

Revisión de la literatura para el conteo de unidades formadoras de colonias en microorganismos mediante visión artificial

(Literature Review for Counting Colony-Forming Units in Microorganisms Using Artificial Vision)

Luis Alberto Jiménez Villa, María Salomé Alejandre Apolinar, Virginia Lagunes Barradas, Miguel Ángel Hidalgo Reyes
TecNM/Instituto Tecnológico Superior de Xalapa, Xalapa, México
247000901@itsx.edu.mx, salome.aa@xalapa.tecnm.mx, virginia.lb@xalapa.tecnm.mx,
miguel.hr@xalapa.tecnm.mx

Resumen: En este estudio se llevó a cabo una Revisión Sistemática de la Literatura con el objetivo de identificar los procedimientos más eficientes para el tratamiento de imágenes utilizadas en los análisis microbiológicos. Esta búsqueda incluye publicaciones que se encuentran entre 2019 y 2025, haciendo uso de las principales bases de datos científicas indexadas como Scielo, ACM, Redalyc, Consensus, IEEE Xplore y Springer, así como el buscador Google Académico. Durante la búsqueda se analizaron 41 artículos donde se identificaron diversos enfoques de procesamiento tradicional de imágenes, aprendizaje automático y técnicas híbridas. Los resultados permitieron identificar métodos y herramientas, proporcionando una base sólida para su incorporación en un sistema computacional. La contribución principal es establecer fundamentos para el desarrollo de una solución tecnológica automatizada que facilite la implementación de conteos automáticos para hacer más eficiente el trabajo de los laboratorios científicos y clínicos a través de la disminución de tiempo y errores humanos.

Palabras clave: Tecnología aplicada, inteligencia artificial, procesamiento de imágenes, cultivos bacterianos, automatización.

Abstract: This study conducted a Systematic Literature Review with the aim of identifying the most efficient procedures for processing images used in microbiological analyses. This search includes publications from 2019 to 2025, using the main indexed scientific databases such as Scielo, ACM, Redalyc, Consensus, IEEE Xplore, and Springer, as well as the Google Scholar search engine. During the search, 41 articles were analyzed, identifying various approaches to traditional image processing, machine learning, and hybrid techniques. The results allowed us to identify methods and tools, providing a solid basis for their incorporation into a computer system. The main contribution is to establish the foundations for the development of an automated technological solution that facilitates the implementation of automatic counting to streamline the work of scientific and clinical laboratories by reducing time and human error.

Keywords: Applied technology, artificial intelligence, image processing, bacterial cultures, automation.

1. INTRODUCCIÓN

El análisis microbiológico es considerado una herramienta clave en múltiples áreas, principalmente científicas, clínicas, agropecuarias, veterinarias e industriales, en particular en la

agroindustria y el procesamiento de alimentos y bebidas. Su importancia radica en permitir la identificación, cuantificación y categorización de los microorganismos presentes en las muestras biológicas. Dentro de estos procedimientos, uno de los más comunes utilizados para el análisis es el conteo de unidades formadoras de colonias (UFC), empleado para estimar la cantidad de microorganismos viables mediante la formación de colonias en un medio de cultivo específico [1], [2].

Este método consiste en realizar diluciones seriadas de una muestra, para posteriormente sembrar un volumen determinado en placas con un medio de cultivo, incubarlas, y realizar el conteo de las colonias que se formaron de manera visible [3]. El intervalo óptimo para este conteo es de 30 a 300 colonias por placa, ya que con este rango se garantiza la exactitud en el número de microorganismos por unidad de volumen o peso de la muestra examinada [4].

Este procedimiento presenta limitaciones importantes; entre ellas, es la alta carga de trabajo para el personal que realiza el conteo. Además, la extensa cantidad de tiempo dedicado para obtener resultados precisos y, principalmente, la posibilidad de presentar errores derivados de la interpretación del operador debido a la fatiga visual, lo que aumenta las limitaciones antes señaladas [5]. Otros factores incluyen la variabilidad de las condiciones de incubación de la muestra y la dificultad para distinguir colonias pequeñas o agrupadas los cuales pueden afectar la precisión y reproducibilidad de los resultados [6].

Sin embargo, con el avance de las tecnologías de la información, en especial áreas como la visión artificial, el procesamiento de imágenes y el aprendizaje automático han comenzado a ser exploradas para la implementación de soluciones para automatizar este tipo de tareas [7]. Gracias a estas herramientas es posible realizar análisis a imágenes digitales con alta precisión. A pesar de estos avances, existe aún una brecha en el desarrollo e implementación de soluciones automatizadas específicamente orientadas al análisis microbiológico en contextos accesibles y de bajo costo, como pequeños laboratorios o centros de salud con recursos limitados [8].

Bajo este contexto, se desarrolló una Revisión Sistemática de la Literatura (RSL) con el principal objetivo de identificar las técnicas y procedimientos más eficaces para llevar a cabo el procesamiento de imágenes aplicados en el análisis microbiológico principalmente el conteo de las unidades formadoras de colonias. Se realizó esta revisión con los estudios publicados entre los años 2019 y 2025, considerando las principales fuentes información científicas: Google Académico, Scielo, ACM, Redalyc, Consensus, IEEE Xplore y Springer. Con esta RSL se busca establecer una base teórica sólida que sirva como sustento para el desarrollo e implementación de una aplicación móvil capaz de realizar el conteo automático de UFC.

