

Aplicación de Visión Artificial y Deep Learning para el Análisis de calidad del semen criogenizado en ganado vacuno con fines reproductivos.

Ing. Christian Eduardo Morales Silva^{ab}, Dr. Rubén Guerrero Rivera^{ac}, Dr. Aurelio Castillo Liñán^{ad}, Dr., M.C. Norma Alicia García Vidaña^{ae}, M.C Juan Eduardo González Muñoz^{af}

^a Tecnológico Nacional de México / Instituto Tecnológico de Durango, Blvd. Felipe Pescador 1830 Ote. Durango, Durango, México.

^b 14040926@itdurango.edu.mx

^c rubenguerrero@durango.tecnm.mx

^d acastillo@itdurango.edu.mx

^e norma.garcia@itdurango.edu.mx

^f jegonzalez@itdurango.edu.mx

Resumen

Este artículo presenta un software en el ámbito de la zootecnia y reproducción animal, destacando su capacidad para incrementar la confiabilidad de los datos reproductivos y disminuir los errores en la evaluación de la viabilidad espermática en bovinos. El software se especializa en la clasificación morfológica de espermatozoides bovinos, empleando técnicas avanzadas de procesamiento de imágenes digitales y reconocimiento de patrones.

El proceso comienza con la identificación de características que determinan si los espermatozoides son morfológicamente normales o anormales. Posteriormente, se utilizan métodos como la segmentación por regiones y diversos filtros para medir estos atributos de manera precisa. Además, para mejorar continuamente el análisis de la información, el programa integra redes neuronales que aprenden a través del Deep learning que se adaptan con el tiempo, lo que aumenta su eficacia y precisión. El resultado es un sistema capaz de realizar mediciones exactas de área y perímetro, apoyado por una red neuronal que logra una exactitud del 84%. Este avance tecnológico promete una mejora sustancial en los programas de mejora genética y reproducción bovina, proveyendo una herramienta de evaluación más confiable y eficiente para los profesionales del sector.

Palabras clave— Procesamiento Digital de Imágenes, Morfología, Redes neuronales, Deep Learning.

Abstract

This article introduces a software in the field of animal husbandry and reproduction, highlighting its capability to increase the reliability of reproductive data and reduce errors in the evaluation of bovine sperm viability. The software specializes in the morphological classification of bovine spermatozoa, using advanced digital image processing and pattern recognition techniques.

The process begins with identifying characteristics that determine whether the sperm are morphologically normal or abnormal. Methods such as region segmentation and various filters are then used to precisely measure these attributes.

Moreover, to continually improve the analysis of information, the program integrates neural networks that learn through deep learning and adapt over time, enhancing its effectiveness and accuracy. The result is a system capable of making exact measurements of area and perimeter, supported by a neural network that achieves 84% accuracy. This technological advancement promises substantial improvements in genetic enhancement and bovine reproduction programs, providing a more reliable and efficient evaluation tool for professionals in the field.

Keywords— Digital Image Processing, Sperm Analysis, Morphology, Deep Learning.

1. INTRODUCCIÓN

En la industria ganadera de México, debido a la falta de recursos y bajos niveles de educación, no se cuentan con las disposiciones para la implementación de equipo computacional para el proceso de la revisión de muestras seminales[1]. Entonces esta actividad de observación y evaluación no se emplea en absoluto o es realizada por un especialista en el área, dando como resultado ciertas deficiencias a la hora de obtener una conclusión realista y confiable, ya que, la observación puede ser subjetiva, consumir mucho tiempo y ser agotadora para el trabajador. Esto resulta en una problemática para el sector pecuario pues la calidad del semen es una pieza fundamental para que la tecnología reproductiva de inseminación artificial y criogenización sea funcional en las especies ganaderas [4].

Entonces el propósito de esta investigación es mejorar el proceso de revisión de muestras seminales utilizando la automatización que otorga la visión artificial, y así simplificar el proceso y mejora del diagnóstico, se reducen las deficiencias que traía consigo el utilizar a un trabajador para esto. Para el caso de la unidad ganadera en Durango cuentan ya con un especialista y microscopio para realizar este proceso. Pero, aunque los softwares actuales tienen análisis muy completos y fiables, tienen algunos defectos como su alto costo, mantenimiento y altos requerimientos de hardware y software. De ahí que este trabajo sea una alternativa más redituable para la ganadería en México.

El peso del software desarrollado será adaptable a las condiciones de imagen y resolución que se tengan disponibles en el centro ganadero, así como las muestras de semen que se pueden obtener de ahí, y esto se emplea para la especie a la cual se desea mejorar su genética.[2]

Por tanto, la utilización del procesamiento de software tendrá su aplicación para los microscopios que se tenga ya a disposición, tampoco se podrá emplear en el análisis espermático de otras especies ajenas del bovino y que las condiciones del microscopio se encuentren correctamente ajustadas para las mediciones.

