

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE HIDALGO



Escuela Superior de Apan

TESIS DE LICENCIATURA

Implementación de Inteligencia Artificial (YOLOv8) para la Identificación
Morfológica de *Scenedesmus* sp. y *Nostoc* sp.

Para obtener el título de
Licenciada en Ingeniería en Biociencias

P R E S E N T A
Paola Arrieta González

Directores de Tesis
Dr. Aldo Christiaan Jardínez Vera
Dr. Pablo Antonio López Pérez

Apan, Hidalgo., México, 8 de Diciembre del 2025



Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo
Escuela Superior de Apan

Campus Apan

Número de control: ESAP-035/2025

Asunto: Autorización de impresión de tesis

Paola Arrieta González

P.D.L.I.B.C.

PRESENTE

Por este medio le comunico que, el jurado asignado a la pasante de la Licenciatura en Ingeniería en Biociencias **Paola Arrieta González (351920)**, a quienes les presentó el trabajo para su titulación en la modalidad de tesis con el título **“Implementación de Inteligencia Artificial (YOLOv8) para la Identificación Morfológica de *Scenedesmus* sp. y *Nostoc* sp.”**, después de la revisión ha autorizado la impresión.

A continuación, se presentan las firmas de conformidad de los miembros de este jurado:

PRESIDENTE: Dr. Arturo Hernández Hernández

SECRETARIO: Dr. José Marco Antonio Franco Pérez

PRIMER VOCAL: Dr. Pablo Antonio López Pérez

SEGUNDO VOCAL: Dr. Aldo Christiaan Jardínez Vera

TERCER VOCAL: M. C. Josue Lozada Coronel

SUPLENTE: Dr. Luis Alberto Hernández Hernández

ATENTAMENTE

“Amor, Orden y Progreso”

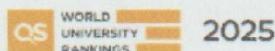
Chimalpa, Apan, Hgo., México a 8 de diciembre de 2025

Dra. María Magdalena Armendáriz Ontiveros
Coordinadora de Ingeniería en Biociencias



“Amor, Orden y Progreso”

Carretera Apan - Calpulapan Km. 8, Colonia Chimalpa
Tlalayote, Apan, Hidalgo, México C.P. 43900
Teléfono: 7717172000 Ext. 50901
esap@uaeh.edu.mx



uaeh.edu.mx

Índice

| | |
|--|----|
| Contenido | |
| Dedicatorias | 5 |
| Agradecimientos | 6 |
| Resumen..... | 8 |
| Abstract..... | 9 |
| Abreviaturas y Definiciones | 10 |
| Capítulo 1 Introducción. | 12 |
| Capítulo 2 Marco Teórico | 15 |
| 2.1 Consorcios Microbianos Fotosintéticos. | 16 |
| 2.2 Biofertilizantes. | 17 |
| 2.2.1 Tipos de Biofertilizantes..... | 19 |
| 2.3 <i>Scenedesmus</i> sp. | 21 |
| 2.3.1 Clasificación Taxonómica | 21 |
| 2.3.2 Morfología. | 21 |
| 2.3.3 Importancia Ecológica..... | 23 |
| 2.3.4 Aplicaciones en la Biotecnología. | 23 |
| 2.4 <i>Nostoc</i> sp. | 24 |
| 2.4.1 Clasificación Taxonómica | 24 |
| 2.4.2 Morfología | 25 |
| 2.4.3 Importancia Ecológica..... | 26 |
| 2.4.4 Aplicación en la Biotecnología..... | 27 |
| 2.5 Métodos tradicionales para identificación de microorganismos. | 27 |
| 2.5.1 Métodos Fenotípicos..... | 28 |
| 2.5.2 Métodos Moleculares o genotípicos..... | 30 |
| 2.6 Inteligencia Artificial. | 30 |
| 2.6.1 Aprendizaje Automático (<i>Machine Learning</i>) y Aprendizaje Profundo (<i>Deep Learning</i>). | 31 |
| 2.6.2 Redes Neuronales Convolucionales (CNN). | 31 |
| 2.6.3 Transferencia de Aprendizaje (<i>Transfer Learning</i>). | 32 |
| 2.7 El Modelo YOLO (You Only Look Once) | 33 |
| 2.7.1 Evolución hasta YOLOv8 | 33 |

| | |
|--|----|
| 2.7.2 Arquitectura de YOLOv8..... | 33 |
| 2.8 Procesamiento de Imágenes para IA..... | 34 |
| 2.8.1 Preprocesamiento y Etiquetado..... | 34 |
| 2.8.2 Técnicas de Aumento de Datos (<i>Data Augmentation</i>)..... | 35 |
| 2.9 Métricas de Evaluación de Desempeño..... | 35 |
| 2.9.1 Matriz de Confusión..... | 35 |
| 2.9.2 Precisión, Exhaustividad (<i>Recall</i>) y <i>F1-Score</i> | 36 |
| 2.9.3 Intersección sobre Unión (<i>IoU</i>)..... | 37 |
| 2.9.4 Precisión Media (<i>map</i>)..... | 38 |
| 2.9.4 Precisión Media <i>map50</i> y <i>map50-95</i> | 38 |
| Capítulo 3..... | 39 |
| 3.1 Planteamiento del problema..... | 40 |
| 3.2 Justificación..... | 41 |
| 3.3 Hipótesis..... | 41 |
| 3.4 Objetivo General..... | 41 |
| 3.5 Objetivos Particulares..... | 42 |
| Capítulo 4 Materiales y Métodos..... | 43 |
| 4.1 Recolección de la muestra..... | 44 |
| 4.2 Sistema de Captura de Fotografías del Consorcio Microbiano..... | 45 |
| 4.3 Etiquetado en <i>Roboflow</i> | 46 |
| 4.3.1 Definición de las clases..... | 48 |
| 4.4 Construcción del Algoritmo y Entrenamiento de la Red Convolucional..... | 49 |
| Capítulo 5 Resultados y Discusión | 54 |
| 5.1 Identificación de las especies por su morfología | 55 |
| 5.2 Obtención de métricas de los Entrenamientos del Modelo YOLOv8 personalizado..... | 58 |
| Capítulo 6 Conclusiones y Perspectivas | 64 |
| Referencias..... | 67 |
| Apéndice | 76 |
| Apéndice A “Algoritmo en Python del modelo de YOLOv8”..... | 77 |
| Apéndice B. “Resumen de los entrenamientos con los tres diferentes tamaños del modelo”.. | 78 |

Listado de Figuras

| | |
|---|----|
| Figura 1. Ilustración de los consorcios microbianos en plántula de maíz en la zona radicular. Imagen creada con BioRender.com | 16 |
| Figura 2. Cenobios de 2,4 y 8 células de <i>Scenedesmus</i> sp. vistas en este estudio. Imagen propia. | 22 |
| Figura 3. Morfología de <i>Nostoc</i> sp., señalado sus heterocistos, estructuras especializadas en fijación de nitrógeno. Imagen propia. | 26 |
| Figura 4. Arquitectura de una Red Neuronal Convolucional. Partes de la figura fueron creadas con BioRender.com | 32 |
| Figura 5. Representación geométrica del criterio de intersección sobre unión. | 37 |
| Figura 6. Diagrama de flujo de la metodología general. | 44 |
| Figura 7. A. Fotobiorreactor (FBR) tipo triangular de burbuja con medio de cultivo BG11 ₀ y B. En crecimiento el CMF, dos ángulos diferentes. | 45 |
| Figura 8. A. Sistema para la toma de fotografías del consorcio; B. Partes de la cámara digital con lente 10x.; C. Interfaz del programa de la cámara. | 46 |
| Figura 9. Etiquetado de las clases seleccionadas <i>Scenedesmus</i> sp., <i>Nostoc</i> sp. y <i>unknow</i> | 48 |
| Figura 10. Configuración de entorno. | 50 |
| Figura 11. Código arrojado por <i>Roboflow</i> para la descarga de la base de datos. | 50 |
| Figura 12. Código para la importación del modelo YOLOv8..... | 51 |
| Figura 13. A. Visualización de la pestaña de archivos generados tras la ejecución del código de <i>Roboflow</i> e importación del modelo YOLOv8, B. Código del modelo de entrenamiento de la red convolucional..... | 52 |
| Figura 14. A. Formas comunes en algas. Adaptado de Bellinger y Sigee ,2015. B. <i>Scenedesmus</i> sp. Imagen propia. | 55 |
| Figura 15. Morfología de <i>Scenedesmus</i> sp. | 56 |
| Figura 16. A. Colonia de <i>Nostoc</i> , y detalle de crecimiento en mucilago. Adaptado de Bellinger y Sigee, 2015. B. Colonia de <i>Nostoc</i> . Adaptado de Corrales <i>et al.</i> , 2017. C. Imágenes de <i>Nostoc</i> sp. obtenidas en este estudio. | 57 |
| Figura 17. Comparación del resultado de detección de los microorganismos por los distintos tamaños del modelo. | 60 |
| Figura 18. Matriz de correlación normalizada obtenida del modelo <i>medium</i> | 61 |
| Figura 19. Grupo de imágenes de validación de la clasificación del modelo <i>medium</i> con las clases etiquetadas y puntuación de precisión..... | 62 |