El aporte principal de este trabajo es conocer y definir las bases para el desarrollo de una herramienta digital automatizada, accesible y eficiente, que permita optimizar un proceso microbiológico en entornos científicos y clínicos, disminuyendo los tiempos de análisis y los márgenes de error humano [9].

2. METODOLOGÍA

Este análisis se realizó utilizando la metodología sugerida por Barbara Kitchenham y Stuart M. Charters [10] para la creación de RSL en el campo de la ingeniería del software. Esta metodología se adaptó al contexto de las técnicas empleadas para el procesamiento de imágenes aplicadas al análisis microbiológico. Esto se debe a que esta metodología ofrece un enfoque estricto para la identificación, elección, valoración y síntesis de investigaciones pertinentes con el objetivo de asegurar la relevancia de los resultados obtenidos.

La metodología empleada en este estudio se dividió en tres fases principales. En la primera fase, se realizó la planificación de la revisión, en la cual se formularon las preguntas de investigación, se definieron las temáticas secundarias y se seleccionaron las principales bases de

datos científicas que se utilizarían para la búsqueda y recopilación de la información. En la segunda fase, se identificaron los estudios relevantes gracias a los criterios de inclusión y exclusión, con el fin de seleccionar aquellos artículos científicos pertinentes al objeto de estudio. Por último, la tercera fase consistió en el análisis y descripción de los estudios seleccionados, se recopilaron los datos clave vinculados con las preguntas de investigación definidas previamente. Gracias a estas etapas se estructuró el proceso de revisión de forma rigurosa y replicable. La Figura 1 ilustra gráficamente las fases metodológicas desarrolladas en esta investigación.



Figura 1. Fases de la metodología planteada.

Fase 1: Planificación de la revisión

Preguntas de investigación

En esta primera etapa se definieron los principales elementos para la revisión sistemática de la literatura. Para ello, se formularon las preguntas de investigación con el fin de delimitar el alcance de la investigación y realizar la búsqueda de técnicas específicas de procesamiento de imágenes aplicadas al análisis microbiológico. Además, se establecieron las temáticas secundarias relacionadas a la investigación como lo son el aprendizaje automático, el conteo automatizado de colonias, el análisis microbiológico y la visión artificial.

Basándose en lo anterior, se formularon las siguientes cuestiones de investigación:

- ¿Qué métodos de tratamiento de imágenes se han empleado para el análisis microbiológico?
- ¿Qué técnicas fundamentadas en la inteligencia artificial y el aprendizaje automático han probado una mayor exactitud en la identificación de colonias microbianas (UFC)?
- ¿Qué recursos, algoritmos o herramientas tecnológicas se utilizan frecuentemente en los estudios para el análisis automático de imágenes?
- ¿Cuáles son los parámetros de una imagen que pueden influir en la precisión del análisis automatizado de colonias microbianas?

Identificación de bases de datos

Se reconocieron y escogieron buscadores y bases de datos científicas relevantes empleadas en el área de investigación, dando prioridad aquellas que poseen un reconocimiento extenso y publicaciones indexadas. En la Tabla 1 se presentan las fuentes de información escogidas junto con su criterio de elección, donde se incluyeron: Google Académico, Scielo, Biblioteca Digital ACM, Redalyc, Consensus, IEEE Xplore y SpringerLink. Se estableció la búsqueda con el fin de asegurar la calidad de los estudios para las etapas siguientes de la investigación.

Tabla 1. Fuentes de información utilizadas en la búsqueda.

Fuente de información	Criterio de elección
Google Académico	Motor de búsqueda complementario.
Scielo	Revistas científicas de acceso abierto en América Latina.
Biblioteca Digital ACM	Publicaciones científicas de la <i>Association for Computing Machinery</i> .
Redalyc	Red de revistas científicas de América Latina.
Consensus	Motor de búsqueda que implementa IA.
IEEE Xplore	Alto impacto en el campo de la ingeniería.
Springer Link	Cobertura multidisciplinaria en ingeniería y científicas.

Se formularon varias cadenas de búsqueda y se evaluó su precisión en función de los objetivos del estudio, priorizando aquellos resultados más pertinentes. Los términos predominantes utilizados en la búsqueda bibliográfica corresponden a las siguientes cadenas presentadas en la Tabla 2.

Tabla 2. Cadenas de búsqueda empleadas en las diversas fuentes de información.

