→ Proyecto - Investigación
Integrantes:
Juan Carlos Herrera
Steven Jimenez Bustamante
Clasificación de imágenes (Celulas sin Parásitos vs Celulas con Parásitos)
Background:
Los parásitos intracelulares son microparásitos que son capaces de crecer y reproducirse dentro de las células de un huésped. Algunos de estos parácitos son patogénicos, lo que quiere decir que puede provocar enfermedades en las células y en el organismo portador. Por mencionar algunos de estos parásitos patogénicos, se encuentran Salmonella Typhi, Staphylococcus aureus, Clamidia, entre otros.
Es por esto que confirmar la presencia o ausencia de un parásito en una célula es de suma importancia para prevenir enfermedades.
Para este ejercicio, utilizaremos un dataset de imagenes con presencia de parásitos intracelular y también de imágenes con ausencia de parásitos intracelulares. Este dataset se obtuvo de la siguiente página:
https://www.kaggle.com/brsdincer/cell-images-parasitized-or-not
A continuación se describen los dos escenarios (etiquetas):
Célula con Parásito (Infectada)
Célula sin Parásito (No Infectada)
Nuestro problema consiste en clasificar una imagen en dos escenarios, celula Infectada y célula No Infectada.
La propuesta de estrategia para abordar este problema de clasificación es el siguiente:
 Preprocesar la imagenes Decidir cuales features de las imágenes son relevantes para el modelo de clasificación Definir el modelo de clasificación
3.1 Entrenar una red neuronal pre-entrenada mediante Fast AI y ResNet34
3.2 Crear y entrenar una red neuronal desde cero
Se harán pruebas con varias capas ocultas de redes neuronales, y en base a los datos de accuracy, se seleccionará el mejor modelo de red neuronal desde cero.
4. Se validará cual es el método más eficiente para la clasificación de imagenes. Model entrenado desde cero VS Modelo Pre-entrenado

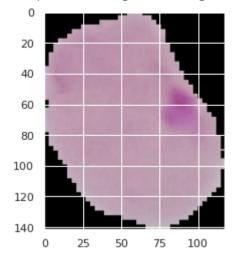
▼ Creacion de una CNN para clasificar imagenes desde 0

```
I #IIIIboi.racion de IIDI.ei.raz
 2 from tensorflow.python.keras.preprocessing.image import ImageDataGenerator
 3 from tensorflow.python.keras import optimizers
 4 from tensorflow.keras.models import Sequential
 5 from tensorflow.python.keras.layers import Dropout, Flatten, Dense, Activation
 6 from tensorflow.python.keras.layers import Convolution2D, MaxPooling2D
 7 from tensorflow.python.keras import backend as K
 8 import numpy as np
 9 from keras.preprocessing.image import load img, img to array
10 from keras.models import load model
11 import tensorflow as tf
12 from tensorflow import keras
13
14 # Librerias de ayuda
15 import cv2
16 import os
17 import seaborn as sns
18 %matplotlib inline
19 sns.set(color codes=True)
20 import matplotlib.pyplot as plt
 1
 2 # Creacion del acceso a google drive
 3 from google.colab import drive
 4 drive.mount('/content/drive', force remount=True)
 5 from IPython import display
     Mounted at /content/drive
 1 # Se muestran ejemplos de celulas infectadas y no Infectadas
 2 print("Célula sin Parásito (no Infectada)")
 3 image = plt.imread('/content/drive/My Drive/Colab Notebooks/cell_images/test/uninfected/C241NThinF_IMG_20151207_124608_cell_171.png')
 4 plt.imshow(cv2.cvtColor(image, cv2.COLOR BGR2RGB))
 5
 6
     Célula sin Parásito (no Infectada)
     <matplotlib.image.AxesImage at 0x7f1a5c0a15d0>
        0
       20
       40
       60
       80
      100
      120
               25
                    50
                         75
                              100 125
```