Listado de Tablas

| | |
|--|----|
| Tabla 1. Funciones de los nutrientes esenciales de las plantas..... | 18 |
| Tabla 2. Ventajas y Limitaciones de la plataforma <i>Roboflow</i> | 47 |
| Tabla 3. Métricas obtenidas de los distintos tamaños del modelo (n, s y m). | 59 |

Dedicatorias

***A Dios,**
por su amor, fortaleza y el regalo de
esta oportunidad.*

***A mis amados padres,**
por su amor incondicional y apoyo.*

***A mis hermanos Omar y Emiliano,**
compañeros de vida, por su
motivación y compañía.*

***A mis amigas y amigos.**
por su apoyo, cariño y consejo.*

Agradecimientos

Este trabajo represento desafíos, esfuerzo y dedicación, por ello, no habría sido posible sin el apoyo incondicional y guía de muchas personas presentes en mi vida, por los cuales agradezco a Dios de poner en mi vida. Deseo expresar mi más sincero y profundo agradecimiento a todos aquellos que fueron luz y fuerza en los momentos de incertidumbre, brindándome consejo, tiempo y sabiduría.

A mis directores de tesis:

Dr. Aldo Christiaan Jardínez Vera

Gracias por su inagotable paciencia y guía. Agradezco infinitamente la confianza que ha puesto en mí, su accesibilidad y su tiempo dedicado, su apoyo que siempre me reflejo con sinceridad, gracias por el conocimiento y enseñanza de temas que eran completamente desconocidos para mí, gracias por sus consejos y rigor académico, lo aprecio y estimo mucho.

Dr. Pablo Antonio López Pérez,

Agradezco sus enseñanzas a lo largo de la carrera, al igual por su confianza y apoyo en este proyecto, gracias por tenerme paciencia y por brindarme su ayuda, su consejo y el tiempo dedicado, lo aprecio mucho.

Al comité evaluador,

agradezco su tiempo, confianza, apoyo y conocimiento brindado para lograr finalizar esta tesis.

A mis padres,

no tengo palabras para expresarles todo mi agradecimiento, gracias por su amor, trabajo y sacrificio de todos estos años, ustedes son luz en mi vida. Los admiro y honro. Agradezco que estén a mi lado en cada etapa apoyándome y creyendo en mí, aún cuando yo no lo hago. Gracias por cada palabra, cada consejo y cada gesto de amor que me dan, por alentarme y darme fuerza, ustedes son mi motor y fueron una parte fundamental para la terminación de esta tesis y etapa, los amo infinitamente.

A mis hermanos Omar y Emiliano,

les agradezco por ser mis compañeros de vida, porque siempre están apoyándome, ayudándome y trayendo felicidad a mi vida aun en los momentos difíciles, son luz en mi vida, los amo mucho.

A mis abuelitos, Silvia y Mauricio,

les agradezco su apoyo, amor incondicional, me brindaron su apoyo y ayuda en todo momento, alentándome a seguir, gracias por amarme y escucharme, honro sus vidas y los amo infinitamente.

A mi familia paterna y materna,
por siempre estar al pendiente de mí, ayudándome, demostrándome su apoyo y cariño, gracias
por creer en mi alentándome y animando a seguir adelante, los amo a cada uno.

A mi amiga Ingrid,
agradezco tu amor, confianza y compañía, por cuidarme y ser mi cómplice en esta etapa
universitaria, el compartir tantos momentos de felicidad y algunos de angustia, por cada uno de
tus consejos, gracias por tu amistad sincera y apoyo incondicional, te convertiste en mi familia y
siempre te llevare en mi corazon, te amo mucho.

A Luisa y Josué,
les agradezco su confianza y hospitalidad, por abrirme las puertas de su casa, sus aportaciones de
conocimiento, su tiempo dedicado, gracias por su amistad y consejo, les agradezco infinitamente
por el apoyo incondicional para ayudarme a lograr terminar este proyecto.

A mis amigas Diana, Judith, Estefanía y Jennifer,
gracias por su amor y apoyo incondicional, por su amistad sincera, por cada momento de
felicidad, por compartir esta etapa de mi vida, las amo mucho.

A mis amigos Erick, Jonathan, Guillermo y Jorge,
gracias por su amistad, apoyo y cariño, por cada momento compartido hasta ahora, y por tenerme
confianza, los aprecio mucho.

A la Sra. Margarita, al Sr. Ricardo y su familia,
por abrirme las puertas de su casa, por la confianza y cariño que me demostraron en esta etapa
universitaria, gracias por su apoyo y por cada momento que me dejaron compartir con ustedes,
por hacer más amena mi estancia, se convirtieron en mi familia y siempre estaré agradecida y los
llevare en mi corazón.

A amigos y compañeros,
que hice a lo largo de esta etapa, gracias por su apoyo, amistad y tiempo. Pero sobre todo por
cada momento compartido.



Resumen

La presente investigación aborda la creciente necesidad de optimizar los bioprocesos en la economía mediante la propuesta y el desarrollo de un sistema automatizado de visión por computadora. Este sistema se enfoca en el monitoreo en tiempo real de un consorcio microbiano fotosintético de alto valor agronómico: la cianobacteria *Nostoc* sp. (biofertilizante, fijador de N₂) y la microalga *Scenedesmus* sp. (bioestimulante). La justificación de este consorcio radica en su sinergia funcional y ecológica, ya que *Nostoc* reduce la dependencia de fertilizantes sintéticos, mientras que *Scenedesmus* enriquece el medio con metabolitos promotores del desarrollo vegetal. El componente central de la metodología propuesta es el entrenamiento de una Red Neuronal Convolutional (CNN) de última generación, específicamente la arquitectura You Only Look Once versión 8 (YOLOv8). Además, se apoya en el uso estratégico de la plataforma *Roboflow* para la gestión eficiente del dataset (aproximadamente 1000 imágenes microscópicas), que incluye la clasificación, etiquetado y procesamiento avanzado. El algoritmo permitió un diagnóstico preliminar en tiempo real como una medición in line de la identificación del tipo de microrganismo en el fotobiorreactor. Esta primera fase preliminar es la base para el desarrollo de un modelo que permita monitorear parámetros críticos como el conteo preciso de heterocistos en *Nostoc*, un indicador directo de la actividad de fijación de nitrógeno, y los cambios citológicos en *Scenedesmus*, que señalan la fase de crecimiento celular óptima. El enfoque con YOLOv8 mostró ser una alternativa de alto rendimiento, escalable y bajo costo frente a las metodologías convencionales de identificación morfológica. La validación rigurosa del modelo a través de la matriz de confusión y métricas de precisión demostrará la fiabilidad del sistema para la optimización de bioprocesos, asegurando un producto de calidad superior y promoviendo la transición hacia sistemas agrícolas más sostenibles. Esta capacidad de control avanzado es crucial para maximizar la concentración de compuestos bioactivos y el rendimiento productivo en fotobiorreactores.

Palabras clave: Inteligencia Artificial, YOLOv8, *Scenedesmus* sp., *Nostoc* sp., Biofertilizantes, Redes Neuronales Convolucionales.