La calidad de la muestra seminal está dada por varios factores,

tales como: morfología, viabilidad, concentración y motilidad [1]. Para validar el área y el perímetro obtenidos mediante el procesador de imágenes, se ha recurrido a la bibliografía que incluye datos experimentales recogidos por otros investigadores.[6] Se encontró que los valores que determinamos se sitúan dentro de un rango similar al reportado en estos estudios. Esta correlación refuerza la precisión y la fiabilidad de nuestras mediciones realizadas con el procesador de imágenes, demostrando su alineación con los hallazgos ya documentados en este campo de estudio. Para esta revisión es necesario la adquisición de imágenes de la muestra, después se le aplican diferentes procesamientos con el fin de segmentar la información requerida y a partir de imágenes procesadas extraer los datos de las cabezas de espermatozoides, ingresar el data set en la red neuronal y por último conjuntar eso en un software operable por cualquier persona.

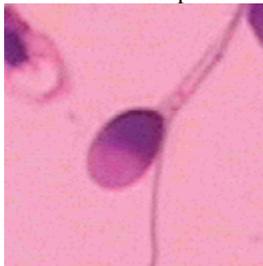
2. CONTENIDO

El procedimiento general parte de la obtención de las imágenes, después el primer paso es ubicar lo que sea deseado medir, a esto se le llama detección del objeto, pues en las imágenes pueden existir algunos otros organismos indeseables o cabezas de espermatozoides que se cruzan entre ellos. A partir de la detección se comienza el método Otsu donde se segmenta e umbraliza la información que previamente se detectó, quitando el fondo y dejando únicamente lo que se va a analizar[8], por último, se contempla la obtención de los valores, esto a través del convex Hull.

2.1. Imagen

Las imágenes empleadas en este documento se obtuvieron a partir de un image date set [12] que es un compendio de cabezas de espermatozoides de alguna subpoblación de una muestra seminal. Todas las imágenes se obtienen con un microscopio que cuenta con una cámara digital para la captura de estas, y cada una de las cabezas cuenta con características morfológicas diferentes y medibles.

Fig. 1 Cabeza de un espermatozoide



Fuente: Image Data set [12]

Las imágenes se pueden trabajar en función de dos variables, sus valores por fila por los valores de columna obteniendo un valor, que se puede acomodar en un arreglo o matriz. Y a partir de eso se puede modificar con respecto a los datos requeridos a través de distintos procesos.

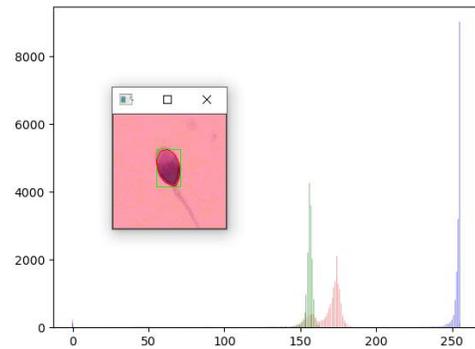
2.2. Detección del objeto

La detección del espermatozoide sirve para caracterizar cada uno de ellos, y separarlos del resto o de cualquier contaminación que pueda existir en ella. En este procedimiento se detecta los cambios de intensidad en la imagen (los cambios de intensidad son los bordes de la imagen) entonces se toma un valor de intensidad para la primera fila y todas las columnas y la diferencia entre un valor de intensidad y su vecino. Entonces, si la intensidad no cambia la diferencia es cero, si la intensidad crece la diferencia será mayor de cero y por último si la intensidad decrece será menor que cero y a partir del vector de gradiente discreto se obtiene información de estos cambios, ya que sólo tomará valores enteros y así detectará los cambios en la intensidad de la imagen tanto horizontales como verticales [1].

$$\nabla f(m, n) = (m, n + 1) - V(m, n), (m + 1, n) - V(m, n) \quad [1]$$

El vector gradiente para cada píxel se va a representar gráficamente como una flecha.

