., & Leporati, F. (2021). Deep learning and lung ultrasound for Covid-

- 19 pneumonia detection and severity classification. *Computers in Biology and Medicine*, 136. <https://doi.org/10.1016/j.compbiomed.2021.104742>
- Laporte, F., Dambre, J., & Bienstman, P. (2019). Highly parallel simulation and optimization of photonic circuits in time and frequency domain based on the deep-learning framework PyTorch. *Scientific Reports*, 9(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-019-42408-2>
- Le Cun, Y., Jackel, L. D., Boser, B., Denker, J. S., Graf, H. P., Guyon, I., Henderson, D., Howard, R. E., & Hubbard, W. (1990). Handwritten Digit Recognition: Applications of Neural Net Chips and Automatic Learning. In *Neurocomputing*. https://doi.org/10.1007/978-3-642-76153-9_35
- Liang, J., Yang, X., Huang, Y., Li, H., He, S., Hu, X., Chen, Z., Xue, W., Cheng, J., & Ni, D. (2022). Sketch guided and progressive growing GAN for realistic and editable ultrasound image synthesis. *Medical Image Analysis*, 79. <https://doi.org/10.1016/j.media.2022.102461>
- Liao, Z., Lan, P., Fan, X., Kelly, B., Innes, A., & Liao, Z. (2021). SIRVD-DL: A COVID-19 deep learning prediction model based on time-dependent SIRVD. *Computers in Biology and Medicine*, 138(July), 104868. <https://doi.org/10.1016/j.compbiomed.2021.104868>
- Loey, M., Smarandache, F., & Khalifa, N. E. M. (2020). Within the lack of chest COVID-19 X-ray dataset: A novel detection model based on GAN and deep transfer learning. *Symmetry*, 12(4). <https://doi.org/10.3390/SYM12040651>
- Lopez-Betancur, D., Bosco Duran, R., Guerrero-Mendez, C., Zambrano Rodríguez, R., & Saucedo Anaya, T. (2021). Comparación de arquitecturas de redes neuronales convolucionales para el diagnóstico de COVID-19. *Computación y Sistemas*, 25(3). <https://doi.org/10.13053/cys-25-3-3453>
- Lopez-Betancur, D., Duran, R. B., Guerrero-Mendez, C., Rodríguez, R. Z., & Anaya, T. S. (2021). Comparison of convolutional neural network architectures for COVID-19 diagnosis. *Computacion y Sistemas*, 25(3), 601–615. <https://doi.org/10.13053/CyS-25-3-3453>
- López-Cabrera, J. D., Portal-Díaz, J. A., Orozco-Morales, R., & Pérez-Díaz, M. (2020). Revisión crítica sobre la identificación de covid-19 a partir de imágenes de rayos x de tórax usando técnicas de Inteligencia Artificial. *Revista Cubana de Transformación Digital*, 1, 67–99. <https://rctd.uic.cu/rctd/article/view/103>

- Ly, C., Vachet, C., Schwerdt, I., Abbott, E., Brenkmann, A., McDonald, L. W., & Tasdizen, T. (2020). Determining uranium ore concentrates and their calcination products via image classification of multiple magnifications. *Journal of Nuclear Materials*, 533. <https://doi.org/10.1016/j.jnucmat.2020.152082>
- Makris, A., Kontopoulos, I., & Tserpes, K. (2020). COVID-19 detection from chest X-Ray images using Deep Learning and Convolutional Neural Networks. *The Preprint Server for Health Sciences*, December 2019. <https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2020.05.22.20110817v1.full.pdf+html>
- Marium, M., Tehreem, M., & Maira, K. (2021). Towards Covid-19 Detection in X-ray images using Convolutional Neural Network. *International Journal of Advanced Trends in Computer Science and Engineering*, 10(3). <https://doi.org/10.30534/ijatcse/2021/1411032021>
- Márquez Díaz, J. E. (2020). Inteligencia Artificial y Big Data como soluciones frente al COVID-19. *Revista de Bioética y Derecho*, 50. <https://doi.org/10.1344/rbd2020.50.31643>
- Martínez Chamorro, E., Díez Tascón, A., Ibáñez Sanz, L., Ossaba Vélez, S., & Borrue Nacenta, S. (2021a). Radiologic diagnosis of patients with COVID-19. *Radiologia*, 63(1), 56–73. <https://doi.org/10.1016/j.rx.2020.11.001>
- Martínez Chamorro, E., Díez Tascón, A., Ibáñez Sanz, L., Ossaba Vélez, S., & Borrue Nacenta, S. (2021b). Radiologic diagnosis of patients with COVID-19. *Radiologia*, 63(1). <https://doi.org/10.1016/j.rx.2020.11.001>
- Marzal Varó, A., Gracia Luengo, I., & García Sevilla, P. (2014). Introducción a la programación con Python 3. In *Introducción a la programación con Python 3*. Universitat Jaume I. <https://doi.org/10.6035/sapientia93>
- Mayanga-Sausa, S. L., Guerra-Tueros, R. M. S., Lira-Villasante, D. A., & Pastor-Gutiérrez, D. K. (2020a). Usefulness of chest radiography in the context of the SARS-CoV-2 pandemic. *Revista de La Facultad de Medicina Humana*, 20(4). <https://doi.org/10.25176/rfmh.v20i4.3034>
- Mayanga-Sausa, S. L., Guerra-Tueros, R. M. S., Lira-Villasante, D. A., & Pastor-Gutiérrez, D. K. (2020b). Usefulness of chest radiography in the context of the SARS-CoV-2 pandemic. *Revista de La Facultad de Medicina Humana*, 20(4). <https://doi.org/10.25176/rfmh.v20i4.3034>

