



universidad
de león

Departamento de Ingenierías
Mecánica, Informática y Aeroespacial

MÁSTER UNIVERSITARIO EN ROBÓTICA E INTELIGENCIA ARTIFICIAL

Trabajo de Fin de Máster

Detección de células redondas sobre un conjunto de
imágenes médicas usando aprendizaje profundo

Round Cell Detection in Medical Images Using
Deep Learning.

Autor: Aitor García Blanco

Tutor: Laura Fernández Robles

UNIVERSIDAD DE LEÓN
Departamento de Ingenierías Mecánica, Informática y Aeroespacial
MÁSTER UNIVERSITARIO EN ROBÓTICA E INTELIGENCIA ARTIFICIAL
Trabajo de Fin de Máster

ALUMNO: Aitor García Blanco

TUTOR: Laura Fernández Robles

TÍTULO: Detección de células redondas sobre un conjunto de imágenes médicas usando aprendizaje profundo

TITLE: Round Cell Detection in Medical Images Using Deep Learning

CONVOCATORIA: Septiembre, 2025

RESUMEN:

ABSTRACT:

Palabras clave: detección de objetos (*object detection*), células redondas (*round cells*), análisis de semen (*semen analysis*), inteligencia artificial (*artificial intelligence*), aprendizaje profundo (*deep learning*), modelos YOLO, reproducción asistida (*assisted reproductive technology*)

Firma del alumno:

VºBº Tutor:

Índice

Índice de figuras	v
Índice de tablas	vi
Glosario de términos	vii
1. Introducción y objetivos	1
1.1. Introducción	1
1.2. Objetivos	2
2. Antecedentes	3
2.1. Contexto y motivación	3
2.2. Estado del arte e hipótesis	4
2.2.1. Visión por computador y modelos de detección de objetos . .	5
2.2.2. Técnicas de optimización y validación de modelos	8
2.2.3. Literatura de la investigación	9
2.2.4. Hipótesis de trabajo	10
2.3. Definición del problema	11
3. Gestión de proyecto software	14
3.1. Alcance del proyecto	15
3.1.1. Definición del proyecto	15
3.1.2. Presupuesto	15
3.2. Plan de trabajo	15
3.2.1. Metodología	15
3.2.2. Identificación de tareas	15
3.2.3. Estimación de tareas	15
3.2.4. Planificación de tareas	15
3.3. Gestión de recursos	15
3.3.1. Especificación y asignación de recursos	15
3.4. Gestión de riesgos	15
3.4.1. Identificación y análisis de riesgos	15
3.5. Legislación y normativa	16

4. Metodología	18
4.1. Gestión y preprocesado del <i>dataset</i>	18
4.2. Diseño experimental, entrenamiento y evaluación de modelos.	19
4.3. Desarrollo y despliegue de la herramienta web	20
5. Experimentación	21
5.1. Dataset	21
5.2. Entorno de desarrollo	22
5.2.1. <i>Hardware</i>	22
5.2.2. <i>Software y Frameworks</i>	23
5.3. Configuraciones	24
5.3.1. Entrenamiento	24
5.3.2. Validación cruzada	30
5.3.3. Ensamblado de modelos	31
5.3.4. Modelo personalizado	32
5.4. Métricas	33
6. Resultados	36
6.1. Resultados cuantitativos	36
6.2. Resultados cualitativos	38
7. Herramienta Web	39
7.1. Objetivos de la herramienta	39
7.2. Arquitectura	39
7.2.1. Organización del proyecto	40
7.2.2. Capas funcionales en Streamlit	40
7.2.3. Flujo de ejecución	41
8. Conclusión	42
8.1. Conclusión general	42
8.2. Limitaciones del estudio	42
8.3. Lineas de trabajo futuro	42
Bibliografía	43
A. Control de versiones	46
B. Seguimiento del proyecto	47
C. Herramienta Web	48

C.1. Manual de usuario	48
C.2. Recomendaciones de uso	51
C.3. Resolución de problemas	51
D. Evaluación comparativa de arquitecturas	53
D.1. Matrices de confusión	53
D.2. Curvas F1-confianza	53
D.3. Resultados cualitativos	53

Índice de figuras

2.1.	Diagramas de arquitectura de Yolov8, Yolov9 y Yolov10	6
2.2.	Diagramas de arquitectura de Yolov11 y Yolov12	7
2.3.	Muestra de semen humano sin anotaciones	11
2.4.	Ilustración con Anillos de Newton.	12
2.5.	Ilustración de anotaciones para <i>feedback</i> con experto.	13
5.1.	mAP@0.5:0.95 durante el proceso de entrenamiento.	26
5.2.	mAP@0.5 durante el proceso de entrenamiento.	27
5.3.	<i>Precision</i> del modelo sobre el conjunto de validación.	27
5.4.	<i>Recall</i> del modelo sobre el conjunto de validación.	28
5.5.	<i>Box Loss</i> sobre el conjunto de entrenamiento y validación.	28
5.6.	<i>Clasification Loss</i> sobre el conjunto de entrenamiento y validación.	29
5.7.	Representación de la validación cruzada (k-fold) para todos los modelos.	31
C.1.	Interfaz de la aplicación web.	48
C.2.	Herramienta web: <i>checkbox ground truth</i>	49
C.3.	Herramienta web: <i>checkbox zoom</i>	49
C.4.	Herramienta web para procesar un conjunto de imágenes.	50
C.5.	Herramienta web: métricas y matriz de confusión.	50

Índice de tablas

5.1.	Distribución del dataset original	21
5.2.	Resumen del dataset de actuación	22
5.3.	Parámetros principales de entrenamiento para cada modelo	25
5.4.	Principales hiperparámetros óptimos seleccionados para cada modelo	25
5.5.	Hiperparámetros de data augmentation	26
5.6.	Resultados de la validación cruzada (k-fold) para todos los modelos .	30
5.7.	Estructura del <i>backbone</i> del modelo personalizado	33
5.8.	Estructura del <i>head</i> del modelo personalizado	33
6.1.	Resultados de los modelos en la prueba de concepto inicial	36
6.2.	Resultados de los modelos sobre el conjunto de <i>test</i> original	36
6.3.	Evaluación de modelos sobre los nuevos conjuntos de <i>test</i>	37
6.4.	Evaluación de modelos sobre imágenes con artefactos	38

Glosario de términos

Bounding Box : Rectángulo que delimita la posición y tamaño de un objeto en una imagen.

Dataset : Conjunto de datos estructurados, utilizado para entrenar, validar o evaluar modelos de Inteligencia Artificial.

IoU (Intersection over Union) : Área de unión entre dos *bounding boxes* (anotación y predicción).

Métricas : Indicadores cuantitativos para la evaluación de los modelos de Inteligencia Artificial.

Experto : Persona con conocimientos especializados en un dominio específico (como biólogos, biotecnólogos, patólogos, etc)

Detección de Objetos : Tarea de localizar y clasificar instancias de objetos en imágenes mediante *bounding boxes* y etiquetas.

NMS (Non-Maximum Suppression) : Algoritmo para eliminar las detecciones redundantes, manteniendo la caja con mayor confianza entre las solapadas

Aprendizaje profundo o deep learning : Área del aprendizaje automático que emplea redes neuronales profundas para aprender representaciones y resolver tareas complejas.

Transfer Learning : Reutilizar un modelo preentrenado y adaptarlo para entrenar un nuevo modelo con el conocimiento ya adquirido previamente con un dataset generalmente mayor.

framework : Conjunto estructurado de herramientas, librerías y convenciones que facilita y agiliza el desarrollo de aplicaciones o sistemas.

Streamlit : Framework de Python para crear aplicaciones web interactivas orientadas a la ciencia de datos y *Machine Learning*.

Monolítica : Arquitectura de software en la que la aplicación se despliega y ejecuta en un mismo proceso.

LabelImg : Herramienta gráfica de código abierto para la anotación de imágenes con *bounding boxes*.

Widget : Elemento de una interface interactiva que permite al usuario controlar el comportamiento de una aplicación.

Ground truth : Hace alusión a las anotaciones correctas que describen las *bounding boxes* de las imágenes.

Checkbox : Es un *widget* que permite al usuario activar o desactivar una opción (booleano).

linter : Herramienta que analiza automáticamente el código fuente para detectar errores de sintaxis u otros posibles fallos antes de ejecutar el programa.

Células redondas : Según la OMS [1], toda célula no espermática que se encuentra en el eyaculado. Agrupa principalmente dos tipos: células germinales inmaduras y leucocitos.

Células germinales inmaduras : Células precursoras de los espermatozoides que no han completado su desarrollo.

Leucocitos : Glóbulos blancos, principalmente neutrófilos.

Espermograma : Consiste en analizar los espermatozoides de un hombre o un animal para evaluar la fertilidad y detectar posibles anomalías.

Espermatogénesis : Proceso biológico de formación y producción de espermatozoides.

Andrología : Área de la medicina que se centra en el estudio e investigación de cualquier aspecto relacionado con la función sexual y reproducción masculina (Por ejemplo: infertilidad masculina).

Anillos de Newton : Interferencia de la luz cuyo resultado es un patrón de anillos muy característico.

overfitting Proceso en el que un modelo de aprendizaje automático aprende demasiado bien los datos de entrenamiento, perdiendo capacidad de generalización y obteniendo peores resultados en las pruebas de evaluación.

1. Introducción y objetivos

1.1. Introducción

El presente Trabajo de Fin de Máster, desarrollado en colaboración con la empresa Microptic S.L [2], compañía de Hamilton Thorne [3], parte del desarrollo de una Prueba de Concepto (*Proof of Concept*) desarrollada en el marco europeo DIGIS3 [4] para la detección de células redondas en imágenes médicas mediante Inteligencia Artificial. Este trabajo incluye, además, la creación de una interfaz digital que permite la interacción de expertos con los resultados del modelo.

El objetivo de esta solución es la identificación automatizada de células redondas en imágenes de muestras de semen humano. Esta capacidad es de gran interés para Microptic [2], ya que optimiza los tiempos de análisis de los expertos y enriquece el estudio de las muestras espermáticas, mejorando la caracterización de parámetros clave tanto en el ámbito de la reproducción asistida humana como en la investigación y producción animal.

La metodología se ha centrado, en primer lugar, en la consolidación de un conjunto de datos de alta calidad. Para ello, se procesó y validó el feedback proporcionado por los expertos de Microptic [2], refinando el etiquetado de las imágenes que constituyen la base para la evaluación de los modelos.

Posteriormente, aplicando técnicas de Aprendizaje Profundo (*Deep Learning*) y Visión por Computador, se adaptaron y reentrenaron varias versiones del modelo de detección de objetos en tiempo real YOLO [5]. El propósito fue especializar su capacidad, pasando de la detección de objetos cotidianos a la identificación precisa de células redondas para facilitar el espermograma. Finalmente, el modelo fue entrenado y evaluado para validar su rendimiento, eficacia y viabilidad.

De este modo, el proyecto trasciende la investigación académica para dar continuidad la misión de DIGIS3 [4]: "impulsar la digitalización de las empresas a través de soluciones tecnológicas avanzadas". La herramienta web desarrollada actúa como un catalizador de la transformación digital para Microptic [2], traduciendo un complejo modelo de Inteligencia Artificial en una solución práctica que potencia sus capacidades de análisis y establece un precedente para futuras innovaciones.

1.2. Objetivos

Este Trabajo de Fin de Máster tiene como objetivo principal el diseño, desarrollo y validación de un sistema inteligente para la detección automatizada de células redondas en imágenes médicas de muestras de semen humano; mediante el empleo de técnicas de visión por computador y aprendizaje profundo. Demostrando así, la integración de competencias técnicas avanzadas en inteligencia artificial, procesamiento de imágenes y desarrollo de software, entre otras habilidades transversales.

Con este proyecto, se pretende abordar los siguientes objetivos específicos:

- Investigar y estudiar casuísticas análogas en la detección de células en conjuntos de imágenes médicas.
- Realizar un preprocesamiento y anotación de los conjuntos de imágenes médicas.
- Implementar, entrenar y validar diferentes modelos u arquitecturas de modelos, comparar su rendimiento y optimizar hiperparámetros.
- Evaluar cuantitativamente los modelos mediante métricas estandar.
- Desarrollar una herramienta web interactiva para visualización, inferencia y exportación de resultados que facilite la validación por parte de expertos biomédicos.
- Garantizar la reproducibilidad y cumplimiento ético/legislativo.
- Documentar exhaustivamente el proyecto.

2. Antecedentes

En este capítulo se expone el problema abordado en este trabajo, sus antecedentes e hipótesis y motivaciones. Asimismo, se revisa la literatura existente para situar el estado del arte y justificar la necesidad de la investigación realizada.

2.1. Contexto y motivación

El análisis de muestras de semen es un pilar fundamental en el campo de la medicina reproductiva. Su relevancia abarca desde el diagnóstico de la infertilidad en parejas y técnicas de reproducción asistida en humanos, hasta la investigación y producción en el sector ganadero. Tradicionalmente, este análisis se ha centrado en la motilidad, concentración y morfología de los espermatozoides.

Sin embargo, un análisis seminal requiere la evaluación de otros componentes celulares, entre los que destacan las células redondas. Estas constituyen un indicador diagnóstico crucial, ya que abarca linfocitos, células plasmáticas, macrófagos, mastocitos y células tumorales redondas; cuya presencia puede ser signo de infecciones o inflamaciones del tracto genital, como células germinales inmaduras, que pueden indicar una alteración en el proceso de espermatogénesis [6].

El método estandar para la identificación y conteo de células redondas depende de la agudeza visual de un experto a través de un microscopio; lo que convierte al proceso de espermatogenia es un proceso subjetivo (depende del observador), lento, laborioso y cansado para el observador. Estas limitaciones motivan la necesidad de desarrollar alternativas mediante herramientas automatizadas que permitan obtener resultados más rápidos, objetivos y reproducibles, optimizando el espermograma.