Fig. 2 Detección de la cabeza de un espermatozoide

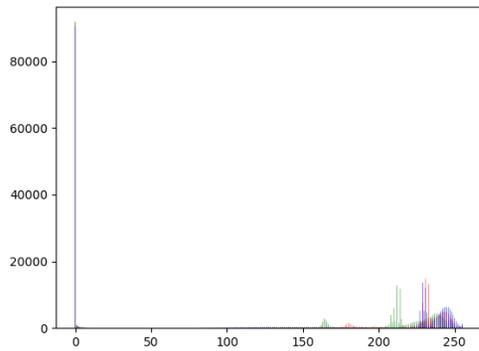


Fuente: Elaboración propia

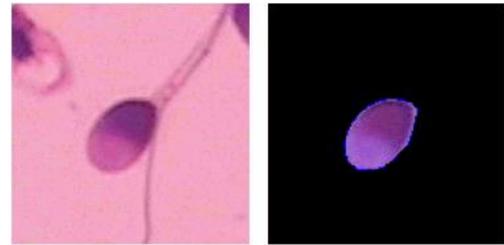
2.3. Segmentación y Umbralización

La segmentación de una imagen es un proceso que separa el fondo del objeto que sea deseado analizar, eliminando así toda información no esencial y como se describe más adelante se emplea el método de Otsu.[8] De la segmentación se obtiene el histograma, como se muestra en la fig. 2 de los valores que proporcionan los diferentes píxeles y así poder diferenciar el fondo del objeto. En este caso los objetos de interés que se buscan aislar son las cabezas de los espermatozoides. Este proceso es un complemento para que la umbralización tenga los valores adecuados.

Fig.3 Histograma de una cabeza sana de espermatozoide



Fuente: Elaboración propia



Fuente: Elaboración propia

A través de la umbralización, se puede obtener una nueva imagen con dos colores a partir de una imagen en escala de grises, donde el objeto se separa del fondo. La umbralización se basa en el principio de que los píxeles de un objeto determinado tienen niveles de grises similares. Para ello se busca el intervalo de escala de grises al que pertenece el píxel del objeto.

El método Otsu consiste en extraer el fondo de la imagen, para este caso es necesario establecer un umbral T para los valores que van a ser considerados como fondo de los que no. El método Otsu es una forma en la se obtiene un parámetro adecuado para el umbral.[8]

Se parte de una imagen gris con N píxeles y L posibles niveles diferentes y con la probabilidad de ocurrencia del nivel de gris i en la imagen y la frecuencia de repetición del nivel de gris [2].

$$P_i = \frac{f_i}{N} \quad [2]$$

Con eso se diferencia los píxeles no relevantes, con los que puede que sean relevantes y de los que son relevantes, porque puede que haya valores que no sean de 0 o 255, entonces este valor de intensidad muy cercano a blanco puede que si sea un borde o puede que no. Entonces en esto se determinan los tipos de píxeles.

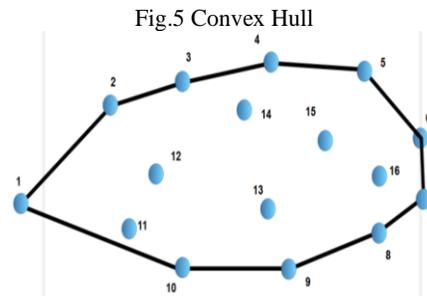
Los valores que no son blancos, sino que son valores de grises tocaría validar si son o no parte de los bordes, la validación se hace a través de un proceso de histéresis. Se miran los vecinos del borde, si están en gris son posible blanco. Siempre que el píxel sea un borde entonces se asegura que sea borde y cuando no, entonces no se considerará como borde.

Fig. 4 Umbralización de la cabeza del espermatozoide

1. Obtención de los distintos parámetros.

La morfología del espermatozoide es una de las más significativas variables de la calidad espermática, entonces a partir del método convex hull se realiza la obtención de esas características, mencionando que para esta variable se tomó en cuenta las siguientes medidas que son la referencia de un espermatozoide: El área ($36.20\mu m^2$), el perímetro ($25.36\mu m$). Se considera viable con al menos $\geq 30\%$ de la población normal [6].

El convex hull funciona a través del análisis de los diferentes conjuntos de puntos que se forman a través de píxeles. Siendo S un conjunto de puntos este es el polígono convexo más pequeño que incluirá a los puntos de S .



Fuente: Elaboración propia

2.4. Resultados

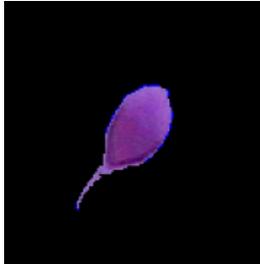
Tabla 1. Valores de área y perímetro de diferentes cabezas de espermatozoides de una misma subpoblación.

| | $A(\mu m^2)$ | $P(\mu m)$ |
|----|--------------|------------|
| C1 | 32.444 | 28.014 |
| C2 | 31.552 | 20.013 |
| C3 | 29.352 | 30.312 |
| C4 | 31.294 | 22.872 |
| C5 | 30.433 | 29.366 |

| | | |
|-----|--------|--------|
| C6 | 32.416 | 25.95 |
| C7 | 31.795 | 20.556 |
| C8 | 29.757 | 21.393 |
| C9 | 30.190 | 18.872 |
| C10 | 30.811 | 21.194 |
| C11 | 31.397 | 23.582 |
| C12 | 30.583 | 17.964 |
| C13 | 31.225 | 24.563 |
| C14 | 32.285 | 17.835 |
| C15 | 30.056 | 30.243 |
| C16 | 32.335 | 18.282 |
| C17 | 30.957 | 27.708 |
| C18 | 32.071 | 24.404 |

Fuente: Elaboración propia

Fig.6 Cabeza C5 con sus valores de área y perímetro



| | | |
|----|--------------|------------|
| | $A(\mu m^2)$ | $P(\mu m)$ |
| C9 | 30.190 | 18.872 |

Fuente: Elaboración Propia

Fig.7 Cabeza C5 con sus valores de área y perímetro



| | | |
|-----|--------------|------------|
| | $A(\mu m^2)$ | $P(\mu m)$ |
| C16 | 32.335 | 18.282 |

En el desarrollo del software se empleó el programa ‘Py charm’ para la elaboración de la interfaz del sistema adecuado a las necesidades del operador, como se observa en la fig. 8.