Abstract

*This research addresses the growing need to optimize bioprocesses in the economy by proposing and developing an automated computer vision system. The system will focus on real-time monitoring of a high-value photosynthetic microbial consortium consisting of the cyanobacterium *Nostoc* sp., a biofertilizer and nitrogen fixer, and the microalga *Scenedesmus* sp., a biostimulant. This consortium is justified by its functional and ecological synergy: *Nostoc* reduces dependence on synthetic fertilizers while *Scenedesmus* enriches the medium with metabolites that promote plant growth. The core component of the proposed methodology is training a state-of-the-art convolutional neural network (CNN), specifically the You Only Look Once version 8 (YOLOv8) architecture. The methodology also relies on the strategic use of the Roboflow platform to efficiently manage the dataset of approximately 1,000 microscopic images, including classification, labeling, and advanced processing. The algorithm enables preliminary real-time diagnosis by providing an online measurement of microorganism identification in the photobioreactor. This preliminary phase lays the groundwork for developing a model that can monitor critical parameters, such as the precise heterocyst count in *Nostoc* (a direct indicator of nitrogen fixation activity) and cytological changes in *Scenedesmus* (which signal the optimal cell growth phase). The YOLOv8 approach is a high-performance, scalable, low-cost alternative to conventional morphological identification methodologies. Rigorous model validation through a confusion matrix and precision metrics will demonstrate the system's reliability for bioprocess optimization, ensuring superior product quality and promoting the transition to more sustainable agricultural systems. This advanced control capability is essential for maximizing the concentration of bioactive compounds and productivity in photobioreactors.*

Keywords: Artificial Intelligence, YOLOv8, *Scenedesmus* sp., *Nostoc* sp., Biofertilizers, Convolutional Neural Networks

Abreviaturas y Definiciones

Algoritmo:

Es una sucesión finita de pasos estrictamente regulados necesarios para resolver un problema (Acosta, 2019)

ANN (*Artificial Neural Network*):

Redes Neuronales Artificiales. Modelos computacionales inspirados en la estructura y función de las redes neuronales biológicas para el procesamiento de información (Rivas y Mazón, 2018).

Axón:

Prolongación alargada de una neurona que se encarga de transmitir los impulsos nerviosos o señales de salida desde el cuerpo celular hacia otras células (Castañeda *et al.*, 2023).

Biofertilizantes:

Productos biológicos formulados con microorganismos beneficiosos que, al aplicarse a cultivos, optimizan la disponibilidad y absorción de nutrientes, mejorando la fertilidad del suelo y reduciendo la dependencia de fertilizantes sintéticos (FAO, 2022).

CMF (*Consorcios Microbianos Fotosintéticos*):

Asociaciones naturales de dos o más poblaciones de microorganismos que realizan conjuntamente la fotosíntesis y promueven el crecimiento vegetal (Ochoa y Montoya, 2010).

Convolutional Neural Network (CNN):

Redes Neuronales Convolucionales. Algoritmo de *Machine Learning*, que mezcla la salida de múltiples árboles de decisión para alcanzar un solo resultado (IBM., 2024).

DL (Deep Learning):

Aprendizaje Profundo. Subcampo del *Machine Learning* basado en redes neuronales artificiales con múltiples capas de abstracción para modelar patrones complejos en los datos (Deng y Dong, 2013).

Heterocistos:

Células especializadas, de mayor tamaño y pared engrosada, presentes en ciertas cianobacterias filamentosas como *Nostoc* sp., cuya función principal es la fijación de nitrógeno atmosférico en condiciones limitantes de este nutriente (Nicoletti, 2022).

IA (Inteligencia Artificial):

Rama de la informática dedicada al desarrollo de sistemas capaces de realizar tareas que normalmente requieren inteligencia humana, como la percepción visual y la toma de decisiones (Russell y Norvig, 2004).

ML (Machine Learning):

Aprendizaje Automático. Disciplina de la IA que permite a las computadoras aprender y mejorar automáticamente a partir de la experiencia y los datos sin ser programadas explícitamente para cada regla (Wang *et al.*, 2025).

You Only Look Once (YOLO):

Es una familia de modelos para visión artificial lanzado por la empresa de Ultralytics, siendo un código abierto pre-entrenado (Jocher *et al.*, 2024).

Pirenoide:

Estructura proteica localizada dentro de los cloroplastos de algas verdes, como *Scenedesmus* sp., que actúa como centro de fijación de carbono al almacenar la enzima RuBisCO (Kroth, 2015).

RuBisCO:

Ribulosa-1,5-bisfosfato carboxilasa/oxigenasa. Enzima crucial en el proceso de fotosíntesis encargada de la fijación del carbono atmosférico (von Caemmerer, 2020).

Visión Artificial:

Campo de la inteligencia artificial que entrena a las computadoras para interpretar y comprender el mundo visual mediante el procesamiento de imágenes digitales y videos, imitando la capacidad de la visión humana (Jocher *et al.*, 2023)

Capítulo 1

Introducción.

Actualmente, la Inteligencia Artificial (IA) se ha consolidado como una herramienta transversal en el desarrollo de bioprocessos, mejorando el análisis de datos y optimizando el cultivo de microorganismos en biorreactores y fotobiorreactores. Estudios recientes, como el de Jia *et al.* (2022) demuestran la capacidad de la IA para la predicción de Parámetros Críticos del Proceso (CPP, por sus siglas en inglés) basándose en datos de sensores en línea, por ejemplo, en la digestión anaeróbica. Otro caso de éxito es la producción de insulina humana a partir de la actividad metabólica de la bacteria *Escherichia coli*, donde la IA está involucrada en la monitorización y el control predictivo de las condiciones de fermentación (Ritai, 2025). En la industria farmacéutica, estas predicciones son vitales para evitar desviaciones en parámetros fisicoquímicos que afecten la producción a gran escala, asegurando así el rendimiento y la calidad de los productos.

En el ámbito agroindustrial, la literatura destaca a los Consorcios Microbianos Fotosintéticos (CMF) como una alternativa potencial para el desarrollo de biofertilizantes, sustituyendo a los agroquímicos sintéticos. En el trabajo de Liu *et al.* (2024), se analiza la interacción entre consorcios microbianos y el cultivo de plantas medicinales, reportando mejoras significativas en el rendimiento y calidad de los cultivos. Los autores concluyen que estos consorcios representan una estrategia sostenible con mínimo impacto ambiental, definiendo al fertilizante microbiano como un insumo que mejora la estructura del suelo y la resistencia de las plantas, aunque su implementación enfrenta desafíos técnicos para garantizar su estabilidad en el campo.

Además de su aplicación agrícola, la investigación en consorcios ha demostrado su eficacia en la biorremediación, específicamente en la remoción de metales pesados y contaminantes orgánicos en aguas residuales (Amores *et al.*, 2015). Desde una perspectiva energética, se han desarrollado biocombustibles mediante estos sistemas; la obtención de biodiesel y la generación de energía eléctrica a partir de celdas de combustible microbianas, que es una de las líneas de investigación

recientes de distintos institutos académicos internacionales (Shehhi *et al.*, 2025). Tecnológicamente, los CMF ofrecen una mayor eficiencia en la síntesis de productos y la conversión de nutrientes a menor costo en comparación con la utilización de cultivos puros (Hernández, 2016). Sin embargo, a pesar de su amplia distribución ecológica y potencial biotecnológico, la identificación y monitoreo de estos microorganismos enfrenta un cuello de botella. Los métodos tradicionales son laboriosos y dependen de personal altamente especializado.

Capítulo 2

Marco Teórico

2.1 Consorcios Microbianos Fotosintéticos.

2.2 Biofertilizantes.

2.3 *Scenedesmus* sp.

2.4 *Nostoc* sp.

2.5 Métodos tradicionales de identificación de microorganismos.

2.6 Inteligencia Artificial (IA) y Visión por Computadora.

2.7 El Modelo YOLO (You Only Look Once).

2.8 Procesamiento de Imágenes para IA.

2.9 Métricas de Evaluación de Desempeño.

2.1 Consorcios Microbianos Fotosintéticos.

Los Consorcios Microbianos Fotosintéticos (CMF) son aquellos que conjuntamente desarrollan la tarea de fotosíntesis para proveer a las plantas huésped energía, promover su crecimiento y mejorar su rendimiento, formando una asociación natural de dos o más poblaciones de microorganismos (Ochoa y Montoya, 2010). Están constituidos principalmente por bacterias fotosintéticas, cianobacterias, microalgas y hongos. Estos CMF tienen la capacidad de fijar carbono y nitrógeno, almacenar energía y son potenciales en la investigación de nuevos biofertilizantes (Afanador *et al.*, 2021). Diversos grupos de microorganismos en el consorcio se benefician mutuamente, creando un sistema complejo e invisible, véase en la Figura 1. Los consorcios no solo favorecen su hábitat, sino que también facilitan el crecimiento y desarrollo de procesos vitales en las plantas, un ejemplo son las microalgas *Chlorella* spp., *Dunaliella* spp. Y *Haematococcus* spp. que producen hormonas estimulantes de crecimiento en plantas (Pasquale *et al.*, 2018; Afanador *et al.*, 2021). Están presentes en diferentes nichos ecológicos, pueden incluso competir por espacio y nutrientes en la base de las raíces para inhibir el crecimiento de especies fitopatógenas (Jiménez, 2024).