Fuente de información	Cadena de búsqueda	Artículos encontrados
Google Académico	("colony-forming unit" OR microbiology) AND ("artificial intelligence" OR "computer vision") AND (count or precision) AND "image processing"	5.700
Scielo	("colony-forming unit" OR microbiology) AND (count OR precision) AND "artificial intelligence" AND image	4
ACM	("colony-forming unit" OR microbiology) AND ("artificial intelligence" OR "computer vision") AND (count or precision) AND "image processing"	690
Redalyc	("colony-forming unit" OR microbiology) AND ("artificial intelligence" OR "computer vision") AND (count or precision) AND "image processing"	12
Consensus	"colony-forming unit" AND microbiology AND ("artificial intelligence" OR "computer vision") AND ("count" or "precision") AND "image processing"	130
IEEE Xplore	("colony-forming unit" OR microbiology) AND ("artificial intelligence" OR "computer vision") AND (count OR precision) AND "image processing"	90
Springer Link	("colony-forming unit" OR microbiology) AND ("artificial intelligence" OR "computer vision") AND (count or precision) AND "image processing"	310
Total		6.936

Fase 2: Revisión de estudios relevantes

Los criterios de inclusión fueron los siguientes:

- Solo publicaciones en el idioma español o inglés.
- Publicaciones en el periodo entre 2019 y 2025.
- Documentos completos, incluyendo artículos de revistas, libros y tesis.
- Trabajos relacionados con microbiología, análisis de imágenes, visión artificial y aprendizaje automático.

Los criterios de exclusión fueron los siguientes:

- Primera clasificación: Se excluyeron las publicaciones fuera del periodo establecido o idiomas distintos.
- Segunda clasificación: Se excluyeron aquellas publicaciones que no estuvieran encaminados a las ciencias de la computación, que no pertenecían al tema de investigación y la disponibilidad del documento original.
- Tercera clasificación: Se excluyeron aquellos que tras una revisión preliminar no presentaba una relevancia significativa a la investigación.

Una vez definidos los criterios de inclusión y exclusión, se realizó el análisis de la literatura en donde se examinó cada fuente de información seleccionada con el fin de identificar los principales hallazgos, los resultados y conclusiones relevantes para este estudio.

3. RESULTADOS Y DISCUSIONES

Como resultado de esta rigurosa revisión, se seleccionaron un total de 41 artículos aplicando los criterios de exclusión previamente establecidos. La cantidad de artículos encontrados en la búsqueda bibliográfica por cada criterio es presentada en la Tabla 3.

Tabla 3. Clasificaciones en la revisión de la literatura.

Fuente de información	Búsqueda inicial	Primera clasificación	Segunda clasificación	Tercera clasificación
Google Académico	5.610	2.151	213	26
Scielo	4	2	1	1
ACM	690	215	94	6
Redalyc	12	6	2	1
Consensus	130	75	10	2
IEEE Xplore	90	26	9	3
Springer Link	310	103	32	2
Total	6.936	2.578	361	41

En la Figura 2 se ilustra de manera gráfica el proceso de búsqueda y selección de la literatura siguiendo la metodología PRISMA. Se muestra el número de registros identificados, los criterios de exclusión aplicados en cada etapa (cribado, elegibilidad) y los estudios finalmente incluidos en la revisión. La calidad metodológica de los estudios seleccionados se evaluó considerando criterios como la claridad de los objetivos, la relevancia de los resultados y la actualidad de la información.

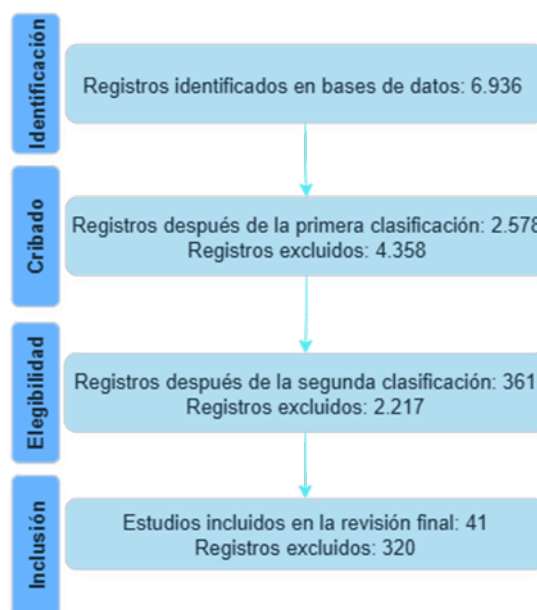


Figura 2. Diagrama de flujo PRISMA del proceso de selección de estudios.

En la Figura 3 se presenta la distribución porcentual de las propuestas científicas seleccionadas según su procedencia de las distintas fuentes de información consultadas en esta investigación. Los resultados indican que Google Académico aportó el mayor número de estudios, representando el 63,40 % del total. Le siguen ACM Digital Library con un 14,68% e IEEE Xplore con un 7,34%, Consensus con un 4,86% de igual manera Springer Link con 4,86%, mientras que Scielo represento el 2,43% y Redalyc con 2,43%.

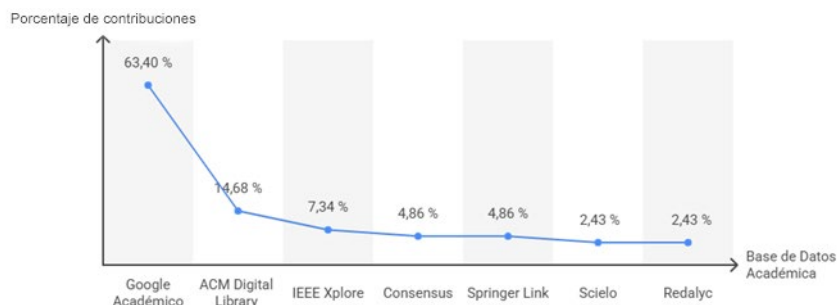


Figura 3. Efecto porcentual de las publicaciones científicas.