El auge de la Inteligencia Artificial, y en particular las técnicas de Visión por Computador basadas en Aprendizaje Profundo, están protagonizando una revolución dentro del mundo de la medicina. La capacidad de las redes neuronales en la detección de patrones complejos han demostrado ser una herramienta de apoyo en diversas especialidades como son: análisis de imágenes radiológicas o análisis de lesiones cutáneas en dermatología, entre otras. En *computer vision*, modelos de detección de objetos como YOLO (You Only Look Once) [5] han demostrado un

equilibrio entre precisión y velocidad de inferencia. Estos algoritmos son capaces de procesar imágenes y localizar multiples objetos de interes en milisegundos. Siendo idóneo en este tipo de trabajos clínicos.

Atendiendo a estas necesidades y casuísticas, por parte de una empresa lider en el análisis espermático, surge de la necesidad de integrar estos sistemas inteligentes para la detección de células redondas al que dió solución el grupo GVIS de la Universidad de León mediante una prueba de concepto [6]. Demostrando así, la capacidad de estas tecnologías en este tipo de tareas complejas.

Aprovechando este hito, surge la motivación de definir una nueva prueba de concepto integrada en un entorno digital, que permita igualar o superar con menos recursos, la anterior prueba de concepto. Esto se aborda a través de diferentes vías:

- Explorar diferentes arquitecturas de YOLO [5], desde modelos oficiales hasta prototipos más recientes que emplean capas de atención.
- Diseñar un modelo personalizado para competir con los modelos existentes.
- Optimización y mejora de la detección: buscar la configuración optima que maximice diferentes métricas y abordar la detección de artefactos visuales que fueron identificados como una limitación en la PoC previa.
- Desarrollar de una herramienta web interactiva que no solo sirva para evaluar imágenes sino que además, de soporte a expertos.

2.2. Estado del arte e hipótesis

En esta sección se analiza el panorama tecnológico que sirve como fundamento para este proyecto. Se parte de las tecnologías de Inteligencia artificial que tienen relevancia en el campo de la medicina como es la visión por computador, se abordan los modelos de detección de objetos utilizados y se revisan las diferentes técnicas de optimización. Finalmente, se realiza un breve y conciso estudio sobre la literatura actual en este campo y se define la hipótesis de trabajo.

2.2.1. Visión por computador y modelos de detección de objetos

La Inteligencia Artificial está en auge y algunos de los campos en los que está tomando protagonismo son el Aprendizaje Profundo y la Visión por Computador; campos en los que se fundamenta esta prueba de concepto. La Visión por Computador está revolucionando el análisis de imágenes dadas las capacidades de estos sistemas de interpretar datos visuales en tareas como la clasificación, segmentación semántica o la detección de objetos en la que se fundamenta este proyecto. Que fundamentadas en Aprendizaje Profundo, mediante el uso de Redes Neuronales, los algoritmos pueden identificar patrones complejos en las imágenes con una precisión igual o superior a la del ojo humano.

Dentro de este campo, la detección de objetos tiene como objeto localizar espacialmente (mediante *bounding boxes*) y clasificar cada una de las múltiples instancias de un objeto de interés dentro de una misma imagen. Esta tarea es crucial para este proyecto, pues va a permitir detectar y contar las células redondas en una imagen de esperma humano.

La familia de modelos de YOLO (You Only Look Once) [5] se ha consolidado como un referente para tareas de detección, permitiendo un equilibrio entre precisión y velocidad. Dentro de las 12 arquitecturas de YOLO [5], se emplean las siguientes [7]:

- **Yolov8:** Adopta un diseño eficiente y sin anclajes (anchor-free). Su arquitectura utiliza una versión refinada de módulos basados en CSP y una cabeza desacoplada que separa las tareas de clasificación y regresión, logrando un buen equilibrio entre velocidad y precisión [7].
- **Yolov9:** Introduce la Información de Gradiente Programable (PGI) y la Red de Agregación de Capas Generalizada y Eficiente (GELAN). Estas innovaciones ayudan a mantener gradientes robustos a través de la red, mejorando la convergencia y la capacidad para detectar objetos pequeños al evitar la pérdida de información [7].
- **Yolov10:** Elimina la necesidad de la supresión no máxima (NMS), un paso de postprocesamiento que consume tiempo, mediante una novedosa estrategia de asignación dual. Esto reduce significativamente la latencia de inferencia y lo hace más eficiente para la detección en tiempo real [7].

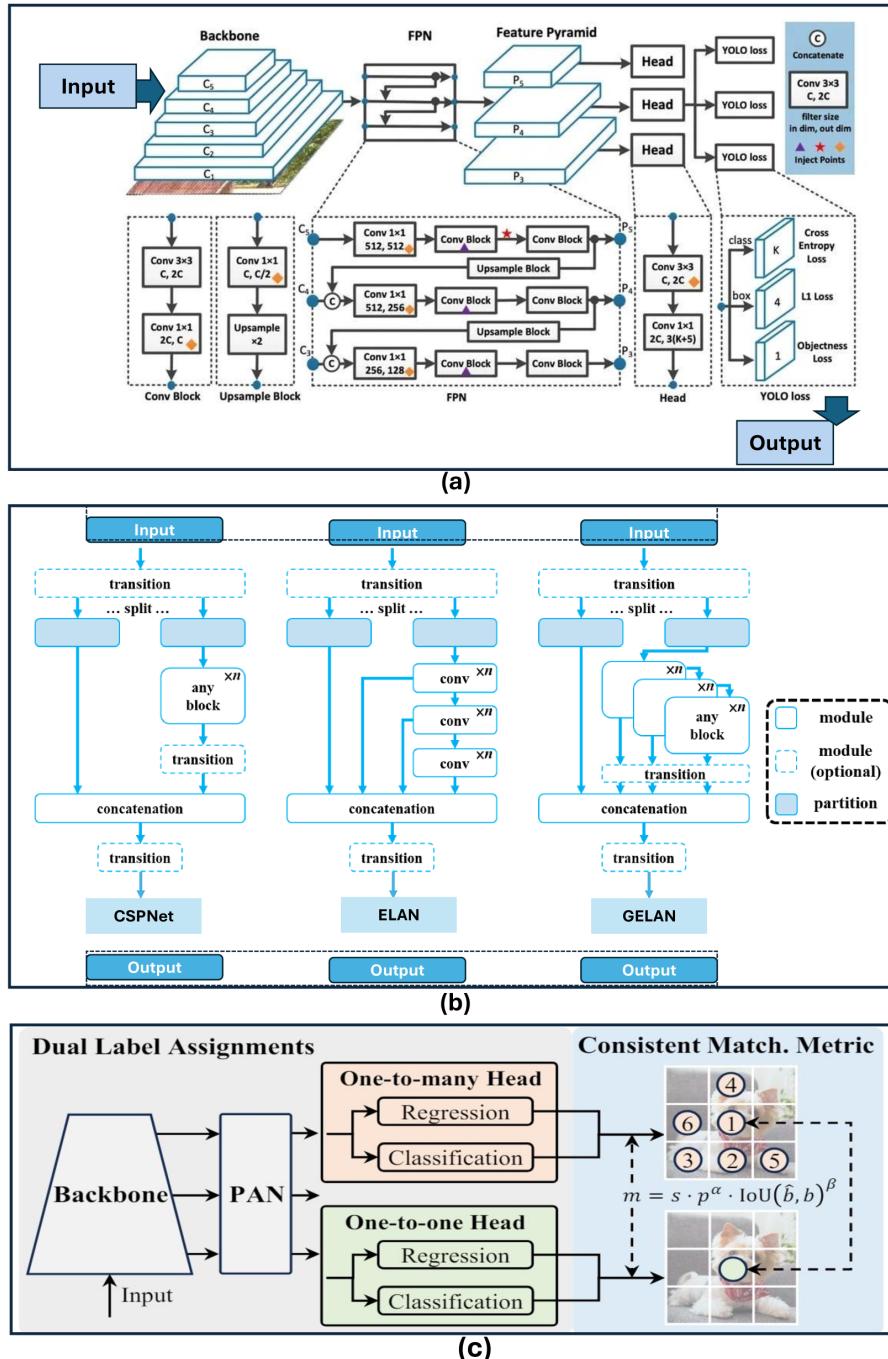


Figura 2.1: Diagramas de arquitectura de Yolov8, Yolov9 y Yolov10

(a) Yolov8 presenta una estructura principal basada en CSP, un cabezal desacoplado y libre de anclajes (anchor-free), y una red de pirámide de características (FPN) optimizada para una extracción eficiente de características a múltiples escalas. (b) Yolov9 integra la Información de Gradiente Programable con GELAN para una agregación robusta de características. (c) Yolov10 presenta una estrategia de asignación dual, cabezales ligeros y un submuestreo desacoplado de canal espacial para mejorar la precisión y velocidad de la inferencia.

- **Yolov11:** Se enfoca en mejorar la extracción de características mediante el bloque C3k2, el módulo Spatial Pyramid Pooling-Fast (SPPF) y la atención espacial paralela (C2PSA). Estas mejoras le permiten un rendimiento más preciso, especialmente en escenarios con objetos ocluidos [7].
- **Yolov12:** Su principal innovación es el módulo de Atención de Área (A^2), que ajusta dinámicamente el campo receptivo para capturar señales contextuales globales y locales con un costo computacional mínimo. Esto, junto con la red R-ELAN, optimiza la fusión de características y aumenta drásticamente la velocidad de inferencia [7].

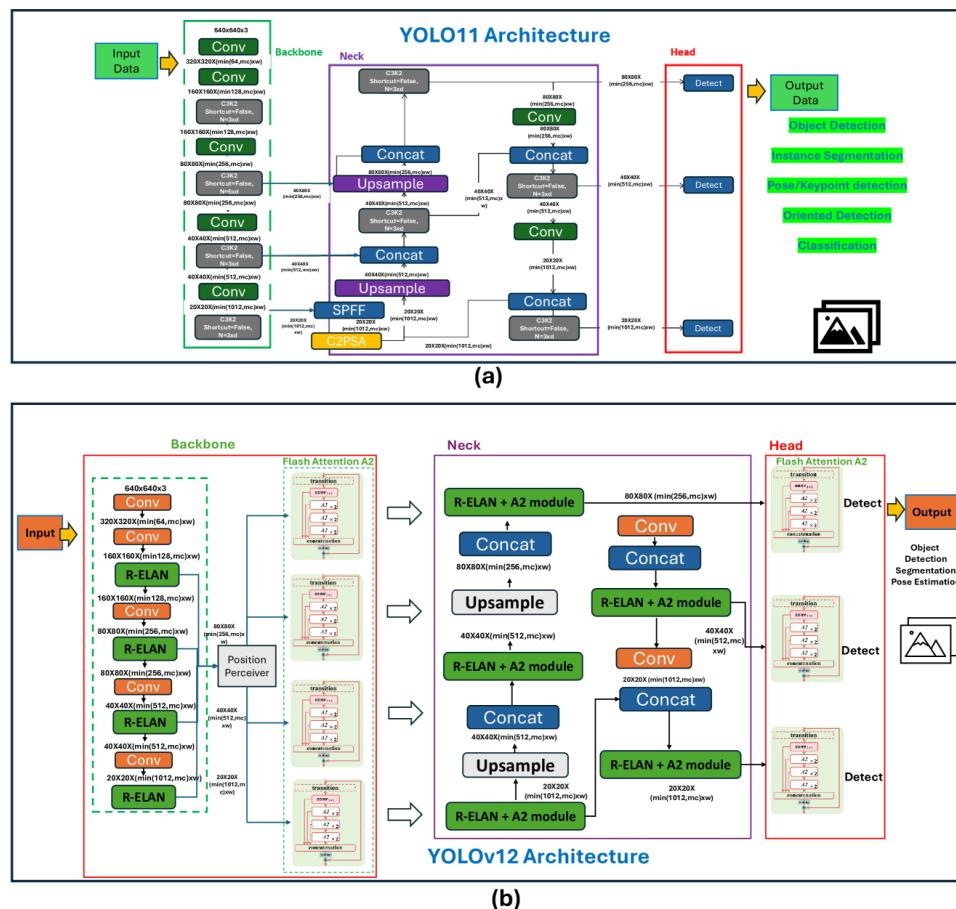


Figura 2.2: Diagramas de arquitectura de Yolov11 y Yolov12

(a) YOLOv11 utiliza una arquitectura mejorada que incluye bloques C3k2, SPPF y C2PSA. Estos componentes optimizan la extracción de características en diversas escalas y mejoran la atención espacial, lo que se traduce en una mayor precisión de detección. (b) YOLOv12 avanza sobre este diseño con una arquitectura centrada en la atención. Al integrar módulos de Área Attention y bloques R-ELAN, optimiza la combinación de características, logrando un aumento drástico en la velocidad de inferencia para una detección de objetos en tiempo real de vanguardia.

2.2.2. Técnicas de optimización y validación de modelos

Es bien sabido de la existencia de diferentes tecnologías para asegurar la robustez y maximizar el rendimiento de los modelos. Algunas de estas tecnologías, son las siguientes:

- **Optimización de hiperparámetros (Optuna):** El *framework* Optuna [8], de optimización automática de hiperparámetros (tales como la tasa de aprendizaje, el *momentum* o regulación) explora de manera inteligente y eficiente el espacio de búsqueda y, al final, devuelve la mejor combinación de hiperparámetros encontrada. Se fundamenta en algoritmos de muestreo bayesiano y mecanismos de poda (*pruning*) que descartan de manera anticipada los ensayos poco prometedores.
- **Aumento de datos (*data augmentation*):** Para mejorar la capacidad de generalización de un modelo y reducir el riesgo de sobreajuste (*overfitting*) en conjuntos de datos limitados se recurre a esta técnica. Esta técnica permite generar nuevas muestras de entrenamiento aplicando transformaciones geométricas (rotaciones, traslaciones, escalado, etc) y fotométricas (cambios de brillo, contraste, etc) sobre las imágenes originales, incrementando así la diversidad del conjunto de datos.
- **Validación cruzada (*cross validation*):** Dentro de sus múltiples variantes, la más común consiste en dividir el conjunto de datos en "k" subconjuntos o pliegues. El modelo se entrena K veces, utilizando en cada iteración un pliegue diferente para la validación y los K-1 restantes para el entrenamiento. El rendimiento final se calcula como la media de los resultados de las K iteraciones, proporcionando una medida de la capacidad de generalización del modelo menos dependiente de una única división de datos. Esta técnica permite conocer si un modelo es fiable y robusto.
- **Ensamblado de modelos (*ensemble*):** Esta técnica avanzada busca mejorar la precisión y la robustez de las predicciones combinando las salidas de múltiples modelos entrenados de forma independiente. La hipótesis subyacente es que los errores de un modelo pueden ser compensados por los aciertos de otros (al promediar o dar pesos sobre las predicciones individuales), especialmente si los modelos son diversos.

