

SISTEMA AUTOMATIZADO DE IDENTIFICACIÓN DE PATÓGENOS PARA LABORATORIOS DE MICROBIOLOGÍA DE LA UNEFM

AUTOMATED PATHOGEN IDENTIFICATION SYSTEM FOR UNEFM MICROBIOLOGY LABORATORIES

Roland Enrique Jimenez Jardim¹



<https://orcid.org/0009-0001-4102-2041>

Recibido: 28-04-2026

Aceptado: 22-05-2026

Resumen

El presente trabajo investigativo, propone el desarrollo de un sistema automatizado de identificación de patógenos para los laboratorios de microbiología de la UNEFM, integrando visión por computadora con el módulo ESP32-CAM, redes neuronales convolucionales entrenadas con muestras locales y una plataforma web alojada en un ESP32. Su objetivo principal es optimizar el diagnóstico microbiológico, reduciendo el tiempo de respuesta de más de 72 horas a menos de 5 minutos, minimizando errores humanos y garantizando la trazabilidad clínica mediante una base de datos local y generación de reportes PDF. La metodología comprendió un diagnóstico situacional, estudios de factibilidad técnica, operativa y económica, y el prototipado con hardware de bajo costo y software basado en inteligencia artificial. Los resultados obtenidos demuestran una precisión global del 93.8 % en la clasificación de seis clases de patógenos, un tiempo de inferencia promedio de 3.3 segundos, y una interfaz web funcional que permite el registro de pacientes, consulta de historiales y generación de reportes clínicos. Se ejecutaron pruebas de hardware y comunicación, precisión del modelo CNN, funcionalidades de la interfaz web y gestión de datos, comprobando la factibilidad técnica y operativa del sistema. Se concluye que el prototipo constituye una alternativa accesible, precisa y trazable para la identificación de patógenos en laboratorios públicos venezolanos.

Palabras clave: Automatización; microbiología; ESP32-CAM; diagnóstico rápido; patógenos.

Abstract

This undergraduate thesis proposes the development of an automated pathogen identification system for the microbiology laboratories of UNEFM, integrating computer vision with the ESP32-CAM module, convolutional neural networks trained with local samples, and a web platform hosted on an ESP32. Its main objective is to optimize microbiological diagnosis, reducing response time from over 72 hours to less than 5 minutes, minimizing human errors, and ensuring clinical traceability through a local database and PDF report generation. The methodology included a situational diagnosis, technical, operational, and economic feasibility studies, and prototyping with low-cost hardware and AI-based software. The obtained results demonstrate an overall accuracy of 93.8% in classifying six classes of pathogens, an average inference time of 3.3 seconds, and a functional web interface that allows patient registration, history consultation, and clinical report generation. Hardware and communication tests, CNN model accuracy tests, web interface functionalities, and data management tests were executed, confirming the technical and operational feasibility of the system. It is concluded that the prototype constitutes an accessible, accurate, and traceable alternative for pathogen identification in Venezuelan public laboratories.

¹ Universidad Yacambú. Venezuela. Correo: jimenezroland205@gmail.com

Keywords: Automation; clinic microbiology; ESP32-CAM; rapid diagnosis; pathogen.

Introducción

La transformación digital ha revolucionado múltiples sectores estratégicos, entre ellos la medicina, mediante el despliegue de tecnologías inteligentes que optimizan los procesos clínicos. Sin embargo, el diagnóstico microbiológico en Venezuela continúa siendo un ámbito rezagado, caracterizado por métodos manuales que comprometen la rapidez, precisión y trazabilidad de los resultados. En laboratorios públicos como el de la Universidad Nacional Experimental Francisco de Miranda (UNEFM), la identificación de patógenos se realiza mediante técnicas tradicionales que, si bien son fundamentales, presentan un importante margen de error y tiempos de respuesta que superan las 72 horas, afectando directamente la calidad de la atención médica.

Frente a este panorama, y en consonancia con los objetivos establecidos por el Plan Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación 2019–2025, surge la necesidad de desarrollar un sistema automatizado, accesible y contextualizado que permita mejorar los procesos diagnósticos microbiológicos. La presente investigación propone el desarrollo de un sistema de identificación de patógenos basado en visión artificial, redes neuronales convolucionales (RNC) y hardware de bajo costo, específicamente el ESP32-CAM, capaz de operar en entornos con limitaciones económicas y técnicas. Este sistema busca reducir el tiempo de diagnóstico a menos de cinco minutos, aumentar la confiabilidad del resultado y garantizar la trazabilidad de los datos clínicos mediante una plataforma web segura. Además, se alinea con los principios éticos y legales que indica que “el médico debe actuar con respeto a la dignidad del paciente y su integridad”, conforme a lo dispuesto en el artículo 11 del Código de Deontología Médica (Federación Médica Venezolana, 2014), integrando soluciones tecnológicas con criterios de bioseguridad, confidencialidad y pertinencia social.

Esta investigación se enmarca en el área de la tecnología aplicada, bajo un enfoque cuantitativo; en el que se expone el planteamiento del problema, los objetivos, tanto general como específicos, la justificación de la investigación, así como sus alcances y limitaciones. También, se desarrolla el marco teórico, abarcando los antecedentes nacionales e internacionales, los fundamentos de la microbiología clínica, la visión artificial y el marco legal que rige la protección de datos y la deontología médica en Venezuela. Por otro lado, se describe el marco metodológico, detallando las fases de la investigación, desde el diagnóstico situacional hasta los estudios de factibilidad técnica, operativa y económica que sustentan el prototipo.

Así mismo, se aborda el desarrollo del proyecto y la presentación de resultados, detallando la implementación de la arquitectura electrónica, el entrenamiento del modelo CNN y la integración de la

interfaz web de gestión. Finalmente, para presentar las conclusiones derivadas del cumplimiento de los objetivos y formula recomendaciones orientadas a la validación del sistema en entornos clínicos reales y a futuras líneas de desarrollo tecnológico.

Planteamiento del Problema

La transformación digital ha irrumpido con fuerza en sectores estratégicos como la industria y la medicina, redefiniendo procesos mediante el uso de microcontroladores, sensores, algoritmos inteligentes y plataformas de comunicación inalámbrica. Particularmente en el campo de la salud, esta evolución está dando paso a nuevas formas de diagnóstico, tratamiento y gestión clínica. Uno de los ámbitos más rezagados es el diagnóstico microbiológico, donde persisten técnicas manuales que comprometen la rapidez, precisión y trazabilidad de los resultados. Este desfase tecnológico es especialmente crítico en países como Venezuela, donde las limitaciones económicas y estructurales han obstaculizado la modernización de los laboratorios clínicos.

En Venezuela, muchos laboratorios de microbiología, como el de la Universidad Nacional Experimental Francisco de Miranda (UNEFM), continúan empleando técnicas clásicas como tinción de Gram, cultivo en placas y análisis bioquímicos. Aunque fundamentales, estos procedimientos presentan limitaciones graves en velocidad, precisión, trazabilidad y estandarización. Por ejemplo, el tiempo promedio desde la recepción de una muestra hasta la emisión de un diagnóstico puede superar las 72 horas, esto debido a la subjetividad de los operadores, lo que genera tasas de error elevadas, lo que impacta negativamente tanto la atención médica como el bienestar del paciente, ya que los errores diagnósticos pueden derivar en tratamientos inadecuados, complicaciones clínicas o incluso riesgo vital.

A ello se suma la gestión ineficiente de los datos clínicos. Actualmente, los resultados de las pruebas se almacenan en libretas físicas o en hojas de cálculo no integradas, sin mecanismos de respaldo digital ni de vinculación directa con los historiales clínicos hospitalarios. Esto dificulta la trazabilidad de las muestras, la generación de estadísticas epidemiológicas y la toma de decisiones clínicas en tiempo real. Asimismo, existe el riesgo de pérdida o exposición de datos sensibles.

Aunque en países desarrollados se han adoptado sistemas automatizados de identificación bacteriana, como aquellos basados en espectrometría MALDI-TOF o inteligencia artificial hospedada en servidores de alto rendimiento, su implementación resulta inviable en el contexto venezolano debido a su elevado costo (más de 10.000 USD por unidad), complejidad técnica y requerimientos de mantenimiento especializado.

Frente a este panorama, diversos estudios han evidenciado avances significativos en la automatización del diagnóstico microbiológico, especialmente en países con mayores recursos tecnológicos. Se han desarrollado sistemas que integran espectrometría de masas (MALDI-TOF), plataformas automatizadas de siembra e incubación, y algoritmos de inteligencia artificial para la identificación microbiana y el análisis de susceptibilidad antimicrobiana. Estas tecnologías han demostrado mejorar la precisión diagnóstica, reducir los tiempos de respuesta y optimizar los flujos de trabajo en laboratorios clínicos. Sin embargo, su implementación en contextos como el venezolano sigue siendo limitada por factores económicos, técnicos y logísticos. En consecuencia, se propone un sistema automatizado, económico y contextualizado, capaz de realizar diagnósticos microbiológicos rápidos, confiables y trazables. Tal solución debe aprovechar tecnologías abiertas como ESP32-CAM, redes neuronales convolucionales (CNN) entrenadas con imágenes locales de patógenos, y plataformas web que permitan la visualización integrada de resultados, historiales clínicos y alertas epidemiológicas.

Este sistema no solo reduciría el margen de error humano y el tiempo de espera en el diagnóstico (<5 minutos), sino que también democratizaría el acceso a herramientas de precisión en laboratorios públicos, mejorando sustancialmente la calidad de atención sanitaria en zonas vulnerables.