Fig.8 Inicio de la interfaz del software



Fuente: Elaboración Propia

2.4.1 Planteamiento de análisis

Se utilizaron varios enfoques estadísticos para analizar y validar los datos recogidos. Dada la muestra actual, la intención es formular una hipótesis basada en los estándares morfológicos previamente mencionados. Esto permitirá proporcionar una representación estadísticamente relevante de la muestra para la población a la cual no tenemos acceso directo.[15]

2.4.2 Prueba de hipótesis para el área y perímetro

En este caso, la aplicación de la distribución t de Student es apropiada, ya que estamos manejando una muestra de tamaño reducido y, además, no se tiene conocimiento de la desviación estándar de la población.[9]

Para una ($P < 0.05$)

$$\text{Hipótesis nula } H_0: \mu = 36.20$$

$$\text{Hipótesis nula } H_1: \mu \neq 36.20$$

Tabla 2. Resultados de la prueba de hipótesis sobre la media.

| Valor T | Valor p |
|---------|---------|
| 4.74 | 0.000 |

Fuente: Elaboración Propia

$$\text{Hipótesis nula } H_0: \mu = 25.36$$

$$\text{Hipótesis nula } H_1: \mu \neq 25.36$$

Tabla 3. Resultados de la segunda prueba de hipótesis sobre el perímetro.

| Valor T | Valor p |
|---------|---------|
| -1.19 | 0.237 |

Fuente: Elaboración Propia

Con los datos anteriores se puede afirmar que el Valor p es menor al valor de α para el área se rechaza la hipótesis nula por que la muestra no entraría en promedio como una muestra de área y en perímetro como el Valor p es mayor a α se puede tomar como si son iguales en promedio[16].

Con lo anterior se procede a revisar el comportamiento de la

muestra tanto para área y perímetro en búsqueda de una caracterización de los valores obtenidos y así plantear de nuevo la hipótesis para aquellos valores que si entran dentro del valor establecido.

2.4.3 Análisis del comportamiento segmentado

Se procede a segmentar la información de las áreas y se hace un análisis idéntico para el perímetro, donde se da un comportamiento similar. Por lo que se define un rango aceptable a partir de los valores para el área ($36.20m^2$) y el perímetro ($25.36\mu m$) de la ecuación:

$$\bar{x} \pm t_{\alpha/2} \frac{s}{\sqrt{n}}$$

[3]

Para una ($P < 0.05$)

$$A = 36.20 \pm 6.224$$

$$P = 25.36 \pm 1.838$$

A partir del IC anterior se procede a segmentar los datos que entrar dentro del mismo tanto para perímetro y como para el área, repitiendo la hipótesis anterior para afirmar el comportamiento de este.

Para una ($P < 0.05$)

$$\text{Hipótesis nula } H_0: \mu = 36.20$$

$$\text{Hipótesis nula } H_1: \mu \neq 36.20$$

Tabla 4. Resultados de la prueba de hipótesis sobre la media segmentada.

| Valor T | Valor p |
|---------|---------|
| 1.26 | 0.212 |

$$\text{Hipótesis nula } H_0: \mu = 25.36$$

$$\text{Hipótesis nula } H_1: \mu \neq 25.36$$

Tabla 5. Resultados de la segunda prueba de hipótesis sobre el perímetro segmentado.

| Valor T | Valor p |
|---------|---------|
| -1.64 | 0.106 |

Fuente: Elaboración Propia

De los datos obtenidos se aceptaría en ambos casos la hipótesis nula pues el Valor p es mayor al valor de α por lo que la muestra sería viable [8] ya que el 51% de la muestra tiene una morfología aceptable para el estándar y se demostró estadísticamente que puede ser representativa de la población seminal.

2.5 Deep Learning

Debido a la evolución constante de los métodos de extracción de semen, las técnicas de análisis celular y los procesos de crio preservación, resulta complicado asegurar una medición estándar que sirva como punto de referencia para futuras evaluaciones. Para promover una mejora continua del software, se ha implementado el aprendizaje supervisado. Así, a medida que se utiliza el programa, este se perfecciona en su capacidad para identificar espermatozoides con morfología saludable, procesando la información y estableciendo patrones de estas células.