1 print("Célula con Parásito (Infectada)")
2 image = plt.imread('/content/drive/My Drive/Colab Notebooks/cell_images/test/parasitized/C189P150ThinF_IMG_20151203_141901_cell_82.png')
2 plt imploy(cv2 cvtColor(image cv2 COLOR BCR2RCE))

> htr.tmsnow(cas.carcoton.(tmake, cas.corov_paysvap))

Célula con Parásito (Infectada) <matplotlib.image.AxesImage at 0x7f1a5f207090>



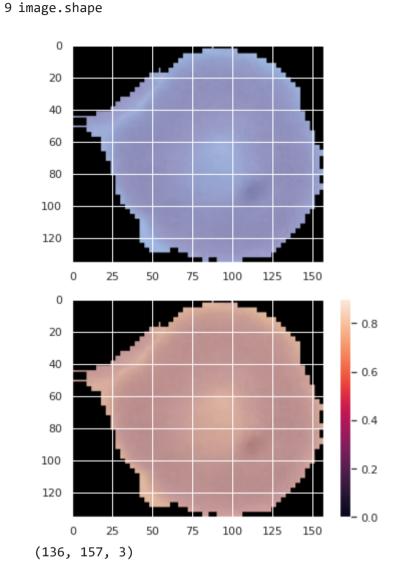
1 K.clear session() #Borrar sesiones remanentes

```
1 # Se definen los directorios que contienen las imagenes para train y test
 2 Entrenamiento = '/content/drive/My Drive/Colab Notebooks/cell_images/train'
 3 Validacion = '/content/drive/My Drive/Colab Notebooks/cell_images/test'
 4
 5
 1 # a continuancion definiremos ciertos parametros que van ser de utilidad durante la construccion de las diferentes capa de la CNN
 2 epochs=15 ## define la cantidad de epochs de cada red que decidamos incorporar
 3 length, width= 100, 100 # se define el tamano de 100X100 para las imagenes
 4 Inputshape = 100, 100,3 # Se define el tamano para la red y ademas que es de 3 canales RGB o a color en resumidas palabras
 5 batch size = 32 # tamano de los bactches a procesar en cada CNN
 7 # numero de veces que se va a procesar la información en este caso vamos a definir
 8 # num samples de training 24987 / batch size 32
10 # numero de veces que se va a procesar la información en este caso vamos a definir
11 # num_samples de validacio 2600/ batch_size 32
12 validation steps = 81
13
14 ## se definen los filtros a usar en cada capa de nuestra CNN
15 \text{ filtroConv1} = 32
16 filtroConv2 = 64
17 filtroConv3 = 128
18 filtroConv4 = 256
19 ###
20 \text{ filtro1} = (3, 3)
21 \text{ filtro2} = (3, 3)
22 \text{ filtro3} = (2, 2)
23 \text{ filtro4} = (2, 2)
24 \text{ tamano}_{pool} = (2, 2)
25 clases = 2 # se definen la cantidad de clases del modelo en este caso 2 con parasito y sin parasito
26 lr = 0.002 # se define el learning rate del modelo
```

1 ## a continuacion se pplotea una imagen de ejemplo para ver su dimension y colores

2 image = nlt imread('/content/drive/Mv Drive/Colah Notehooks/cell images/test/uninfected/nrueha nng')

```
3 plt.imshow(cv2.cvtColor(image, cv2.COLOR_BGR2RGB))
4 plt.show()
5 plt.imshow(image)
6 plt.colorbar()
7 plt.grid(True)
```



8 plt.show()

▼ Preparacion y procesado de imagenes

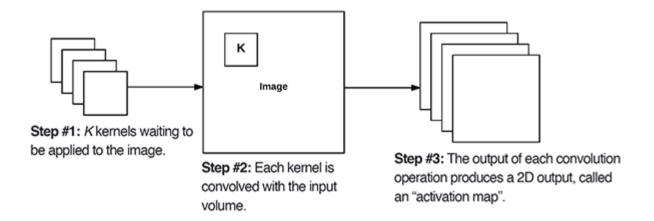
1 #Sa realiza un nroceso similir de nrennocesado nara las imagenes de validación

```
2 validacion_procesado = set_validacion.flow_from_directory(Validacion,target_size=(length, width),
3     batch_size=batch_size, color_mode='rgb',class_mode='categorical')
4
```

Found 2600 images belonging to 2 classes.