- Mayanga-Sausa, S. L., Guerra-Tueros, R. M. S., Lira-Villasante, D. A., Pastor-Gutiérrez, D. K., Mayanga-Sausa, S. L., Guerra-Tueros, R. M. S., Lira-Villasante, D. A., & Pastor-Gutiérrez, D. K. (2020). Utilidad de la radiografía de tórax en el contexto de la pandemia por Sars-Cov-2. *Revista de La Facultad de Medicina Humana*, 20(4).
- Mento, F., Perrone, T., Fiengo, A., Smargiassi, A., Inchingolo, R., Soldati, G., & Demi, L. (2021). Deep learning applied to lung ultrasound videos for scoring COVID-19 patients: A multicenter study. *The Journal of the Acoustical Society of America*, 149(5). <https://doi.org/10.1121/10.0004855>
- Mera-Jiménez, L., & Ochoa-Gómez, J. F. (2021). Redes neuronales convolucionales para la clasificación de componentes independientes de rs-fMRI. *TecnoLógicas*, 24(50). <https://doi.org/10.22430/22565337.1626>
- Minsa Peru. (2021, February 2). Sala situacional COVID-19 Perú. https://covid19.minsa.gob.pe/sala_situacional.asp
- Mujica-Rodríguez, I. E., Toribio-Salazar, L. M., & Córdor-Cámara, D. F. (2020). Inteligencia artificial como apoyo a intervenciones no farmacológicas para combatir la Covid-19. *Rev Peru Med Exp Salud Publica*, 37(3), 582–584. <http://www.scielo.org.pe/pdf/rins/v37n3/1726-4642-rins-37-03-582.pdf>
- Muñoz-Jarillo, N. Y., Arenal-Serna, J., Muñoz-Jarillo, R., & Camacho-Zarco, E. (2020a). Infección por SARS-CoV-2 (COVID-19) y sus hallazgos por imagen. *Revista de La Facultad de Medicina*, 63(5), 18–25. <https://doi.org/10.22201/fm.24484865e.2020.63.5.03>
- Muñoz-Jarillo, N. Y., Arenal-Serna, J., Muñoz-Jarillo, R., & Camacho-Zarco, E. (2020b). Infección por SARS-CoV-2 (COVID-19) y sus hallazgos por imagen. *Revista de La Facultad de Medicina*, 63(5). <https://doi.org/10.22201/fm.24484865e.2020.63.5.03>
- Nandy, A., & Biswas, M. (2017). Reinforcement Learning: With Open AI, TensorFlow and Keras Using Python. In *Reinforcement Learning: With Open AI, TensorFlow and Keras Using Python*. <https://doi.org/10.1007/978-1-4842-3285-9>
- Nayak, S. R., Nayak, D. R., Sinha, U., Arora, V., & Pachori, R. B. (2021). Application of deep learning techniques for detection of COVID-19 cases using chest X-ray images: A comprehensive study. *Biomedical Signal Processing and Control*, 64. <https://doi.org/10.1016/j.bspc.2020.102365>

- Nham, D. H. N., Trinh, M. N., Nguyen, V. D., Pham, V. T., & Tran, T. T. (2023). An EfficientNet-encoder U-Net Joint Residual Refinement Module with Tversky–Kahneman Baroni–Urbani–Buser loss for biomedical image Segmentation. *Biomedical Signal Processing and Control*, 83. <https://doi.org/10.1016/j.bspc.2023.104631>
- OMS. (2021). Enfermedad por el coronavirus (COVID-19): Vacunas. In 17 De Mayo 2022.
- OPS, & OMS. (2020). Interpretación de resultados de laboratorio para diagnóstico de COVID-19, 6 de mayo del 2020. Pan American Health Organization (PAHO).
- Pal, M., Berhanu, G., Desalegn, C., & Kandi, V. (2020). Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus-2 (SARS-CoV-2): An Update. *Cureus*. <https://doi.org/10.7759/cureus.7423>
- Palacios-Cruz, M., Santos, E., Velázquez-Cervantes, M. A., & León-Juárez, M. (2021). COVID-19. una emergencia de salud pública mundial. *Revista Clínica Española*, 221(1), 55–61. <https://doi.org/10.1016/j.rce.2020.03.001>
- Pico Briones, J. R., Muñoz Muñoz, E. G., & Analuisa Aroca, I. A. (2022a). Contribución de Resnet34 en la detección de Covid-19, utilizando radiografías de tórax. *Investigatio*, 18. <https://doi.org/10.31095/investigatio.2022.18.3>
- Pico Briones, J. R., Muñoz Muñoz, E. G., & Analuisa Aroca, I. A. (2022b). Contribución de Resnet34 en la detección de Covid-19, utilizando radiografías de tórax. *Investigatio*, 18. <https://doi.org/10.31095/investigatio.2022.18.3>
- Ponce Cruz, P. (2010). *Inteligencia Artificial*. (Alfaomega Grupo).0
- Romero Gómez, A. F., Castellanos Guarnizo, C. A., Gutiérrez Pomarico, A. M., & Cancino Suárez, S. L. (2022). Algoritmo para la caracterización de neumonía en radiografía de tórax. <https://doi.org/10.26507/ponencia.794>
- Rosa, M. E. E., Matos, M. J. R. de, Furtado, R. S. O. de P., Brito, V. M., Amaral, L. T. W., Beraldo, G. L., Fonseca, E. K. U. N., Chate, R. C., Passos, R. B. D., Teles, G. B. da S., Silva, M. M. A., Yokoo, P., Yanata, E., Shoji, H., Szarf, G., & Funari, M. B. de G. (2020). COVID-19 findings identified in chest computed tomography: a pictorial essay. In *Einstein (Sao Paulo, Brazil)* (Vol. 18). https://doi.org/10.31744/einstein_journal/2020RW5741
- Rosete, A., García Lorenzo, M. M., Caballero, Y., & Bello, R. (2020). Un bosquejo de la Inteligencia Artificial frente a la covid-19 en el mundo. *Revista Cubana de*