2.2.3. Literatura de la investigación

La Inteligencia Artificial (IA), y en particular el Aprendizaje Profundo (*Deep Learning*), están transformando el campo de análisis de imágenes médicas en especialidades como la oncología, la neurología y la oftalmología.

En el ámbito de la andrología, la Inteligencia Artificial está comenzando a tomar especial relevancia en tareas como la concentración y recuento de espermatozoides, motilidad espermática, morfología espermática, integridad del ADN espermático, entre otras [9]. En el contexto del análisis seminal, la mayor parte de las investigaciones se centran en la automatización del análisis morfológico de los espermatozoides, desarrollando modelos capaces de identificar con alta precisión diferentes partes de la estructura celular (como cabeza, parte intermedia y cola) [10].

Sin embargo, este proyecto presenta un desafío diferente y menos explorado, que a diferencia del análisis morfológico el cual se centra en un único tipo de célula, la detección de células redondas, como ya hemos visto anteriormente, implica identificar un grupo heterogéneo de células (principalmente leucocitos y células germinales inmaduras) en un entorno complejo y "ruidoso" [1] [11]. La dificultad de identificar estas células redondas, incluso para expertos, y la subjetividad de los métodos manuales tradicionales [12] justifican la necesidad de desarrollar herramientas automatizadas.

Este Trabajo de Fin de Máster se fundamenta en una innovadora prueba de concepto previa, desarrollada por el grupo de investigación GVIS de la Universidad de León en colaboración con la empresa Microptic S.L. [2], en el marco del proyecto europeo DIGIS3 [4]. Dicha prueba de concepto, tuvo como objetivo validar la viabilidad de utilizar modelos de Deep Learning para la identificación de células redondas en imágenes de semen humano. En ese trabajo inicial, se reentrenaron tres variantes del modelo YOLOv7 utilizando un conjunto de alrededor de 400 imágenes, logrando resultados prometedores en diferentes métricas. Este hito demostró que los detectores de objetos en tiempo real podían ser adaptados con éxito a esta tarea específica a pesar de las dificultades que esto supone.

Este hito sirve de precedente para explorar nuevas y mejoradas arquitecturas para superar las métricas obtenidas. Investigaciones de vanguardia han desarrollado modelos de alta precisión para identificar específicamente espermátidas redondas humanas, aunque utilizando muestras purificadas mediante citometría de flujo, lo que simplifica el problema al eliminar el "ruido" de fondo [13].

Por otro lado, trabajos como el modelo ACTIVE abordan un escenario más similar al de este proyecto, al detectar espermatozoides e "impurezas" en videos microscópicos sin procesar [14]. Los resultados para la detección de espermatozoides son realmente buenos, sin embargo, no se puede decir lo mismo para las impurezas (todos los objetos presentes en la muestra que no son espermatozoides). Los propios autores admiten que, en algunos casos, incluso para expertos es difícil distinguir si un objeto es una impureza o un espermatozoide. Esto introduce ambigüedad en los datos de entrenamiento perjudicando el aprendizaje del modelo, especialmente para la clase más difícil de definir ("impurezas") [14].

En síntesis, este proyecto da continuidad al desarrollo tecnológico a partir de la prueba de concepto inicial a demás de integrar y buscar superar los desafíos identificados en la literatura científica más reciente. La prueba de concepto sirve como precedente para dar continuidad y actualizar las arquitecturas para el problema de la detección de células redondas en muestras de semen humano, mientras que la literatura reciente pone de manifiesto los desafíos y dificultades en la detección de células heterogéneas.

2.2.4. Hipótesis de trabajo

Considerando el potencial de las arquitecturas YOLO y las diferentes técnicas de optimización, se considera que mediante la exploración de las arquitecturas YOLO que van desde la versión 8 a la 12, junto con el diseño personalizado y la optimización de hiperparámetros, se consiga igualar o mejorar los modelos de la anterior prueba de concepto del grupo GVIS, en las métricas mAP y velocidad de inferencia. Adicionalmente, se espera que gracias a la arquitectura en desarrollo de Yolov12 que incorpora mecanismos de atención, el algoritmo no identifique como células redondas a los Anillos de Newton. La integración de estos modelos con la herramienta web sirvan no solo como método de validación final, sino que también demuestre la viabilidad del sistema para ser utilizado en un marco clínico de análisis real por personal experto.

2.3. Definición del problema

La problemática que da origen a este proyecto no es otra que la ardua y extenuante tarea que le supone a un experto la revisión manual de imágenes médicas de muestras de semen.

Por esta razón, el problema central que aborda este proyecto es diseñar, desarrollar y evaluar un sistema inteligente capaz de automatizar la detección de células redondas sobre un conjunto de imágenes médicas de muestras de semen, utilizando para ello, técnicas de Visión por Computador (*Computer Vision*) y Aprendizaje Profundo (*Deep Learning*).

Este sistema inteligente debe ser capaz de procesar imágenes microscópicas como las de la Figura 2.3, donde las células objetivo coexisten con una densa población de espermatozoides, diversos artefactos visuales (Anillos de Newton) y restos residuales ajenos al análisis. Asimismo, la dificultad que supone la distinción de células redondas de otros elementos morfológicamente similares (espermatozoides sin cola), esferas de las que se desconoce que son, etc.

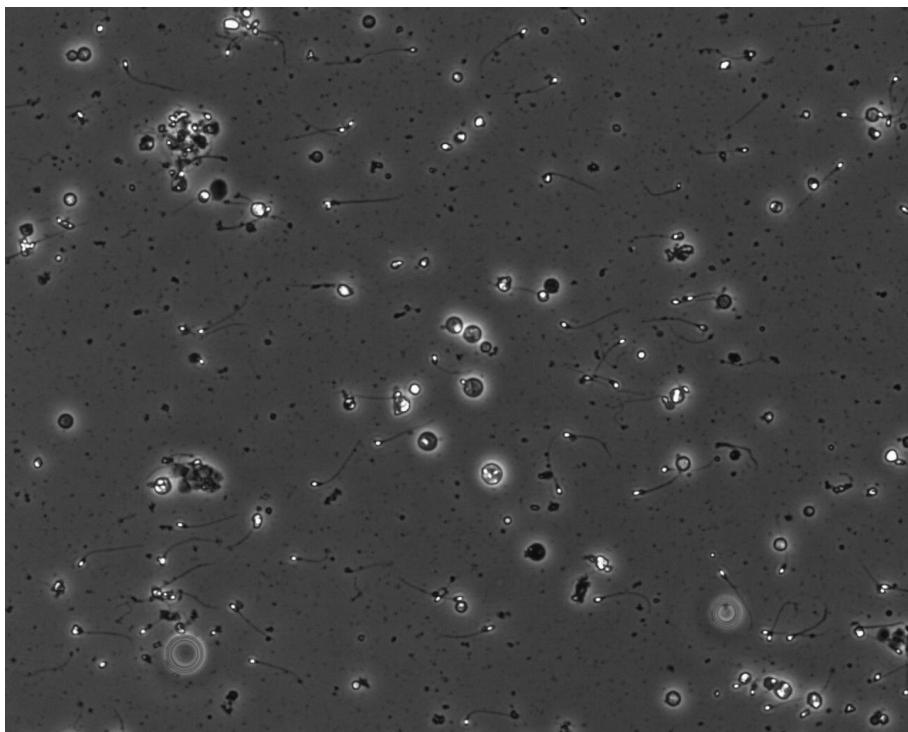


Figura 2.3: Muestra de semen humano sin anotaciones

Para más inri, la asignación de anotaciones sobre el conjunto de imágenes es un problema que va a generar complicaciones durante todo el proyecto. Por ejemplo,

en la imagen 2.4 anotada por un experto, presenta la problemática de los Anillos de Newton. Se verá posteriormente como afectan estos objetos a la correcta identificación de células redondas.

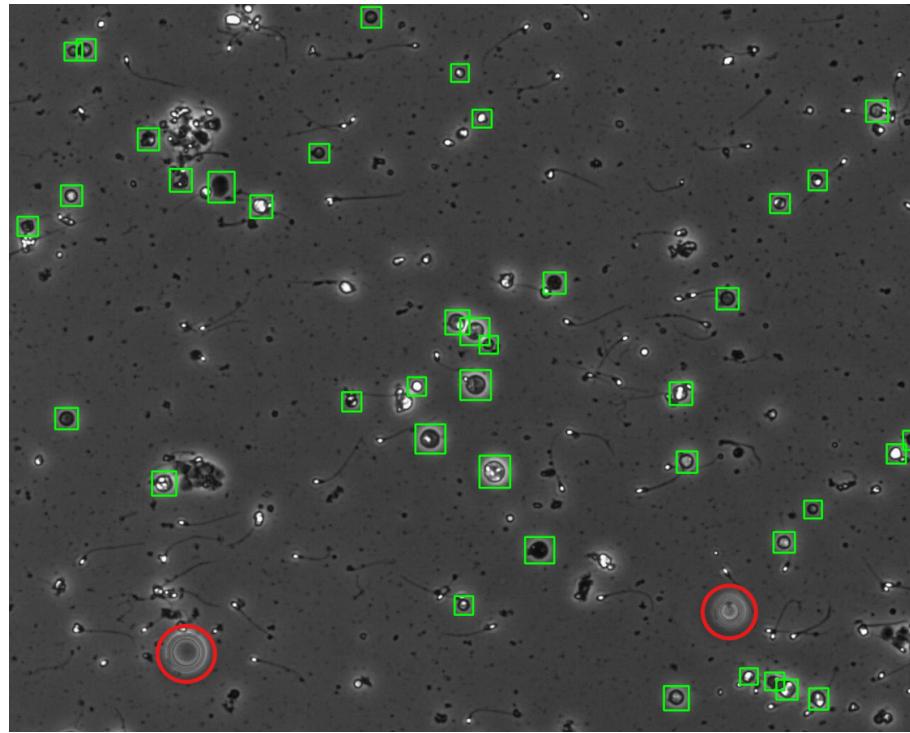


Figura 2.4: Ilustración con Anillos de Newton.

Las *bounding boxes* corresponden con las células redondas y los círculos rojos con los Anillos de Newton.

Asimismo, en la imagen 2.5 se evidencian las constantes dudas a cerca de las anotaciones de células redondas, no solo por el personal que define el proyecto sino por los propios expertos de Microptic [2]. Cuyo *feedback* fue:

“La mayoría de células marcadas con los rectángulos verdes son ciertas células redondas. Los círculos rosas también serían células (probablemente germinales, pero se necesitaría hacer una evaluación morfológica específica para saberlo). Los círculos azules marcan correctamente algunas células redondas pero también indican espermatozoides que retienen la mayor parte del citoplasma (esferas grises con un área blanca bien contrastada). En cuanto a los círculos naranjas, muchos son cabezas de espermatozoides sin cola y las esferas más pequeñas desconocemos qué son.”

Esto evidencia, una vez más, el alto grado de complejidad que supone anotar este tipo de imágenes médicas, incluso bajo el marco de recomendaciones de la OMS [1] [11].

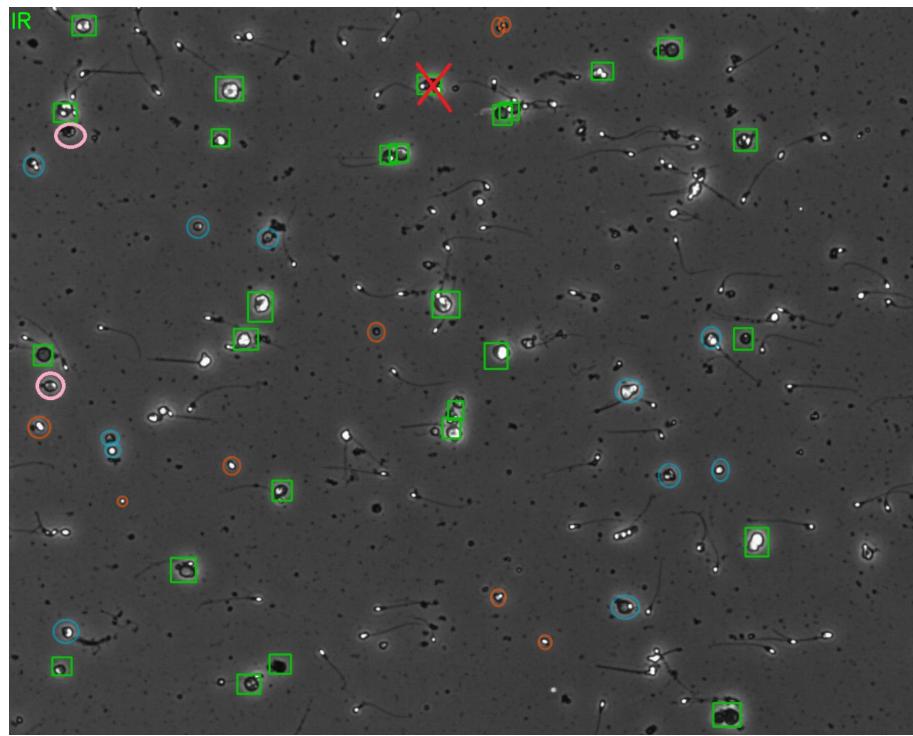


Figura 2.5: Ilustración de annotaciones para *feedback* con experto.