Fase 3: Síntesis y análisis de estudios relevantes

En esta fase se llevó a cabo la valoración de la calidad de los estudios seleccionados y se obtuvo la información requerida para dar respuesta a las preguntas definidas en la fase uno. Las técnicas empleadas en esta investigación comenzaron desde revisión bibliográfica hasta aplicaciones prácticas y el resultado obtenido. Esta variedad de métodos posibilitó un análisis detallado de las características técnicas detectadas, además de valorar el efecto y la utilidad de las diferentes soluciones sugeridas en el marco del procesamiento de imágenes utilizado en el análisis microbiológico.

Los procedimientos utilizados en el análisis microbiológico incluyeron tanto técnicas convencionales de procesamiento digital como métodos fundamentados en inteligencia artificial. Estas técnicas facilitan la mejora de la calidad de las imágenes tomadas, la segmentación exacta de los microorganismos existentes y la realización de un conteo automatizado de unidades formadoras de colonias (UFC) [11].

La Figura 4 muestra un esquema general del proceso más utilizado para llevar a cabo el análisis de una imagen, en el que se señalan las etapas principales que intervienen. A continuación, se detallan la serie de técnicas convencionales que son más habituales:

1. Conversión a escala de grises: Se transforma la imagen original a una escala de grises con el fin de trabajar con un solo canal de intensidad [12].
2. Operaciones morfológicas: Se resalta las estructuras oscuras y se calcula la diferencia entre el cierre morfológico y la imagen original [13].
3. Apertura y cierre morfológico: Se elimina el ruido y objetos presentes en la imagen que no son requeridos, asimismo se conectan las regiones fragmentadas [13].
4. Umbralización: Se aplica un umbral de intensidad para segmentar, convirtiendo la imagen en una versión binaria con el fin de facilitar la identificación de objetos [14].
5. Detección de contornos: Se identifican los bordes incluso cuando estas se encuentran agrupadas o parcialmente superpuestas [12].
6. Análisis estadístico de partículas: Se realiza un filtrado de los objetos detectados según criterios como área, forma o circularidad, eliminando artefactos y manteniendo únicamente estructuras compatibles [15].



Figura 4. Proceso de análisis para una imagen.

Asimismo, en otros estudios, se muestra el empleo de técnicas basadas en inteligencia artificial para llevar a cabo el estudio microbiológico, las cuales han probado ser eficientes en labores de clasificación, identificación y segmentación de microorganismos. Entre los más comunes se incluyen:

- Redes Convolucionales Neuronales (CNN): Estas redes son capacitadas con imágenes clasificadas para adquirir conocimientos sobre patrones morfológicos propios de las colonias de microorganismos [15].
- Segmentación semántica: Emplean modelos de aprendizaje automático para distinguir con exactitud colonias que se superponen, incrementando la exactitud del análisis en imágenes complejas [16].
- Modelos para identificar objetos: Facilitan la identificación de microorganismos individuales en imágenes de microscopía, incluso en concentraciones bajas, lo que favorece una identificación más precisa [19].

En la Tabla 4 se sintetizan las propiedades de las principales técnicas de inteligencia artificial utilizadas en los artículos analizados, donde se resaltan las características específicas: la arquitectura, el nivel de profundidad en su procesamiento y su utilidad.

Tabla 4. Principales técnicas de inteligencia artificial.

Técnica de IA	Características
Aprendizaje automático (ML)	Implementa algoritmos supervisados como SVM, k-NN, árboles de decisión y no supervisados (clustering), además de requerir datos estructurados y características definidas de manera manual.
CNN	Implementa arquitectura de aprendizaje automático especializada en procesamiento de imágenes, aprende características directamente desde los datos sin necesidad de extracción manual.
Aprendizaje profundo	Implementa arquitecturas profundas como CNN, RNN, GAN, además de ser capaz de procesar datos no estructurados como imágenes, audio o texto.

En la Tabla 5 se presenta el análisis comparativo entre las ventajas y limitaciones de las técnicas de inteligencia artificial mencionadas con anterioridad. Esta información permite identificar los contextos en los que cada técnica resulta más eficiente, considerando factores como precisión, recursos computacionales, flexibilidad de aplicación y complejidad de implementación.

Tabla 5. Principales técnicas de inteligencia artificial aplicas.

Técnica de IA	Ventajas	Limitaciones
Aprendizaje automático (ML)	Menor necesidad de datos para el entrenamiento y un bajo requerimiento computacional.	Precisión limitada en problemas complejos además complejidad de adaptar a datos no estructurados.
CNN	Alta precisión en clasificación, segmentación de imágenes y permite la escalabilidad en grandes conjuntos de datos.	Requiere grandes cantidades de datos etiquetados y un entrenamiento costoso en tiempo y recursos.
Aprendizaje profundo	Mayor autonomía, capacidad de aprendizaje y puede detectar patrones complejos sin intervención humana.	Requiere hardware de alto rendimiento y un proceso de entrenamiento complejo.