- Transformación Digital.
<http://portal.amelica.org/ameli/jatsRepo/389/3891734002/3891734002.pdf>
- Rouhiainen, L. (2018). Inteligencia artificial: 101 cosas que debes saber hoy sobre nuestro futuro (Planeta, S.A.). Alienta.
- Roy, S., Menapace, W., Oei, S., Luijten, B., Fini, E., Saltori, C., Huijben, I., Chennakeshava, N., Mento, F., Sentelli, A., Peschiera, E., Trevisan, R., Maschietto, G., Torri, E., Inchingolo, R., Smargiassi, A., Soldati, G., Rota, P., Passerini, A., ... Demi, L. (2020). Deep Learning for Classification and Localization of COVID-19 Markers in Point-of-Care Lung Ultrasound. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 39(8).
<https://doi.org/10.1109/TMI.2020.2994459>
- Rubio-Pérez, I., Badía, J. M., Mora-Rillo, M., Martín Quirós, A., García Rodríguez, J., Balibrea, J. M., Martín Antona, E., Álvarez Peña, E., García Botella, S., Martín Pérez, E., Álvarez Gallego, M., Martínez Cortijo, S., Pascual Migueláñez, I., Pérez Díaz, L., Ramos Rodríguez, J. L., Espín Basany, E., Sánchez Santos, R., & Morales Conde, S. (2020). COVID-19: conceptos clave para el cirujano. *Cirugía Española*, 98(6). <https://doi.org/10.1016/j.ciresp.2020.04.009>
- Rumelhart, D. E., Hinton, G. E., & Williams, R. J. (1986). Learning representations by back-propagating errors. *Nature*, 323(6088).
<https://doi.org/10.1038/323533a0>
- Sampieri, R. H. (2014). Metodología de la Investigación (McGRAW-HILL).
<https://www.esup.edu.pe/wp-content/uploads/2020/12/2.%20Hernandez,%20Fernandez%20y%20Baptista-Metodolog%C3%ADa%20Investigacion%20Cientifica%206ta%20ed.pdf>
- Sethi, R., Mehrotra, M., & Sethi, D. (2020). Deep Learning based Diagnosis Recommendation for COVID-19 using Chest X-Rays Images. *Proceedings of the 2nd International Conference on Inventive Research in Computing Applications, ICIRCA 2020*, 1–4. <https://doi.org/10.1109/ICIRCA48905.2020.9183278>
- Shi, H., Han, X., Jiang, N., Cao, Y., Alwalid, O., Gu, J., Fan, Y., & Zheng, C. (2020). Radiological findings from 81 patients with COVID-19 pneumonia in Wuhan, China: a descriptive study. *The Lancet Infectious Diseases*, 20(4).
[https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(20\)30086-4](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(20)30086-4)
- Simonyan, K., & Zisserman, A. (2018). Very deep convolutional networks for large-scale image recognition. *American Journal of Health-System Pharmacy*, 75(6).

- Soriano-Aguadero, I., Ezponda-Casajús, A., Mendoza-Ferradas, F., Igual-Rouilleault, A., Paternain-Nuin, A., Pueyo-Villoslada, J., & Bastarrika, G. (2021). Chest computed tomography findings in different phases of SARS-CoV-2 infection. *Radiologia*, 63(3), 218–227. <https://doi.org/10.1016/j.rx.2021.02.004>
- Szegedy, C., Liu, W., Jia, Y., Sermanet, P., Reed, S., Anguelov, D., Erhan, D., Vanhoucke, V., & Rabinovich, A. (2015). Going deeper with convolutions. *Proceedings of the IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, 07-12-June-2015. <https://doi.org/10.1109/CVPR.2015.7298594>
- Tan, M., & Le, Q. V. (2019). EfficientNet: Rethinking Model Scaling for Convolutional Neural Networks. <http://arxiv.org/abs/1905.11946>
- Tillaguango Jiménez, J. R. (2021). Revisión Sistemática de Literatura: Análisis de viabilidad para la detección y diagnóstico de Covid-19, aplicando modelos de Inteligencia Artificial (IA). *CEDAMAZ*, 11(2). <https://doi.org/10.54753/cedamaz.v11i2.1183>
- Toussie, D., Voutsinas, N., Finkelstein, M., Cedillo, M. A., Manna, S., Maron, S. Z., Jacobi, A., Chung, M., Bernheim, A., Eber, C., Concepcion, J., Fayad, Z. A., & Gupta, Y. S. (2020). Clinical and chest radiography features determine patient outcomes in young and middle-aged adults with COVID-19. *Radiology*, 297(1). <https://doi.org/10.1148/radiol.2020201754>
- Valenzuela, J. (2008). Habilidades de pensamiento y aprendizaje profundo. *Revista Iberoamericana de Educación*, 46(7). <https://doi.org/10.35362/rie4671914>
- Vargas Romero, J. (2010). Aspectos básicos en radiología de tórax. In *Manual de diagnóstico y terapéutica en neumología*.
- Varshni, D., Thakral, K., Agarwal, L., Nijhawan, R., & Mittal, A. (2019). Pneumonia Detection Using CNN based Feature Extraction. *Proceedings of 2019 3rd IEEE International Conference on Electrical, Computer and Communication Technologies, ICECCT 2019*. <https://doi.org/10.1109/ICECCT.2019.8869364>
- Wang, D., Hu, B., Hu, C., Zhu, F., Liu, X., Zhang, J., Wang, B., Xiang, H., Cheng, Z., Xiong, Y., Zhao, Y., Li, Y., Wang, X., & Peng, Z. (2020). Clinical Characteristics of 138 Hospitalized Patients with 2019 Novel Coronavirus-Infected Pneumonia in Wuhan, China. *JAMA - Journal of the American Medical Association*, 323(11), 1061–1069. <https://doi.org/10.1001/jama.2020.1585>