3. Gestión de proyecto software

3.1. Alcance del proyecto

3.1.1. Definición del proyecto

3.1.2. Presupuesto

Coste de personal

Coste del hardware

Costes indirectos

Coste total

3.2. Plan de trabajo

3.2.1. Metodología

3.2.2. Identificación de tareas

3.2.3. Estimación de tareas

3.2.4. Planificación de tareas

3.3. Gestión de recursos

3.3.1. Especificación y asignación de recursos

3.4. Gestión de riesgos

3.4.1. Identificación y análisis de riesgos

3.5. Legislación y normativa

En el marco de ejecución de este proyecto, se ha llevado a cabo un riguroso cumplimiento de la legislación y normativa vigente. A continuación, se detalla cómo el proyecto se ajusta y adhiere a las leyes pertinentes:

- **Ley Orgánica 3/2018, de 5 de diciembre, de Protección de Datos Personales y garantía de los derechos digitales [15]**

Este proyecto respeta plenamente la Ley Orgánica 3/2018, la cual reconoce el derecho fundamental a la protección de datos personales. La creación y tratamiento del dataset de imágenes médicas se ha realizado conforme a las disposiciones de la ley, asegurando la legalidad en el tratamiento de datos biomédicos. Se han obtenido los permisos explícitos necesarios para el uso de las imágenes, garantizando la privacidad y anonimización de los datos de los pacientes.

- **Reglamento (UE) 2016/679 del Parlamento Europeo y del Consejo relativo a la protección de las personas físicas en lo que respecta al tratamiento de datos personales y a la libre circulación de estos datos (RGPD) [16]**

La creación y tratamiento del dataset de imágenes médicas en este proyecto, se ha realizado conforme a los principios del RGPD, garantizando la legalidad, transparencia en el tratamiento de datos biomédicos. Todas las imágenes han sido previamente anonimizadas y se han implementado medidas técnicas y organizativas para asegurar la seguridad y privacidad de los datos, cumpliendo así con las exigencias del RGPD para datos de salud considerados de categoría especial.

- **Reglamento (UE) 2024/1689 del Parlamento Europeo y del Consejo sobre Inteligencia Artificial [17]**

Este reglamento establece normas armonizadas para garantizar la seguridad, ética y transparencia en el desarrollo y aplicación de sistemas de IA en la Unión Europea. En el contexto de este TFM, el sistema desarrollado se considera una herramienta de investigación y apoyo a la evaluación biomédica —no está concebido ni validado para toma de decisiones clínicas autónomas— por lo que su uso actual no se presenta como IA de alto riesgo. No obstante, para alinearse con los requisitos se incorporan las siguientes medidas: documenta-

ción completa, evaluación de riesgos y validación, trazabilidad y registro para una posterior reproducibilidad.

- **Real Decreto Legislativo 1/1996 sobre Propiedad Intelectual [18]**

En conformidad con el Real Decreto Legislativo 1/1996, el proyecto respeta la normativa sobre propiedad intelectual. Se ha optado por utilizar únicamente código y herramientas de software libre y de código abierto para garantizar el cumplimiento de la normativa en materia de propiedad intelectual.

4. Metodología

En esta sección se describen de forma reproducible, las tres etapas clave experimentales implementadas de forma secuencial:

- **Fase 1:** Gestión y preprocesado del *dataset*.
- **Fase 2:** Diseño experimental, entrenamiento y evaluación de modelos.
- **Fase 3:** Despliegue de la herramienta web.

4.1. Gestión y preprocesado del *dataset*

La base de cualquier sistema de aprendizaje de Inteligencia Artificial reside en la calidad de los datos. Esta primera fase, se centra en el estudio y procesamiento del conjunto de datos (Sección 5.1), que servirá como fuente de verdad (*ground truth*) en las etapas posteriores.

- **Adquisición y consolidación:** El punto de partida es el conjunto de imágenes médicas proporcionado por Microptic S.L. [2] Se realiza un análisis para comprender su estructura, el formato original (PascVOC) y la calidad de las anotaciones. Un conjunto de datos para entrenamiento y tres para *test*.
- **Validación por expertos:** Atendiendo a la revisión de feedback proporcionada por expertos sobre los conjuntos de *test*, se procede con el reetiquetado (mediante LabelImage [19]) para asegurar una mejor precisión de las anotaciones. Como no se tiene feedback respecto al conjunto de entrenamiento y, además, como se quiere comparar con la prueba de concepto inicial, no se modifica ni se pide una nueva valoración de expertos sobre el conjunto de datos de entrenamiento.
- **Estructuración del dataset:** Para entrenar las diferentes arquitecturas de YOLO, el conjunto de datos de entrenamiento original, se divide el conjunto de datos en entrenamiento (80 %) y validación (20 %). Empleando para esto, una semilla determinada para garantizar que los experimentos sean reproducibles.
- **Nuevo formato de datos:** Una vez se ha organizado la estructura de carpetas, las anotaciones en formato PascVOC se convierten a formato YOLO, que

es requerido para la metodología actual. Adicionalmente, se generó una versión en formato COCO para garantizar la interoperabilidad y facilitar futuras aplicaciones con otros marcos de trabajo.

4.2. Diseño experimental, entrenamiento y evaluación de modelos.

Esta fase constituye el núcleo de la investigación, donde se exploran diferentes arquitecturas y configuraciones para obtener el modelo óptimo. El detalle completo previo y durante la etapa de entrenamiento de los diferentes modelos se recoge en la Sección 5.3.

- **Arquitectura:** El código de esta fase se estructura de forma altamente modular, facilitando el mantenimiento y escalabilidad. La lógica completa se encapsula en clases y librerías reutilizables, manteniendo los cuadernos de Jupyter (Jupyter Notebooks) limpios y con un hilo argumental claro; dando lugar a una estructura limpia y clara [20].
- **Optimización de modelos:** Se realiza una búsqueda sistemática mediante el framework Optuna [21] para la optimización automática de hiperparámetros.
- **Entrenamiento y validación:** Para obtener modelos que generalicen lo mejor posible, se emplean las técnicas:
 - **Aumento de datos (*data augmentation*):** Durante el proceso de entrenamiento, se aplican transformaciones para enriquecer la diversidad de los datos y reducir el *overfitting*.
 - **Validación cruzada (*k-fold cross-validation*):** Se emplea para evaluar de forma robusta la capacidad de generalización de los modelos y la configuración de los hiperparámetros.
- **Exploración de enfoques avanzados:** Adicionalmente, se aborda el problema desde otras perspectivas:
 - **Ensamblado de modelos:** Se combinan las predicciones de diferentes modelos individuales para crear un nuevo sistema de detección de células redondas.

- **Modelo personalizado:** Se diseña una arquitectura de red neuronal propia.
- **Evaluación:** Se realiza una evaluación cuantitativa y cualitativa de los resultados (Ver Capítulo 6).
 - **Evaluación cuantitativa:** Se estudia el rendimiento individual de los modelos sobre los diferentes conjuntos de *test*. Para esto, se emplean las métricas: *precision*, *recall*, mAP@0.5, mAP@0.5:0.95, el tiempo de inferencia y el F1-confianza (Sección 5.4).
 - **Evaluación cualitativa:** Se evalúan los modelos en un entorno problemático, como son las imágenes con Anillos de Newton (Sección 2.3). Asimismo, se realiza una comparativa de resultados respecto algunas imágenes de resultados obtenidos en la prueba de concepto inicial.

4.3. Desarrollo y despliegue de la herramienta web

La tercera y última fase del proyecto, es dar una solución tangible y accesible para los usuarios finales (expertos) (Capítulo 7).

- **Desarrollo de la interfaz:** Se define una aplicación interactiva empleando el framework de Streamlit, con el fin de que los expertos médicos puedan interactuar de forma intuitiva con el sistema de detección de células redondas.
- **Funcionalidades:** La prueba de concepto se integra con una serie de funcionalidades como la carga de imágenes y anotaciones asociadas (opcional), selección de modelo de inferencia e intervalo de confianza de las predicciones, visualización de las detecciones, comparativa de resultados con el *ground truth*, exportación de predicciones y métricas sobre un conjunto de imágenes.
- **Arquitectura de software:** La aplicación se diseña con un enfoque modular, que separa la lógica de procesado de la interfaz de usuario, garantizando la escalabilidad y la facilidad de mantenimiento [20].

5. Experimentación

5.1. Dataset

El dataset inicial proporcionado por la empresa MICROPTIC [2] está constituido por un conjunto de *train* y *test* en formato PascalVOC.

Tabla 5.1: Distribución del dataset original

Partición	Resoluciones (px)	Nº imágenes (resolución)	Nº imágenes	Sin instancias	Escala grises
<i>Train</i>	1280 × 1024	356	373	23	3 canales
	768 × 616	17			
<i>Test</i>	1280 × 1024	87	94	6	3 canales
	768 × 616	7			

El conjunto de datos inicial que nos proporciona Microptic [2] está compuesto por 373 imágenes para *train* y 94 para *test*; de las cuales no presentan anotaciones: 23 imágenes de *train* y 6 de *test*. El conjunto de entrenamiento se divide utilizando la función `train_test_split` de *scikit-learn*, reservando el 80% (298 imágenes) para entrenamiento y el 20% (75 imágenes) para validación. Esta división se realiza de forma aleatoria pero reproducible, fijando la semilla (`random_state = 42`) para garantizar la consistencia de los resultados.

Adicionalmente, la empresa proporciona un conjunto de datos del *test* reevaluado por expertos del dominio. Este conjunto se reetiqueta utilizando la herramienta *LabelImg* [19] en formato PascVOC. Las correcciones afectan a un total de 60 imágenes, incrementando el número de instancias de 1273 a 1412.

Asimismo, se incluyeron dos conjuntos adicionales denominados *test2* y *test3*, inicialmente sin anotaciones pero que contenían *bounding boxes* generados por modelos YOLO [5] preentrenados por el grupo GVIS de la Universidad de León. Estas predicciones fueron posteriormente corregidas y validadas por expertos, proporcionando dos conjuntos adicionales para evaluación. La composición final del dataset se presenta en la Tabla 5.2.

Tabla 5.2: Resumen del dataset de actuación

Partición	Imágenes	Instancias	1280×1024	768×616	Escala grises
<i>Train</i>	298	3934	282	16	3 canales
<i>Validation</i>	75	878	74	1	3 canales
<i>Original_test</i>	94	1273	87	7	3 canales
<i>Test</i>	94	1412	87	7	3 canales
<i>Test2</i>	10	144	0	10	1 canal
<i>Test3</i>	59	1135	56	3	1 canal

El conjunto de *train*, *validation* y *test* están constituidos por imágenes RGB de 3 canales, mientras que las imágenes de los conjuntos de *test2* y *test3* están compuestos por imágenes en escala de grises de un único canal.

Para el entrenamiento de diferentes arquitecturas de detección de objetos, se convierten los formatos de PascVOC a YOLO y YOLO a COCO. Para más detalle, la información relativa al preprocesamiento del dataset se encuentra en el documento `preprocesamiento.ipynb` del repositorio [20].

5.2. Entorno de desarrollo

Se utilizan dos entornos de desarrollo complementarios, garantizando la reproducibilidad y escalabilidad de los resultados obtenidos.

5.2.1. *Hardware*

Hardware Local

El entorno principal de desarrollo es un equipo *Lenovo IdeaPad Gaming 3* con las siguientes especificaciones técnicas:

- **Procesador:** AMD Ryzen 5 5600H with Radeon Graphics
 - Velocidad base: 3,30 GHz
 - Núcleos físicos: 6
 - Procesadores lógicos: 12

- Caché L1: 384 kB
- Caché L2: 3,0 MB
- Caché L3: 16,0 MB
- Virtualización: Habilitada
- **GPU:** NVIDIA GeForce RTX 3050 Laptop GPU
 - Memoria dedicada: 4,0 GB GDDR6
 - Arquitectura: Ampere
 - Soporte CUDA: 12.9
 - Driver version: 576.02
- **Memoria RAM:** 16 GB DDR4 SODIMM
 - Velocidad: 3200 MHz
 - Configuración: 2 módulos de 8 GB
- **Almacenamiento:** SSD NVMe PCIe Gen3 x4
 - Capacidad: 512 GB
 - Modelo: Micron MTFDHBA512QFD

Servidor privado

Como entorno complementario se ha empleado un servidor remoto proporcionado por el grupo GVIS de la Universidad de León.

- **GPU:** Tesla T4 con 15 GB de memoria
- **RAM del sistema:** 12,7 GB
- **Almacenamiento temporal:** 78,2 GB SSD

5.2.2. *Software y Frameworks*

El desarrollo se realizó empleando el siguiente *stack* tecnológico:

- **Sistema Operativo:** Windows 11
- **Entorno Python:** Miniconda3 (entorno TFM)

- **IDE:** Microsoft Visual Studio Code
- **CUDA Toolkit:** Versión 12.9
- **Frameworks principales:**
 - PyTorch 2.6.0 con soporte CUDA 12.6
 - Ultralytics 8.3.177
 - OpenCV para procesamiento de imágenes
 - Optuna para optimización de hiperparámetros
 - Streamlit para desarrollo de interfaces web
 - Pandas para análisis y manipulación de datos
 - Matplotlib para visualización de datos
 - Scikit-learn para métricas y otras utilidades de *machine learning*
 - Jupyter Notebook para desarrollo y análisis interactivo
 - linter ruff para mantener un código limpio, coherente y más fácil de mantener.

Para el despliegue del proyecto se recomienda tener todas las dependencias del `requirements.txt` [20], el cual recoge todas las librerías y versiones necesarias para la correcta ejecución del entorno.

5.3. Configuraciones

En esta sección se abordan los aspectos más relevantes del entrenamiento, validación y desarrollo de metodologías avanzadas para la detección de células redondas.