2.5.1 Aprendizaje Profundo

También denominadas "Redes Neuronales Artificiales Profundas", estos algoritmos se utilizan en la visión computarizada, procesando y transmitiendo información de un modo parecido al de las neuronas cerebrales humanas.[9]

2.5.2 Configuración del entorno laboral.

Se podría emplear de nuevo PyCharm como IDE, pero dado que en el uso del Deep learning lo más recomendable es utilizar una base de datos muy amplia que requiere a su vez un procesamiento mayor, se optó por utilizar un ambiente en la nube como lo es Google Colaboratory pues ya se encuentra previamente configurado con las herramientas necesarias tale como TensorFlow, Keras, Pythony Google Drive. Por lo que solo es necesario conectar los servicios de colab y drive.

2.5.3 Manejo del dataset de imágenes

Como se mencionó previamente se cuenta a disposición el data set de imágenes de 54 elementos con cabezas normales y para este caso 73 elementos considerados como cabezas amorfas o dañadas de alguna forma. Para el entrenamiento se tomará el 90 % de cada set de imágenes y corresponderá un 10% para realizar pruebas. [14]

Entrenamiento

- 50 imágenes de cabezas normales.
- 64 imágenes de cabezas anormales amorfas.

Pruebas

- 5 imágenes de cabezas normales
- 8 imágenes de cabezas amorfas

Todo el conjunto de imágenes se acomoda en un archivo ZIP.

2.5.4 Construcción del modelo

El modelo de Deep learning al fin de cuentas resulta en un modelo de Machine learning por lo que se constituirá de dos fases primordialmente que es la fase de entrenamiento del algoritmo donde aprenderá a reconocer los patrones en una serie de iteraciones de las imágenes que previamente se segmentaron como espermatozoides sanos o anormales. Después se realizará pruebas con imágenes nuevas y

analizaremos el pronóstico dado.[10]

Dada la índole del proyecto se decidió emplear una red neuronal convolucional que se divide por dos componentes la parte de convolución y el clasificador.[17]

2.5.4.1 Fase de convolución

Para la convolución se emplea el filtro de Kernel, que se emplea para cada imagen de entrada y en cada posición realiza una operación matemática elemento por elemento entre el filtro y la parte de la imagen que se encuentra. Para pasar los números por la función de activación pues se busca no introducir linealidades en el modelo. Esto resalta las características específicas de la imagen que el filtro está diseñado a detectar.

Ecuación de la convolución:

Si denotamos I como la imagen de entrada y F como el filtro, entonces el proceso de convolución (sin considerar la función de activación por ahora) puede expresarse como:

$$(I * F)(x, y) = \sum_{i=-k}^k \sum_{j=-k}^k I(x + i, y + j) \cdot F(i, j)$$

[4]

Entonces permite a la red aprender a identificar características visuales importantes de manera eficiente y efectiva[18].

2.5.4.1 Fase del clasificador

Después de pasar por la convolución los datos que eran imágenes se han convertido en datos de alto nivel, una representación matricial numérica, cuyas características el clasificador detectará para determinar a qué categoría pertenece la imagen.

Los componentes del clasificador son las capas Densas, la función de activación, la capa de salida y la función de activación que este caso corresponde una sigmoide ya que es de la índole binaria.[10]

La salida de esta ecuación se calcula como la suma ponderada de sus entradas, seguida de la función de activación.

$$y = f(\sum_{i=1}^n w_i x_i + b)$$

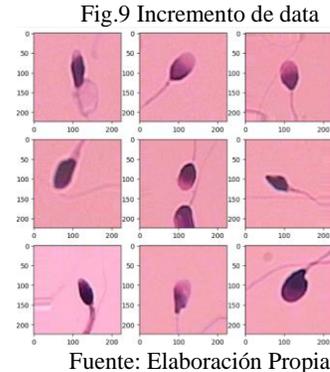
[5]

2.5.5 Preprocesamiento de datos

Con el fin de mejorar el rendimiento y velocidad del modelo, al conjunto de imágenes se procede a realizar una normalización de los valores de los píxeles de las imágenes, de un rango de 0-255 a un rango de 0-1 para reducir también la distorsión en los datos[19].

Dado que la cantidad de imágenes a emplear son muy pocas, también se realiza un proceso conocido como data augmentation donde se puede girar las imágenes en varias direcciones, mover la imagen y también hacerle zoom para de

una imagen conseguir hasta 6.



Fuente: Elaboración Propia

2.5.6 Arquitectura del modelo

Como se mencionó previamente se utilizará una red del tipo DenseNet con la parte de convolución y su clasificador, dado que la red ya viene pre entrenada de sus capas de convolución y los pesos finales óptimos que se obtuvieron en el proceso de entrenamiento[20]. Por lo que de esta arquitectura se removerá la clasificación y se propondrá un modelo de clasificador diferente que es el que se entrenaría.