▼ Creacion de la CNN

La siguiente figura muestra como el prametro Keras Conv2D determina el numero de kernels a convulocionar con respecto a la entrada del sistemas para generar un mapa de activacion en 2 dimensiones. En nuestro caso los filtros estan previamente definidos como variables filtroConv1 = 32 filtroConv2 = 64 filtroConv3 = 128 filtroConv4 = 256



La figura de abajo describe como funciona el tamano del kernel y las dimensiones mas comunes son 1×1 , 3×3 , 5×5 , and 7×7 , para el caso de nuestra CNN tambien se definieron previamente como las siguientes variables, al ser imagenes menores de 128×128 se recomienda usar filtros no mayores a 3×3 filtro1 = (3, 3) filtro2 = (3, 3) filtro3 = (2, 2) filtro4 = (2, 2)

2	v	2
J	Х	J

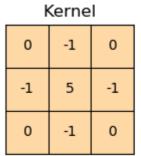
0.91	0.32	0.07
0.73	0.26	0.81
0.53	0.68	0.14

5x5

0.27	0.64	0.44	0.84	0.29
0.28	0.06	0.89	0.99	0.33
0.64	0.67	0.08	0.38	0.03
0.04	0.31	0.16	0.57	0.08
0.87	0.85	0.97	0.71	0.96

La funcion de padding acontinuacion mostrada en la siguiente figura muestra un kernel de 3×3 aplicado a una imagen con padding.

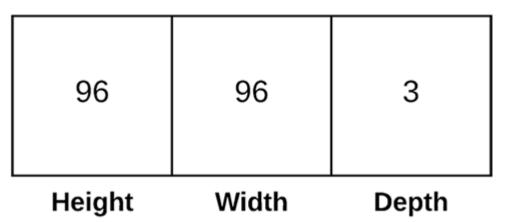
0	0	0	0	0	0	0
0	60	113	56	139	85	0
0	73	121	54	84	128	0
0	131	99	70	129	127	0
0	80	57	115	69	134	0
0	104	126	123	95	130	0
0	0	0	0	0	0	0



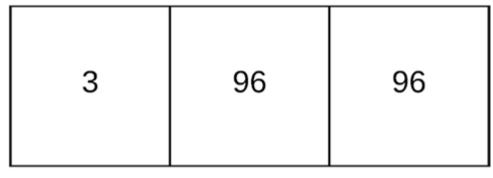
114		

El fomato de los datos tambien debe ser seleccionado para nuestras imagenes y en este caso el numero 3 significa que son imagenes RGB, caso contrario si fuera blanco y negro seria un 2

Channels Last Ordering



Channels First Ordering



Depth Height Width

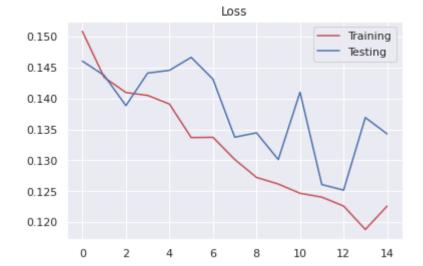
1 ## Se define CNN como secuencial para que las capas se ejecuten en secuencia

```
3 ## primer capa CNN
4 # se aplica una capa de pooling luego de
5 Celulascnn = Sequential()
6 Celulascnn.add(Convolution2D(filtroConv1,filtro1, padding ="same",input_shape=Inputshape , activation='relu'))
7 Celulascnn.add(MaxPooling2D(pool_size=tamano_pool))
1 #segunda capa de CNN
2 Celulascnn.add(Convolution2D(filtroConv3,filtro2, padding ="same",activation='relu'))
3 Celulascnn.add(MaxPooling2D(pool_size=tamano_pool))
1 #tercera capa de CNN
2 Celulascnn.add(Convolution2D(filtroConv3, filtro3, padding ="same",activation='relu'))
3 Celulascnn.add(MaxPooling2D(pool_size=tamano_pool))
1 #cuarta capa de la CNN
2 Celulascnn.add(Convolution2D(filtroConv4,filtro4, padding ="same",activation='relu'))
3 Celulascnn.add(MaxPooling2D(pool_size=tamano_pool))
1 ### se usa flatten par aplanar el modelo, una nueva capa de procesado y dropout del 50% para prevenir el overfitting y
2 # luggo una nueva cana de noccesado y nana finalizar softmay como cana de salida del modelo
```