- Wang, Z., Liu, Q., & Dou, Q. (2020). Contrastive Cross-Site Learning with Redesigned Net for COVID-19 CT Classification. *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics*, 24(10). <https://doi.org/10.1109/JBHI.2020.3023246>
- Wong, H. Y. F., Lam, H. Y. S., Fong, A. H. T., Leung, S. T., Chin, T. W. Y., Lo, C. S. Y., Lui, M. M. S., Lee, J. C. Y., Chiu, K. W. H., Chung, T. W. H., Lee, E. Y. P., Wan, E. Y. F., Hung, I. F. N., Lam, T. P. W., Kuo, M. D., & Ng, M. Y. (2020a). Frequency and Distribution of Chest Radiographic Findings in Patients Positive for COVID-19. *Radiology*, 296(2), E72–E78. <https://doi.org/10.1148/radiol.2020201160>
- Wong, H. Y. F., Lam, H. Y. S., Fong, A. H. T., Leung, S. T., Chin, T. W. Y., Lo, C. S. Y., Lui, M. M. S., Lee, J. C. Y., Chiu, K. W. H., Chung, T. W. H., Lee, E. Y. P., Wan, E. Y. F., Hung, I. F. N., Lam, T. P. W., Kuo, M. D., & Ng, M. Y. (2020b). Frequency and Distribution of Chest Radiographic Findings in Patients Positive for COVID-19. *Radiology*, 296(2). <https://doi.org/10.1148/radiol.2020201160>
- Wu, J., Wu, X., Zeng, W., Guo, D., Fang, Z., Chen, L., Huang, H., & Li, C. (2020). Chest CT Findings in Patients with Coronavirus Disease 2019 and Its Relationship with Clinical Features. In *Investigative Radiology* (Vol. 55, Issue 5). <https://doi.org/10.1097/RLI.0000000000000670>
- Xie, M., & Chen, Q. (2020). Insight into 2019 novel coronavirus — An updated interim review and lessons from SARS-CoV and MERS-CoV. *International Journal of Infectious Diseases*, 94, 119–124. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2020.03.071>
- Xie, S., Girshick, R., Dollár, P., Tu, Z., & He, K. (2017). Aggregated residual transformations for deep neural networks. *Proceedings - 30th IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, CVPR 2017, 2017-January*. <https://doi.org/10.1109/CVPR.2017.634>
- Ying, X. (2019). An Overview of Overfitting and its Solutions. *Journal of Physics: Conference Series*, 1168(2). <https://doi.org/10.1088/1742-6596/1168/2/022022>
- Yu, B. (2017). Very deep convolutional networks for large-scale image recognition. *Boletín Técnico/Technical Bulletin*, 55(15), 153–158.
- Zhou, Z., Guo, D., Li, C., Fang, Z., Chen, L., Yang, R., Li, X., & Zeng, W. (2020). Coronavirus disease 2019: initial chest CT findings. *European Radiology*, 30(8). <https://doi.org/10.1007/s00330-020-06816-7>