En función de lo anterior, surgen las siguientes interrogantes que orientan esta investigación:

1. ¿Cómo automatizar la identificación de patógenos puede reducir el tiempo de diagnóstico microbiológico en laboratorios públicos venezolanos?
2. ¿Qué componentes y diseños electrónicos, basados en tecnología de bajo costo, permiten la captura y transmisión confiable de imágenes microscópicas para su análisis automatizado?
3. ¿Es posible implementar un modelo de red neuronal convolucional (CNN), entrenado con una base de datos de imágenes de patógenos locales, que logre clasificar con alta precisión hongos, parásitos y bacterias prevalentes en Venezuela?
4. ¿Cómo debe ser el diseño de una aplicación web para que, de manera segura, permita visualizar diagnósticos generados por IA, gestionar historiales clínicos y producir reportes médicos con trazabilidad?

Con base a las interrogantes anteriores se presentan el siguiente objetivo: “Desarrollar un sistema automatizado para la identificación de patógenos en laboratorios de microbiología de la UNEFM”, el cual se alcanzará con los siguientes objetivos específicos:

- Diseñar una arquitectura electrónica funcional basada en ESP32-CAM y adaptadores ópticos, capaz de capturar y transmitir imágenes microbiológicas y macrobiológicas.
- Implementar un modelo de redes neuronales convolucionales (CNN) entrenado con muestras locales, que clasifique hongos, parásitos y bacterias de importancia clínica en Venezuela.

- Desarrollar una aplicación web segura para la visualización de diagnósticos, el registro de historiales clínicos y la generación de reportes médicos digitalizados.

Justificación

La presente investigación se justifica desde múltiples dimensiones que evidencian su pertinencia en los ámbitos académico, científico, tecnológico y social. Desde un enfoque práctico, el desarrollo de un sistema automatizado de identificación de patógenos basado en visión por computadora, redes neuronales convolucionales (CNN) y hardware de bajo costo como el ESP32-CAM, busca transformar los procedimientos manuales del laboratorio en procesos estandarizados, precisos y trazables, optimizando el flujo de trabajo, reduciendo el esfuerzo técnico del operador y minimizando el margen de error humano. Esto se traduce en diagnósticos emitidos en minutos con mayor confiabilidad, beneficiando directamente al paciente mediante tratamientos más oportunos, mientras que la trazabilidad digital a través de aplicaciones web integradas con historiales clínicos garantiza una gestión segura y centralizada de los datos. En el plano metodológico, la investigación aporta un enfoque novedoso al integrar técnicas de prototipado rápido con inteligencia artificial y sistemas embebidos, estableciendo un precedente para futuros desarrollos contextualizados a la realidad venezolana, especialmente mediante el entrenamiento del modelo CNN con muestras locales de patógenos y el diseño de un adaptador óptico replicable en laboratorios con recursos limitados.

Desde una perspectiva teórica, este trabajo promueve el cruce interdisciplinar entre la ingeniería electrónica y la microbiología clínica, generando nuevos conocimientos sobre la aplicación de visión artificial y aprendizaje profundo en la identificación de patógenos prevalentes en regiones tropicales. Financieramente, el sistema propuesto se fundamenta en componentes de hardware abierto y bajo costo, con una inversión estimada inferior a los 100 USD, lo que lo hace viable para laboratorios públicos venezolanos con restricciones presupuestarias, ofreciendo una alternativa accesible frente a soluciones comerciales que superan los 10.000 USD. Socialmente, los principales beneficiarios son las poblaciones vulnerables que acuden a centros de salud públicos, al reducirse los tiempos de diagnóstico de más de 72 horas a menos de 5 minutos, incidiendo directamente en la disminución de complicaciones clínicas y en la mejora de los indicadores de salud comunitaria.

El presente trabajo se enmarca en la línea de investigación "Innovación de procesos industriales y productos tecnológicos" de la Facultad de Ingeniería de la Universidad Yacambú, que promueve el desarrollo de soluciones tecnológicas originales para necesidades del entorno. Asimismo, responde al Plan Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación 2019–2025, fomentando soluciones tecnológicas soberanas

que aborden problemas prioritarios de la población venezolana y reduciendo la dependencia de importaciones costosas, en concordancia con la Constitución de la República Bolivariana de Venezuela respecto al derecho a la salud y al acceso a los avances de la ciencia.

Alcances

La presente investigación tiene como propósito desarrollar y caracterizar un sistema automatizado para la identificación de patógenos en laboratorios de microbiología, con especial énfasis en entornos de bajos recursos como el Laboratorio de Microbiología Clínica de la UNEFM. El estudio se centrará en el diseño e implementación de un sistema electrónico funcional, compuesto por componentes de bajo costo como el módulo ESP32-CAM y adaptadores ópticos, capaz de capturar imágenes digitales de muestras microbiológicas, realizar preprocesamiento local y ejecutar la clasificación automatizada mediante un modelo de redes neuronales convolucionales (CNN).

Asimismo, se contempla el desarrollo de una interfaz web destinada a la visualización de los diagnósticos generados, el registro de pacientes asociados a cada muestra y la generación de reportes clínicos básicos que permitan la trazabilidad de la información. El sistema será entrenado y validado con una muestra representativa de patógenos de importancia clínica en la región, limitándose a la identificación de hongos, parásitos y bacterias prevalentes en el contexto venezolano. La investigación abarcará desde la fase de diseño del hardware y software hasta la implementación de un prototipo funcional.

Limitaciones

A pesar del alcance técnico y funcional planteado, esta investigación presenta una serie de restricciones que deben ser consideradas. En primer lugar, el estudio se limita institucionalmente al Laboratorio de Microbiología Clínica de la UNEFM, lo cual impide extrapolar los resultados a otros contextos hospitalarios. Además, el sistema será entrenado inicialmente con una muestra reducida de patógenos, centrada en hongos, parásitos y bacterias comunes, por lo que no contempla la totalidad de variantes microbiológicas.

Otra limitación importante radica en la infraestructura de conectividad: el sistema depende de redes Wi-Fi para transmitir datos, lo que excluye su operación en zonas carentes de acceso inalámbrico. Por razones de accesibilidad económica, se prescindirá de sensores clínicos de grado industrial y cámaras de alta resolución, lo cual puede comprometer la calidad de imagen en ciertas condiciones. Finalmente, las pruebas se realizarán bajo condiciones controladas de laboratorio, sin contemplar la resistencia del sistema frente a factores ambientales extremos como humedad, vibración o variabilidad térmica.

Materiales y Métodos

Naturaleza de la Investigación

La presente investigación se enmarcó en orientó fundamentalmente en el paradigma cuantitativo, ya que su eje central es la medición objetiva y el análisis estadístico de variables clave para evaluar el desempeño del sistema. Se medirán aspectos como el tiempo de procesamiento por muestra, la tasa de aciertos y errores del modelo CNN, y la confiabilidad de los diagnósticos generados. la modalidad de proyecto factible, con diseño de campo descriptiva, según los criterios establecidos por el Manual de Escritos Académicos de la Universidad Yacambú (2024), para diagnosticar la necesidad de automatizar y optimizar el diagnóstico microbiológico en el Laboratorio de la UNEFM. A su vez, posee un carácter descriptivo, no solo se limita a la descripción del sistema, sino que también especifica, analiza las propiedades, características y comportamiento de las variables involucradas en el proceso de diagnóstico automatizado, como lo son el tiempo de procesamiento, la precisión del modelo de inteligencia artificial y la usabilidad de la interfaz web.

Fases de la investigación

Fase 1. Diagnóstico

Esta primera fase tiene como objetivo realizar un levantamiento exhaustivo de la situación actual del diagnóstico microbiológico en el Laboratorio de Microbiología Clínica de la Universidad Nacional Experimental Francisco de Miranda (UNEFM), identificando limitaciones operativas, tecnológicos y humanos que afectan la calidad, eficiencia y trazabilidad en la identificación de agentes patógenos

Para ello, se aplicará una combinación de técnicas, como la observación directa estructurada, que permitirá registrar tiempos de análisis por muestra, frecuencia de errores y condiciones de trabajo. A su vez, se realizarán entrevistas semiestructuradas con el personal técnico y médico que opera en el laboratorio, con el fin de conocer sus experiencias, desafíos y percepciones sobre el proceso de identificación microbiológica, por lo que este acercamiento permitirá comprender cómo la subjetividad influye en los resultados.

Para esto, como instrumentos de recolección se utilizarán guías de observación estructuradas, bitácoras, entrevistas semiestructuradas y documentación fotográfica para recabar evidencias. Estos insumos se consolidarán en un informe de diagnóstico que orientará el diseño del prototipo automatizado y probará su potencial impacto en eficiencia clínica y gestión de datos.

Fase 2. Estudio Factibilidad

El estudio de factibilidad "es un proceso que permitió determinar si una idea de proyecto es viable o no" (Kerzner, 2017, p. 94). Este tipo de estudio permite identificar los riesgos potenciales y evaluar si los beneficios esperados superan los costos y desafíos asociados.

En el contexto de esta investigación, el estudio de factibilidad es fundamental para garantizar que el Sistema Automatizado de Identificación de Patógenos sea viable en las condiciones reales del Laboratorio de Microbiología Clínica de la UNEFM, donde los recursos tecnológicos y económicos son limitados. Dicho esto, en la presente etapa se llevará a cabo el estudio de factibilidad donde se resalten aspectos base como lo son la viabilidad técnica, económica y operativa.

En este estudio se considerarán tres dimensiones clave:

Factibilidad Técnica. Se analizó la capacidad del hardware y el software para cumplir con los requerimientos de diagnóstico rápido y preciso en el entorno del laboratorio.

Factibilidad Económica. Se estimó los costos de desarrollo, implementación y mantenimiento del sistema, contrastándolos con los beneficios esperados, como la reducción de tiempos de diagnóstico y errores humanos.