2.5.6.1 Clasificador

Entonces una vez que entro el modelo de convolución con los pesos predefinidos se procede al diseño de la clasificación. El modelo de clasificación necesita una capa de entrada donde van a estar entrando las matrices del modelo, obteniendo un promedio de estas[15]. Después se define la capa que va a contener los nodos que se asignan a cada valor de x_n . En estos modelos se debe cuida no caer en el Over fitting por lo que se añade el drop out y se añade la última capa que contendría el último nodo que es quien daría la salida y_n . [9]

Fig.10 Arquitectura del clasificador

```
Arquitectura final:
Model: "sequential"
```

| Layer (type) | Output Shape | Param # |
|---|--------------------|----------|
| densenet201 (Functional) | (None, 7, 7, 1920) | 18321984 |
| global_average_pooling2d (GlobalAveragePooling2D) | (None, 1920) | 0 |
| dense (Dense) | (None, 1000) | 1921000 |
| dropout (Dropout) | (None, 1000) | 0 |
| dense_1 (Dense) | (None, 1) | 1001 |

```
-----
Total params: 20243985 (77.22 MB)
Trainable params: 1922001 (7.33 MB)
Non-trainable params: 18321984 (69.89 MB)
-----
```

Fuente: Elaboración Propia

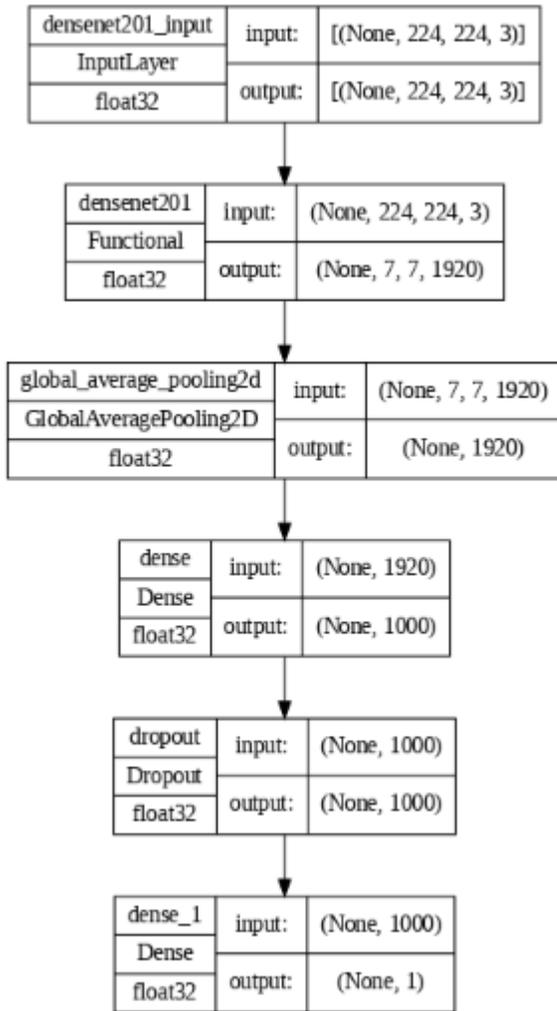
$$H_p(q) = -\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N y_i \cdot \log(p(y_i)) + (1 - y_i) \cdot \log(1 - p(y_i)) \quad [6]$$

Ecuación de optimización:

$$\theta_{nuevo} = \theta_{viejo} - \eta \cdot \Lambda_{\theta} \mathbb{J}(\theta; x^i, y^i) \quad [7]$$

Por lo que se le proporcionan las imágenes etiquetadas en lotes en lugar de una por una, para que empiece a realizar el entrenamiento a través de varias épocas o iteraciones.

Fig.11 Arquitectura de la red neuronal convolucional



Fuente: Elaboración Propia a partir de Google Colaboratory

2.5.7 Entrenamiento del modelo

Consiste en exponer al algoritmo a muchas imágenes y se supervisa su aprendizaje, para que este asocie las imágenes con la categoría correspondiente, en este caso sería una cabeza normal y una anormal. Se realiza a través de una función de costo de entropía cruzada binaria para medir el error y se usa un método de optimización conocido como descenso de gradiente que ayuda al modelo a contrarrestar la pérdida ajustando los pesos de la red neuronal.

Función de Costo/Loss (Binary Cross-Entropy)

Fig.12 Entrenamiento de la Red Neuronal

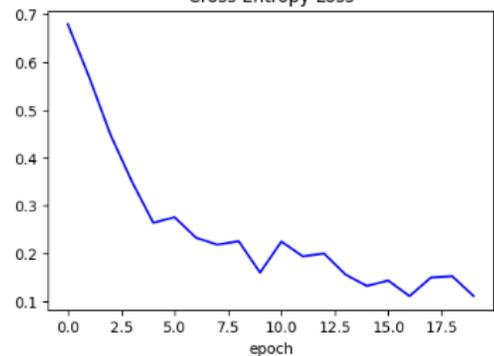


Fuente: Elaboración Propia

La finalidad es que se ajusten los pesos internos previamente mencionados para que pueda clasificar con mayor precisión basándose en el aprendizaje adquirido en el entrenamiento, reduciendo el error de la clasificación según mejore su capacidad para predecir la categoría correcta.