Para una aplicación efectiva de las técnicas previamente descritas, la revisión sistemática recomienda el uso de lenguajes de programación que se distinguen por su robustez, adaptabilidad y amplia documentación, lo cual facilita la implementación de bibliotecas especializadas en procesamiento de imágenes y aprendizaje automático. En este sentido, los lenguajes más frecuentemente empleados en las investigaciones analizadas son:

- Python: Es el lenguaje más usado debido a su versatilidad y la disponibilidad de librerías especializadas para procesamiento digital de imágenes, como lo son OpenCV y PIL (Python Imaging Library) [18].
- Java: Es utilizado especialmente en plataformas como ImageJ, un software libre ampliamente usado en el análisis de imágenes biomédicas [20].

- R: Es usado para el análisis estadístico cuando se requiere procesamiento de imágenes en estudios bioestadísticos [21].
- MATLAB: Utilizado especialmente en entornos académicos para procesamiento de imágenes con sus potentes toolboxes. [22].
- C++: Se ha utilizado para el alto rendimiento en tareas de procesamiento en tiempo real, siendo compatible con bibliotecas como OpenCV [17].

En concordancia con lo expuesto, la Figura 5 presenta un análisis porcentual sobre la utilización de diversos lenguajes de programación en el ámbito del procesamiento de imágenes, resaltando aquellos que registran una mayor frecuencia de uso en estudios que incorporan métodos de inteligencia artificial. Python destaca por ser el más utilizado, con un uso del 56,1 %, debido a su extenso catálogo de bibliotecas especializadas y también por su sencillez de integración, C++ con 19,5 % debido a su desempeño en aplicaciones de procesamiento en tiempo real, MATLAB con 12,2 %, continúa siendo utilizada en entornos académicos debido a sus instrumentos de análisis y visualización, Java con 7,3 % y otros como lo son JavaScript y R tienen un porcentaje inferior de 4,9 %.

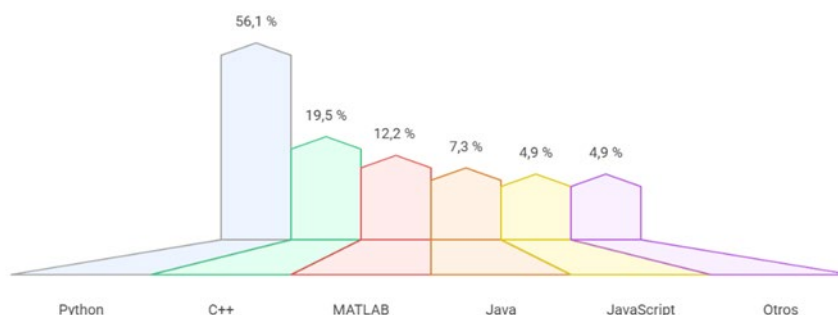


Figura 5. Principales lenguajes de programación utilizados.

La Figura 6 muestra el porcentaje de uso de bibliotecas más utilizadas en el análisis automático de imágenes a través de métodos de inteligencia artificial. Es notable que OpenCV es la biblioteca de mayor uso, con un 40 %, gracias a su eficacia en labores de preprocesamiento, identificación de límites y segmentación. TensorFlow (20 %) y Keras (15 %), que se emplean mayormente en la aplicación de modelos de aprendizaje profundo, como las redes neuronales convolucionales. En cuanto al uso de Scikit-image (10 %) para labores más concretas de análisis morfológico, Matplotlib (8 %) se utiliza frecuentemente como herramienta de visualización, el 7 % corresponde al grupo denominado "otras" bibliotecas, que incluye utilidades menos comunes pero complementarias.

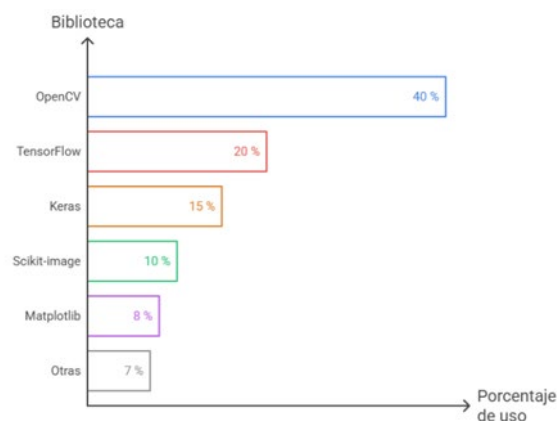


Figura 6. Bibliotecas más utilizadas en proyectos de visión por computadora.

Se destaca la consolidación de OpenCV (Open Source Computer Vision Library). Esta es una biblioteca open source que proporciona una gran cantidad de funciones para poder llevar a cabo el procesamiento digital y la visión computacional que se requiere, permitiendo el filtrado, segmentación, detección de contornos y operaciones morfológicas, siendo estos elementos fundamentales en el recuento y caracterización de colonias microbianas [23]. Su usabilidad es debido a su gran compatibilidad que posee con múltiples lenguajes de programación, como lo son Python y C++ así como la integración con frameworks de inteligencia artificial. Esta biblioteca permite el desarrollo de soluciones eficientes y escalables orientadas a la automatización de procesos.