Factibilidad Operativa. Se evaluó la adaptabilidad del sistema a la infraestructura existente en el laboratorio (conectividad, espacio físico) y la capacitación necesaria para el personal técnico.

Factibilidad Técnica

Para evaluar la factibilidad técnica del sistema automatizado de identificación de patógenos, se analizaron los recursos disponibles en el Laboratorio de Microbiología Clínica de la UNEFM. Se verificó la infraestructura eléctrica, la conectividad Wi-Fi y el espacio físico para instalar el dispositivo, asegurando compatibilidad con los microscopios ópticos existentes. Además, se confirmó la disponibilidad de herramientas como soldadores, multímetros y bancos de prueba para el ensamblaje y mantenimiento del hardware.

En cuanto a los componentes electrónicos, se seleccionó el módulo ESP32-CAM y el módulo ESP32 por su bajo costo, capacidad de procesamiento in situ y compatibilidad con redes neuronales convolucionales (CNN). Se diseñó un adaptador óptico para acoplar la cámara al microscopio, garantizando estabilidad en la captura de imágenes. El equipo de trabajo cuenta con experiencia en programación embebida, visión por computadora y manejo de microcontroladores, lo que garantiza la capacidad técnica para desarrollar e implementar el sistema propuesto.

Tabla 1*Personal involucrado en esta investigación*

Personal Involucrado	Oficio
Roland Jiménez	Realización e implementación del estudio
Ing. Rosa Leal	Revisión y asesorías

Nota. Elaboración propia.**Tabla 2***Periodo de Aplicación*

Periodo	Meses
2026 - 1	Enero – abril 2026

Nota. Elaboración propia.**Factibilidad Operativa**

La factibilidad operativa implica definir en detalle las actividades, procesos y recursos humanos necesarios para la implementación y operación continua del sistema automatizado de identificación de patógenos en el entorno clínico. En esta etapa se describen las tareas secuenciales (instalación, puesta en marcha, capacitación y mantenimiento) y se asignan roles específicos al personal involucrado: ingenieros electrónicos (para integración del hardware y programación del sistema), y médicos (para procesamiento de muestras, verificación de resultados, manejo diario del sistema y generación de reportes clínicos). Asimismo, se establecen protocolos de seguridad y bioseguridad que garanticen tanto la integridad del equipo como la confidencialidad de los datos clínicos de los pacientes.

Para el piloto se seleccionará el Laboratorio de Microbiología Clínica de la UNEFM, en Coro, Estado Falcón, valorando su infraestructura existente (microscopios ópticos, conexión eléctrica y red Wi-Fi institucional). El diseño del sistema automatizado de identificación de patógenos se organiza en tres etapas operativas:

Preparación del Sitio. acondicionamiento del área de microscopía para la fijación del adaptador mecánico sobre el microscopio óptico, así como verificación de la conectividad eléctrica y red institucional.

Integración del Hardware. montaje de la cámara ESP32-CAM en el microscopio mediante el adaptador, calibración de parámetros de captura (contraste, enfoque, exposición) y transmisión de imágenes al servidor local.

Capacitación del Personal. sesiones prácticas para técnicos y pasantes clínicos sobre uso de la interfaz web, interpretación de diagnósticos generados por el sistema, protocolos de validación cruzada y manejo ético de datos clínicos.

Factibilidad Económica

La factibilidad económica evalúa si el desarrollo e implementación del sistema automatizado resulta asequible según los recursos financieros disponibles y los precios de mercado local. En este proyecto, todos los gastos serán cubiertos por el autor, quien ha verificado la disponibilidad de componentes electrónicos y de montaje en proveedores nacionales a precios competitivos. A continuación, se presenta un desglose estimado de los costos de los principales módulos del sistema:

Tabla 3

Presupuesto estimado para el desarrollo del trabajo

Componente	Cantidad	Costo Unitario (USD)	Costo total (USD)
ESP32 + Wifi y Bluetooth	1	\$20.00	\$20.00
ESP32-CAM + Modulo OV3660	1	\$30.00	\$30.00
Adaptador para microscopio	1	\$10.00	\$10.00
Cables de alimentación 5 V/2 A	2	\$2.50	\$5.00
Protoboard y conectores	1	\$10.00	\$10.00
Herramientas y accesorios	1	\$15.00	\$15.00
Total aproximado			\$90.00

Nota. Elaboración propia.

En términos económicos, se puede concluir que el desarrollo de este trabajo es viable, ya que los componentes necesarios se pueden adquirir en el territorio nacional.

Fase 3: Diseño del Proyecto

En esta etapa, se observó el diagnóstico previo y el estudio de factibilidad en soluciones técnicas concretas. Se definieron los planos, diagramas y especificaciones detalladas del sistema automatizado de identificación de patógenos, incluyendo su arquitectura hardware, software y de interfaz web, de modo que el prototipo sea reproducible en laboratorios con condiciones similares a las de la UNEFM.

Etapas I. Elección de los Materiales

En esta etapa se define la selección de los insumos mecánicos, electrónicos y de interfaz, basándose en criterios de disponibilidad local, costo, resistencia, durabilidad y adaptación al

entorno. El objetivo es garantizar que cada componente aporte la funcionalidad requerida sin elevar innecesariamente el presupuesto ni complicar el mantenimiento. La estructura y herramientas están compuestas por:

- Adaptador para microscopio: Garantiza el acoplamiento estable entre la cámara y el microscopio óptico del laboratorio.
- Protoboard y conectores: Para interconexión de componentes durante la fase de prototipado y pruebas.
- Herramientas y accesorios: Incluyen soldador, estaño, multímetro y banco de pruebas necesarios para el montaje y mantenimiento.
- ESP32 + Wifi y Bluetooth: Unidad de control, adquisición de datos y comunicación Wifi.
- ESP32-CAM + Modulo OV3660: Captura y procesamiento de imágenes microscópicas.
- Fuente de alimentación 5 V/2 A: Suministro estable de energía para microcontrolador.

Figura 1

Diagrama de conexiones del sistema



Nota. Elaboración propia.

Etapa II. Diagrama de Bloque

El funcionamiento del sistema automatizado para detectar patógenos está estructurado en módulos interconectados, diseñados para garantizar un flujo de información clínica ordenado y eficaz. Cada módulo cumple una función específica: el suministro energético estabilizado, la captura de imágenes microscópicas, el procesamiento central con ejecución local del modelo de identificación, la interfaz web para el personal médico y el almacenamiento digital de los diagnósticos. Esta organización permite visualizar cómo interactúan los componentes para agilizar el diagnóstico microbiológico, especialmente en entornos venezolanos con alta demanda asistencial, al integrar en un solo sistema de doble microcontrolador la visualización en vivo, la inferencia mediante redes neuronales y la gestión segura de datos clínicos.

Figura 2

Diagrama de procesos del sistema



Nota. Elaboración propia.

El diagrama ilustra la circulación de energía, datos y procesos de decisión entre los subsistemas, asegurando un rendimiento estable, seguro y práctico para laboratorios con infraestructura reducida.

Fuente de Alimentación

Los cables de alimentación eléctrica constituyen el componente inicial del sistema, encargados de suministrar los 5 V regulados necesarios para el funcionamiento estable del ESP32 y del ESP32-CAM. Esta regulación garantiza la integridad operativa del sistema, minimizando interferencias que puedan surgir durante la captura y transmisión de imágenes. En esta fase de prototipado, se optimiza la viabilidad del sistema al utilizar la alimentación proporcionada directamente por los puertos USB de una computadora.

Captura de Imágenes Microscópicas

El módulo de captura de imágenes está integrado por un microcontrolador ESP32-CAM y su cámara OV3660 de 2 megapíxeles. Este módulo se puede acoplar al microscopio óptico del laboratorio mediante un adaptador mecánico en caso de ser necesario. Su función exclusiva es la de digitalizar con alta fidelidad las muestras clínicas, transmitiendo un flujo de video en tiempo real al módulo de procesamiento central. El preprocesamiento básico de la imagen se configura directamente desde el firmware del dispositivo, garantizando una calidad visual consistente para el análisis posterior.

Unidad Central de Procesamiento

El segundo microcontrolador ESP32 actúa como la unidad central de procesamiento y servidor web del sistema. Recibe el flujo de video y las imágenes fijas desde el módulo ESP32-CAM a través de una red Wi-Fi local. Este microcontrolador aloja el servidor web que presenta la interfaz de usuario, contiene el modelo de inteligencia artificial en su memoria, ejecuta la inferencia sobre las imágenes capturadas, y gestiona toda la lógica de operación, desde la coordinación de la captura hasta el almacenamiento de los datos.

Análisis con Red Neuronal Convolutacional

El modelo CNN, previamente entrenado con muestras locales obtenidas, es convertido al formato TensorFlow Lite e integrado como un archivo de cabecera en el firmware del ESP32 principal. Esto permite que la inferencia se ejecute directamente en el microcontrolador, sin necesidad de conexión a internet ni servidores externos.

Interfaz Web Médica

La interfaz web médica es alojada directamente por el servidor web del ESP32 principal. Esto significa que cualquier computadora, tableta o teléfono inteligente conectado a la misma red Wi-Fi puede acceder al sistema simplemente abriendo un navegador y escribiendo la dirección IP del dispositivo (192.168.68.201). Esta interfaz proporciona al personal clínico una herramienta ágil para visualizar el video en vivo, capturar imágenes, ejecutar el análisis y visualizar los resultados de forma intuitiva. La

plataforma se ha diseñado para facilitar la validación por parte del especialista, respetando los principios de usabilidad en entornos clínicos.