Figura 1. Ilustración de los consorcios microbianos en plántula de maíz en la zona radicular. Imagen creada con BioRender.com

La coexistencia de los microorganismos evidencia un estilo de vida sinérgico donde el crecimiento y el flujo de nutrientes son más efectivos y eficientes que en poblaciones que funcionan de forma individual (Jiménez *et al.*, 2023). Su asociación puede aumentar la resistencia a las fluctuaciones ambientales y promover la estabilidad de los miembros. Su comunicación mediante intercambio de sustancias o señales moleculares, crean vínculos a través de interacciones fisicoquímicas ejerciendo un control positivo o negativo sobre el crecimiento y metabolismo de otros miembros o poblaciones microbianas, además de asignar tareas a cada miembro del consorcio (Weiland, 2021). La optimización en la disponibilidad de nutrientes, lograda por la ejecución de funciones multifase y especializadas de los miembros del consorcio, resulta en un mayor rendimiento de las plantas huésped. (Ochoa y Montoya, 2010).

Los consorcios ejercen mecanismos directos, como la producción de fitohormonas (ácido indolacético, giberelinas, citoquininas) que facilitan la absorción de nutrientes mediante la fijación de nitrógeno y la solubilización de fósforo (capacidades que poseen los microorganismos que integran el consorcio; O'Connor, 2019). Igualmente, realizan mecanismos indirectos: dan protección contra factores de estrés bióticos y abióticos, estableciendo relaciones simbióticas (rizobiales, micorrízicas). Además, la heterogeneidad de la rizosfera y la composición de su microbioma modulan la arquitectura del sistema radicular. Esta plasticidad permite a la planta explorar el suelo de manera más eficaz, optimizando su captación de elementos esenciales (Fósforo, Nitrógeno, Potasio, entre otros) (Alori *et al.*, 2017; O'Connor, 2019).

2.2 Biofertilizantes.

Según la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO, por sus siglas en inglés) un biofertilizante es un producto biológico a base de microorganismos

beneficiosos seleccionados, los cuales han sido extraídos de los propios cultivos en su ambiente natural, optimizan la fertilización y absorción de nutrientes (FAO, 2022). También se les conoce como fertilizantes bacterianos, inoculantes microbianos o bioinoculantes. Son inofensivos para los seres humanos y su aplicación puede mejorar la fertilidad del suelo y constituye una práctica de manejo agroecológico clave, ya que contribuye a disminuir el uso de fertilizantes químicos sintéticos, bajar los costos de producción y reducir el impacto ambiental de sintéticos (Mestre *et al.*, 2024).

Al ser fertilizantes naturales contienen una gran población de microorganismos latentes que mejoran la productividad del suelo, ya sea fijando nitrógeno atmosférico N₂, solubilizando el fósforo P del suelo o estimulando el crecimiento de las plantas a través de la síntesis de sustancias promotoras de crecimiento, que activan el proceso biológico para facilitar la disponibilidad de nutrientes (Alori *et al.*, 2017). Se pueden crear bioinoculantes para diversos tipos de suelo y sistemas de cultivo (Afanador, 2021). En la Tabla 1. se exponen las funciones de algunos de los nutrientes que aportan los biofertilizantes, necesarios para el crecimiento en plantas.

Tabla 1. Funciones de los nutrientes esenciales de las plantas.

| Nutriente | Función | Referencia |
|-----------------------------|---|------------------------------|
| Nitrógeno (N ₂) | Es un macronutriente que se usa para producir aminoácidos, por lo tanto, importante para la síntesis de proteínas vegetales, enzimas y la clorofila. Compuesto esencial en la fotosíntesis, llega a influir en la floración y rendimiento de granos, deficiencia de este nutriente puede causar clorosis. | (Zayed <i>et al.</i> , 2023) |
| Fosforo (P) | Macronutriente esencial para las regulaciones de las respuestas fisiológicas y aumento de tolerancia al estrés abiótico, como el calor, salinidad, sequía, encharcamiento, | (Khan <i>et al.</i> , 2023) |

| | | |
|-------------|---|--------------------------------|
| | altas concentraciones de CO ₂ y la toxicidad por metales pesados. Ya que es parte de los ácidos nucleicos, membranas celulares y del ATP; debe estar presente en adecuadas cantidades en las células vivas antes de la división celular. | (Beltrán <i>et al.</i> , 2022) |
| Potasio (K) | Macroelemento involucrado en la regulación osmótica de las células de la planta, ahorro de agua, mantenimiento de la turgencia, formación de aminoácidos y proteínas, involucrado en la translocación de azúcares y otros productos. | (Lazcano, 2006) |

En México, la aplicación y desarrollo de biofertilizantes representa una alternativa agro-biotecnológica viable para la seguridad alimentaria, ya que el uso excesivo e inapropiado de los fertilizantes artificiales ha provocado un impacto ambiental que afecta la calidad del suelo, el agua, el aire, y la biodiversidad (Chávez *et al.*, 2020). El uso sin supervisión ha conllevado a depender de los fertilizantes sintéticos que generan desbalances en los ciclos biogeoquímicos y las cadenas tróficas, suscitando a que enfermedades, plagas y malezas se vuelvan resistentes ante estos fertilizantes. Sin embargo, con el desarrollo e investigación de nuevos biofertilizantes y su aplicación podría disminuir los daños que año con año han ido en aumento (Chávez *et al.*, 2020).

2.2.1 Tipos de Biofertilizantes.

Dado que los microorganismos latentes que integran los biofertilizantes desempeñan diferentes funciones, pueden clasificarse de acuerdo con su actividad específica:

Fijadores de N₂: Microorganismos capaces de producir enzimas que toman el nitrógeno atmosférico y con las azúcares que obtiene de la planta fijan el nitrógeno. Las cianobacterias filamentosas poseen heterocistos, estructuras especializadas para la

fijación de nitrógeno, algunos géneros involucrados son: *Azotobacter*, *Azospirillum*, *Cyanobacteria*, *Nostoc* (Santana *et al.*, 2016).

Microorganismos solubilizadores de fosfato: Aquellos que dinamizan el P disponible del suelo a través de procesos de solubilización, los organismos implicados pueden ser bacterias, hongos, algas o protozoos, algunos de los géneros son: *Pseudomonas*, *Bacillus*, *Rhizobium*, *Aspergillus*, *Penicillium*, *Trichoderma* (Patiño y Sanclemente, 2014; Khan *et al.*, 2010).

Rizobacterias Promotoras del Crecimiento Vegetal (RPCV): Son bacterias que colonizan el sistema radicular para favorecer el crecimiento y rendimiento de las plantas. Algunos de los géneros reportados como RPCV son: *Agrobacterium*, *Azospirillum*, *Azotobacter*, *Bacillus*, *Chromobacterium*, *Enterobacter*, *Erwinia*, *Klebsiella*, *Micrococcus*, *Pseudomonas* y *Rhizobium* (Moreno *et al.*, 2018; Ahemad y Kibret, 2013).

Movilizadores de fosfato (micorrizas): Son hongos micorrílicos arbusculares y Hongos Solubilizadores de Fósforo (HSF) que dan fertilidad al suelo, promueven la disponibilidad del fósforo y facilitan el transporte a la planta. Se han reportado resultados favorables con géneros como: *Aspergillus* y *Penicillium* (Arias, 2019).

Movilizadores de zinc y potasio: Son microrganismos como, bacterias, hongos que ayudan a la planta a absorber el zinc y/o potasio del suelo que están en formas insolubles, produciendo ácidos orgánicos donde promueven el crecimiento y vigor de la planta. Algunos de estos microorganismos son de los géneros: *Pseudomonas* *Bacillus* y *Rhizobium* (Jiménez *et al.*, 2023).

2.3 *Scenedesmus* sp.

Las algas verdes representan el grupo de algas más diverso, con aproximadamente 17.000 especies conocidas (Bellinger y Siguee, 2015). *Scenedesmus* sp. es una especie del género *Scenedesmus* perteneciente al filo *Chlorophyta* que se encuentra comúnmente como un alga verde de agua dulce (ríos y lagos mayormente) conocida por su rápida tasa de crecimiento y potencial bioestimulante para el crecimiento de plantas (Wei y Huang, 2024). Se caracterizan por una coloración verde brillante debido a la presencia de clorofillas a y b (Bellinger y Siguee, 2015).

2.3.1 Clasificación Taxonómica

- **Dominio:** Eukarya
- **Reino:** Plantae
- **División/Filo:** Chlorophyta
- **Clase:** Chlorophyceae
- **Orden:** Sphaeropleales
- **Familia:** Scenedesmaceae
- **Género:** *Scenedesmus*
- **Especie:** *Scenedesmus* sp.