2 ## se utiliza la capa convolution2d de la libreria Keras por su performance en procesado de imagenes

```
3 Celulascnn.add(Flatten())
 4 Celulascnn.add(Dense(128, activation='relu'))
 5 Celulascnn.add(Dropout(0.5))
 6 Celulascnn.add(Dense(clases, activation='softmax'))
▼ Entrenamiento del modelo
 1 # se utliza el optimizador Adam para optimización y compilación del modelo
 2 opt = keras.optimizers.Adam(learning rate=lr)
 3 Celulascnn.compile(loss='categorical crossentropy',optimizer = opt, metrics=['accuracy'])
 2 grafico = Celulascnn.fit(entrenamiento procesado, steps per epoch=steps, epochs=epochs, validation data=validacion procesado, validation steps=validation steps)
   Epoch 1/15
   780/780 [============= ] - 1075s 1s/step - loss: 0.1508 - accuracy: 0.9550 - val loss: 0.1460 - val accuracy: 0.9541
   Epoch 2/15
   Epoch 3/15
   Epoch 4/15
   Epoch 5/15
   Epoch 6/15
   Epoch 7/15
   780/780 [=============== ] - 740s 948ms/step - loss: 0.1337 - accuracy: 0.9576 - val loss: 0.1431 - val accuracy: 0.9583
   Epoch 9/15
   Epoch 10/15
   Epoch 11/15
   780/780 [============= ] - 748s 958ms/step - loss: 0.1247 - accuracy: 0.9595 - val loss: 0.1410 - val accuracy: 0.9514
   Epoch 12/15
   Epoch 13/15
   Epoch 14/15
   Epoch 15/15
   1 # imprimimos un remunen del modelo para ver su comportamiento
 2 #print(Celulascnn.summary())
 1 #Se realiza un grafico para poder visualmente el loss del modelo entrenado
 2 plt.figure(0)
 3 plt.title("Loss")
 4 plt.plot(grafico.history['loss'], 'r', label='Training')
 5 plt.plot(grafico.history['val_loss'], 'b', label='Testing')
 6 plt.legend()
 7 plt.show()
```

z π tuego una nueva capa de procesado y para rinatizar soremax como capa de satida del modeto



```
1 #se realiza un grafico para ver el comportamiento del accuracy durante los epochs
2 plt.figure(1)
3 plt.title("Accuracy")
4 plt.plot(grafico.history['accuracy'], 'r', label='Training')
5 plt.plot(grafico.history['val_accuracy'], 'b', label='Testing')
6 plt.legend()
7 plt.show()
```



```
2 import os
3 # Creacion del acceso a google drive
4 from google.colab import drive
5 drive.mount('/content/drive', force_remount=True)
6 from IPython import display
7 target_dir = '/content/drive/My Drive/Colab Notebooks/cell_images/modelo'
8 if not os.path.exists(target_dir):
9    os.mkdir(target_dir)
10 Celulascnn.save('/content/drive/My Drive/Colab Notebooks/cell_images/modelo/modelo.h5')
11 Celulascnn.save_weights('/content/drive/My Drive/Colab Notebooks/cell_images/modelo/pesos.h5')
```