En la Figura 7 se describen los principales factores que contribuyen a la versatilidad de OpenCV, tales como su naturaleza de código abierto, el aprendizaje automático, la visión por computadora y la compatibilidad de lenguajes [24].



Figura 7. Proceso de análisis para una imagen.

No obstante, la utilización de librerías como OpenCV para el procesamiento de imágenes no solo se basa en su implementación y en la utilización de funciones, sino también en la calidad de la imagen que se procesará. En este contexto, los siguientes son los parámetros clave que influyen directamente en la precisión de los algoritmos de visión artificial:

- **Iluminación:** El tipo de luz y su cantidad pueden influir en el contraste y la visibilidad de rasgos específicos. Tiene el propósito de minimizar sombras y reflejos, facilitando la segmentación y extracción de características por los algoritmos [25].
- **Enfoque:** Las imágenes desenfocadas complican la identificación de los bordes, es decir, reducen la efectividad de los algoritmos de detección y conteo [26].
- **Resolución:** Influye en la distinción del objeto cuando sea procesado, sin embargo, mientras esta sea mayor, requiere mayor tiempo de análisis [27].
- **Ruido en la imagen:** La presencia de píxeles aleatorios influye en la precisión en los algoritmos de contornos y segmentación, provocando los falsos positivos o negativos [28].

En la Tabla 6 se presentan los principales parámetros técnicos recomendados para llevar a cabo el procesamiento de una imagen en aplicaciones de visión computacional. Esta información permite establecer los rangos óptimos de los aspectos mencionados para garantizar un desempeño adecuado.

Tabla 6. Parámetros de calidad en una imagen.

Técnica de IA	Unidad de medida	Intervalo recomendado
Iluminación	Lux (lx)	200 –1000 lx
Enfoque	Métrica de nitidez (Laplaciano)	> 300l
Resolución	Píxeles (DPI)	≥ 1024x1024 px / 300 – 600 dpi
Ruido	SNR (dB)	> 20 dB

En resumen, una imagen de alta resolución, con adecuada iluminación, enfoque, calibración y libre de ruido, es fundamental para que los algoritmos de visión artificial puedan ejecutar un procesamiento y análisis precisos. Debido a que calidad de la imagen influye directamente en la efectividad de tareas como la identificación, segmentación y evaluación de los objetos de interés. Así, la Figura 8 presenta los principales elementos que inciden en la calidad de una imagen.

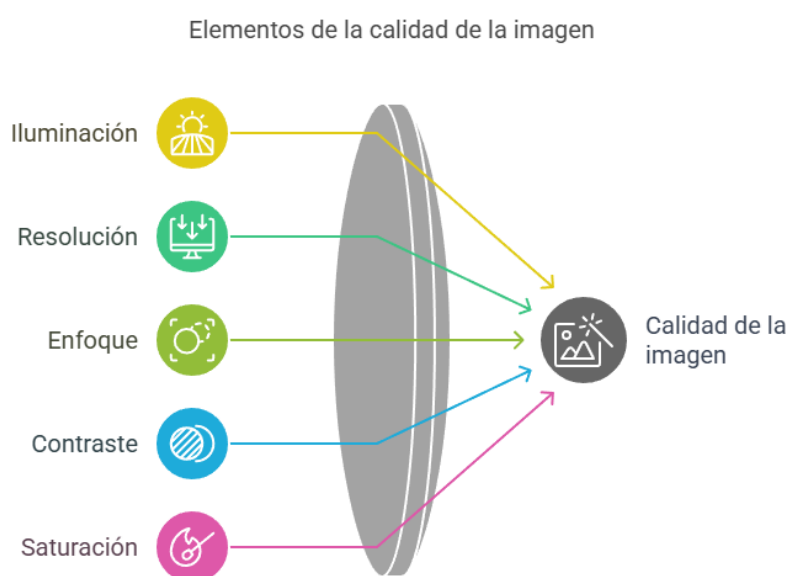


Figura 8. Principales elementos de la calidad en una imagen.

4. CONCLUSIONES

En esta revisión sistemática, se tuvo el objetivo de analizar el estado del arte de los procedimientos aplicados en el análisis microbiológico, particularmente en tareas como el conteo automático, la segmentación, y la identificación de colonias microbianas. Durante este proceso se recopilaron y evaluaron estudios relevantes que integran múltiples enfoques tradicionales de procesamiento digital de imágenes y técnicas recientes basadas en inteligencia artificial, con el objetivo de identificar los métodos, herramientas y parámetros más utilizados en esta área de investigación.

Entre los hallazgos más relevantes se destaca el uso de Python, debido a su adaptabilidad y extensa compatibilidad con bibliotecas especializadas en visión computacional como lo es OpenCV. Esta librería de código abierto ha demostrado ser importante en el desarrollo de sistemas de visión artificial ya que permite realizar múltiples operaciones como: filtrado, detección de contornos, análisis morfológico y segmentación. Asimismo, se reconoció que la calidad de la

imagen influye directamente en desempeño de los algoritmos, considerando aspectos como resolución, enfoque, ruido e iluminación.