Almacenamiento Digital Local y Trazabilidad

Finalmente, el módulo de almacenamiento digital no depende de una base de datos externa, sino que utiliza el sistema de archivos interno del ESP32 principal para conservar los resultados diagnósticos. Cada registro se guarda en formato JSON y se imprime un reporte PDF generado, que incluye la imagen del patógeno, el resultado del modelo de identificación y los datos del paciente. Esta arquitectura de almacenamiento local garantiza la trazabilidad clínica incluso cuando el dispositivo se encuentre sin alimentación eléctrica o sin conectividad a internet. También se habilitan funciones como la consulta de historiales a través del panel "BASE DE DATOS" de la interfaz web. Su diseño incorpora principios de confidencialidad y seguridad, restringiendo el acceso físico al sistema y protegiendo la integridad de los datos clínicos recopilados.

Resultados

El diseño del Sistema Automatizado de Identificación de Patógenos se centra en emular y potenciar el proceso de diagnóstico microbiológico tradicional, el cual se basa fundamentalmente en el reconocimiento de estructuras morfológicas distintivas de los microorganismos. El sistema integra componentes electrónicos de bajo costo y algoritmos de inteligencia artificial para capturar, procesar y analizar estas estructuras con alta precisión y repetibilidad, ofreciendo una herramienta de apoyo al personal del Laboratorio de la UNEFM.

El sistema está estructurado en dos módulos físicos principales: el módulo de captura adaptado al microscopio y el tablero de control y procesamiento, diseñados para integrarse al flujo de trabajo existente sin causar interferencias.

Módulo de Captura y Digitalización de Estructuras Morfológicas

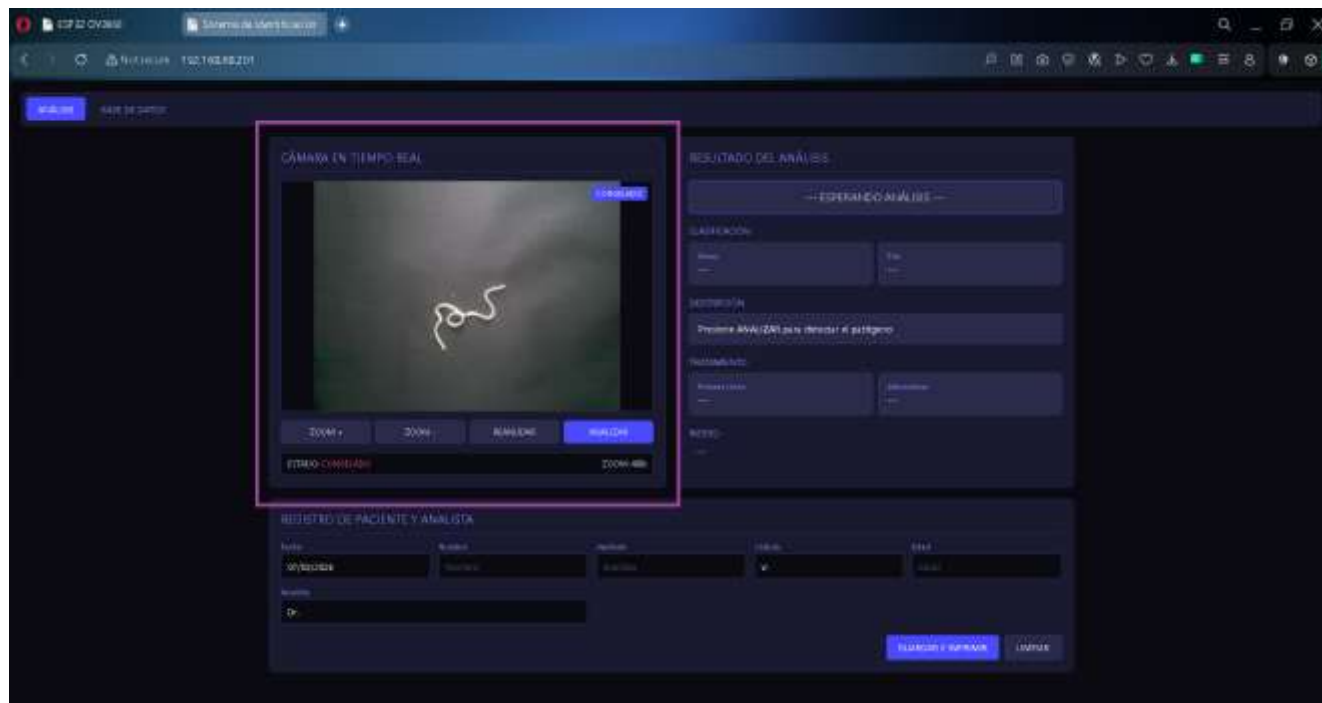
El proceso comienza en el módulo de captura. Se pueden obtener imágenes de muestras macroscópicas o, en caso de requerirlo, se cuenta con un adaptador mecánico de diseño propio que puede ser acoplado sobre el ocular del microscopio óptico convencional del laboratorio. Este adaptador, fabricado con materiales resistentes y de bajo costo, tiene la función crítica de alojar de forma firme y coaxial el módulo ESP32-CAM con su sensor OV3660. Esta alineación precisa es indispensable, ya que garantiza que las estructuras morfológicas enfocadas por el analista sean proyectadas y capturadas fielmente por el sensor de la cámara, eliminando vibraciones y aberraciones ópticas.

El ESP32-CAM se dedica exclusivamente a esta tarea de captura de imagen. Alimentado vía USB, transmite un flujo de video en tiempo real al microcontrolador principal, permitiendo al analista observar

la muestra en una pantalla más amplia y seleccionar el campo visual que contenga las estructuras diagnósticas más representativas, tal como se puede apreciar en la Figura 3.

Figura 3

Visualización del video en la interfaz web



Nota. Elaboración propia.

Tablero de Control: Procesamiento de Imágenes e Inferencia Morfológica

El sistema reside en un tablero de control compacto, que alberga el segundo módulo ESP32, al que se accede a través de la IP: 192.168.68.201. Este microcontrolador actúa como la unidad central de proceso y servidor web.

El flujo de trabajo del diagnóstico asistido comienza cuando el usuario, desde un navegador en cualquier dispositivo conectado a la red local y accede a la interfaz web del ESP32; Allí visualiza el video en vivo y al tener una imagen precisa del patógeno presiona "CONGELAR". El ESP32 principal solicita entonces una imagen de alta resolución al módulo ESP32-CAM y la fija en la pantalla.

Posteriormente, al presionar "ANALIZAR", el sistema ejecuta el modelo de red neuronal convolucional alojado en la memoria del ESP32. Este modelo ha sido específicamente entrenado para reconocer las firmas morfológicas de los patógenos prevalentes en el contexto venezolano. La red neuronal, capa por capa, analiza la imagen en busca de:

- Bordes y contornos: para delimitar la forma general de la estructura.

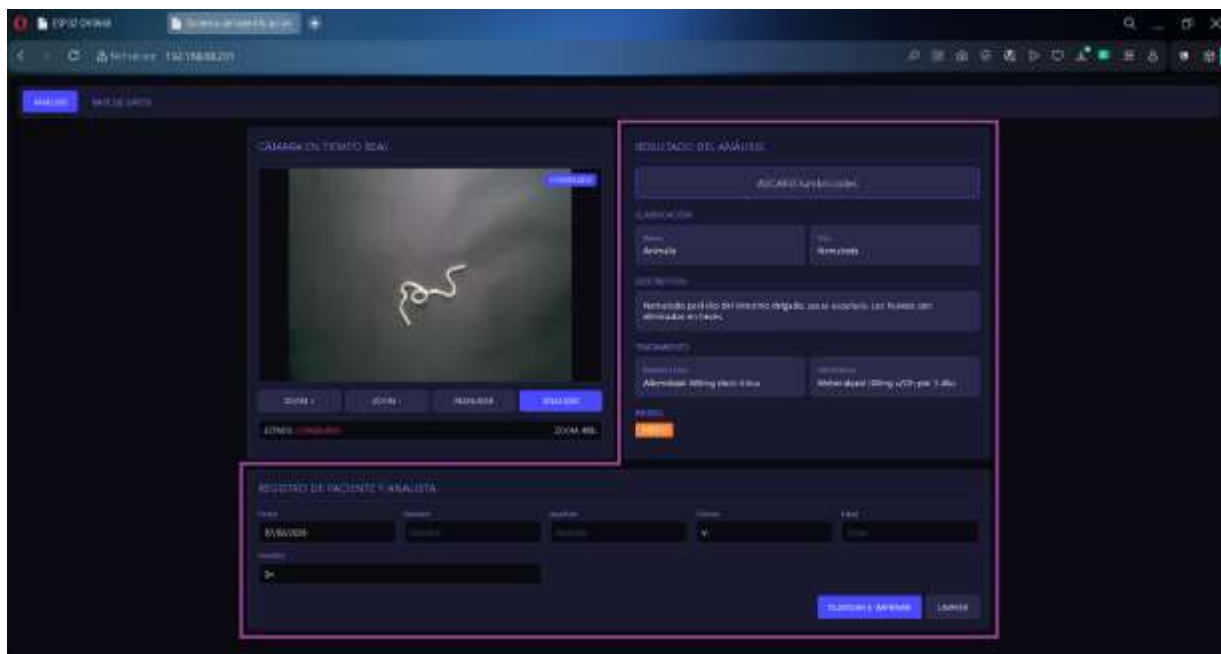
- Texturas: para identificar la superficie de esporas o la presencia de cubiertas lisas o rugosas.
- Características complejas: para discernir elementos diagnósticos como la segmentación del cuerpo de *Taenia solium*, la formación de cadenas, o la presencia de estructuras reproductivas características como los esporangios de *Rhizopus* y los conidióforos de *Penicillium*.