5.3.1. Entrenamiento

Para abordar el proceso de entrenamiento de forma óptima, previamente se emplea el *framework* Optuna [21] con las configuraciones de parámetros adjuntas en la Tabla 5.3 y, maximizando la métrica mAP@0.5:0.95. Cabe destacar que durante todo el procedimiento se garantiza la reproducibilidad y cumplimiento con las normas éticas y legales.

Toda la información relativa a esta etapa, se encuentra en el documento de configuraciones (config.py) del repositorio del proyecto [20]. Recordar que al tener como objeto la detección de células redondas, el número de clases es uno.

Tabla 5.3: Parámetros principales de entrenamiento para cada modelo

Model	Nº Trials	Epoch Optuna	Epoch Train	Batch Size	Image Size
yolov8s	10	25	40	12	704
yolov9s	7	25	40	10	704
yolov10s	7	25	40	10	704
yolov11s	7	25	40	10	704
yolov12s	9	25	40	7	704
yolov12l	6	25	40	7	704
custom	10	25	40	12	704

Como resultado de aplicar Optuna para cada arquitectura, se obtienen las mejores configuraciones de hiperparámetros que se recogen en Tabla 5.4.

Tabla 5.4: Principales hiperparámetros óptimos seleccionados para cada modelo

Modelo	lr0	lrf	momentum	weight_decay	optimizer
yolov8s	0.00540	0.00399	0.90621	0.00010	SGD
yolov9s	0.00023	0.00153	0.84564	0.00033	AdamW
yolov10s	0.00540	0.00399	0.90621	0.00010	SGD
yolov11s	0.00023	0.00153	0.84564	0.00033	AdamW
yolov12s	0.00023	0.00932	0.91627	0.00087	AdamW
yolov12l	0.00019	0.00196	0.85495	0.00029	SGD
custom	0.00153	0.00111	0.89113	0.00015	AdamW

Una vez finaliza el proceso de optimización, se procede con el entrenamiento de cada modelo de forma individual con los parámetros de la Tabla 5.3, los hiperparámetros de la Tabla 5.4 y los del *data augmentation* (Tabla 5.5)

Tabla 5.5: Hiperparámetros de data augmentation

Parámetro	Valor	Parámetro	Valor
warmup_epochs	5	flipud	0.5
warmup_momentum	0.75	fliplr	0.5
degrees	45	mosaic	0
translate	0.1	close_mosaic	0
scale	0.06		

Todos los modelos han sido entrenados y evaluados con el limitado hardware personal (Subsección 5.2.1), exceptuando el modelo yolov12 que demanda el uso de un servidor privado proporcionado por la Universidad de Leon (Subsección 5.2.1).

A continuación, se exponen e interpretan los resultados obtenidos durante los entrenamientos:

**Figura 5.1:** mAP@0.5:0.95 durante el proceso de entrenamiento.

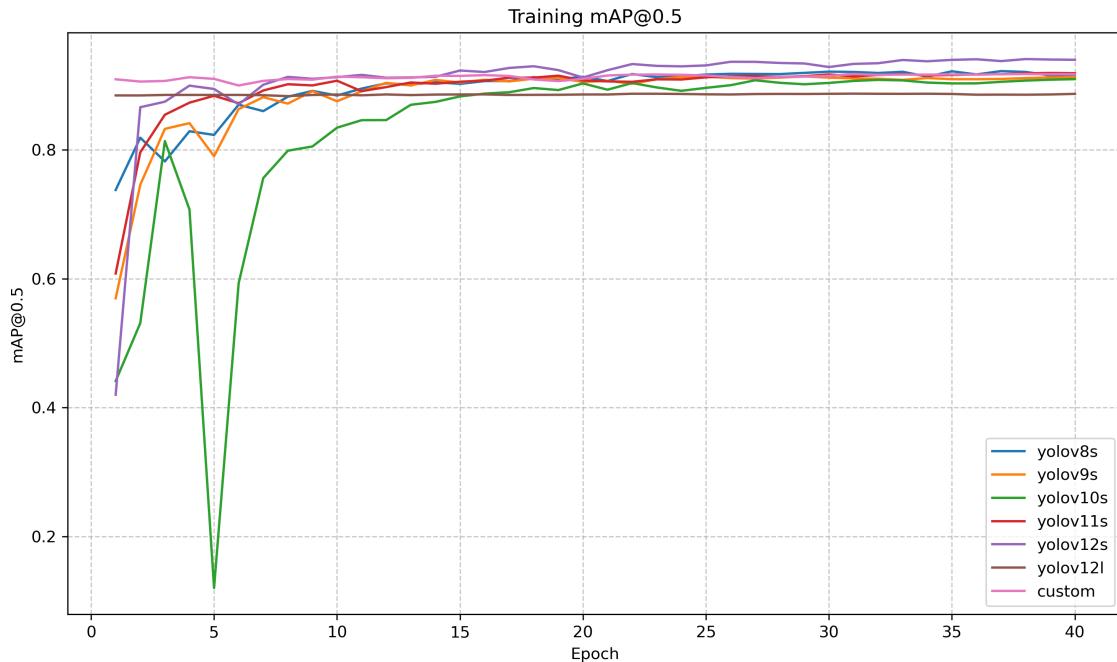


Figura 5.2: mAP@0.5 durante el proceso de entrenamiento.

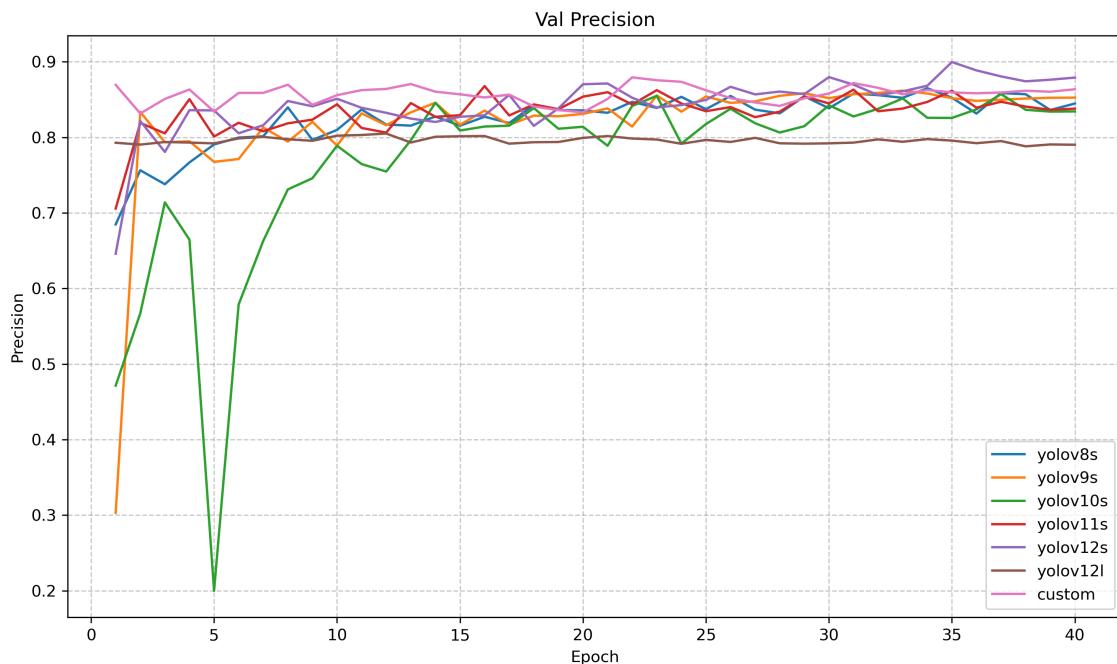


Figura 5.3: Precision del modelo sobre el conjunto de validación.

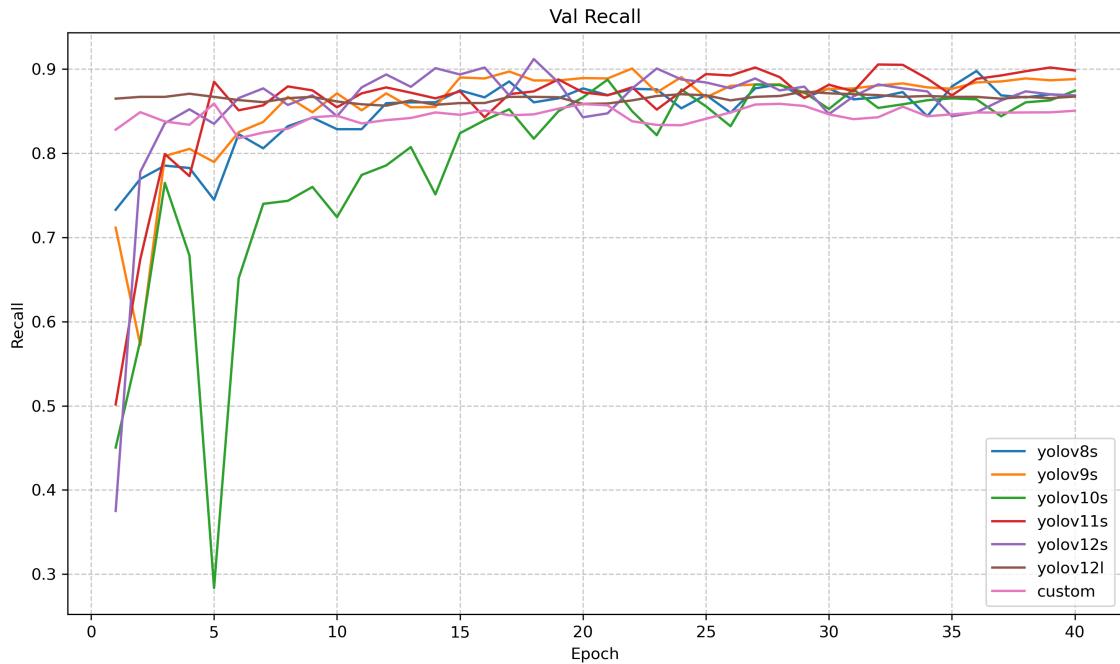


Figura 5.4: *Recall* del modelo sobre el conjunto de validación.

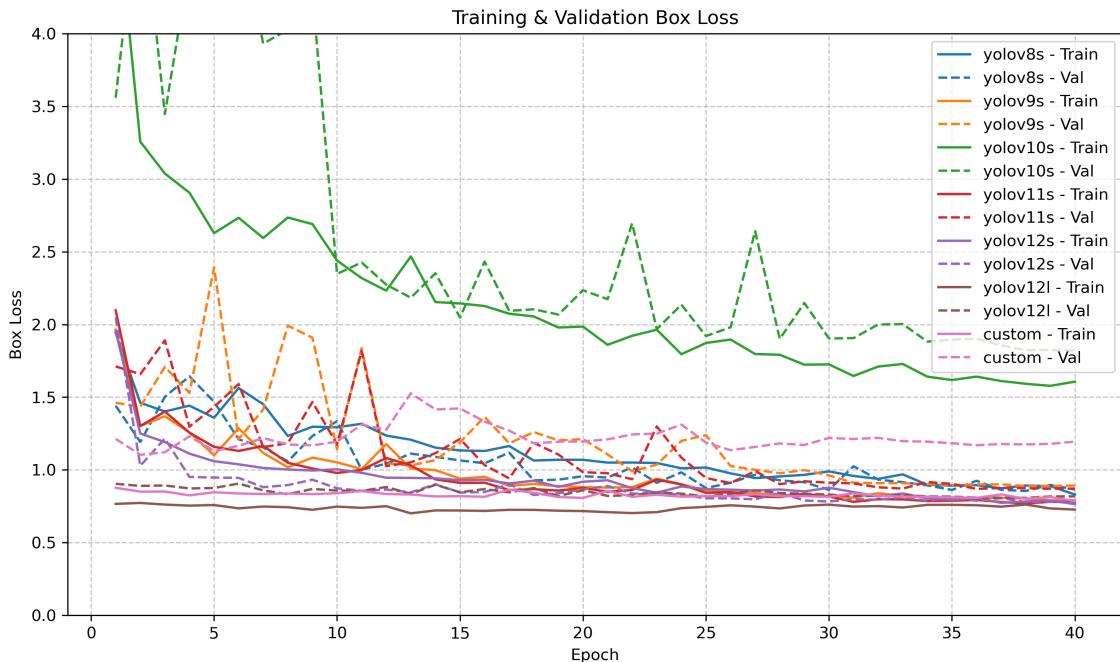


Figura 5.5: *Box Loss* sobre el conjunto de entrenamiento y validación.

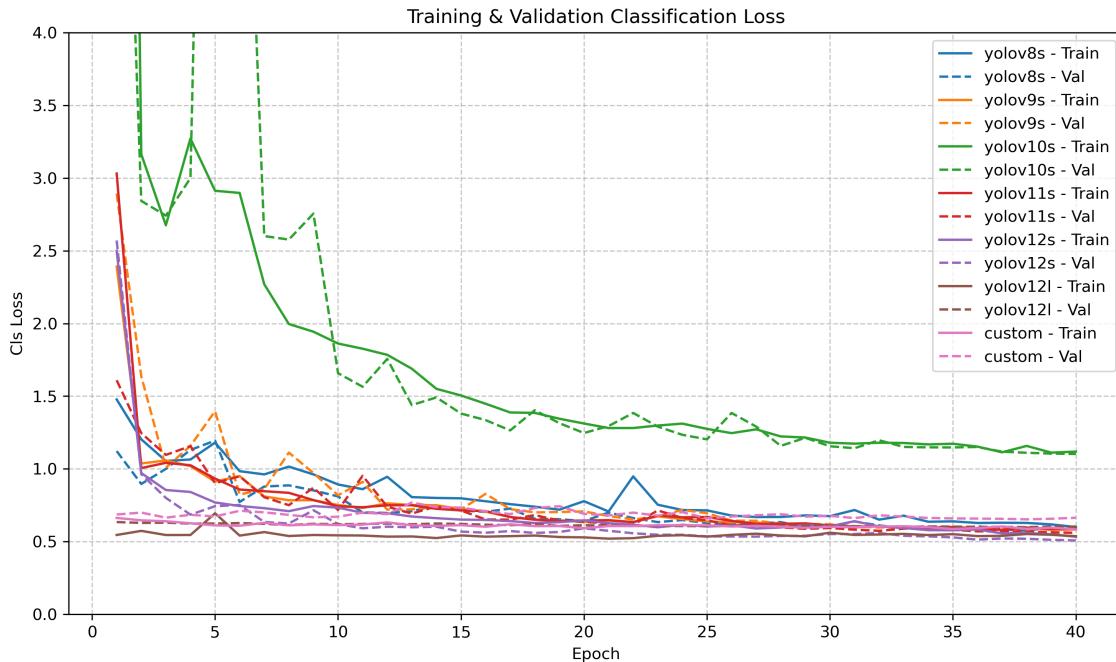


Figura 5.6: Clasification Loss sobre el conjunto de entrenamiento y validación.