2.3.2 Morfología.

Scenedesmus son células cilíndricas (o con forma elipsoidales o fusiformes) con colonias formadas por hileras a lo largo de su eje longitudinal, normalmente simples, o dobles, de 2, 4, 8 a 16 células unidas y no presentan ramificación verdadera (Bellinger y Siguee, 2015) ejemplos en la Figura 2. Estas agrupaciones son conocidas como “cenobios” y se mantienen constantes, cabe destacar que,

estas colonias se forman cuando las células hijas de una célula (madre) recién dividida no logran separarse. Según Lürling en 2003 *Scenedesmus* sp. desarrolla este patrón de ordenamiento de los cenobios como protección y adaptabilidad al ambiente. Este género presenta morfología plástica; donde algunas especies desarrollan espinas en las células de los extremos como defensa ante depredadores (zooplancton) (Lürling y Van Donk, 1997). Los factores ambientales como la disponibilidad de nutrientes y el pH son determinantes para la formación de cenobios. Cada célula individual posee un cloroplasto parietal con un pirenoide, responsable del almacenamiento del RuBisCO (enzima esencial para la fotosíntesis) por lo tanto, de la captura de CO₂ (Kroth., 2015).

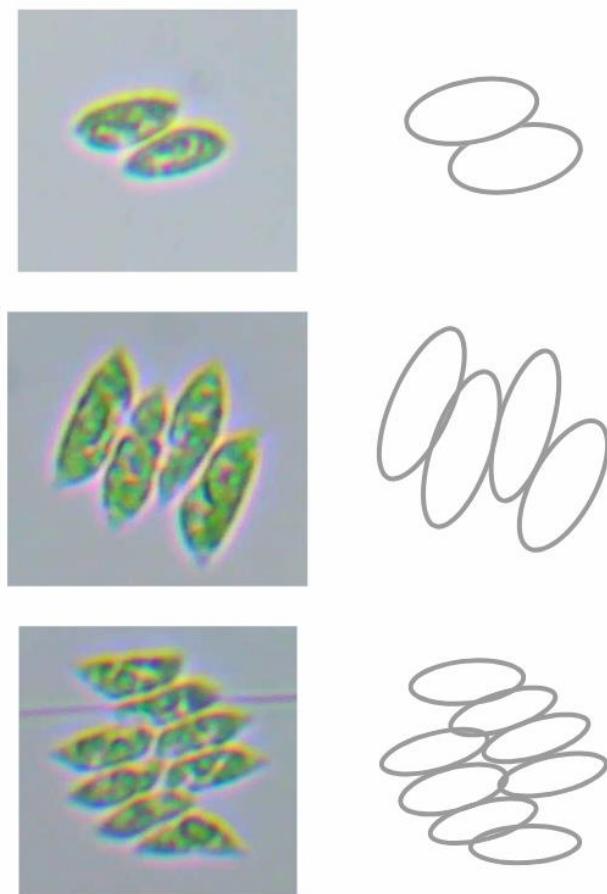


Figura 2. Cenobios de 2,4 y 8 células de *Scenedesmus* sp. vistos en este estudio. Imagen propia.

2.3.3 Importancia Ecológica.

El género *Scenedesmus* desarrolla un papel fundamental en la fotosíntesis debido a que su pirenoide aloja a la enzima carboxilasa primaria del proceso fotosintético RuBisCO (Ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa) que es crucial tanto para la fijación de carbono como para la fotorrespiración de las plantas (von Caemmerer, 2020).

Scenedesmus ocupa un lugar en el ecosistema como un alga verde que ayuda como bioindicador de altos niveles de nutrientes eutrofización, como nitrógeno y fósforo en cuerpos de agua dulce (lagos, embalses, charcas y ríos de curso lento) (Qin *et al.*, 2016) (Vizcaíno, 2022). Según investigaciones previas por Ishaq y colaboradores en 2016, el género *Scenedesmus* produce compuestos químicos inhibidores del crecimiento de microorganismos patógenos, lo cual contribuye activamente al equilibrio de su hábitat (Kim *et al.*, 2007). Asimismo, la composición de sus colonias y sus rasgos morfológicos permiten diagnosticar la calidad del medio acuático e indicar las presiones ambientales que ocurren en un ecosistema (Vizcaíno, 2022).

2.3.4 Aplicaciones en la Biotecnología.

Biorremediación: Por su capacidad de fijación de carbono y su adaptabilidad, se han podido desarrollar sistemas de biorremediación en zonas donde las moléculas de carbono son abundantes (ejemplo: aguas residuales) y necesitan una descontaminación de estas sustancias corrosivas (Andrade *et al.*, 2009).

Biofertilizantes: Una de sus principales aplicaciones es en el desarrollo de nuevos biofertilizantes, donde la biomasa residual de *Scenedesmus* sp. ha llegado a obtener resultados prometedores sobre el crecimiento de plantas de interés industrial (Ferreira *et al.*, 2019).

Obtención de metabolitos activos y vitaminas: Estudios reportan que *Scenedesmus* es una rica fuente de metabolitos activos, los cuales son de alta demanda en la industria farmacéutica,

cosmética y de alimentos, un ejemplo, es la obtención de astaxantina, carotenoide capaz de proteger las células, los lípidos y las lipoproteínas de membrana del daño oxidativo (Quin *et al.*, 2008). También, aunque no es una fuente usual, participa en la obtención de vitaminas como la vitamina C, B1 y B2 (Ishaq *et al.*, 2016).

2.4 *Nostoc* sp.

Nostoc sp. es una especie de cianobacteria fotosintética del género *Nostoc*, perteneciente a la familia *Nostocaceae* y del orden *Nostocales*, común en ambientes iluminados principalmente en cuerpos de agua dulce y sistemas terrestres tropicales, templados y polares. Este género puede existir en colonias micro y macroscópicas caracterizadas por estar compuestas de filamentos envueltos por un mucilago gelatinoso, derivando secuencias lineales de células de color verde-azulado generalmente (Lee *et al.*, 2021). Al ser eubacterias crecen de forma autótrofa obteniendo su fuente de carbono del CO₂, y desarrollando un mecanismo fotosintético para la obtención de oxígeno (Dembitsky y Ezanka, 2005). Conocidas por su capacidad de fijar nitrógeno y su capacidad de contribuir en la captura de CO₂ en ambientes pobres de nutrientes (Nicoletti, 2022).

2.4.1 Clasificación Taxonómica

- Dominio: Bacteria
- Reino: *Bacillati*
- División/Filo: *Cyanobacteria*
- Clase: *Cyanophyceae*
- Orden: *Nostocales*
- Familia: *Nostocaceae*

- Género: *Nostoc*
- Especie: *Nostoc* sp.

2.4.2 Morfología

Nostoc se caracteriza por colonias formadoras de secuencias lineales, sus filamentos son uniseriados como si fueran un collar. Las células de *Nostoc* sp. presentan forma amorfa o en forma de barril (Nicoletti, 2022). En su secuencia celular, se presentan “heterocistos” los cuales se caracterizan por su mayor tamaño y por ser células redondeadas, refringentes con apariencia vacía; estas estructuras son especializadas en la fijación de nitrógeno atmosférico y se forman en condiciones de carencia de nitrógeno (Figura 3.). Una importante característica del género *Nostoc* es que producen estructuras filamentosas móviles cortas llamadas hormogonios, las cuales sirven para su reproducción siendo esporas que se producen por la rotura de filamentos o la descomposición de cualquier célula vegetativa (Dembitsky y Ezanka, 2005) (Nicoletti, 2022).