1 # Se genera una funcion para almacenar o crear un directorio para guardar el modelo

```
Mounted at /content/drive
                                         Traceback (most recent call last)
<ipython-input-4-c569230f0a49> in <module>()
     8 if not os.path.exists(target_dir):
     9 os.mkdir(target_dir)
---> 10 Celulascnn.save('/content/drive/My Drive/Colab Notebooks/cell_images/modelo/modelo.h5')
    11 Calulasonn sava weights/'/content/drive/My Drive/Colah Notehooks/call images/modelo/nesos h5')
```

```
▼ Seccion de prediccion y prueba
        SEARCH STACK OVERELOW
   1 longitud, altura = 100, 100
   2 modelo = '/content/drive/My Drive/Colab Notebooks/cell images/modelo/modelo.h5'
   3 pesos modelo = '/content/drive/My Drive/Colab Notebooks/cell images/modelo/pesos.h5'
   4 cnn = load model(modelo)
   5 cnn.load weights(pesos modelo)
   7 def predict(file):
   8  x = load img(file, target size=(longitud, altura))
   9 x = img to array(x)
  10 x = np.expand_dims(x, axis=0)
  11 array = cnn.predict(x)
  12 result = array[0]
  13 answer = np.argmax(result)
      if answer == 0:
         print("pred: celula con parasitos")
  15
      elif answer == 1:
         print("pred:celula no infectada")
      return answer
                                                Traceback (most recent call last)
       <ipython-input-5-7af5e9919ed4> in <module>()
             2 modelo = '/content/drive/My Drive/Colab Notebooks/cell_images/modelo.h5'
             3 pesos modelo = '/content/drive/My Drive/Colab Notebooks/cell images/modelo/pesos.h5'
       ---> 4 cnn = load_model(modelo)
             5 cnn.load_weights(pesos_modelo)
       NameError: name 'load model' is not defined
        SEARCH STACK OVERFLOW
   1 #Prueba de una imagen para ver el resultado
   2 path= '/content/drive/My Drive/Colab Notebooks/cell_images/test/uninfected/C3thin_original_IMG_20150608_162835_cell_101.png'
   3 plt.imshow(image)
   4 predict(path)
```