ANEXOS

Anexo 1. Código fuente del programa de entrenamiento del modelo EfficientNetB0

```
from google.colab import drive
drive.mount('drive')
import os
os.environ['KAGGLE_CONFIG_DIR'] = '/content/drive/MyDrive/Simulacion'
import numpy as np
import pandas as pd
import matplotlib.pyplot as plt
from sklearn.model_selection import train_test_split
from sklearn.metrics import confusion_matrix, classification_report
# import system libs
import os
import time
import shutil
import pathlib
import itertools
# import data handling tools
import cv2
import numpy as np
import pandas as pd
import seaborn as sns
sns.set_style('darkgrid')
import matplotlib.pyplot as plt
from sklearn.model_selection import train_test_split
from sklearn.metrics import confusion_matrix, classification_report
# import Deep learning Libraries
import tensorflow as tf
from tensorflow import keras
from tensorflow.keras.models import Sequential
from tensorflow.keras.optimizers import Adam, Adamax
from tensorflow.keras.metrics import categorical_crossentropy
from tensorflow.keras.preprocessing.image import ImageDataGenerator
from tensorflow.keras.layers import Conv2D, MaxPooling2D, Flatten, Dense,
Activation, Dropout, BatchNormalization
from tensorflow.keras import regularizers

# Ignore Warnings
import warnings
warnings.filterwarnings("ignore")

print ('modules loaded')
def define_paths(data_dir):
    filepaths = []
    labels = []
```

```

    folds = os.listdir(data_dir)
    for fold in folds:
        foldpath = os.path.join(data_dir, fold)
        if pathlib.Path(foldpath).suffix != '':
            continue
        filelist = os.listdir(foldpath)
        for file in filelist:
            fpath = os.path.join(foldpath, file)
            if pathlib.Path(foldpath).suffix == '':
                if pathlib.Path(fpath).parts[-1] == 'masks' or
pathlib.Path(fpath).parts[-1] == 'Masks' or pathlib.Path(fpath).parts[-1] ==
'MASKS':

                    continue
                else:
                    o_file = os.listdir(fpath)
                    for f in o_file:
                        ipath = os.path.join(fpath, f)
                        filepaths.append(ipath)
                        labels.append(fold)

                    else:
                        filepaths.append(fpath)
                        labels.append(fold)
    return filepaths, labels
def define_df(files, classes):
    Fseries = pd.Series(files, name= 'filepaths')
    Lseries = pd.Series(classes, name='labels')
    return pd.concat([Fseries, Lseries], axis= 1)
def split_data(data_dir):
    files, classes = define_paths(data_dir)
    df = define_df(files, classes)
    strat = df['labels']
    train_df, dummy_df = train_test_split(df, train_size= 0.8, shuffle=
True, random_state= 123, stratify= strat)
    strat = dummy_df['labels']
    valid_df, test_df = train_test_split(dummy_df, train_size= 0.5,
shuffle= True, random_state= 123, stratify= strat)
    return train_df, valid_df, test_df
def create_gens (train_df, valid_df, test_df, batch_size):
    img_size = (224, 224)
    channels = 3
    color = 'rgb'
    img_shape = (img_size[0], img_size[1], channels)
    ts_length = len(test_df)
    test_batch_size = max(sorted([ts_length // n for n in range(1, ts_length
+ 1) if ts_length%n == 0 and ts_length/n <= 80]))
    test_steps = ts_length // test_batch_size
```

```
def scalar(img):
    return img

tr_gen = ImageDataGenerator(preprocessing_function= scalar,
horizontal_flip= True)

ts_gen = ImageDataGenerator(preprocessing_function= scalar)
train_gen = tr_gen.flow_from_dataframe( train_df, x_col= 'filepaths',
y_col= 'labels', target_size= img_size, class_mode= 'categorical',
color_mode= color, shuffle= True,
batch_size= batch_size)

valid_gen = ts_gen.flow_from_dataframe( valid_df, x_col= 'filepaths',
y_col= 'labels', target_size= img_size, class_mode= 'categorical',
color_mode= color, shuffle= True,
batch_size= batch_size)

test_gen = ts_gen.flow_from_dataframe( test_df, x_col= 'filepaths',
y_col= 'labels', target_size= img_size, class_mode= 'categorical',
color_mode= color, shuffle= False,
batch_size= test_batch_size)

return train_gen, valid_gen, test_gen

def show_images(gen):
    g_dict = gen.class_indices
    classes = list(g_dict.keys())
    images, labels = next(gen)
    length = len(labels)
    sample = min(length, 25)
    plt.figure(figsize= (20, 20))
    for i in range(sample):
        plt.subplot(5, 5, i + 1)
        image = images[i] / 255
        plt.imshow(image)
        index = np.argmax(labels[i])
        class_name = classes[index]
        plt.title(class_name, color= 'orange', fontsize= 12)
        plt.axis('off')
    plt.show()

class MyCallback(keras.callbacks.Callback):
    def __init__(self, model, patience, stop_patience, threshold, factor,
batches, epochs, ask_epoch):
        super(MyCallback, self).__init__()
        self.model = model
        self.patience = patience
        self.stop_patience = stop_patience
        self.threshold = threshold
        self.factor = factor
        self.batches = batches
        self.epochs = epochs
        self.ask_epoch = ask_epoch
```

```
self.ask_epoch_initial = ask_epoch
self.count = 0
self.stop_count = 0
self.best_epoch = 1
self.initial_lr =
float(tf.keras.backend.get_value(model.optimizer.lr))
self.highest_tracc = 0.0
self.lowest_vloss = np.inf
self.best_weights = self.model.get_weights()
self.initial_weights = self.model.get_weights()
def on_train_begin(self, logs= None):
    msg = 'Do you want model asks you to halt the training [y/n] ?'
    print(msg)
    ans = input('')
    if ans in ['Y', 'y']:
        self.ask_permission = 1
    elif ans in ['N', 'n']:
        self.ask_permission = 0
    msg =
'{0:^8s}{1:^10s}{2:^9s}{3:^9s}{4:^9s}{5:^9s}{6:^9s}{7:^10s}{8:10s}{9:^8s}'.f
ormat('Epoch', 'Loss', 'Accuracy', 'V_loss', 'V_acc', 'LR', 'Next LR',
'Monitor', '% Improv', 'Duration')
    print(msg)
    self.start_time = time.time()
def on_train_end(self, logs= None):
    stop_time = time.time()
    tr_duration = stop_time - self.start_time
    hours = tr_duration // 3600
    minutes = (tr_duration - (hours * 3600)) // 60
    seconds = tr_duration - ((hours * 3600) + (minutes * 60))
    msg = f'training elapsed time was {str(hours)} hours, {minutes:4.1f}
minutes, {seconds:4.2f} seconds'
    print(msg)
    self.model.set_weights(self.best_weights)
def on_train_batch_end(self, batch, logs= None):
    acc = logs.get('accuracy') * 100
    loss = logs.get('loss')
    msg = '{0:20s}processing batch {1:} of
{2:5s}- accuracy= {3:5.3f} - loss: {4:8.5f}'.format(' ', str(batch),
str(self.batches), acc, loss)
    print(msg, '\r', end= '')
def on_epoch_begin(self, epoch, logs= None):
    self.ep_start = time.time()
def on_epoch_end(self, epoch, logs= None):
    ep_end = time.time()
    duration = ep_end - self.ep_start
```

```
lr = float(tf.keras.backend.get_value(self.model.optimizer.lr))
current_lr = lr
acc = logs.get('accuracy')
v_acc = logs.get('val_accuracy')
loss = logs.get('loss')
v_loss = logs.get('val_loss')
if acc < self.threshold:
    monitor = 'accuracy'
    if epoch == 0:
        pimprov = 0.0
    else:
        pimprov = (acc - self.highest_tracc) * 100 /
self.highest_tracc
    if acc > self.highest_tracc:
        self.highest_tracc = acc
        self.best_weights = self.model.get_weights()
        self.count = 0
        self.stop_count = 0
        if v_loss < self.lowest_vloss:
            self.lowest_vloss = v_loss
        self.best_epoch = epoch + 1
    else:
        if self.count >= self.patience - 1:
            lr = lr * self.factor
            tf.keras.backend.set_value(self.model.optimizer.lr, lr)
            self.count = 0
            self.stop_count = self.stop_count + 1
            self.count = 0
            if v_loss < self.lowest_vloss:
                self.lowest_vloss = v_loss
        else:
            self.count = self.count + 1
else:
    monitor = 'val_loss'
    if epoch == 0:
        pimprov = 0.0
    else:
        pimprov = (self.lowest_vloss - v_loss) * 100 /