En general, todos los modelos muestran un buen desempeño durante el entrenamiento, con métricas que mejoran y se estabilizan a lo largo de las 40 épocas (*epoch*). Además, no hay evidencia de un sobreajuste (*overfitting*).

Aparentemente el modelo yolov12s arroja mejores resultados; principalmente, en la métrica más exigente, la mAP@0.5:0.95 (Figura 5.1). En base a esta métrica, el peor modelo se puede considerar el custom. Sorprendentemente, el modelo yolov12l (el más grande y preciso) es el peor modelo en cuanto a las métricas mAP@0.5 (Figura 5.2) y *precision* sobre el conjunto de validación (Figura 5.3).

A pesar de los buenos rendimientos del modelo yolov10s en las métricas de *precision*, *recall* y *mAP*, se aprecia como la función de pérdida (*loss*), tanto en la clasificación como en las *bounding boxes*, el modelo se distancia respecto al resto con una pérdida superior a la de los demás. A pesar de que no es una perdida muy significativa, es importante tenerla en cuenta, por ser la métrica a minimizar durante el entrenamiento. Se puede ver como en las primeras épocas al modelo le cuesta mucho aprender a localizar y clasificar los objetos correctamente aunque finalmente consigue estabilizarse como era de esperar.

5.3.2. Validación cruzada

Para demostrar la capacidad de generalización y fiabilidad de los diferentes modelos de detección de células redondas, se emplea la metodología de validación cruzada (*k-fold cross validation*). Para esto, se ha dividido el conjunto de entrenamiento original constituido por 373 imágenes (Tabla 5.1) en $k = 4$ pliegues o *folds* de tamaño similar. De este modo, el proceso de entrenamiento tiene lugar con las 4 combinaciones (sin repetición) posibles, en las que un fold se reserva para validar y tres para entrenar. Los resultados obtenidos para cada modelo se recogen en la Tabla 5.6.

Tabla 5.6: Resultados de la validación cruzada (k-fold) para todos los modelos

Modelo	Precisión	Recall	mAP50	mAP50-95
yolov8s	0.836 ± 0.008	0.868 ± 0.015	0.914 ± 0.011	0.723 ± 0.024
yolov9s	0.852 ± 0.015	0.866 ± 0.013	0.919 ± 0.009	0.729 ± 0.026
yolov10s	0.854 ± 0.014	0.855 ± 0.011	0.918 ± 0.009	0.739 ± 0.029
yolov11s	0.845 ± 0.025	0.869 ± 0.013	0.922 ± 0.012	0.742 ± 0.025
yolov12s	0.853 ± 0.011	0.861 ± 0.016	0.918 ± 0.008	0.730 ± 0.018
yolov12l	0.841 ± 0.002	0.867 ± 0.013	0.912 ± 0.011	0.724 ± 0.013
custom	0.836 ± 0.014	0.865 ± 0.014	0.905 ± 0.011	0.707 ± 0.015

Los datos de la Tabla 5.6 se representan en la Figura 5.7. En esta figura, cada punto central indica el valor medio de rendimiento para una métrica específica (Precisión, Recall, mAP50 y mAP50-95), mientras que las barras horizontales que lo rodean representan la desviación estándar obtenida a lo largo de los 4 pliegues de la validación cruzada.

Analizando la Figura 5.7, se puede observar que, pese a las pequeñas diferencias en los promedios, los intervalos de incertidumbre se solapan entre todos los modelos para todas las métricas específicas a evaluar. Es un laro indicador de que los modelos ofrecen un rendimiento similar y robusto, que les permite generalizar de forma adecuada, pese al despunte del modelo yolov11s. Asimismo, las barras de incertidumbre más pequeñas reflejan qué modelos son más estables, siendo los más estables los modelos yolov12s, yolov12l y *custom*.

De este modo, la elección de un único "mejor" modelo es difícil, ya que son todos ellos opciones excelentes y estadísticamente equivalentes para esta tarea de detección de objetos.

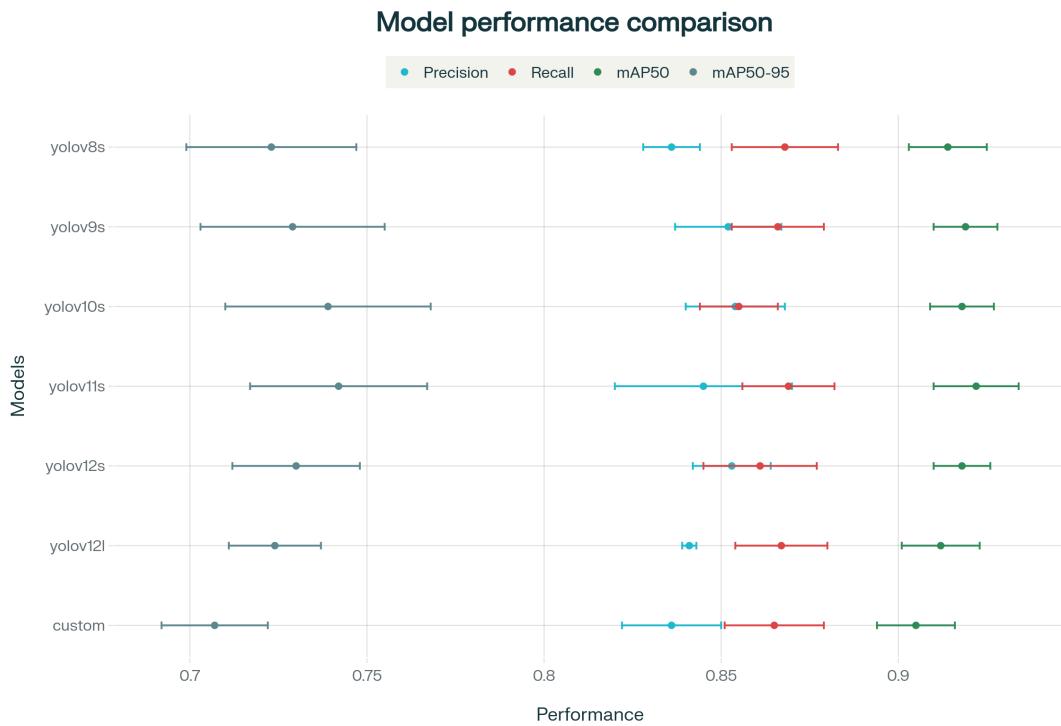


Figura 5.7: Representación de la validación cruzada (k -fold) para todos los modelos.

5.3.3. Ensamblado de modelos

Para mejorar la capacidad de generalización y el rendimiento de la detección de células redondas, se implementa una estrategia de ensamblado de modelos mediante la técnica de *Weighted Boxes Fusion (WBF)* [20].

Tras analizar los primeros resultados cuantitativos y cualitativos, se seleccionan dos modelos individuales con diferentes pesos, para la construcción del ensamble. Yolov12 con sus capacidades para capturar información contextual se pondera con un peso de 0.6 mientras que yolov10s, que destaca por su eficiencia y precisión en la localización, se pondera con un peso de 0.4.

Asimismo, el proceso de ensamblado se realiza siguiendo los siguientes pasos:

- Para cada imagen, se obtienen las predicciones de los modelos individualmente.
- Se normalizan las coordenadas de las cajas para garantizar compatibilidad.
- Se aplica el algoritmo de (WBF) que agrupa *bounding boxes* similares de diferentes modelos y las fusiona mediante un promedio ponderado según: el peso asignado a cada modelo y la confianza de cada predicción individual.

- Se aplica un umbral de confianza para eliminar aquellas predicciones con baja probabilidad.

Cabe destacar, cuando las predicciones de yolov12 y yolov10 no coinciden (sin solapamiento significativo de las *bounding boxes*), el algoritmo mantiene las detecciones como predicciones independientes, aplica el umbral de omisión de cajas a cada predicción individual y si supera dicho umbral, estas predicciones se incluyen en el resultado final.

De este modo, se aprovechan las fortalezas de cada modelo y se reducen los falsos negativos al mantener detecciones únicas de cada modelo (mejora el Recall).

Para obtener la configuración óptima de hiperparámetros, se exploran diferentes valores en un grid. Para el umbral de IoU (cuando dos *bounding boxes* se consideran superposiciones de la misma detección) se exploran los valores de 0.3, 0.4 y 0.5 y para el umbral de omisión de cajas (determina la confianza mínima para considerar una predicción) se exploran los valores de 0.25, 0.3 y 0.35.

La configuración óptima resultante fue un umbral de IoU de 0.5 y un umbral de omisión de cajas de 0.35.

5.3.4. Modelo personalizado

Este modelo personalizado o *custom* representa una arquitectura híbrida al combinar elementos específicos de tres generaciones de YOLO v8, v9 y v10 [20].

La arquitectura sigue el patrón típico de los modelos YOLO con una profundidad (controla el número de capas repetidas en la arquitectura) de 0.33 y un factor de anchura (controla el número de canales (filtros) en cada capa convolucional de la red) de 0.50, dando lugar a un equilibrio entre rendimiento y velocidad.

La arquitectura del modelo se segmenta en dos componentes clave:

Backbone

Responsable de la extracción de características, integra las siguientes capas:

Tabla 5.7: Estructura del *backbone* del modelo personalizado

Índice	Tipo	Canales	Stride	Función
0-1	Conv	64/128	2/2	Extracción inicial de características
2	C2f (YOLOv8)	128	1	Agregación eficiente de características a baja escala
3-4	Conv + C2f	256	2	Captura de patrones a escala media
5-6	SCDown (YOLOv10) + C2f	512	2	Preservación de información espacial
7	SCDown (YOLOv10)	1024	2	Reducción contextual avanzada
8	RepNCSPELAN4 (YOLOv9)	[1024,512,256,1]	1	Reparametrización para patrones complejos
9	PSA	1024	1	Atención espacial píxel a píxel

Head

Responsable de interpretar las características y realizar la detección. Estructura FPN+PAN (Feature Pyramid Network + Path Aggregation Network):

Tabla 5.8: Estructura del *head* del modelo personalizado

Índice	Tipo	Canales	Función
10-12	Upsample + Concat + C2f	512	Ampliación y fusión con características P4
13-15	Upsample + Concat + C2f	256	Salida P3 para objetos pequeños
16-18	Conv + Concat + C2f	512	Salida P4 para objetos medianos
19-21	Conv + Concat + C2f	1024	Salida P5 para objetos grandes
22	Detect	[nc]	Detección final a múltiples escalas

Las características de este modelo son:

- Uso de SCDown de YOLOv10 que preserva mejor la información espacial durante la reducción dimensional.
- Integración del módulo RepNCSPELAN4 de YOLOv9 para mejorar la capacidad de representación.
- Incorporación de atención espacial (PSA) para enfocarse en regiones relevantes.
- Estructura FPN+PAN optimizada para la detección a múltiples escalas.

5.4. Métricas

Para la evaluación de los modelos, se emplea un conjunto de métricas fundamentales que se exponen a continuación.

Precision Mide la proporción de detecciones correctas entre todas las detecciones realizadas:

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

donde TP son los verdaderos positivos y FP los falsos positivos. Alta precision indica pocas detecciones erróneas.

Recall : Mide la proporción de instancias reales que han sido detectadas:

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

donde FN son los falsos negativos. Un recall alto indica que el modelo encuentra la mayoría de las instancias reales.

F1-score Es la media armónica entre la precisión y el recall, proporcionando una medida única que equilibra ambos aspectos. Se calcula como:

$$F1 = 2 \cdot \frac{\text{Precision} \cdot \text{Recall}}{\text{Precision} + \text{Recall}}$$

El F1-score es especialmente útil cuando es importante considerar tanto los falsos positivos como los falsos negativos. En este trabajo se utiliza como métrica principal en las curvas F1-confianza y en la herramienta web.

mean Average Precision (mAP) Para detección de objetos se calcula la curva precision–recall para cada clase y su área bajo la curva (AP). El *mean Average Precision* es la media de las AP sobre todas las clases:

$$\text{mAP} = \frac{1}{C} \sum_{c=1}^C \text{AP}_c$$

donde C es el número de clases. En detección se considera una predicción como verdadero positivo si el *Intersection over Union* (IoU) entre la caja predicha y la caja ground truth supera un umbral (por ejemplo $\text{IoU} \geq 0.5$).

mAP@0.5 (mAP50). Es la mAP calculada usando un único umbral de IoU igual a 0.5. Formalmente:

$$\text{mAP}@0.5 = \frac{1}{C} \sum_{c=1}^C \text{AP}_c(\text{IoU} = 0.5)$$

Es una medida menos exigente, que acepta solapamientos moderados entre predicción y *ground truth*.

mAP@[0.5:0.95] (mAP50:95). Es la mAP estándar del benchmark COCO que promedia la AP de cada clase sobre múltiples umbrales de IoU desde 0.50

hasta 0.95 con paso 0.05 (10 umbrales: 0.50, 0.55, ..., 0.95). Nota: COCO calcula cada AP integrando la curva precision–recall muestrada en 101 puntos, y después se promedian las AP en los 10 umbrales para obtener mAP@[0.5:0.95].

$$\text{mAP}_{[0.5:0.95]} = \frac{1}{C} \frac{1}{T} \sum_{c=1}^C \sum_{t \in \{0.50, 0.55, \dots, 0.95\}} \text{AP}_c(\text{IoU} = t)$$

donde $T = 10$. Esta métrica es más exigente porque penaliza detecciones con IoU bajos y refleja mejor la precisión espacial del modelo.