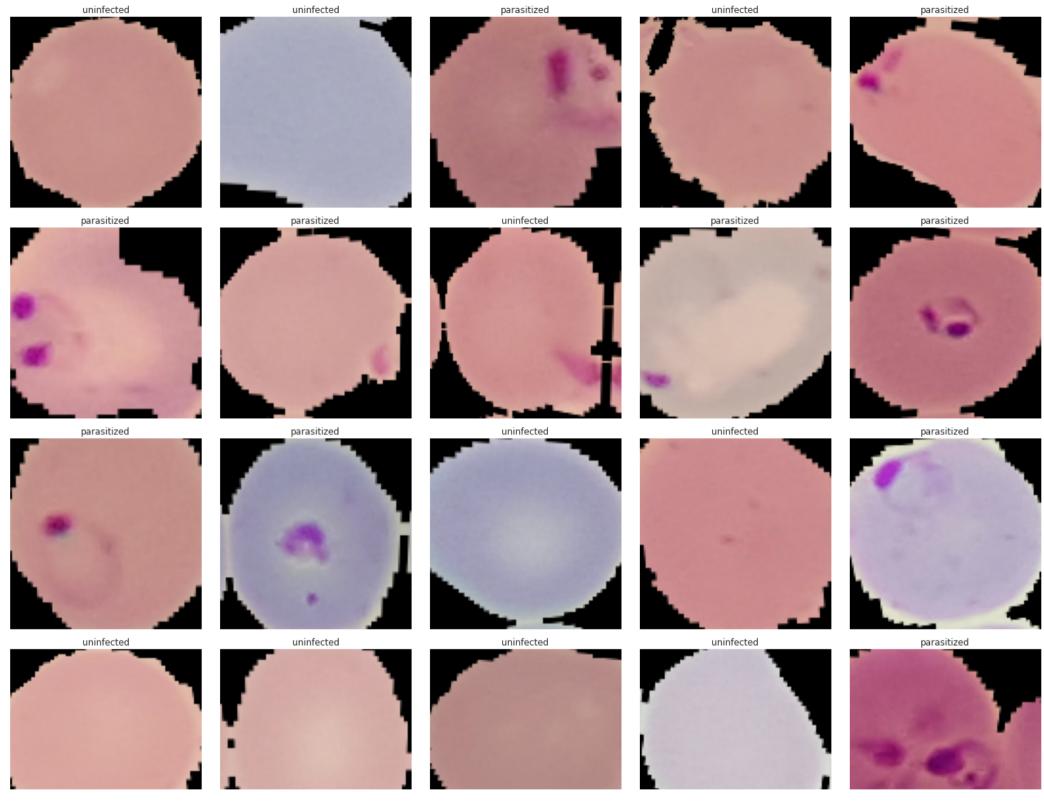
Construccion de modelo con CNN preentrenada RESNET34

```
1 # importar las librerias de Fastai y se monta el google drive para poder accesar contenido desde ahi
2 from fastai.vision import *
3 from fastai.metrics import error_rate, accuracy
1 import wannings
```

```
5 warnings.filterwarnings('ignore')
1 # Se define el camino al directorio de google drive donde se encuentra el data ser con las imagenes
2 # ademas se imprimen todos los directorios en esa direccion
3 path = Path('/content/drive/My Drive/Colab Notebooks/cell_images')
4 path.ls()
    [PosixPath('/content/drive/My Drive/Colab Notebooks/cell images/test'),
    PosixPath('/content/drive/My Drive/Colab Notebooks/cell_images/train'),
    PosixPath('/content/drive/My Drive/Colab Notebooks/cell_images/modelo')]
1 # se debe generar un paquete de datos para su posterior procesado
2 # se corre el modelo inicialmente con una resolucion de 352*352
3 # pero estos parametros pueden manipularse para obtener mejores resultados
4 Celulas = ImageDataBunch.from_folder(path, train='train', valid='test', ds_tfms=get_transforms(do_flip=False), size=100, bs=32, num_workers=8)
1 # Se muestras las imagenes y las clases respectivas ademas de la cantidad de cada una de las clases
2 Celulas.show_batch()
3 print(Celulas.classes,Celulas.c)
4 print(len(Celulas.train_ds), len(Celulas.valid_ds))
```

4 TIIIPOI C WAI IITIIBS

['parasitized', 'uninfected'] 2
24987 2600



- 1 # Construir un modelo de CNN con una red preeentrenada para reducir el tiempo de ejucion se uso la resnet34 de la libreria Pytorch
- 2 # se define el Error rate = 1 accuracy
- 3 Celulas_modelo= cnn_learner(Celulas, models.resnet34, metrics = [accuracy])
- 4 # Se entrena el modelo basado en 4 epochs de datos con un learning rate por default
- 5 Celulas_modelo.fit_one_cycle(10)

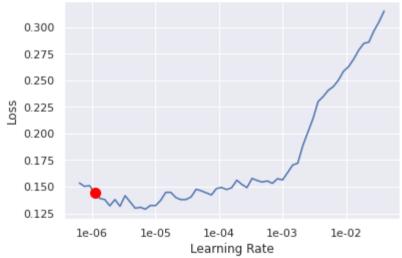
100%

```
83.3M/83.3M [00:01<00:00, 55.9MB/s]
```