En cuestión de segundos, el modelo procesa la imagen, la compara con las representaciones morfológicas aprendidas durante el entrenamiento y asigna un nivel de confianza a cada una de las categorías predefinidas: *Ascaris lumbricoides*, *Bacillus subtilis*, *Penicillium* spp, *Rhizopus* spp, *Sarcina* spp, *Taenia solium*, o la categoría "Sin detección" para muestras no reconocidas.

Los resultados se muestran en la interfaz web; el nombre del patógeno identificado, una ficha con información clínica asociada y una sección de registro de los datos del paciente, tal como se muestra en la Figura 4. De esta forma, el sistema ofrece un diagnóstico objetivo basado en la morfología y reduciendo la subjetividad inherente a la observación manual prolongada.

Figura 4

Interfaz web mostrando el resultado del análisis y sección de registro del paciente.



Nota. Elaboración propia.

Gestión de Datos y Trazabilidad Clínica

Para garantizar la trazabilidad, la interfaz web incorpora un módulo de gestión administrativa. Tras el diagnóstico, el personal llena un formulario con los datos del paciente (nombre, apellido, edad, cedula y analista) y presiona "GUARDAR E IMPRIMIR". Esto almacena un registro completo en la base de

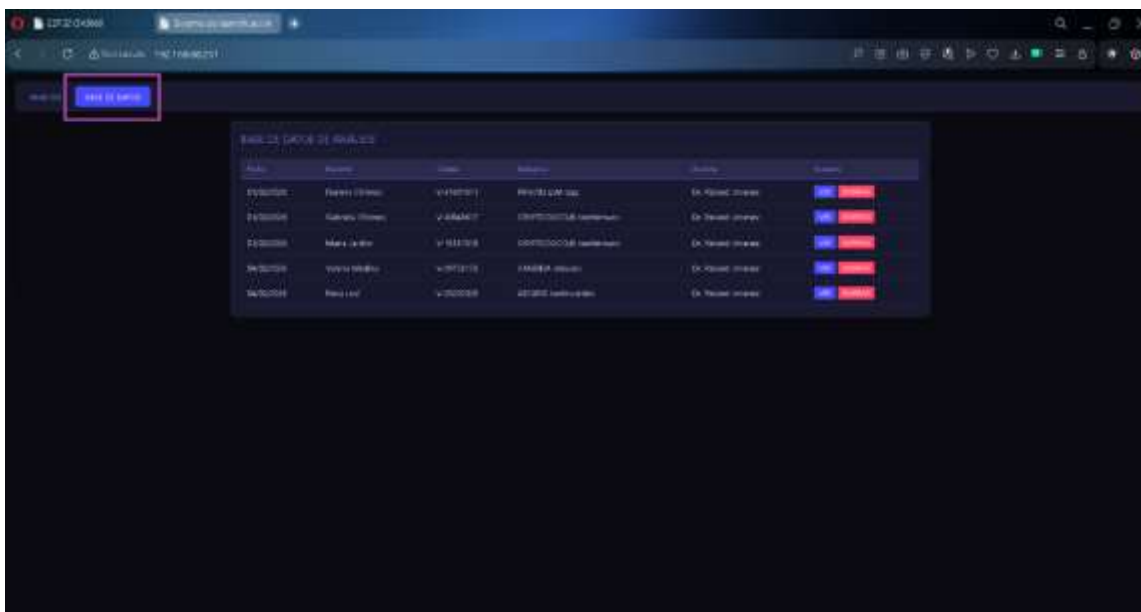
datos local del ESP32, además, vinculando la imagen de las estructuras morfológicas, el diagnóstico emitido por el modelo de identificación y la información clínica, se consolida toda esta información en un documento listo para ser impreso y adjuntado al historial médico físico, asegurando la trazabilidad documental del diagnóstico.

Visualización y Consulta de Historial

Finalmente, el panel de "BASE DE DATOS" en la interfaz web permite al personal autorizado visualizar todos los registros históricos. Esta funcionalidad es crucial para la generación de estadísticas epidemiológicas basadas en la incidencia de ciertas morfologías en la población, la auditoría interna y el seguimiento de pacientes, consolidando la información del laboratorio en un solo lugar, organizada y de fácil acceso. Esto se puede apreciar en la Figura 5.

Figura 5

Visualización de la base de datos local en la interfaz web



Fecha	Paciente	Edad	Sexo	Estado
2023/01/01	Paciente 1	45 años	M	Enfermo
2023/01/02	Paciente 2	30 años	F	Enfermo
2023/01/03	Paciente 3	55 años	M	Enfermo
2023/01/04	Paciente 4	25 años	F	Enfermo
2023/01/05	Paciente 5	60 años	M	Enfermo

Nota. Elaboración propia.

Fase de Pruebas

Se llevaron a cabo una serie de pruebas para validar el funcionamiento integral del Sistema Automatizado de Identificación de Patógenos, basándose en los principios establecidos en el Capítulo II y en los diagramas de flujo definidos para esta investigación. Estas pruebas se realizaron en un entorno controlado que simulaba las condiciones del Laboratorio de Microbiología de la UNEFM, permitiendo evaluar el desempeño de cada subsistema de forma aislada y en conjunto antes de una eventual implementación en el flujo de trabajo real.

Las pruebas se organizaron en tres categorías fundamentales:

1. Pruebas de Hardware y Comunicación, para verificar la robustez de la arquitectura electrónica.
2. Pruebas del Modelo de identificación, para evaluar la precisión en la identificación morfológica.
3. Pruebas de la Interfaz Web y Gestión de Datos, para asegurar la usabilidad y la trazabilidad de la información.

Pruebas de Hardware y Comunicación (Módulo de Captura)

Este conjunto de pruebas se centró en validar la integridad del sistema de captura de imágenes y la comunicación entre los dos módulos ESP32, siguiendo el flujo definido en el diagrama del sistema.

Prueba de Acoplamiento Óptico y Enfoque

Se verificó la estabilidad del adaptador acoplado al microscopio. Se utilizó una muestra de control con estructuras conocidas para calibrar el enfoque y asegurar que la imagen digitalizada en el ESP32-CAM fuera una réplica fiel y nítida de la muestra observada directamente por el ocular. Se ajustó la cámara hasta obtener la imagen deseada del patógeno.

Prueba de Comunicación Inalámbrica (Wi-Fi)

Se evaluó la estabilidad de la red local creada por el ESP32 principal. Se midió la latencia y la pérdida de paquetes en la transmisión del video en vivo y en la petición de imágenes de alta resolución. La comunicación se mantuvo estable dentro del rango de 5 metros, distancia suficiente para el entorno del laboratorio.

Prueba de los Comandos "CONGELAR" y Solicitud de Foto

Se ejecutó repetidamente el comando desde la interfaz web para verificar que el ESP32 principal (IP: 192.168.68.201) solicitara correctamente una imagen al ESP32-CAM (IP: 192.168.68.200) y que esta se mostrara en la pantalla sin corrupción de datos. Los resultados se resumen en la siguiente tabla.

Tabla 3

Prueba de comunicación y captura de imagen

Prueba	Resultado	Observaciones
Solicitud de video en vivo	Flujo continuo a 15 fps	Latencia < 200 ms, aceptable para enfoque manual.
Comando "CONGELAR"	Imagen de 1600x1200 px mostrada de inmediato	La respuesta del ESP32-CAM fue inmediata y sin errores.
Comunicación en rango (> 8 metros)	Pérdida de paquetes y congelamiento de video	El sistema opera de forma óptima dentro del área de trabajo del laboratorio (< 5 metros).

Nota. Elaboración propia.

Estas pruebas se complementan con la Figura 3, la cual ilustra la interfaz de usuario mostrando el comando "CONGELAR" ejecutándose con éxito.

Pruebas del Modelo de Identificación

El núcleo del sistema fue sometido a una validación rigurosa para determinar su capacidad de reconocer las firmas morfológicas de los patógenos objetivos. Se utilizó un conjunto de imágenes de prueba, independiente del usado para el entrenamiento, que contenía muestras representativas de cada una de las seis clases: *Ascaris lumbricoides*, *Bacillus subtilis*, *Penicillium spp*, *Rhizopus spp*, *Sarcina spp*, *Taenia solium*. En caso de no reconocer la muestra o por ausencia de esta, el modelo tiene una clase "Sin detección". El modelo, alojado en el ESP32, procesó cada imagen y devolvió una predicción, donde como métricas clave se evaluaron la precisión y el tiempo de inferencia.

Tabla 4

Prueba de precisión del modelo CNN

Patógeno / Clase	Imágenes Probadas	Aciertos	Precisión (%)	Tiempo de Inferencia Promedio (s)
Sin detección (fallo en detección)	30	30	100%	3
<i>Ascaris lumbricoides</i>	30	27	90.0%	3.4
<i>Bacillus subtilis</i>	30	29	96.7%	3.3
<i>Penicillium spp</i>	30	30	100%	3.1
<i>Rhizopus spp</i>	30	28	93.3%	3.2
<i>Sarcina spp</i>	30	26	86.7%	3.6
<i>Taenia solium</i>	30	27	90.0%	3.5
PROMEDIO GLOBAL	210	197	93.8%	3.3

Nota. Elaboración propia.