Además, se observó que una gran cantidad de equipos comerciales empleados en laboratorios son costosos y requieren una infraestructura especializada, limitando su adquisición. Esta circunstancia subraya la relevancia de desarrollar herramientas asequibles, que faciliten la implementación de las nuevas tecnológicas en el campo de la microbiología.

En cuanto a la metodología utilizada, las investigaciones examinadas utilizaron modelos supervisados con CNN, como segmentación semántica e identificación de objetos. Estos procedimientos han evidenciado una alta precisión en la categorización y segmentación de imágenes con estructuras complejas.

Como propuestas para futuros estudios, se propone investigar modelos mixtos que fusionen visión artificial con inteligencia artificial explicable (XAI), con el objetivo de ofrecer resultados exactos, aspecto crucial para su aceptación en contextos clínicos e investigativos.

Finalmente, los hallazgos de esta revisión no solo reflejan avances en la automatización microbiológica, sino que también sientan las bases para el desarrollo de una futura aplicación móvil. Dicha aplicación permitiría implementar los métodos tradicionales de procesamiento de imágenes junto con una red neuronal, ofreciendo una herramienta práctica, accesible y eficiente, capaz de realizar conteos automáticos y segmentación de colonias microbianas.

REFERENCIAS

- [1] B. S. Cruz Florez, B. R. Gómez Torres, y L. C. Sanchez Leal, “Aplicaciones de la Inteligencia Artificial en Microbiología Agroambiental”, *ReCIBE, Revista electrónica de Computación, Informática, Biomédica y Electrónica*, vol. 13, no. 2, pp. C2-25, Sep. 2024. [En línea]. Disponible en: <https://doi.org/10.32870/recibe.v13i2.362>
- [2] P. J. Flores Medina, P. Garibay Murillo, y G. R. Peñaloza Mendoza, “Automation of inoculation in culture media for the microbiology laboratory”, *Revista de Ciencias Tecnológicas*, vol. 6, no. 4, Nov. 2023. [En línea]. Disponible en: <https://doi.org/10.37636/recit.v6n4e285>
- [3] M. Muñoz-Algarra, R. Martínez-Ruiz, y B. Orden-Martínez, “Evaluación del sistema automatizado UF-1000i en el diagnóstico de infección urinaria”, *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, vol. 31, no. 1, pp. 29–31, Jan. 2013. [En línea]. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2012.05.017>
- [4] R. Medeot, J. Mena, P. Rodríguez, P. Herrera Najum, L. López, y M. S. Muñoz, “Evaluaciones pre y post reprocesamiento manual y automatizado de endoscopios: aislamiento microbiológico”, *Acta Gastroenterológica Latinoamericana*, vol. 54, no. 3, pp. 254–261, Sep. 2024. [En línea]. Disponible en: <https://doi.org/10.52787/agl.v54i3.423>
- [5] E. P. Sánchez, D. Núñez, R. O. Cruz, M. A. Torres, y E. V. Herrera, “Simulación y Conteo de Unidades Formadoras de Colonias – Simulation and Counting of Colony-Forming Units”, *ReCIBE, Revista Electrónica de Computación, Informática, Biomédica y Electrónica*, vol. 6, núm. 1, pp. 97-111, Dec. 2017. [En línea]. Disponible en: <https://doi.org/10.32870/recibe.v6i1.70>
- [6] Cientisol, “Contadores de colonias: tipos y aplicaciones”, 2024. [En línea]. Disponible en: <https://cientisol.com/contadores-de-colonias/>