epoch	train_loss	valid_loss	accuracy	time
0	0.321380	0.242810	0.908462	38:33
1	0.225369	0.178343	0.929615	38:06
2	0.190363	0.139787	0.951538	38:29
3	0.176698	0.133757	0.951154	38:37
4	0.158591	0.116340	0.959231	38:19
5	0.152809	0.119924	0.960385	38:01
Celulas_m Celulas_m (7.) (4): (5):	BatchNorm2d(Conv2d(128,	stage-1') stage-1'), [256, eps=1e- 256, kernel]		tum=0.1, affine=True, track_running_stats=True) 1), stride=(2, 2), bias=False) tum=0.1, affine=True, track_running_stats=True)
(7): (8): (9): (10): (11): (12): (13): (14): (15): (16): (17): (18):	Conv2d(256, BatchNorm2d(ReLU(inplace Conv2d(256, BatchNorm2d Conv2d(256, BatchNorm2d ReLU(inplace Conv2d(256, BatchNorm2d Conv2d(256, BatchNorm2d	256, kernel_ (256, eps=1e- e=True) 256, kernel (256, eps=1e (256, eps=1e (256, kernel (256, eps=1e 256, kernel (256, eps=1e	_size=(3, 3, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6, 6,	3), stride=(1, 1), padding=(1, 1), bias=False) tum=0.1, affine=True, track_running_stats=True) 3), stride=(1, 1), padding=(1, 1), bias=False) ntum=0.1, affine=True, track_running_stats=True) 3), stride=(1, 1), padding=(1, 1), bias=False) ntum=0.1, affine=True, track_running_stats=True) 3), stride=(1, 1), padding=(1, 1), bias=False) ntum=0.1, affine=True, track_running_stats=True) 3), stride=(1, 1), padding=(1, 1), bias=False) ntum=0.1, affine=True, track_running_stats=True) ntum=0.1, affine=True, track_running_stats=True)
(20): (21): (22): (23): (24): (25): (26): (27): (28):	BatchNorm2d Conv2d(256, BatchNorm2d ReLU(inplac Conv2d(256, BatchNorm2d Conv2d(256, BatchNorm2d	256, kernel (256, eps=16 256, kernel (256, eps=16 (256, kernel (256, eps=16 256, kernel (256, eps=16	e-05, momer L_size=(3, e-05, momer L_size=(3, e-05, momer L_size=(3,	3), stride=(1, 1), padding=(1, 1), bias=False) ntum=0.1, affine=True, track_running_stats=True) 3), stride=(1, 1), padding=(1, 1), bias=False) ntum=0.1, affine=True, track_running_stats=True) 3), stride=(1, 1), padding=(1, 1), bias=False) ntum=0.1, affine=True, track_running_stats=True) 3), stride=(1, 1), padding=(1, 1), bias=False) ntum=0.1, affine=True, track_running_stats=True)
(30): (31): (32): (33): (34): (35):	BatchNorm2d Conv2d(256, BatchNorm2d ReLU(inplac Conv2d(512,	256, kernel d(256, eps=16 512, kernel d(512, eps=16 ce=True) 512, kernel	e-05, momer L_size=(3, e-05, momer L_size=(3,	3), stride=(1, 1), padding=(1, 1), bias=False) ntum=0.1, affine=True, track_running_stats=True) 3), stride=(2, 2), padding=(1, 1), bias=False) ntum=0.1, affine=True, track_running_stats=True) 3), stride=(1, 1), padding=(1, 1), bias=False)
(37): (38): (39): (40): (41): (42):	Conv2d(256, BatchNorm2d Conv2d(512, BatchNorm2d ReLU(inplac Conv2d(512,	512, kernel d(512, eps=16 512, kernel d(512, eps=16 ce=True) 512, kernel	l_size=(1, e-05, momen l_size=(3, e-05, momen l_size=(3,	ntum=0.1, affine=True, track_running_stats=True) 1), stride=(2, 2), bias=False) ntum=0.1, affine=True, track_running_stats=True) 3), stride=(1, 1), padding=(1, 1), bias=False) ntum=0.1, affine=True, track_running_stats=True) 3), stride=(1, 1), padding=(1, 1), bias=False)
(44):	Conv2d(512,	512, kernel	l_size=(3,	<pre>ntum=0.1, affine=True, track_running_stats=True) 3), stride=(1, 1), padding=(1, 1), bias=False) ntum=0.1 affine=True track_running_stats=True)</pre>