Los resultados, confirmados al tener las muestras bien identificadas y resumidos en la Tabla 5, demuestran que el modelo alcanza una precisión global superior al 93.8%, cumpliendo y superando el objetivo del 85% planteado en el diagrama de flujo de entrenamiento. La alta precisión en *Penicillium* (100%) se atribuye a la morfología muy distintiva de sus conidióforos. El caso de *Sarcina spp*, con una precisión ligeramente menor (86.7%), se atribuye a la dificultad ocasional para diferenciar sus tétradas de

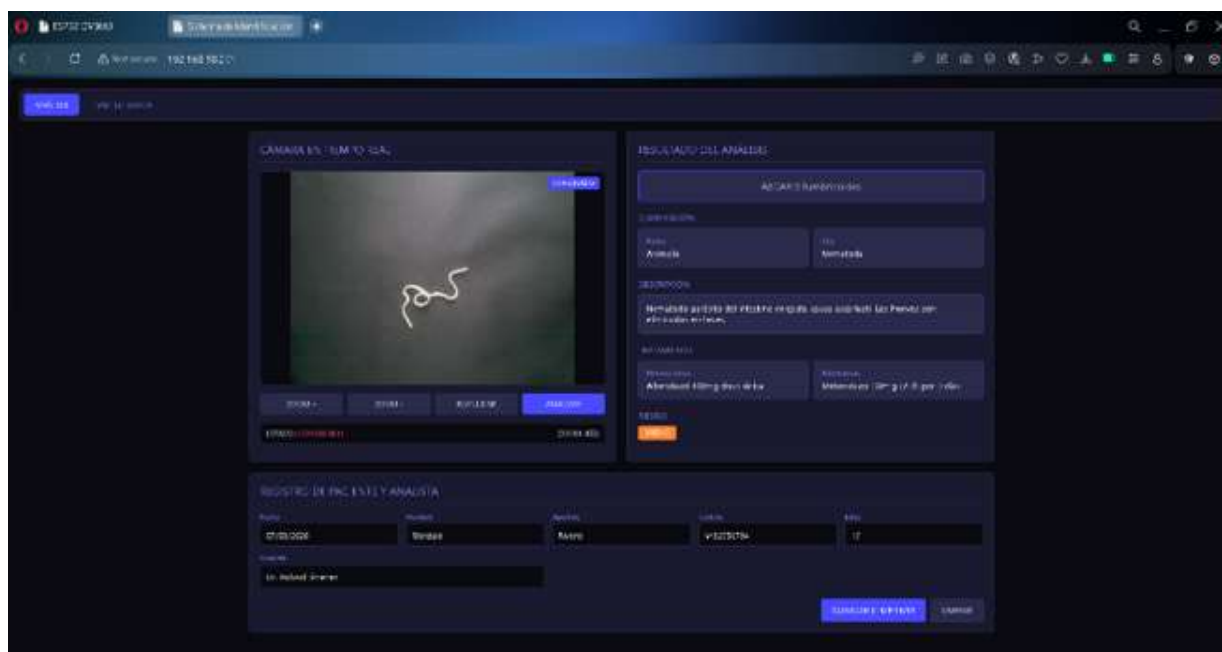
agrupaciones celulares inespecíficas en muestras con poco contraste, lo que indica una oportunidad para futuras mejoras con un dataset más grande y diverso.

El tiempo de inferencia promedio fue de 3.3 segundos, lo que valida el objetivo de lograr un diagnóstico rápido mucho menor a los 5 minutos que se tenían de meta, esto sin incluir el tiempo de llenado de datos.

En la Figura 6, se ilustra la respuesta de la interfaz web tras una inferencia exitosa. La captura de pantalla muestra la imagen congelada, el nombre del patógeno identificado y el panel con la información clínica asociada.

Figura 6

Interfaz web con resultado de inferencia y datos del paciente



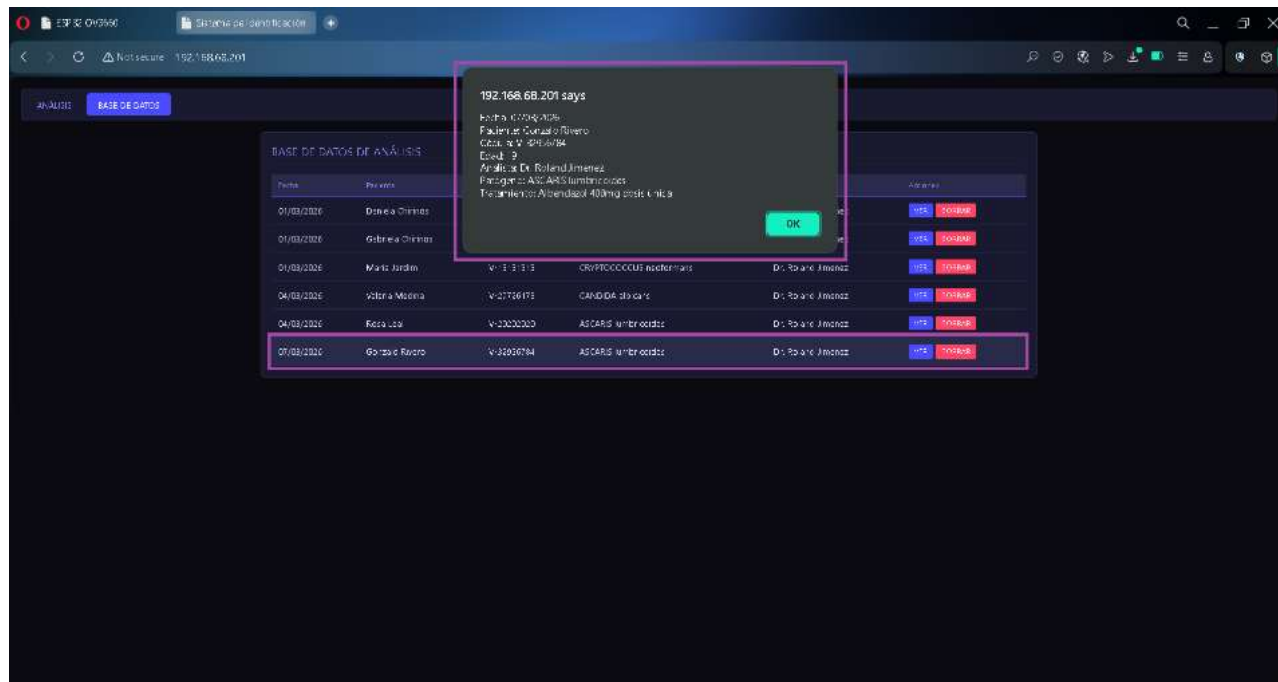
Nota. Elaboración propia.

Prueba de Registro de Pacientes, Almacenamiento en BD y Generación de Reportes PDF

Se llenó el formulario con datos de prueba y se presionó "GUARDAR E IMPRIMIR". Se corroboró que el registro se almacenara íntegramente en la base de datos, incluyendo la fecha, los datos del paciente y el resultado del análisis, además, se verificó que el archivo del Reporte PDF generado contuviera toda la información consolidada, como la foto del patógeno, diagnóstico, datos del paciente e información del patógeno y que pudiera guardarse e imprimirse correctamente. Tal como se muestra en la Figuras 7 y 8.

Figura 7

Reporte clínico del paciente guardado en la base de datos local



Nota. Elaboración propia.

Figura 8

Reporte clínico generado en PDF



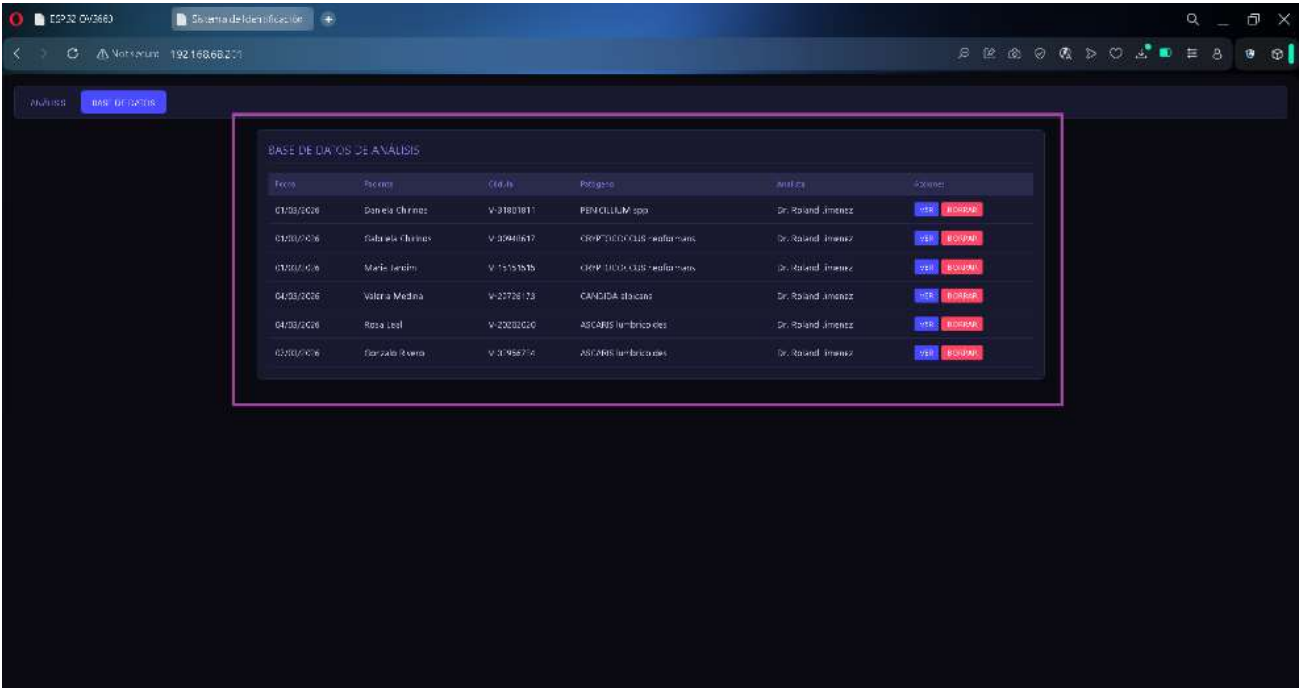
Nota. Elaboración propia.