- [7] H. Munguía-Orozco, “Construcción de un modelo basado en redes neuronales profundas de código abierto para el conteo, localización y clasificación de colonias en placas de Petri”, ITESO, 2023. [En línea]. Disponible en: <https://rei.iteso.mx/server/api/core/bitstreams/98df12f5-3c0e-4dcd-8c3d-e2ee2a0d77f9/content>
- [8] M. T. Madigan, K. S. Bender, D. H. Buckley, W. M. Sattley, y D. A. Stahl, *Brock Biology of Microorganisms*, 15th ed. Boston, MA, USA: Pearson, 2021.
- [9] D. J. Hardy, “Practical Aspects and Considerations When Planning a New Clinical Microbiology Laboratory”, *Clinics in Laboratory Medicine*, vol. 40, no. 4, pp. 421-431, Dec. 2020. [En línea]. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.cll.2020.08.015>
- [10] B. Kitchenham y S. Charters, *Guidelines for performing Systematic Literature Reviews in Software Engineering*, 2007.
- [11] A. Rehman, Z. Saleem, J. Amjad, S. R. Shah, y K. Siddique, “A Comparison of Bacterial Colonies Count from Petri Dishes Utilizing Hough Transform and Traditional Manual Counting”, *arXiv*, May. 2025. [En línea]. Disponible en: <https://doi.org/10.48550/arXiv.2505.20365>
- [12] S. Albaradei, F. Napolitano, M. Uludag, M. Thafar, S. Napolitano, M. Essack, V. B. Bajic, y X. Gao, “Automated counting of colony forming units using deep transfer learning from a model for congested scenes analysis”, *IEEE Access*, vol.8, pp. 164340-164346, Sep. 2020. [En línea]. Disponible en: <https://doi.org/10.1109/ACCESS.2020.3021656>
- [13] L. F. Coca, Z. P. Franco, y A. Pateti, “Implementación de filtros morfológicos utilizados en el procesamiento de imágenes digitales en un dispositivo lógico programable”, *Univ. Cienc. Tecnol.*, vol. 12, no. 48, pp. 171–182, 2008. [En línea]. Disponible en: https://ve.scielo.org/scielo.php?pid=S1316-48212008000300008&script=sci_arttext
- [14] N. Triana, A. E. Jaramillo, R. M. Gutiérrez, y C. A. Rodríguez, “Técnicas de umbralización para el procesamiento digital de imágenes de GEM-Foils”, *Scientia et Technica*, vol. 21, no. 4, pp. 352–359, 2016. [En línea]. Disponible en: <https://revistas.utp.edu.co/index.php/revistaciencia/article/view/13271>
- [15] J. M. Llamas, “Reconocimiento de imágenes mediante redes neuronales convolucionales”, Tesis de grado, Universidad Politécnica de Madrid, Madrid, España, 2018. [En línea]. Disponible en: <https://oa.upm.es/53050/>
- [16] O. A. Soto Orozco, A. D. Corral Sáenz, C. E. Rojo González, y J. A. Ramírez Quintana, “Análisis del desempeño de redes neuronales profundas para segmentación semántica en hardware limitado”, *ReCIBE. Rev. Electrón. Comput., Inform., Bioméd. Electrón.*, vol. 8, no. 2, 2020. [En línea]. Disponible en: <https://doi.org/10.32870/recibe.v8i2.142>
- [17] P. M. Rodrigues, J. Luís, y F. K. Tavaría, “Image Analysis Semi-Automatic System for Colony-Forming-Unit Counting”, *Bioengineering*, vol. 9, no. 7, p. 271, 2022. [En línea]. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/bioengineering9070271>
- [18] F. L. Badillo, C. A. R. Hernández, B. M. Narváez, y Y. E. A. Trillos, “Redes neuronales convolucionales: un modelo de Deep Learning en imágenes diagnósticas. Revisión de tema”, *Rev. Colomb. Radiol.*, vol. 32, no. 3, p. 5591, 2021. [En línea]. Disponible en: <https://rcr.acronline.org/index.php/rcr/article/view/161>

- [19] A. B. Schroeder, E. T. Dobson, C. T. Rueden, P. Tomancak, F. Jug, y K. W. Eliceiri, “The ImageJ ecosystem: Open-source software for image visualization, processing, and analysis”, *Protein Sci.*, vol. 30, no. 1, pp. 234–249, 2021. [En línea]. Disponible en: <https://doi.org/10.1002/pro.3993>
- [20] L. Fernández, y P. Ramírez, “Procesamiento digital de imágenes para el análisis microbiológico: revisión y perspectivas”, *Computación y Sistemas*, vol. 25, no. 4, pp. 789–798, 2019. [En línea]. Disponible en: <https://www.cys.cic.ipn.mx/ojs/index.php/CyS/article/view/3352>
- [21] M. Roynard, E. Carlinet, y T. Géraud, “A Modern C++ Point of View of Programming in Image Processing”, *Conf. Generative Programming: Concepts and Experiences*, Auckland, Nueva Zelanda, pp. 164–171, 2022. [En línea]. Disponible en: <https://doi.org/10.1145/3564719.3568692>
- [22] M. Charbit, Ed., *Digital Signal and Image Processing Using MATLAB*, vol. 666. Hoboken, NJ, USA: John Wiley & Sons, 2010.
- [23] S. Gollapudi, *Learn Computer Vision Using OpenCV: With Deep Learning CNNs and RNNs*. Berkeley, CA: Apress, 2019.
- [24] M. Nixon y A. Aguado, *Feature Extraction and Image Processing for Computer Vision*, 5th ed. Academic Press, 2019.
- [25] M. Khan, S. Chakraborty, R. Astya, y S. Khepra, “Face detection and recognition using OpenCV”, *Conf. Computing, Communication, and Intelligent Systems (ICCCIS)*, Greater Noida, India, pp. 116–119, 2019. [En línea]. Disponible en: <https://doi.org/10.1109/ICCCIS48478.2019.8974493>
- [26] H. Singh, *Practical Machine Learning and Image Processing: For Facial Recognition, Object Detection, and Pattern Recognition Using Python*, Berkeley, CA: Apress, 2019.
- [27] A. A. Khan, A. A. Laghari, y S. A. Awan, “Machine Learning in Computer Vision: A Review”, *EAI Endorsed Transactions on Scalable Information Systems*, vol. 8, no. 32, Abr. 2021, [En línea]. Disponible en: <https://doi.org/10.4108/eai.21-4-2021.169418>
- [28] R. Szeliski, *Computer Vision: Algorithms and Applications*, 2nd ed. Cham, Switzerland: Springer Nature, 2022.