(45). BatchNorm2d(512. ens=1e-05. momentum=0 1. affine=True. track running stats=True)

```
(46): ReLU(inplace=True)
      (47): Conv2d(512, 512, kernel_size=(3, 3), stride=(1, 1), padding=(1, 1), bias=False)
      (48): BatchNorm2d(512, eps=1e-05, momentum=0.1, affine=True, track running stats=True)
    ), Sequential(
      (0): AdaptiveAvgPool2d(output_size=1)
      (1): AdaptiveMaxPool2d(output_size=1)
      (2): Flatten()
      (3): BatchNorm1d(1024, eps=1e-05, momentum=0.1, affine=True, track running stats=True)
      (4): Dropout(p=0.25, inplace=False)
      (5): Linear(in features=1024, out features=512, bias=True)
      (6): ReLU(inplace=True)
      (7): BatchNorm1d(512, eps=1e-05, momentum=0.1, affine=True, track running stats=True)
      (8): Dropout(p=0.5, inplace=False)
      (9): Linear(in features=512, out features=2, bias=True)
    )], add time=True, silent=False)
1 # Unfreeze all layers of the CNN
2 Celulas_modelo.unfreeze()
3 # Find the optimal learning rate and plot a visual
4 Celulas modelo.lr find()
5 Celulas modelo.recorder.plot(suggestion=True)
                                           0.00% [0/1 00:00<00:00]
    epoch train_loss valid_loss accuracy time
                                           9.62% [75/780 05:15<49:23 0.3668]
   LR Finder is complete, type {learner_name}.recorder.plot() to see the graph.
   Min numerical gradient: 1.10E-06
   Min loss divided by 10: 6.92E-07
```



1 # Fit the model over 2 epochs
2 Celulas_modelo.fit_one_cycle(2, max_lr=slice(3e-5, 3e-9))

0.00% [0/2 00:00<00:00]

epoch train_loss valid_loss accuracy time

27.82% [217/780 16:07<41:50 0.1276]

1 # Rebuild interpreter and replot confusion matrix
2 interp = ClassificationInterpretation.from_learner(Celulas_modelo)
3 interp.plot_confusion_matrix(figsize=(12,12), dpi=60)

```
1 path = Path('/content/drive/My Drive/Colab Notebooks/cell_images/test/uninfected/C3thin_original_IMG_20150608_162835_cell_101.png')
2 img = open_image(path)
3 pred_class,pred_idx,outputs = Celulas_modelo.predict(img)
4 print(pred_class)
5 img.show()
6 pred_class,pred_idx,outputs = Celulas_modelo.predict(img)
7
```

Analisis entre modelos

A realizar una comparativa entre ambas redes CNN generada por capas y la red preentrenada RESNET34 se puede observar en los resultados del accuracy de ambas se encuentra entre 95-96% tanto para training como para testing por lo que ambas redes funcionas apropiadamente con el set de imagenes utilizados. Basado en esto procedemos a realizar un analisis mas detallado para explicar ambas redes:

First column name	CNN custom	Resnet 34
Tiempo entrenamiento Approx	4.5	6.3 H
Mejor acuracy	95.83%	96.03%
Facilidad de implementacion	Media-Alta	Baja
Facilidad para modificar	Alta	No modificable

Conclusion:

Ambas redes presentan excelentes resultados y tiempos muy similares de ejecucion, por un tema de profundidad y capacidad para seguir mejorando el modelo y adaptabilidad a diferentes set de datos y tamanos de imagenes la CNN custom es la que mejor funciona para el proposito de este proyecto. Sin embargo las redes preentrenadas como la resnet 34 pueden ser una opcion valida para un modelado rapido y efectivo cuando el tipo de proyecto no amerite un detalle en profundidad. Como parte de la investigacion aca mencionamos otros tipos de redes que pueden ser utilizadas para el procesamiento de imagenes Utilizando fast Al:

- resnet18
- resnet50,
- resnet101,
- resnet152,
- squeezenet1_0,
- squeezenet1_1
- densenet121,
- densenet169,
- densenet201,
- densenet161,
- vgg16_bn,
- vgg19_bn
- alexnet