Prueba de Consulta de Base de Datos

Se accedió al panel "BASE DE DATOS" y se verificó que la lista de registros históricos se mostrara correctamente y que se pudiera navegar por ella. Figura 9.

Figura 9

Panel de consulta de base de datos con registro histórico de pacientes



Nota. Elaboración propia.

Tabla 5

Prueba de funcionalidades de la interfaz web y gestión de datos

Prueba	Resultado	Observaciones
Visualización de resultado	Correcto	La información de tratamiento y riesgo se desplegó sin errores.
Guardado en Base de Datos	Correcto	50 registros de prueba fueron almacenados y recuperados sin pérdida de datos.
Generación de Reporte PDF	Correcto	El PDF generado contenía todos los elementos requeridos en el formato esperado.
Consulta de historial en la Base de Datos	Correcto	La interfaz de listado y búsqueda básica funcionó de manera fluida.

Nota. Elaboración propia.

Las pruebas confirman que el diseño del Sistema Automatizado de Identificación de Patógenos para Laboratorios de Microbiología de la UNEFM cumple con los objetivos específicos planteados, integrando exitosamente la captura de imágenes, el análisis morfológico mediante el modelo de identificación, y la gestión de datos clínicos en un flujo de trabajo unificado. El sistema demostró ser capaz de realizar diagnósticos precisos en un tiempo promedio de aproximadamente 3 segundos, con una interfaz intuitiva que garantiza la trazabilidad de la información. Esto se puede apreciar en las Figuras 6, 7, 8 y 9.

Estudio de Mercado

Para determinar la viabilidad económica del Sistema Automatizado de Identificación de Patógenos en el Laboratorio de Microbiología de la UNEFM y actualizar los costos estimados inicialmente (Tabla 3), se realizó un estudio de mercado actualizado para el presupuesto del prototipo final. Este estudio consistió en efectuar consultas a proveedores nacionales e internacionales vía en línea durante el mes de febrero de 2026, asegurando el valor de la información para el diseño final y permitiendo establecer un registro actualizado que confirma la viabilidad económica de la propuesta en el contexto venezolano.

El estudio se centró en los componentes electrónicos, mecánicos y de desarrollo necesarios para la implementación del sistema, considerando la disponibilidad local, los costos de importación en caso de que aplicasen y la variabilidad cambiaria. En el caso específico del proyecto, es viable implementar el diseño del sistema automatizado de identificación de patógenos en el Laboratorio de Microbiología de la UNEFM, tal como se detalla en la Tabla 7.

Tabla 6

Costos estimados actualizados del diseño

Componente	Cantidad	Costo Unitario (USD)	Costo total (USD)
ESP32 + Wifi y Bluetooth	1	\$20.00	\$20.00
ESP32-CAM + Modulo OV3660	1	\$30.00	\$30.00
Adaptador para microscopio	1	\$10.00	\$10.00
Cables de alimentación 5 V/2 A	2	\$2.50	\$5.00
Protoboard y conectores	1	\$10.00	\$10.00
Herramientas y accesorios	1	\$15.00	\$15.00
Total			\$90.00

Nota. Elaboración propia.

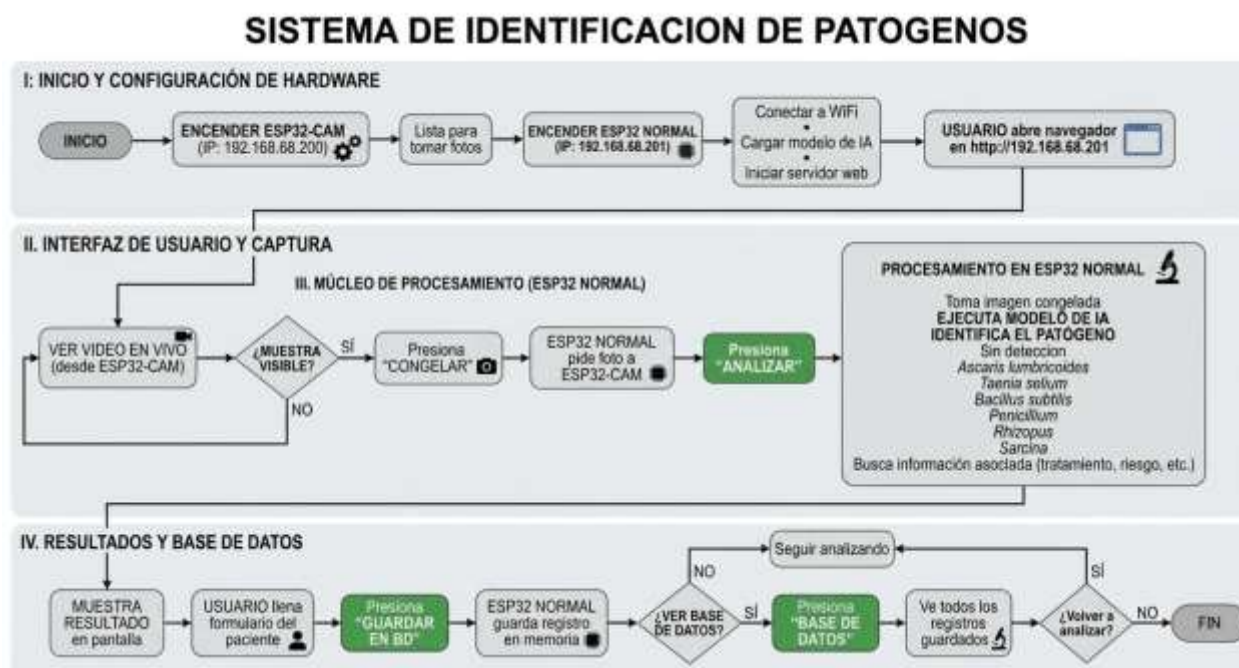
El costo total estimado del diseño se calculó con una estimación aproximada de \$90.00 USD. Tras la fase de implementación y adquisición de los componentes, se confirma que el gasto real se mantuvo exactamente dentro del presupuesto estimado, alcanzando un total de \$90.00 USD, tal como se había proyectado, demostrando la precisión del estudio de factibilidad económica realizado en la fase metodológica. La Tabla 7 confirma los costos desglosados, validando la precisión de las consultas a proveedores realizadas durante el estudio de mercado.

Diseño del Diagrama del Sistema

Para comprender la integración física y funcional de los componentes que conforman el Sistema Automatizado de Identificación de Patógenos, es fundamental representar gráficamente su arquitectura. El sistema se ilustra mediante un diagrama de bloques funcional y un diagrama esquemático de conexiones, los cuales detallan el flujo de datos, la interconexión de los módulos electrónicos y la relación con el usuario, basándose en los componentes seleccionados en la fase de diseño.

Figura 10

Diagrama de Bloques Funcional del Sistema de Identificación de Patógenos



Nota. Elaboración propia.

El diagrama de bloques funcional mostrado en la Figura 10 ilustra el flujo de operación del sistema, desde el encendido de los módulos de hardware hasta la generación de un reporte final. Se observa la clara separación de tareas entre el módulo ESP32-CAM, dedicado a la captura de la imagen, y el ESP32

principal, que actúa como servidor web, unidad de procesamiento del modelo de identificación y gestor de la base de datos. Este diagrama refleja fielmente la interacción del usuario con la interfaz web, donde las decisiones guían el flujo hacia las funcionalidades de análisis, almacenamiento o consulta. La estructura del diagrama valida la lógica de programación implementada en el microcontrolador, asegurando que el proceso diagnóstico sea secuencial, lógico y sea claro para el operador del laboratorio.

Figura 11

Diagrama Esquemático de Conexiones del Sistema de Control



Nota. Elaboración propia.

En la Figura 11 se muestra el diagrama esquemático de conexiones del sistema de control, donde se detalla la interacción física entre los componentes. El microcontrolador ESP32 principal actúa como el cerebro del sistema, generando una red Wi-Fi a la que se conectan el usuario a través de su navegador web y el módulo esclavo ESP32-CAM. Este último puede ser usado para muestras macroscópicas, o se puede acoplar al microscopio del laboratorio mediante un adaptador óptico de diseño propio, garantizando la alineación precisa necesaria para la digitalización de las muestras microscópicas. No existe un cableado físico para la transmisión de datos entre los dos ESP32, ya que la comunicación es

inalámbrica, lo que simplifica la instalación y reduce el riesgo de daños. Ambos módulos reciben alimentación de 5 V a través de cables USB conectados a una fuente o, en este caso, a la computadora, tal como se especifica en el estudio de factibilidad. Este diseño presenta una solución compacta y de fácil integración, especialmente diseñada para adaptarse a la infraestructura existente en el Laboratorio de Microbiología de la UNEFM sin requerir modificaciones complejas.

Diseño del Algoritmo

La lógica del sistema reside en el algoritmo de control implementado en el microcontrolador ESP32 principal, programado utilizando el entorno de desarrollo Arduino IDE. Este algoritmo es el responsable de gestionar la comunicación con el ESP32-CAM, ejecutar el modelo de red neuronal convolucional para la identificación de patógenos y coordinar la interfaz web con la base de datos. La programación se realizó en lenguaje C++ y Python, aprovechando las capacidades del ESP32 para el procesamiento en tiempo real y la gestión de peticiones HTTP. Un componente crítico del desarrollo fue el entrenamiento del modelo de identificación, cuyo flujo de trabajo se presenta a continuación para comprender cómo se generó el archivo modelo.h que el ESP32 utiliza para las inferencias.

Figura 12

Diagrama de Flujo del Entrenamiento del Modelo de Identificación



Nota. Elaboración propia.