self.lowest_vloss
    if v_loss < self.lowest_vloss:
        self.lowest_vloss = v_loss
        self.best_weights = self.model.get_weights()
        self.count = 0
        self.stop_count = 0
        self.best_epoch = epoch + 1
```



```
        else:
            if self.count >= self.patience - 1:
                lr = lr * self.factor
                self.stop_count = self.stop_count + 1
                self.count = 0
                tf.keras.backend.set_value(self.model.optimizer.lr, lr)
            else:
                self.count = self.count + 1
                if acc > self.highest_tracc:
                    self.highest_tracc = acc
                msg = f'{str(epoch + 1):^3s}/{str(self.epochs):4s} {loss:^9.3f}{acc * 100:^9.3f}{v_loss:^9.5f}{v_acc * 100:^9.3f}{current_lr:^9.5f}{lr:^9.5f}{monitor:^11s}{pimprov:^10.2f}{duration:^8.2f}'
                print(msg)
                if self.stop_count > self.stop_patience - 1:
                    msg = f' training has been halted at epoch {epoch + 1} after {self.stop_patience} adjustments of learning rate with no improvement'
                    print(msg)
                    self.model.stop_training = True
                else:
                    if self.ask_epoch != None and self.ask_permission != 0:
                        if epoch + 1 >= self.ask_epoch:
                            msg = 'enter H to halt training or an integer for number of epochs to run then ask again'
                            print(msg)
                            ans = input('')
                            if ans == 'H' or ans == 'h':
                                msg = f'training has been halted at epoch {epoch + 1} due to user input'
                                print(msg)
                                self.model.stop_training = True
                            else:
                                try:
                                    ans = int(ans)
                                    self.ask_epoch += ans
                                    msg = f' training will continue until epoch {str(self.ask_epoch)}'
                                    print(msg)
                                    msg =
                                except Exception:
```

```
print('Invalid')

def plot_training(hist):
    tr_acc = hist.history['accuracy']
    tr_loss = hist.history['loss']
    val_acc = hist.history['val_accuracy']
    val_loss = hist.history['val_loss']
    index_loss = np.argmin(val_loss)
    val_lowest = val_loss[index_loss]
    index_acc = np.argmax(val_acc)
    acc_highest = val_acc[index_acc]
    Epochs = [i+1 for i in range(len(tr_acc))]
    loss_label = f'best epoch= {str(index_loss + 1)}'
    acc_label = f'best epoch= {str(index_acc + 1)}'
    # Plot training history
    plt.figure(figsize= (20, 8))
    plt.style.use('fivethirtyeight')
    plt.subplot(1, 2, 1)
    plt.plot(Epochs, tr_loss, 'blue', label= 'Training loss')
    plt.plot(Epochs, val_loss, 'orange', label= 'Validation loss')
    plt.scatter(index_loss + 1, val_lowest, s= 150, c= 'blue', label=
loss_label)
    plt.title('Training and Validation Loss')
    plt.xlabel('Epochs')
    plt.ylabel('Loss')
    plt.legend()
    plt.subplot(1, 2, 2)
    plt.plot(Epochs, tr_acc, 'blue', label= 'Training Accuracy')
    plt.plot(Epochs, val_acc, 'orange', label= 'Validation Accuracy')
    plt.scatter(index_acc + 1 , acc_highest, s= 150, c= 'blue', label=
acc_label)
    plt.title('Training and Validation Accuracy')
    plt.xlabel('Epochs')
    plt.ylabel('Accuracy')
    plt.legend()
    plt.tight_layout
    plt.show()

def plot_confusion_matrix(cm, classes, normalize= False, title= 'Confusion
Matrix', cmap= plt.cm.Blues):
    plt.figure(figsize= (10, 10))
    plt.imshow(cm, interpolation= 'nearest', cmap= cmap)
    plt.title(title)
    plt.colorbar()
    tick_marks = np.arange(len(classes))
    plt.xticks(tick_marks, classes, rotation= 45)
    plt.yticks(tick_marks, classes)
    if normalize:
```

```
cm = cm.astype('float') / cm.sum(axis= 1)[:, np.newaxis]
print('Normalized Confusion Matrix')
else:
    print('Confusion Matrix, Without Normalization')
print(cm)
thresh = cm.max() / 2.
for i, j in itertools.product(range(cm.shape[0]), range(cm.shape[1])):
    plt.text(j, i, cm[i, j], horizontalalignment= 'center', color= 'white'
if cm[i, j] > thresh else 'black')
plt.tight_layout()
plt.ylabel('True Label')
plt.xlabel('Predicted Label')
path = '/content/drive/MyDrive/Simulacion/COVID-19_Radiography_Dataset'
try:
    # Get splitted data
    train_df, valid_df, test_df = split_data(path)
    # Get Generators
    batch_size = 16
    train_gen, valid_gen, test_gen = create_gens(train_df, valid_df,
test_df, batch_size)
except:
    print('Invalid Input')
show_images(train_gen)
# Create Model Structure
img_size = (224, 224)
channels = 3
img_shape = (img_size[0], img_size[1], channels)
class_count = len(list(train_gen.class_indices.keys())) # to define number
of classes in dense layer
# create pre-trained model (you can built on pretrained model such as
: efficientnet, VGG , Resnet )
# we will use efficientnetb3 from EfficientNet family.
base_model = tf.keras.applications.efficientnet.EfficientNetB0(include_top=
False, weights= "imagenet", input_shape= img_shape, pooling= 'max')
model = Sequential([
    base_model,
    Dense(class_count, activation= 'softmax')
])
model.compile(Adamax(learning_rate= 0.001), loss=
'categorical_crossentropy', metrics= ['accuracy'])
model.summary()
batch_size = 16
epochs = 100
patience = 3
stop_patience = 10
threshold = 0.9
```

```
factor = 0.5
ask_epoch = 5
batches = int(np.ceil(len(train_gen.labels) / batch_size))
callbacks = [MyCallback(model= model, patience= patience, stop_patience=
stop_patience, threshold= threshold,
                    factor= factor, batches= batches, epochs= epochs, ask_epoch=
ask_epoch )]
import warnings
warnings.filterwarnings("ignore")
history = model.fit(x= train_gen, epochs= epochs, verbose= 0, callbacks=
callbacks,
                    validation_data= valid_gen, validation_steps= None,
shuffle= False)
plot_training(history)
ts_length = len(test_df)
test_batch_size = test_batch_size = max(sorted([ts_length // n for n in
range(1, ts_length + 1) if ts_length%n == 0 and ts_length/n <= 80]))
test_steps = ts_length // test_batch_size
train_score = model.evaluate(train_gen, steps= test_steps, verbose= 1)
valid_score = model.evaluate(valid_gen, steps= test_steps, verbose= 1)
test_score = model.evaluate(test_gen, steps= test_steps, verbose= 1)
print("Train Loss: ", train_score[0])
print("Train Accuracy: ", train_score[1])
print('-' * 20)
print("Validation Loss: ", valid_score[0])
print("Validation Accuracy: ", valid_score[1])
print('-' * 20)
print("Test Loss: ", test_score[0])
print("Test Accuracy: ", test_score[1])
preds = model.predict_generator(test_gen)
y_pred = np.argmax(preds, axis=1)
print(y_pred)
g_dict = test_gen.class_indices
classes = list(g_dict.keys())
# Confusion matrix
cm = confusion_matrix(test_gen.classes, y_pred)
plot_confusion_matrix(cm= cm, classes= classes, title = 'Test Confusion
Matrix')
# Classification report
print(classification_report(test_gen.classes, y_pred, target_names=
classes))
preds = model.predict_generator(train_gen)
y_pred = np.argmax(preds, axis=1)
print(y_pred)
g_dict = train_gen.class_indices
classes = list(g_dict.keys())
```

```
# Confusion matrix
cm = confusion_matrix(train_gen.classes, y_pred)
plot_confusion_matrix(cm= cm, classes= classes, title = 'Train Confusion
Matrix')
# Classification report
print(classification_report(train_gen.classes, y_pred, target_names=
classes))
preds = model.predict_generator(valid_gen)
y_pred = np.argmax(preds, axis=1)
print(y_pred)
g_dict = valid_gen.class_indices
classes = list(g_dict.keys())
# Confusion matrix
cm = confusion_matrix(valid_gen.classes, y_pred)
plot_confusion_matrix(cm= cm, classes= classes, title = 'Validation
Confusion Matrix')
# Classification report
print(classification_report(valid_gen.classes, y_pred, target_names=
classes))
```