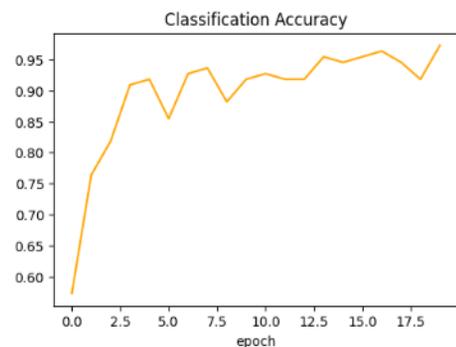
Para este punto ya se tiene entrenado el modelo, es decir ya tiene los pesos ideales para que pueda categorizar de manera precisa.

Fig.13 Evolución del error Cross Entropy Loss



Fuente: Elaboración Propia

Fig.14 Valores correspondientes a la exactitud



Fuente: Elaboración Propia

Se puede observar como el error va disminuyendo y la exactitud incrementa su valor conforme el modelo se fue entrenando.

2.5.8 Evaluación del modelo

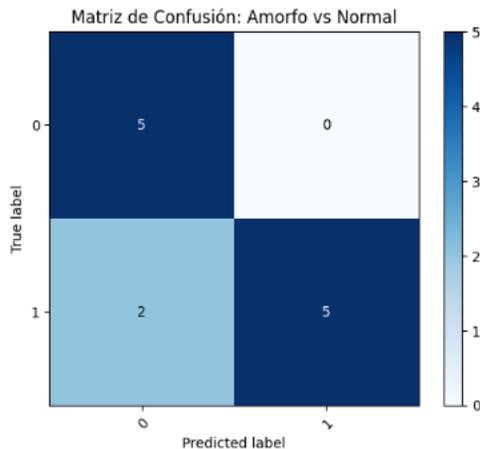
Se debe entonces evaluar la capacidad de hacer predicciones correctas con datos nuevos, que es el conjunto de prueba.

Por lo que se alimenta a la red neuronal con estas imágenes y se recogen las predicciones, estas se almacenan en un vector con 88 valores, cada uno corresponde a la predicción de la imagen, donde "1" indica un resultado normal y "0" indica un resultado anormal.

Para demostrar la efectividad del modelo se compara las predicciones con el resultado real conocido para determinar si el modelo ha clasificado de manera correcta la imagen y se procede a comparar las predicciones correctas con el número total de predicciones.

Se emplea una matriz de confusión para resumir los resultados de las predicciones del modelo, mostrando verdaderos positivos, falsos positivos, verdaderos negativos y falsos negativos.

Fig.15 Matriz de confusión



Fuente: Elaboración Propia

Por último, se muestra la exactitud en porcentaje total de predicciones correctas, la sensibilidad para identificar correctamente las cabezas normales y la especificidad para identificar correctamente los casos negativos.

Fig.16 Evaluación del modelo

Métricas:

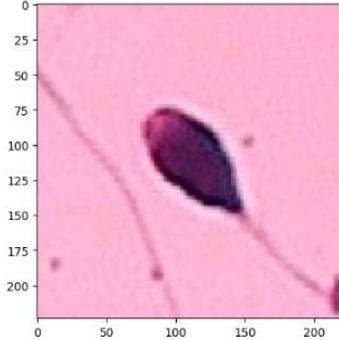
Exactitud: 83.33%
Sensitividad: 71.43%
Especificidad: 100.00%

Fuente: Elaboración Propia

2.5.9 Realizando predicciones

Para las predicciones del modelo se procede a añadir imágenes completamente nuevas que no provengan del entrenamiento ni de las pruebas. Por lo que primeramente se procesa la imagen y se procede a realizar el pronóstico.

Fig.17 Imagen de prueba



Fuente: Image data set [13]

2.5.9.1 Resultados

Para la clasificación se obtiene el resultado de la función sigmoide que proporciona valores entre 0 y 1, con un umbral de 0.5 todos los valores por encima de esa cantidad se consideraran como 1 y por debajo 0, para la imagen previa se obtuvieron los siguientes resultados:

Fig.18 Predicción

Predicción: Amorfo
Prob: 99.30%

Fuente: Elaboración Propia

3. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

Se demostró con éxito la funcionalidad del software para mejorar de manera importante la evaluación morfológica de espermatozoides en la zootecnia y reproducción animal. El correcto uso de Deep learning y procesamiento digital garantiza una mejora a las limitaciones de los métodos tradicionales.