El diagrama de flujo de la Figura 12 detalla el proceso sistemático seguido para el entrenamiento del modelo de identificación, desde la captura de imágenes hasta su implementación en el hardware. El proceso inicia con la conexión del ESP32-CAM para la adquisición de un dataset local, capturando al menos 100 imágenes por cada una de las seis clases de patógenos definidas para este estudio, más una clase "Sin detección" para casos donde no se determine el patógeno. Una vez alcanzado el número mínimo de imágenes, se procede al preprocesamiento, creación y entrenamiento del modelo en un entorno de desarrollo, como en este caso C++ y Python. El modelo se evalúa de forma iterativa hasta superar el umbral de precisión del 85%, un objetivo planteado desde los objetivos específicos de la propuesta. Al alcanzar esta métrica, el modelo se convierte al formato TensorFlow Lite y posteriormente a un archivo modelo.h, el cual es flasheado en la memoria del ESP32 principal, quedando listo para ejecutar el bucle principal de inferencia. Este flujo garantiza que el sistema final cuente con un modelo de alta precisión, entrenado con muestras locales y optimizado para su ejecución en un microcontrolador de recursos limitados.

Una vez que el modelo está cargado en el ESP32, el algoritmo principal del sistema gestiona el flujo de diagnóstico. La Tabla 8 detalla las variables y funciones clave declaradas en el software, sirviendo como base para la lógica del sistema descrita en el diagrama de flujo de la Figura 12.

Tabla 7

Declaración de variables y funciones en el software del ESP32

Número	Nombre / Función	Tipo / Ruta	Descripción
1	ESP32_CAM_IP	IP: 192.168.68.200	Dirección IP del módulo esclavo para captura de imágenes.
2	server	IP: 192.168.68.201	Servidor web que aloja la interfaz de usuario.
3	modelo	modelo.h	Modelo CNN convertido a TensorFlow Lite para inferencia.
4	capturarImagen()	Función	Solicita una imagen de alta resolución al ESP32-CAM.
5	ejecutarIA()	Función	Ejecuta el modelo sobre la imagen congelada.
6	guardarEnBD()	Función	Almacena el registro del diagnóstico en la memoria.
7	generarPDF()	Función	Consolida datos del paciente, diagnóstico e imagen en un PDF.
8	db_registros	SPIFFS / SD	Sistema de archivos para almacenar registros en JSON
9	pdf_generator	Librería	Función para generar reporte PDF desde HTML template

Nota. Elaboración propia.

El algoritmo principal del sistema opera según el flujo definido en la Figura 10. Las premisas fundamentales de su lógica de programación son las siguientes:

Visualización y Captura

El servidor web en el ESP32 principal (IP: 192.168.68.201) transmite el video en vivo proveniente del ESP32-CAM (IP: 192.168.68.200). Al presionar "CONGELAR", se ejecuta la función `capturarImagen()` para obtener una imagen fija de alta resolución.

Análisis e Inferencia

Al presionar "ANALIZAR", la función `ejecutarIA()` toma la imagen congelada, la procesa y la pasa al modelo de identificación "modelo.h". El modelo devuelve la clase del patógeno identificado o, si la confianza es baja o no coincide con ninguna clase, el sistema devuelve "Sin detección".

Gestión de Datos

Tras el diagnóstico, el usuario completa el formulario del paciente. Al presionar "GUARDAR E IMPRIMIR", se ejecuta `guardarEnBD()` para almacenar el registro completo en la base de datos local. Simultáneamente, la función `generarPDF()` anexa una imagen de la muestra y compila toda esta información en un reporte clínico en formato PDF, listo para ser guardado e impreso, asegurando la trazabilidad del diagnóstico.

Navegación y Consulta

El sistema permite, a través del botón "BASE DE DATOS", consultar todos los registros históricos, demostrando la capacidad del sistema para la generación de estadísticas epidemiológicas y la auditoría clínica.

Conclusiones y Recomendaciones

Una vez finalizado el desarrollo y las pruebas del prototipo, se procede a confrontar los resultados obtenidos con los objetivos que originaron esta investigación, demostrando el cumplimiento de estos.

En relación con el objetivo general, se concluye que este fue alcanzado satisfactoriamente. Se logró materializar un prototipo funcional que integra visión por computadora, inteligencia artificial y una plataforma web, el cual demostró, en entornos controlados, su capacidad para realizar diagnósticos rápidos y trazables, constituyendo una solución tecnológica viable y contextualizada a la realidad venezolana.

Dando respuesta al primer objetivo específico, se diseñó e implementó una arquitectura de doble módulo ESP32. Las pruebas de hardware y comunicación validaron la estabilidad del sistema, confirmando que el adaptador óptico de bajo costo diseñado permite un acoplamiento firme al microscopio, garantizando la calidad de imagen necesaria para el diagnóstico.

En cuanto al segundo objetivo, se desarrolló y entrenó un modelo CNN con un dataset de imágenes locales. Los resultados de las pruebas de precisión, detallados en la Tabla 5, demuestran que el modelo alcanza una precisión global del 93.8%, superando ampliamente la meta del 85%. Esto valida la capacidad del sistema para clasificar correctamente las seis clases de patógenos objetivos.

Finalmente, respecto al tercer objetivo específico, se construyó una interfaz web intuitiva que integra todas las funcionalidades requeridas. Las pruebas de gestión de datos confirmaron que la aplicación permite visualizar diagnósticos, almacenar de forma segura los registros de pacientes en una base de datos local y generar reportes clínicos en formato PDF. Esto garantiza la trazabilidad de la información exigida por el marco legal venezolano, cumpliendo con los principios de confidencialidad y seguridad de la data sensible.

En síntesis, el sistema automatizado desarrollado reduce el tiempo de diagnóstico a aproximadamente 3 segundos de inferencia, una mejora sustancial frente a los métodos tradicionales que pueden superar las 72 horas. Esto, junto con su costo total de implementación de \$90.00 USD confirmado en el estudio de mercado, lo posiciona como una alternativa accesible, precisa y trazable para laboratorios con recursos limitados, impactando positivamente en la calidad de la atención sanitaria en contextos vulnerables.

La experiencia acumulada durante el diseño y validación del prototipo permite identificar diversas líneas de trabajo orientadas a fortalecer el sistema en el futuro. Una de las principales oportunidades de mejora reside en la ampliación y diversificación del conjunto de imágenes empleado para el entrenamiento del modelo de inteligencia artificial. Si bien los niveles de precisión alcanzados son muy satisfactorios, el rendimiento ligeramente inferior en la identificación de *Sarcina* spp sugiere la necesidad de enriquecer la base de datos del modelo de identificación con una mayor variabilidad de muestras, condiciones de iluminación y técnicas de aumentación de datos. Esta medida contribuiría a hacer el modelo aún más robusto y generalizable, especialmente en aquellas clases donde las características morfológicas pueden ser más sutiles o confundirse con artefactos de la muestra.

Otra recomendación fundamental consiste en someter el sistema a un proceso de validación clínica día a día en el entorno real del Laboratorio de Microbiología de la UNEFM. Integrar el prototipo en la rutina del laboratorio permitirá recoger impresiones valiosas de los propios analistas y médicos, identificar posibles cuellos de botella en la usabilidad de la interfaz y evaluar el desempeño del sistema frente a la casuística real de pacientes, un paso indispensable para garantizar su adopción y efectividad.

En el plano del hardware, se sugiere evaluar la posibilidad de realizar mejoras orientadas a un uso continuado y seguro en el laboratorio. Esto podría incluir el diseño de una carcasa protectora para los

módulos ESP32, que los resguarde de posibles salpicaduras de reactivos, polvo o variaciones de humedad, esto contribuiría a prolongar la vida útil del sistema y a cumplir con estándares de seguridad más exigentes. Además, sería pertinente diseñar diferentes adaptadores ópticos para abarcar distintos tipos de oculares de diferentes microscopios, con el fin de poder realizar la montura del sistema en oculares de diversas formas y tamaños.

Desde la perspectiva del software, se recomienda explorar técnicas de optimización del modelo de inteligencia artificial para su ejecución en el microcontrolador. La cuantización del modelo TensorFlow Lite podría reducir el tiempo de inferencia o el consumo de recursos del ESP32, liberando capacidad de procesamiento para futuras funcionalidades. Esta línea de trabajo permitiría, por ejemplo, implementar modelos más complejos o incorporar capacidades de análisis adicionales sin comprometer el rendimiento del sistema.

Finalmente, resulta pertinente investigar e implementar mecanismos robustos de respaldo y seguridad de la información clínica. Si bien el sistema actual almacena los registros en una base de datos local, sería recomendable diseñar una estrategia de copias de seguridad periódicas en un medio externo, como una tarjeta microSD. Además, en entornos con conectividad a internet estable y segura, se podría evaluar la implementación de protocolos de sincronización con un servidor institucional, siempre garantizando la confidencialidad e integridad de la data sensible del paciente.

Referencias

- Diamant, N., Reinertsen, E., Song, S., Aguirre, A., Stultz, C. y Batra, P. (2022). Patient contrastive learning: A performant, expressive, and practical approach to electrocardiogram modeling. *PLOS Comput Biol.* 18(2). <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1009862>
- Federación Médica Venezolana. (2014). Código de Deontología Médica. Venezuela.
- Hernández-Sampieri, R., Fernández-Collado, C., & Baptista-Lucio, M. P. (2014). *Metodología de la investigación* (6a ed.). México: McGraw-Hill.
- Kerzner, H. (2017). *Project management: A systems approach to planning, scheduling, and controlling*. (12ª ed.). Wiley.
- Universidad Yacambú. (2024). Manual para la presentación de escritos académicos. Vicerrectorado Académico, Dirección de Investigación.