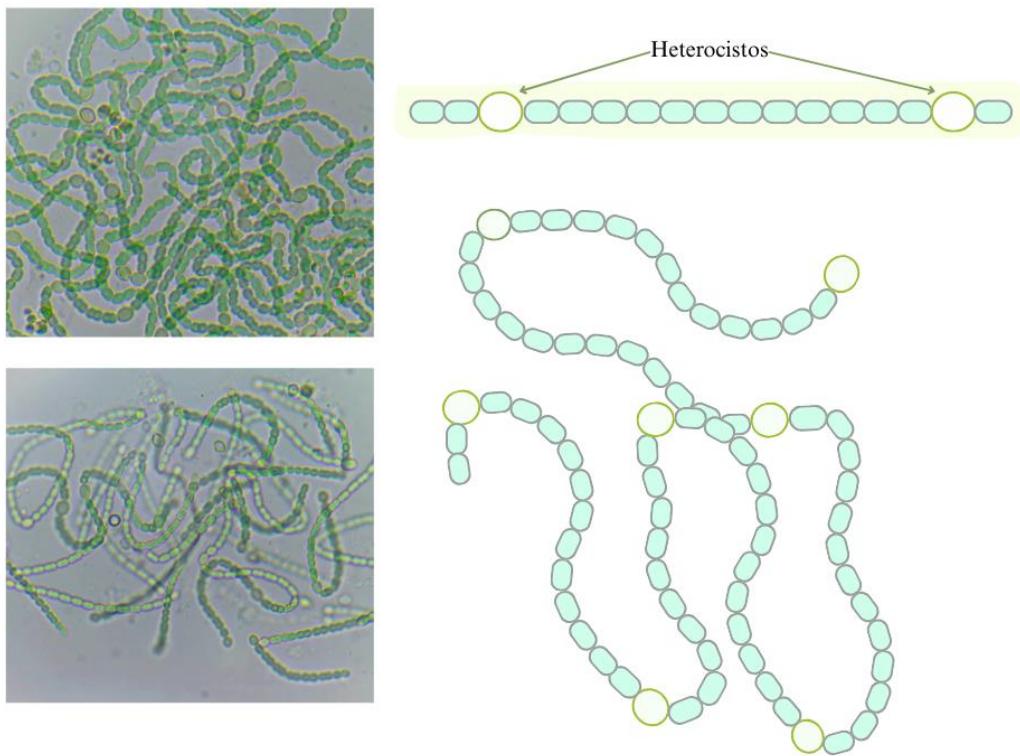


Figura 3. Morfología de *Nostoc* sp., señalado sus heterocistos, estructuras especializadas en fijación de nitrógeno. Imagen propia.

2.4.3 Importancia Ecológica.

Ecológicamente esta cianobacteria realiza alianzas simbióticas con distintos organismos, incluyendo diversos hongos, formando “cianolíquenes”. La cianobacteria es capaz de convertir moléculas inorgánicas en metabolitos secundarios facilitan la aportación de nutrientes mediante fusión o indirectamente, y los hongos brindan agua y protección (Nicoletti, 2022).

Gracias a su capacidad de fijar nitrógeno atmosférico, su presencia representa una ventaja en ambientes pobres en nitrógeno liberándolo y mejorando la formación del suelo en el caso de hábitats terrestres, o aumentando los niveles de nitrógeno en ambientes acuáticos. Algunas de las especies de *Nostoc* pueden filtrar la luz ultravioleta que es dañina para ambientes terrestres o poco profundos (Dodds *et al.*, 2008).

2.4.4 Aplicación en la Biotecnología.

Biorremediación agrícola: Es objeto de estudio en la remoción de metales pesados como Ni (II), Cu (II) y Cr (III) resultando ser una alternativa prometedora y viable (Ghorbani *et al.*, 2022). Ha sido estudiada junto al alga *Scenedesmus* sp. para la biosorción de uranio, debido al preocupante impacto de la industria nuclear en el medio ambiente donde estos organismos representan una alternativa económica y segura (Ismaiel *et al.*, 2022).

Biofertilizante: Se ha utilizado como biofertilizante por su captación de nitrógeno, además de la excreción de carbono que mejora la fertilidad del suelo brindando crecimiento, rendimiento y valor nutricional en plantas, y considerando la biomasa obtenida de esta cianobacteria que posteriormente estimula el crecimiento de los cultivos a su alrededor (Ammar *et al.*, 2022).

Metabolitos Bioactivos: Es potencial en el desarrollo de nuevos productos farmacológicos y nutracéuticos, debido a sus metabolitos activos, además se ha cultivado desde los años 80 como suplemento dietético (Nicoletti, 2022). El extracto etanólico y el extracto intracelular metanólico han demostrado actividad anticancerígena contra el cáncer de colon y de pulmón (Lee *et al.*, 2021).

2.5 Métodos tradicionales para identificación de microorganismos.

La identificación de microorganismos en laboratorio continúa empleando métodos polifásicos, aunque suelen ser confiables, presentan limitaciones en cuanto al tiempo de procesamiento, utilización de equipos y reactivos costosos, requieren de personal con conocimiento especializado (Hernández *et al.*, 2016). No obstante, se combina información genética y fenotípica para tener un resultado más acertado, esto representa una barrera para muchos investigadores ya que el requerir información genética resulta elevado el costo y a su vez tardado, y en muchos casos, la limitada

información disponible para su comparación con otros estudios que involucren los mismos microorganismos de interés (Peraza *et al.*, 2013).

Estas metodologías para la caracterización microbiana resultan fundamentales y necesarias para diferentes disciplinas, entre las que destacan la biotecnología, la agricultura, la genética, la ecología, la conservación, la medicina, entre otras (Martínez y Galván, 2023). La mayoría sigue métodos tradicionales, los cuales podrían clasificarse como métodos clásicos fenotípicos, y métodos moleculares o genotípicos (Bou *et al.*, 2011).

2.5.1 Métodos Fenotípicos.

Estos métodos se basan en la observación de características físicas y metabólicas de los microorganismos, es decir, características observables como su morfología de colonias, forma de las células, desarrollo y propiedades bioquímicas (Martínez *et al.*, 2023). El cultivo de los microorganismos es necesario para estos métodos. La selección adecuada del medio de cultivo es fundamental para su crecimiento óptimo para que, en conjunto con las condiciones de incubación (temperatura y nutrición) e inoculación favorezcan el desarrollo y el proceso de identificación de los organismos encontrados (Bou *et al.*, 2011). Debido a esto, la mayoría de los métodos dependen de la velocidad de crecimiento y el número de pruebas que se deban hacer; son ser de un costo relativamente bajo, pero llegan a ser tardados, oscilando entre las 24 y 96 horas para el crecimiento de los microorganismos, para completar la identificación (Spiegelman *et al.*, 2005).

Algunas de los métodos fenotípicos y pruebas bioquímicas que se utilizan son:

Pruebas microscópicas y macroscópicas: Se realizan con ayuda de un microscopio óptico o un estereoscopio correspondientemente, se identifica la morfología (forma de las células, morfología de colonias, presencia y disposición de flagelos, presencia de endosporas, entre otras) metabolismo y hemólisis (en el caso de pruebas clínicas) (Bou *et al.*, 2011). Aunque

debido al uso necesario de un microscopio óptico para la identificación, depende de la calidad del mismo para la exactitud y la posibilidad de distinguir bien la morfología o el color de la tinción (Hervé, 2015).

Técnica de Tinción de Gram: Empleada específicamente en bacterias, en la cual se diferencian dos grupos: bacterias Gram (+) y bacterias Gram (-) que se visualizan a través de un microscopio óptico. Esta técnica permite diagnosticar infecciones y el costo del kit de tinción oscila entre los \$629 y \$1,759 pesos mexicanos, de acuerdo al vendedor MERCALAB (2025). Aunque con esta técnica por el proceso que conlleva no es posible una monitorización en tiempo real (Rodríguez y Arenas, 2018).

MALDI-TOF espectrofotometría de masas (Desorción/Ionización Láser Asistida por Matriz con Analizador de Tiempo de Vuelo): Esta técnica llega a ser precisa y rápida, además, se puede lograr identificar el organismo de investigación hasta nivel especie. Se necesita de un equipo especializado y requiere de monitoreo frecuentes, además de una preparación de muestra específica y crucial para la correcta lectura dependiendo del microorganismo, el precio de realización resulta costoso, así mismo, el número de las bases de datos disponibles para la comparación sigue siendo limitado (Bou *et al.*, 2011; Siller *et al.*, 2017).

Crecimiento a distintas concentraciones de NaCl y pH: Gradiéntes de temperaturas, crecimiento en condiciones anaeróbicas, actividad peroxidasa, producción de ácidos a partir de la degradación de diferentes azúcares, utilización de diferentes fuentes carbonadas, hidrólisis de caseína, esculina, gelatina, caseína, etc. (Carrasco *et al.*, 2020).

Es importante señalar que el éxito de estas pruebas depende de las condiciones del laboratorio y las herramientas a utilizar, al igual, que la experiencia de quien realice la identificación morfológica por medio de los métodos fenotípicos ya que algunas veces las características

observables son comunes entre especies diferentes y llegan dar resultados confusos (Bou *et al.*, 2011).