Con una precisión del 84% en la clasificación morfológica de espermatozoides bovinos, este sistema representa un avance notable en la eficiencia y confiabilidad de los programas de mejora genética bovina. Además, la integración de aprendizaje profundo permite que el software mejore de manera sustancial con el uso continuo.

Este enfoque proporciona una base sólida para futuras investigaciones y desarrollos, consiguiendo que la industria ganadera se encuentre a la vanguardia de las innovaciones tecnológicas.

Como recomendaciones, es importante que se tome en cuenta una ampliación de la base de datos de imágenes, pues está permitiría un entrenamiento más robusto y una mejora en predicción de este. También que se busque constantemente

incorporar los avances y mejoras de los algoritmos del Deep learning.

Alignments for Generating Image Descriptions. Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition.

4. REFERENCIAS

- [20] Huang, G., Liu, Z., Van Der Maaten, L., & Weinberger, K. Q. (2017). Densely Connected Convolutional Networks. Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)
- [1] Agüero, G. (2012). Evaluación de las Características Seminales de Sementales Bovinos mediante el Analizador Seminal Computarizado (CASA). Caracas: UNIVERSIDAD CENTRAL DE VENEZUELA .
- [2] Cuentame de mexico-economia,Ganaderia,INEGI(2019), obtenida de: <https://cuentame.inegi.org.mx/economia/primarias/gana/default.aspx?tema=e>
- [3] Alejandro, Vicente, Pedro, Javier, Oscar, Sergio, & Carlos. (2009). Sistemas de visión artificial.
- [4] Calderón, C. D. (2013). SOFTWARE C.A.S.A. PARA BOVINO. Ibagué, Colombia : Univerdad de Ibagué.
- [5] Catena, M., & Cabodevila, J. (1999). EVALUACIÓN DE SEMEN BOVINO CONGELADO . Buenos Aires: UNICEN.
- [6] Guillén, J. R., López-Brea, J. J. G., Esteso, M. C., & Quintero-Moreno, A. (2007). Las dimensiones de la cabeza del espermatozoide de toros Brahman y sus mestizos son afectadas por la. ResearchGate. <https://www.researchgate.net/publication/262715557>
- [7] Valdez, E. O., Calsin, C. B., & Zegarra, O. E. (s. f.). Cinética y morfometría espermática en semen congelado sexado y convencional de toros Brown Swiss. Revista de investigaciones veterinarias del Perú, 30(1), 500-506. <https://doi.org/10.15381/rivep.v30i1.14696>
- [8] Sezgin, M., & Sankur, B. (2004). Survey over image thresholding techniques and quantitative performance evaluation. *Journal of Electronic Imaging*, 13(1), 146-165. DOI: 10.1117/1.1631315
- [9] Bevans, R. (2020, January 31). An Introduction to t Tests | Definitions, Formula and Examples. Scribbr. <https://www.scribbr.com/statistics/t-test/>
- [10] O'Shea, K., & Nash, R. (2015). An Introduction to Convolutional Neural Networks. *arXiv preprint arXiv:1511.08458*. Gomez, R. G. (2008). Enciclopedia Bovina. DF: Universidad Nacional Autónoma de México .
- [11] Alzubaidi, L., Zhang, J., Humaidi, A. J., Al-Dujaili, A., Duan, Y., Al-Shamma, O., ... & Fadhel, M. A. (2021). Review of deep learning: concepts, CNN architectures, challenges, applications, future directions. *Journal of Big Data*, 8(1), 1-74. DOI: [10.1186/s40537-021-00444-8](https://doi.org/10.1186/s40537-021-00444-8)
- [12] Pascual-Gaspar, J., Olmedo, H., Exposito, A., Exposito, A., Bermúdez, G., & Finat, J. (2008). A simple and effective systema for computer-assisted semen analysis. Valladolid: Universidad de Valladolid.
- [13] Parrish, J. J. (2010). AS/DS 434. Animal Science/ Dairy Science 434. http://www.ansci.wisc.edu/jjp1/ansci_repro/
- [14] Nature Digital Medicine. (2020). Deep learning enables robust assessment and selection of human blastocysts after in vitro fertilization. npj Digital Medicine. <https://www.nature.com/articles/s41746-019-0096-y>
- [15] Moore, D. S., McCabe, G. P., & Craig, B. A. (2013). Introduction to the Practice of Statistics (8ª ed.). W.H. Freeman and Company.
- [16] Zar, J. H. (2010). Biostatistical Analysis (5ª ed.). Pearson.
- [17] Goodfellow, I., Bengio, Y., & Courville, A. (2016). Deep Learning. MIT Press.
- [18] LeCun, Y., Bengio, Y., & Hinton, G. (2015). Deep learning. *Nature*, 521(7553), 436-444.
- [19] Karpathy, A., & Fei-Fei, L. (2015). Deep Visual-Semantic