Inferencia (ms) Tiempo medio (en milisegundos) que tarda un modelo en procesar una única imagen (inferencia). Métrica relevante para proyectos en tiempo real.

6. Resultados

6.1. Resultados cuantitativos

Tabla 6.1: Resultados de los modelos en la prueba de concepto inicial

Modelo	Precisión (P)	Recall (R)	mAP@0.5	mAP@0.5:0.95	Inferencia (ms)
YOLOv7	0.87	0.889	0.935	0.722	20.0
YOLOv7-W6	0.847	0.883	0.925	0.694	16.0
YOLOv7-E6E	0.906	0.857	0.934	0.721	127.5

Tabla 6.2: Resultados de los modelos sobre el conjunto de *test* original

Modelo	Precisión (P)	Recall (R)	mAP@0.5	mAP@0.5:0.95	Inferencia (ms)
yolov8s	0.843	0.844	0.920	0.722	11.006
yolov9s	0.838	0.852	0.921	0.721	13.485
yolov10s	0.821	0.867	0.918	0.717	11.221
yolov11s	0.861	0.824	0.921	0.732	11.248
yolov12s	0.856	0.863	0.936	0.76	14.615
yolov12l	0.856	0.836	0.921	0.729	48.146
custom	0.835	0.838	0.909	0.695	13.058
ensemble	0.815	0.895	0.864	0.697	75.073

Es importante que hablemos de esta problemática y como evitamos un reetiquetado de imágenes que pueden dar más confusión al confundir clases, y continuar la tendencia monoclas.

Tabla 6.3: Evaluación de modelos sobre los nuevos conjuntos de *test*

Modelo	Test	Precisión	Recall	mAP@0.5	mAP@0.5:0.95	Inferencia (ms)
yolov8s	test	0.855	0.838	0.926	0.704	11.844
yolov9s	test	0.851	0.876	0.933	0.706	13.492
yolov10s	test	0.851	0.862	0.927	0.701	11.120
yolov11s	test	0.846	0.866	0.930	0.716	12.143
yolov12s	test	0.862	0.848	0.936	0.740	14.519
yolov12l	test	0.846	0.889	0.934	0.714	45.214
custom	test	0.845	0.853	0.919	0.678	12.913
ensemble	test	0.869	0.860	0.842	0.664	69.572
yolov8s	test2	0.924	0.938	0.969	0.553	30.901
yolov9s	test2	0.917	0.927	0.961	0.542	46.502
yolov10s	test2	0.956	0.898	0.962	0.589	34.355
yolov11s	test2	0.929	0.917	0.964	0.534	33.114
yolov12s	test2	0.965	0.917	0.975	0.556	51.508
yolov12l	test2	0.957	0.926	0.975	0.562	75.871
custom	test2	0.945	0.903	0.957	0.539	35.626
ensemble	test2	0.919	0.944	0.935	0.509	54.958
yolov8s	test3	0.842	0.862	0.937	0.700	12.815
yolov9s	test3	0.843	0.870	0.935	0.680	14.772
yolov10s	test3	0.873	0.826	0.926	0.668	11.230
yolov11s	test3	0.855	0.874	0.935	0.698	10.875
yolov12s	test3	0.836	0.821	0.922	0.723	15.439
yolov12l	test3	0.849	0.894	0.942	0.701	47.256
custom	test3	0.873	0.843	0.928	0.660	11.373
ensemble	test3	0.873	0.857	0.837	0.663	63.758

6.2. Resultados cualitativos

Tabla 6.4: Evaluación de modelos sobre imágenes con artefactos

7. Herramienta Web

Con el propósito de definir una herramienta de análisis automatizado, se desarrolla una interfaz intuitiva e interactiva para la detección de células redondas sobre una muestra individual o colectiva. La información relativa a la aplicación, se puede encontrar en el manual de usuario (C.1).

7.1. Objetivos de la herramienta

La herramienta web para la detección de células redondas tiene como principales objetivos:

- **Detección automática de células en imágenes microscópicas en el contexto médico abordado con anterioridad:** Permitir identificar y localizar células redondas dotando al usuario de diferentes arquitecturas de modelos.
- **Comparación de rendimiento entre modelos:** Facilitar la evaluación comparativa entre diferentes modelos, permitiendo al usuario seleccionar el mejor modelo y el intervalo de actuación para el IoU.
- **Visualización de resultados:** Proporcionar una interface de visualización clara e intuitiva que permita al usuario visualizar las predicciones del modelo y las *bounding boxes* del *ground truth* si se dispone de las mismas.
- **Análisis cuantitativo:** Permitir obtener métricas y estadísticas como: *precision*, *accuracy*, conteo o IoU promedio.
- **Soporte a la investigación biomédica:** Facilitar la identificación temprana de diferentes grados de patología.

7.2. Arquitectura

La arquitectura de la aplicación sigue un diseño modular y escalable, basada en *Streamlit*. Esto permite tener una aplicación monolítica que encapsula toda la funcionalidad en un único ejecutable y mantiene una clara separación entre la lógica de procesamiento y de presentación.

7.2.1. Organización del proyecto

La estructura principal es:

- `app.py`: orquestación de la interfaz (widgets Streamlit), gestión de sesión y del flujo de inferencia.
- `utils/utils.py`: servicios de *backend* lógico (carga de modelos, preprocesado, inferencia, postprocesado, visualización).
- `assets/styles.css`: estilo e integración visual mediante `st.markdown`.
- `models/{final_model_yolovXs}/`: modelos entrenados para la casuística.
- `runs/detect/`: salidas temporales de inferencia (imágenes anotadas, JSON/CSV).

Para más información, revisar la documentación `04.Code/cell_detection_App` en el repositorio del proyecto [20].

7.2.2. Capas funcionales en Streamlit

1. **Interfaz y orquestación (UI)**: componentes como `st.file_uploader`, `st.selectbox`, `st.slider`, `st.sidebar` y `st.image` permiten la interacción con el usuario de una forma intuitiva.
2. **Servicios de modelo e inferencia**: Funciones en `utils/utils.py` para cargar pesos YOLO, seleccionar dispositivo (CPU/GPU), normalizar entradas y ejecutar el modelo sobre las entradas preprocesadas.
3. **Pipeline de datos**: Preprocesado (lectura, redimensionado, normalización), postprocesado (NMS, filtrado por confianza, conversión a anotaciones Pascal-VOC), y renderizado de *bounding boxes*. Además, incluye la exportación de las predicciones en formato PascVOC.
4. **Estado y caché**: `st.session_state` para parámetros y resultados interactivos; `@st.cache_resource` evita recargar pesos al cambiar sólo parámetros de inferencia; `@st.cache_data` para memoizar resultados derivado (tablas/figuras).
5. **Estilos y experiencia de usuario**: `assets/styles.css` para mejorar el aspecto visual que por defecto ofrece streamlit y uso de layout responsivo (columnas, botones, tooltips) para mejorar la usabilidad.

6. **Manejo de errores:** `st.info` para informar de estados (dispositivo, imágenes y xml subidos), `st.warning` para advertir de un error en la lectura del xml, `st.error` impide continuar con la ejecución si no encuentra modelo o al no ser capaz de procesar una imagen.

7.2.3. Flujo de ejecución

1. Inicio: se inicializa la sesión y se aplica el estilo personalizado CSS.
2. El usuario selecciona modelo e IoU: Yolov12s y 0,5.
3. Carga de modelo (una sola vez) vía `@st.cache_resource`.
4. Carga de imagen (individual o lote) con `st.file_uploader`. Opcional: cargar el xml con las anotaciones en formato PascVOC.
5. Preprocesado de la imagen y envío al dispositivo (CPU/GPU).
6. Inferencia YOLO y postprocesado (NMS, métricas básicas).
7. Visualización: imagen anotada, conteo, tablas, métricas y *bounding boxes*.

8. Conclusión

hacer una evaluación de riesgos. Por lo tanto, este Trabajo de Fin de Máster no es un ejercicio puramente académico, sino que se constituye como una Prueba de Concepto (PoC) con un objetivo industrial definido y un respaldo institucional estratégico.

8.1. Conclusión general

8.2. Limitaciones del estudio

8.3. Lineas de trabajo futuro

Bibliografía

- [1] Manual de laboratorio de la OMS para el examen y procesamiento del semen humano, sexta edición [WHO laboratory manual for the examination and processing of human semen, sixth edition]. Ginebra: Organización Mundial de la Salud, 2025.
- [2] Microptic S.L. <https://www.micropticsl.com/>.
- [3] Hamilton Thorne. Advanced reproductive technologies. <https://www.hamiltonthorne.com/>.
- [4] DIGIS3, Digitalización Inteligente, Sostenible y Cohesiva. <https://digis3.eu/es>.
- [5] Ultralytics. Ultralytics models documentation. <https://docs.ultralytics.com/es/models/>.
- [6] Hamilton Thorne. Relevance of round cells detection in spermograms. <https://www.hamiltonthorne.com/relevance-of-round-cells-detection-in-spermograms/>, 2024.
- [7] Ranjan Sapkota, Zhichao Meng, Martin Churuvija, Xiaoqiang Du, Zenghong Ma, and Manoj Karkee. Comprehensive performance evaluation of yolov12, yolov11, yolov10, yolov9 and yolov8 on detecting and counting fruitlet in complex orchard environments. *arXiv preprint arXiv:2407.12040v7*, 2025.
- [8] Optuna Development Team. Optuna: Automl and hyperparameter optimization framework. <https://github.com/optuna/optuna>, 2025. Accessed: 2025-08-17.
- [9] Manesh Kumar Panner Selvam, Ajaya Kumar Moharana, Saradha Baskaran, Renata Finelli, Matthew C. Hudnall, and Suresh C. Sikka. Current updates on involvement of artificial intelligence and machine learning in semen analysis. *Medicina*, 60(2), 2024.
- [10] Rania Maalej, Olfa Abdelkefi, and Salima Daoud. Advancements in automated sperm morphology analysis: a deep learning approach with comprehensive classification and model evaluation. *Multimedia Tools and Applications*, 84(23):27345–27378, 2025.

- [11] S. Long and S. Kenworthy. Round cells in diagnostic semen analysis: A guide for laboratories and clinicians. *British Journal of Biomedical Science*, Volume 79 - 2021, 2022.
- [12] E. Johansson, A. Campana, R. Luthi, and A. de Agostini. Evaluation of ‘round cells’ in semen analysis: a comparative study. *Human Reproduction Update*, 6(4):404–412, 07 2000.
- [13] Yujiao Sun, Shihao Shao, Jiangwei Huang, Hao Shi, Liying Yan, Yongjie Lu, Ping Liu, Yuqiang Jiang, Jie Qiao, and Li Zhang. Development and validation of a deep learning model based on cascade mask regional convolutional neural network to noninvasively and accurately identify human round spermatids. *Journal of Advanced Research*, 2025.
- [14] Ao Chen, Feng-Lei Fan, Jinghua Zhang, Md Mamunur Rahaman, Rui Li, Jiang Tao, Tieyong Zeng, Marcin Grzegorzek, and Chen Li. Active: A deep network for sperm and impurity detection in microscopic videos. In *2024 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM)*, pages 5247–5256, 2024.
- [15] Ley Orgánica 3/2018, de 5 de diciembre, de Protección de Datos Personales y garantía de los derechos digitales. Boletín Oficial del Estado, núm. 294, Diciembre 2018. Disponible en: <https://www.boe.es/eli/es/lo/2018/12/05/3/con>.
- [16] Reglamento (UE) 2016/679 del Parlamento Europeo y del Consejo relativo a la protección de las personas físicas en lo que respecta al tratamiento de datos personales y a la libre circulación de estos datos. Diario Oficial de la Unión Europea, Abril 2016. Disponible en: <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/ES/TXT/?uri=CELEX%3A32016R0679>.
- [17] Reglamento (UE) 2024/1689 del Parlamento Europeo y del Consejo, de 13 de junio de 2024, por el que se establecen normas armonizadas en materia de inteligencia artificial (Reglamento de Inteligencia Artificial). Diario Oficial de la Unión Europea, L 2024/1689, julio 2024. Entrada en vigor: 1 de agosto de 2024. Disponible en: <https://eur-lex.europa.eu/eli/reg/2024/1689/oj>.
- [18] Real Decreto Legislativo 1/1996, de 12 de abril, por el que se aprueba el texto refundido de la Ley de Propiedad Intelectual. Boletín Oficial del Estado, núm. 97, Abril 1996. Disponible en: <https://www.boe.es/buscar/act.php?id=BOE-A-1996-8930>.

- [19] labelImg: Graphical image annotation tool. <https://github.com/tzutalin=labelImg>.
- [20] Aitor García Blanco. Repositorio del TFM: Detección de células defectuosas en imágenes médicas. <https://github.com/AigarciaabFabero/TFM>, 2025.
- [21] Takuya Akiba, Shotaro Sano, Toshihiko Yanase, Takeru Ohta, and Masanori Koyama. Optuna: A next-generation hyperparameter optimization framework. In *Proceedings of the 25th ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery & Data Mining*, KDD '19, page 2623–2631, New York, NY, USA, 2019. Association for Computing Machinery.
- [22] Priya S. Patil, Rajendra S. Humbarwadi, Ashalata D. Patil, and Anita R. Gune. Immature germ cells in semen — Correlation with total sperm count and sperm motility. *Journal of Cytology*, 30(3):185–189, July 2013.
- [23] Online gantt — gantt chart maker. <https://www.onlinegantt.com/>.