2.5.2 Métodos Moleculares o genotípicos.

Son aquellos métodos que se realizan por medio de estudios taxonómicos o de filogenia, donde se encuentran técnicas basadas en secuenciación genética, en estas se detectan la presencia de genes de resistencia conocidos que normalmente se le llaman “genes dianas” que están presentes para distintos microorganismos. No obstante, una de sus principales limitantes es la inversión o coste elevado, además, del requerimiento de equipos e infraestructura bioinformática capaces de realizar, procesar y almacenar la información obtenida, y por consiguiente de expertos en el análisis de los datos (Schloss *et al.*, 2016).

Uno de los principales genes diana, es el gen 16S ARNr, aunque también se utilizan los marcadores moleculares: 23S ARNr y 55 ARN. Estos genes ayudan a observar las diferencias en las secuencias genómicas; por lo mismo, permite establecer las relaciones filogenéticas más precisas (Martínez *et al.*, 2022). Esta técnica requiere de PCR y el uso de programas bioinformáticos, por lo tanto, el procedimiento para la extracción de ADN y obtener muestras puras es crucial y llega a ser tardado, además si se consideran todos los equipos y reactivos necesarios para esta técnica, el costo se eleva (Hervé, 2015).

2.6 Inteligencia Artificial.

La Inteligencia Artificial (IA) es una rama de las ciencias computacionales que busca simular capacidades cognitivas humanas mediante sistemas informáticos. Según Russell y Norvig en 2004, la IA permite desarrollar agentes capaces de percibir su entorno y realizar acciones que maximicen sus posibilidades de éxito en una tarea u objetivo determinado (Russell y Norvig, 2004). En el

contexto de los bioprocesos, la IA ofrece herramientas para automatizar tareas complejas como la identificación taxonómica, reduciendo el sesgo inherente a la observación humana y mejorando la eficiencia del análisis (Zhang *et al.*, 2022).

2.6.1 Aprendizaje Automático (*Machine Learning*) y Aprendizaje Profundo (*Deep Learning*).

El Aprendizaje Automático o *Machine Learning* (ML) es un subcampo de la IA que se centra en el desarrollo de algoritmos que permiten a las computadoras aprender a partir de datos empíricos. A diferencia de la programación tradicional, donde se dictan reglas explícitas, en el ML el sistema identifica patrones y genera sus propias reglas de predicción (Bishop, 2006).

Dentro del ML, el Aprendizaje Profundo o *Deep Learning* (DL) ha emergido como una técnica revolucionaria para el procesamiento de datos no estructurados, como imágenes y video. El DL utiliza arquitecturas compuestas por múltiples capas de procesamiento no lineal, lo que permite aprender representaciones de datos con múltiples niveles de abstracción (LeCun *et al.*, 2015).

Más aún la ventaja del DL frente a los algoritmos tradicionales de ML es la mejora en su rendimiento conforme aumenta el volumen de información disponible, volviéndolos ideales para tareas de visión artificial complejas.

2.6.2 Redes Neuronales Convolucionales (CNN).

Las Redes Neuronales Convolucionales (CNN, por sus siglas en inglés) son un tipo especializado de red neuronal profunda diseñadas específicamente para procesar datos con estructura de cuadrícula, como las imágenes digitales. Su arquitectura se inspira en la organización de la corteza visual animal, donde neuronas individuales responden a estímulos en regiones restringidas del campo visual conocidas como campos receptivos (Hubel y Wiesel, 1962).

Una CNN típica se compone de tres tipos principales de capas (Figura 4.):

Capas Convolucionales: Son el núcleo de la red ya que aplican filtros (*kernels*) matemáticos que se deslizan sobre la imagen de entrada para extraer características locales como bordes, texturas y formas (Sierra, 2022).

Capas de Agrupamiento (Pooling): Reducen la dimensionalidad espacial de los mapas de características, disminuyendo la cantidad de parámetros y el coste computacional, además de proporcionar invariancia a pequeñas traslaciones y distorsiones (Lubinus *et al.*, 2021).

Capas Completamente Conectadas (Fully Connected): Ubicadas generalmente al final de la arquitectura, estas capas toman las características de alto nivel extraídas y realizan la clasificación final o la predicción de coordenadas (Lubinus *et al.*, 2021).

Redes Neuronales Convolucionales (CNN)

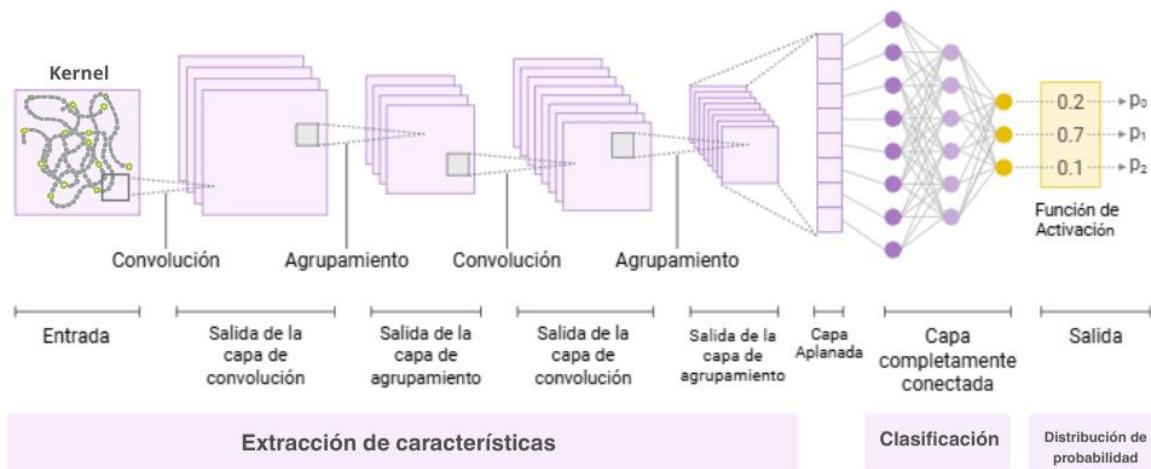


Figura 4. Arquitectura de una Red Neuronal Convolucional. Partes de la figura fueron creadas con BioRender.com

2.6.3 Transferencia de Aprendizaje (*Transfer Learning*).

El entrenamiento de una CNN desde cero (*from scratch*) requiere millones de imágenes etiquetadas y una enorme potencia computacional. Para superar esta limitación en proyectos con conjuntos de

datos limitados, como es el caso de la identificación de *Scenedesmus* sp. y *Nostoc* sp., se emplea la técnica de Transferencia de Aprendizaje o *Transfer Learning*.

Esta técnica consiste en tomar un modelo preentrenado en un conjunto de datos masivo para reutilizar sus pesos y realizar una nueva tarea específica. Las capas iniciales de la red, que ya han aprendido a detectar características básicas (líneas, curvas, colores), se "congelan" o se ajustan finamente (*fine-tuning*), permitiendo que el modelo aprenda a identificar los nuevos microorganismos con una cantidad reducida de imágenes y en menor tiempo (Weiss *et al.*, 2016).

2.7 El Modelo YOLO (You Only Look Once)

2.7.1 Evolución hasta YOLOv8

YOLO (*You Only Look Once*) es una familia de modelos de detección de objetos en tiempo real propuesta originalmente por Redmon *et al.*, en 2016. A diferencia de los métodos de dos etapas (como R-CNN) que primero proponen regiones y luego clasifican, YOLO unifica todo el proceso en una única red neuronal, prediciendo las cajas delimitadoras (*bounding boxes*) y las probabilidades de clase en una sola pasada de inferencia. Esto le confiere una velocidad de procesamiento superior, haciéndolo ideal para aplicaciones en tiempo real. YOLOv8 es una versión de la familia de modelos YOLO lanzada por *Ultralytics* en 2023, representa la versión más accesible de esta arquitectura incorporando mejoras significativas en precisión y velocidad respecto a sus versiones anteriores (YOLOv5 y YOLOv7) (Jocher *et al.*, 2024).

2.7.2 Arquitectura de YOLOv8.

La arquitectura de YOLOv8 se distingue por ser un modelo *Anchor-Free* (sin anclas predefinidas) y contar con un *Decoupled Head* (cabezal desacoplado). Sus componentes principales son:

Columna Vertebral (Backbone): Es la parte de la red encargada de extraer características de la imagen. YOLOv8 utiliza una versión modificada de la arquitectura CSPDarknet53, reemplazando los módulos C3 de versiones anteriores por el módulo C2f. Este nuevo módulo mejora el flujo de gradientes durante el entrenamiento y permite una extracción de características más rica y ligera (Lubinus *et al.*, 2021).

Cuello (Neck): Utiliza una estructura PANet (*Path Aggregation Network*) para fusionar características de diferentes escalas. Esto es crucial para detectar microorganismos, ya que permite al modelo identificar tanto objetos grandes (colonias de *Nostoc*) como pequeños (*Scenedesmus* individuales) con la misma eficacia (Lubinus *et al.*, 2021).