Anexo 2. Matriz de consistencia

| INTERROGANTES ESPECÍFICAS | HIPÓTESIS ESPECÍFICAS | OBJETIVOS ESPECÍFICOS | VARIABLES | INDICADORES | MÉTODOS | PRUEBAS ESTADÍSTICAS |
|--|-----------------------|---|--|---|---|---------------------------------|
| ¿Qué tipo de imágenes de rayos X pulmonares de pacientes se emplean en el entrenamiento de los algoritmos para diagnosticar COVID-19? | | Analizar las imágenes de rayos X pulmonares de pacientes emplean en el entrenamiento de los algoritmos para diagnosticar COVID-19 | Variable Independiente Técnicas de Deep learning | <ul style="list-style-type: none"> • Especificidad • Sensibilidad (Recall) • Tiempo de entrenamiento • Matriz de confusión | <p>Tipo de investigación</p> <p>Correlacional (cuantitativo)</p> <p>Método</p> <p>Correlacional</p> <p>Diseño de investigación</p> <p>Diseño experimental</p> <p>Población</p> <p>Imágenes de los pacientes infectados con covid 19 y no covid 19, 21165 en su totalidad</p> <p>Muestra</p> <p>La selección de la muestra ha sido de tipo no probabilístico, utilizando el muestreo por conveniencia. Por lo que se considera como muestra que se ha tomado la dataset con un total de 21165 imágenes de rayos X de los pacientes.</p> | Métricas de matriz de confusión |
| ¿Cómo se desempeña el modelo en el conjunto de prueba, evaluado a través de métricas clave como precisión, sensibilidad y especificidad? | | Evaluar el desempeño el modelo en el conjunto de prueba, evaluado a través de métricas clave como precisión, sensibilidad y especificidad | Variable Dependiente Imágenes de rayos x de torax de los pulmones de los pacientes | <ul style="list-style-type: none"> • Interpretación de modelos infectados con COVID • Pulmon con Opacidad pulmonar Pulmón Normal • Pulmón con Neomemia | | |
| ¿Cómo se compara el rendimiento del modelo con otros métodos de diagnóstico para garantizar su eficacia y precisión? | | Compara el rendimiento del modelo con otros métodos de diagnóstico para garantizar su eficacia y precisión | | | | |