Los propios autores admiten que, en algunos casos, incluso para un experto es difícil distinguir si un objeto es una impureza o un espermatozoide. Esto introduce ambigüedad en los datos de entrenamiento, lo que perjudica el aprendizaje del modelo, especialmente para la clase más difícil ("impurezas") [Chen2024].

Anexo A

Control de versiones

En el marco de desarrollo del Trabajo de Fin de Máster (TFM), se ha empleado GitHub como servicio de control de versiones para gestionar eficientemente el código fuente y la documentación del proyecto; facilitando el seguimiento, la trazabilidad y la colaboración.

Esta herramienta permite un seguimiento del proyecto por parte del responsable o tutor. Además, de ser necesario, GitHub presenta una funcionalidad para desarrolladores que permite editar el proyecto desde un navegador web. Facilitando la implementación de mejoras y la corrección de errores desde cualquier dispositivo con acceso a internet.

Casi la totalidad del desarrollo de este proyecto final lo podemos encontrar en el repositorio personal [20], cumpliendo en todo momento, con la normativa y legislación bajo las que se enmarca el proyecto.

Anexo B

Seguimiento del proyecto

Anexo C

Herramienta Web

C.1. Manual de usuario

Para facilitar la interacción del usuario con la herramienta web vista con anterioridad, se define la siguiente guía de usuario.

Desde el entorno con la dependencia *Streamlit*, se ejecuta el comando `streamlit run app.py` se lanza la aplicación en el navegador predeterminado como se muestra en la siguiente imagen.

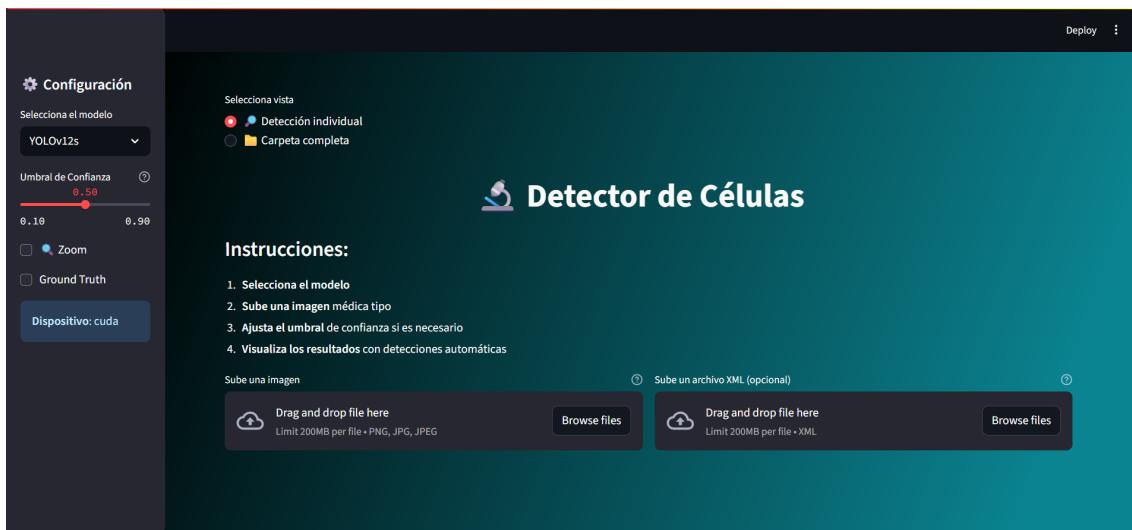


Figura C.1: Interfaz de la aplicación web.

En este punto, el usuario puede tomar la decisión de procesar una imagen individual o un conjunto de imágenes. Para esto, tenemos el *widget* que permite la selección entre "Detección individual" o "Carpeta completa". En ambos casos, la aplicación nos muestra una guia básica de funcionamiento como se puede apreciar en el apartado "Introducciones" en la Figura C.1. De manera totalmente opcional, el usuario puede cargar junto a la imagen a estudio, el correspondiente conjunto de anotaciones.

El *widget* de Configuración permite la selección manual del modelo a través de un desplazable, el umbral de confianza de IoU, la representación *ground truth* (siempre que exista el xml asociado a la imagen) mediante un *checkbox* (Figura C.2) y realizar un análisis exploratorio sobre la imagen con un zoom (Figura C.3). Asimismo, muestra el dispositivo (CPU,GPU) con el que se procesan las imágenes.

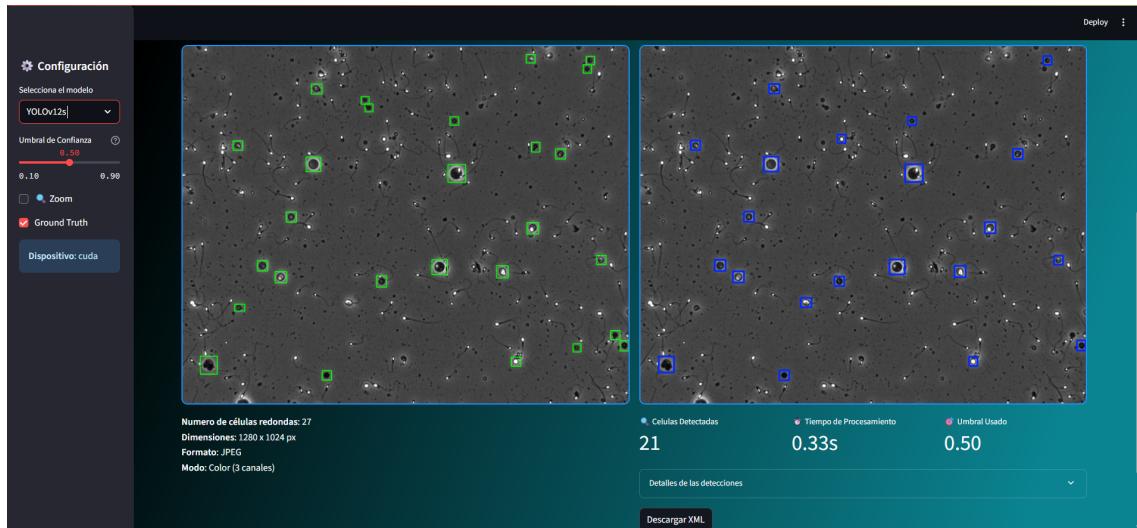


Figura C.2: Herramienta web: *checkbox ground truth*.



Figura C.3: Herramienta web: *checkbox zoom*.

Cabe destacar el *widget* "Descargar XML" que permite al usuario descargar las predicciones del modelo realizadas sobre la imagen de entrada en un formato PascalVOC.

Si el usuario prefiere evaluar un conjunto de imágenes con sus respectivas anotaciones, se debe seleccionar la elección de "carpeta completa" como se muestra en la Figura C.4.

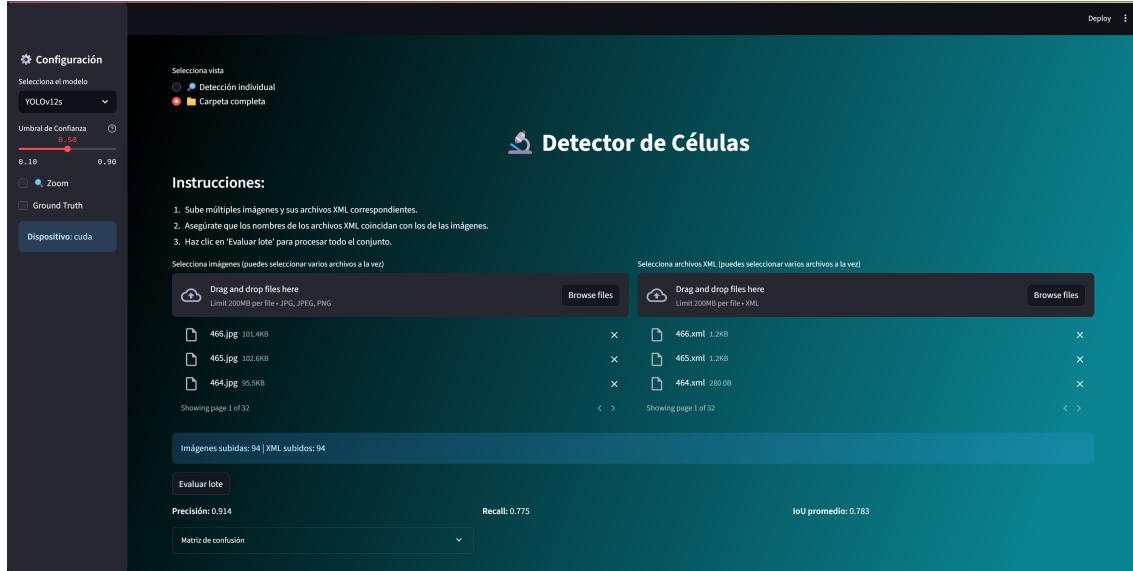


Figura C.4: Herramienta web para procesar un conjunto de imágenes.

En este modo de evaluación, no está permitido el uso de los *widgets*: *ground truth* y *zoom*. Sin embargo, el procesamiento del modelo seleccionado junto con su correspondiente umbral de procesamiento de IoU, está acompañado de un pequeño conjunto de métricas: *precision*, *recall* y *mAP*. Para una mejor evaluación, la herramienta muestra una matriz de confusión (Figura C.5).

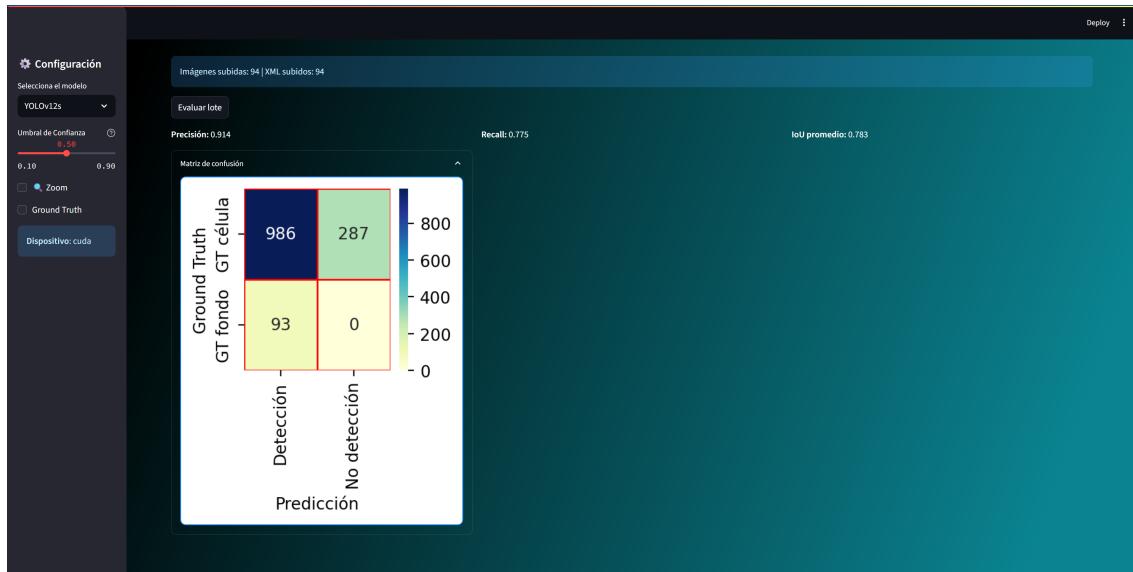


Figura C.5: Herramienta web: métricas y matriz de confusión.

C.2. Recomendaciones de uso

A continuación, se recogen pautas prácticas para el uso correcto funcionamiento de la herramienta web.

- **Entorno recomendado:** se recomienda usar un entorno conda para tener aisladas las dependencias del proyecto y evitar así, conflictos entre dependencias. Desde el directorio 04.Code se proponen dos alternativas:
 - Instalación del entorno completo con conda (Recomendado):
 - `conda env create -f environment.yml`
 - `conda activate tfm_env`
 - Instalación de un subconjunto de dependencias con conda:
 - `conda create -n tfm_env python=3.11 -y`
 - `conda activate tfm_env`
 - `pip install -r 04.Codigo/requirements.txt`
- **Ejecución de la aplicación:** en la carpeta 04.Codigo/cell_detection_App ejecutar:
 - `streamlit run app.py`
 - Automáticamente se abre en el navegador por defecto la URL que Streamlit indique (por defecto `http://localhost:8501`).
- **Compatibilidad con modelos:** limitada a modelos de YOLO [5].

C.3. Resolución de problemas

Posibles problemas que pueden tener lugar durante la instalación:

- **La app no arranca / Streamlit muestra error:**
 - Verificar dependencias: `pip install -r 04.Codigo/requirements.txt`
 - Comprobar la salida en el terminal donde se ejecuta `streamlit run app.py` y revisar trazas de error.
 - Borrar caché de Streamlit: `streamlit cache clear`.

■ Modelo no encontrado o error de carga de pesos:

- Confirmar que el fichero de pesos existe en `models/` y que la ruta es correcta (`04.Codigo/cell_detection_App/models/`).

■ Problemas con GPU / CUDA:

- Comprobar estado de la GPU: ejecutar `nvidia-smi` en terminal.
- Verificar que PyTorch detecta la GPU:
 - `python -c "import torch; print(torch.cuda.is_available())"`
- Si falla, forzar ejecución en CPU desde la UI o variable de entorno: `CUDA_VISIBLE_DEVICES=""`.

■ Errores al procesar imágenes / XML mal formados:

- Validar que las imágenes están en formatos soportados (`.jpg`, `.jpeg`, `.png`) y que los XML cumplen con el formato PascalVOC.
- Revisar el log de parsing en `04.Codigo/cell_detection_App/utils/` y corregir los ficheros señalados.

Anexo D

Evaluación comparativa de arquitecturas

D.1. Matrices de confusión

D.2. Curvas F1-confianza

D.3. Resultados cualitativos