Universidad Nacional
del Altiplano Puno



Vicerrectorado
de Investigación



Repositorio
Institucional

DECLARACIÓN JURADA DE AUTENTICIDAD DE TESIS

Por el presente documento, Yo FIDEL HUANCO RAMOS,
identificado con DNI 41096184 en mi condición de egresado de:

Escuela Profesional, Programa de Segunda Especialidad, Programa de Maestría o Doctorado

CIENCIAS DE LA COMPUTACIÓN

informo que he elaborado el/la Tesis o Trabajo de Investigación denominada:

“MODELO DE IDENTIFICACIÓN DE COVID 19 USANDO TÉCNICAS DE DEEP LEARNING A PARTIR DE
IMÁGENES DE RAYOS X DE TORAX DE LOS PULMONES DE LOS PACIENTES

”

Es un tema original.


Declaro que el presente trabajo de tesis es elaborado por mi persona y **no existe plagio/copia** de ninguna naturaleza, en especial de otro documento de investigación (tesis, revista, texto, congreso, o similar) presentado por persona natural o jurídica alguna ante instituciones académicas, profesionales, de investigación o similares, en el país o en el extranjero.

Dejo constancia que las citas de otros autores han sido debidamente identificadas en el trabajo de investigación, por lo que no asumiré como tuyas las opiniones vertidas por terceros, ya sea de fuentes encontradas en medios escritos, digitales o Internet.

Asimismo, ratifico que soy plenamente consciente de todo el contenido de la tesis y asumo la responsabilidad de cualquier error u omisión en el documento, así como de las connotaciones éticas y legales involucradas.

En caso de incumplimiento de esta declaración, me someto a las disposiciones legales vigentes y a las sanciones correspondientes de igual forma me someto a las sanciones establecidas en las Directivas y otras normas internas, así como las que me alcancen del Código Civil y Normas Legales conexas por el incumplimiento del presente compromiso

Puno 18 de enero del 2024


FIRMA (obligatoria)



Huella



Universidad Nacional
del Altiplano Puno



Vicerrectorado
de Investigación



Repositorio
Institucional

AUTORIZACIÓN PARA EL DEPÓSITO DE TESIS O TRABAJO DE INVESTIGACIÓN EN EL REPOSITORIO INSTITUCIONAL

Por el presente documento, Yo FIDEL HUANCO RAMOS
identificado con DNI 41096184 en mi condición de egresado de:

Escuela Profesional, Programa de Segunda Especialidad, Programa de Maestría o Doctorado

CIENCIAS DE LA COMPUTACIÓN

informo que he elaborado el/la Tesis o Trabajo de Investigación denominada:

“ MODELO DE IDENTIFICACIÓN DE COVID 19 USANDO TÉCNICAS DE DEEP LEARNING A PARTIR DE
IMÁGENES DE RAYOS X DE TORAX DE LOS PULMONES DE LOS PACIENTES

para la obtención de Grado, Título Profesional o Segunda Especialidad.

Por medio del presente documento, afirmo y garantizo ser el legítimo, único y exclusivo titular de todos los derechos de propiedad intelectual sobre los documentos arriba mencionados, las obras, los contenidos, los productos y/o las creaciones en general (en adelante, los “Contenidos”) que serán incluidos en el repositorio institucional de la Universidad Nacional del Altiplano de Puno.

También, doy seguridad de que los contenidos entregados se encuentran libres de toda contraseña, restricción o medida tecnológica de protección, con la finalidad de permitir que se puedan leer, descargar, reproducir, distribuir, imprimir, buscar y enlazar los textos completos, sin limitación alguna.

Autorizo a la Universidad Nacional del Altiplano de Puno a publicar los Contenidos en el Repositorio Institucional y, en consecuencia, en el Repositorio Nacional Digital de Ciencia, Tecnología e Innovación de Acceso Abierto, sobre la base de lo establecido en la Ley N° 30035, sus normas reglamentarias, modificatorias, sustitutorias y conexas, y de acuerdo con las políticas de acceso abierto que la Universidad aplique en relación con sus Repositorios Institucionales. Autorizo expresamente toda consulta y uso de los Contenidos, por parte de cualquier persona, por el tiempo de duración de los derechos patrimoniales de autor y derechos conexos, a título gratuito y a nivel mundial.

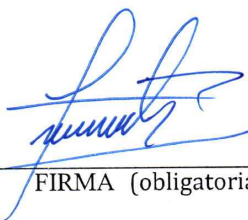
En consecuencia, la Universidad tendrá la posibilidad de divulgar y difundir los Contenidos, de manera total o parcial, sin limitación alguna y sin derecho a pago de contraprestación, remuneración ni regalía alguna a favor mío; en los medios, canales y plataformas que la Universidad y/o el Estado de la República del Perú determinen, a nivel mundial, sin restricción geográfica alguna y de manera indefinida, pudiendo crear y/o extraer los metadatos sobre los Contenidos, e incluir los Contenidos en los índices y buscadores que estimen necesarios para promover su difusión.

Autorizo que los Contenidos sean puestos a disposición del público a través de la siguiente licencia:

Creative Commons Reconocimiento-NoComercial-CompartirIgual 4.0 Internacional. Para ver una copia de esta licencia, visita: <https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/>

En señal de conformidad, suscribo el presente documento.

Puno 18 de enero del 2024


FIRMA (obligatoria)

Huella