Cabezal (Head): Es la parte final que realiza la predicción. YOLOv8 emplea un cabezal desacoplado, lo que significa que procesa la clasificación (¿qué es el objeto?) y la regresión (¿dónde está el objeto?) en ramas separadas de la red. Además, al ser *Anchor-Free*, predice directamente el centro del objeto, simplificando el proceso y mejorando la generalización ante formas irregulares de microorganismos (Jocher *et al.*, 2023).

2.8 Procesamiento de Imágenes para IA.

2.8.1 Preprocesamiento y Etiquetado.

Para que las imágenes microscópicas puedan ser procesadas por la red neuronal, deben someterse a una etapa de preprocesamiento. Esto incluye el redimensionamiento (*resizing*) a un formato estándar cuadrado (para este estudio, 320x320 píxeles) y la normalización de los valores de píxel (Acosta, 2021). El etiquetado supervisado se realiza mediante herramientas como *Roboflow*, donde se delimitan manualmente las Regiones de Interés (*Region of interest*, ROI, por sus siglas en

inglés) generando archivos de anotación que contienen las coordenadas de los microorganismos y su clase correspondiente.

2.8.2 Técnicas de Aumento de Datos (*Data Augmentation*).

Dado que la obtención de imágenes biológicas etiquetadas es costosa, se aplicaron técnicas de aumento de datos para multiplicar artificialmente el tamaño del conjunto de entrenamiento y evitar el sobreajuste (*overfitting*) (López, 2021). Estas técnicas generan nuevas versiones de las imágenes originales aplicando transformaciones que simulan variaciones experimentales reales, tales como:

Rotación y Volteo (Flip): Simulan la orientación aleatoria de los microorganismos en el portaobjetos.

Ajuste de Brillo y Contraste: Simulan variaciones en la iluminación del microscopio.

Ruido Gaussiano: Simula el "grano" o imperfecciones de la cámara digital.

2.9 Métricas de Evaluación de Desempeño.

Para validar cuantitativamente la eficacia del modelo entrenado, se utilizan métricas estándar en visión computacional derivadas de la Matriz de Confusión, la cual compara las predicciones del modelo contra las etiquetas reales (*Ground Truth*).

2.9.1 Matriz de Confusión.

La matriz de confusión es una herramienta de visualización que se utiliza para evaluar el rendimiento de un modelo de clasificación al comparar las predicciones del modelo con los valores reales. Es una matriz donde las filas representan las clases reales y las columnas las clases estimadas por el modelo como se indica en la ecuación [1].

$$C = \begin{bmatrix} TP & FP \\ FN & TN \end{bmatrix} \quad [1]$$

True Positives (TP): Verdaderos Positivos.

True Negatives (TN): Verdaderos Negativos.

False Positives (FP): Falsos Positivos.

False Negatives (FN): Falsos Negativos.

Los valores sobre la diagonal principal de la matriz indican el número total de predicciones correctas y los valores fuera de la diagonal el total de predicciones incorrectas o confusiones.

2.9.2 Precisión, Exhaustividad (*Recall*) y *F1-Score*.

Precisión (P): Indica qué porcentaje de las detecciones realizadas por el modelo son correctas y está definida por la ecuación [2].

$$P = \frac{TP}{TP + FP} \quad [2]$$

De donde, una precisión alta implica pocos falsos positivos.

Exhaustividad o *Recall* (R): Indica qué porcentaje de los microorganismos reales fue capaz de encontrar el modelo (ecuación [3]).

$$R = \frac{TP}{TP + FN} \quad [3]$$

Donde, un valor alto de R implica pocos falsos negativos.

F1-Score: Es la media armónica (H) entre precisión y *recall*, proporcionando una métrica única que balancea ambos aspectos, como se ilustra en [4].

$$H = \frac{2}{\frac{1}{R} + \frac{1}{P}} \quad [4]$$

La ecuación [4], resume la capacidad del modelo para no hacer falsas alarmas (precisión) y no pasar por alto casos importantes (exhaustividad) y requiere que el modelo sea consistentemente bueno en ambas, para obtener un valor alto de *F1-Score*.

2.9.3 Intersección sobre Unión (*IoU*).

Para determinar si una detección es correcta, se usa el criterio de Intersección sobre Unión (*IoU*), el cual está definido en la ecuación [5].

$$IoU = \frac{A \cap B}{A \cup B} \quad [5]$$

$A \cap B$: Área de superposición de los cuadros delimitadores.

$A \cup B$: Área total cubierta por ambos cuadros delimitadores.

Que mide el solapamiento entre la caja predicha y la real (ver Figura 5.)

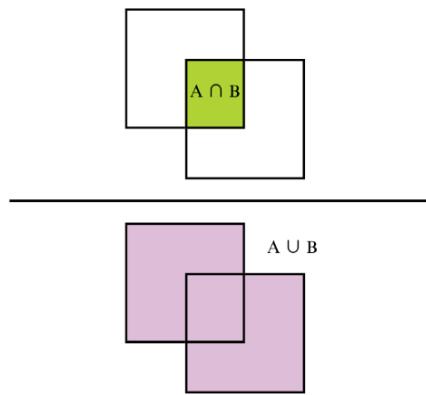


Figura 5. Representación geométrica del criterio de intersección sobre unión.

Si el IoU es igual a 1 la superposición es perfecta lo cual implica que la predicción es idéntica al recuadro de la verdad fundamental, mientras que si es cercano a 1 existe una gran superposición entre la predicción y el objeto real. Cuando la predicción está separada completamente del objeto real el valor de IoU es igual a 0, en este sentido, para la detección de objetos se establece un umbral generalmente de $\tau = 0.5$ para clasificar la predicción, es decir si $IoU \geq \tau$ entonces la predicción se cuenta como correcta (TP) y si $IoU < \tau$ la predicción se cuenta como incorrecta o se descarta (FP).

2.9.4 Precisión Media (mAP).

La métrica más robusta para evaluar detectores de objetos es la Precisión Media (mAP -que significa *Average Precision*). Esta métrica calcula el promedio de la precisión para diferentes valores de *recall*.

Sea $R_1 = \frac{TP_1}{TP_1+FN_1}$, $R_2 = \frac{TP_2}{TP_2+FN_2}$... $R_n = \frac{TP_n}{TP_n+FN_n}$ lo cual corresponde a n valores de TP y FP , de

esta forma se obtienen los valores correspondientes para diferentes precisiones $P_1 = \frac{TP_1}{TP_1+FP_1}$,

$P_2 = \frac{TP_2}{TP_2+FP_2}$... $P_n = \frac{TP_n}{TP_n+FP_n}$ y posteriormente se obtiene el promedio de P de la siguiente forma:

$$\bar{P} = \frac{\sum P_i}{n} \quad [6]$$

2.9.4 Precisión Media $mAP50$ y $mAP50-95$.

La precisión media o $mAP50$ considera una detección correcta si $IoU > \tau$. Mientras que $mAP50-95$ promedia el rendimiento variando el umbral de IoU desde 0.5 hasta 0.95, premiando a los modelos que localizan los objetos con gran exactitud milimétrica.

Capítulo 3

3.1 Planteamiento del Problema.

3.2 Justificación.

3.3 Hipótesis.

3.4 Objetivo General.

3.5 Objetivos Particulares.

3.1 Planteamiento del problema.

Los Consorcios Microbianos Fotosintéticos (CMF) obtenidos de suelos agrícolas, desempeñan un papel crucial en ciclos biogeoquímicos, lo que les confiere una relevancia ecológica y biotecnológica significativa. Esta importancia radica en la capacidad de los microorganismos que los conforman para producir compuestos de alto valor añadido (Jiménez, 2024). Entre estos organismos se encuentran las cianobacterias y microalgas, cuyo papel de acuerdo con estudios previos, pueden emplearse como biofertilizantes debido a su capacidad de fijar nitrógeno (Chittora *et al.*, 2020), al igual de tener gran potencial para biorremediación (Amores *et al.*, 2015) control biológico, bioenergía, entre otras aplicaciones (Hernández *et al.*, 2016).

Sin embargo, la identificación de microorganismos en el laboratorio ha experimentado escasas innovaciones. Mientras que nuevas tecnologías, como la Inteligencia Artificial (IA) avanzan en áreas de investigación como la salud y finanzas, su desarrollo en el ámbito de los bioprocessos es significativamente menor. Este atraso es particularmente notable en la identificación morfológica y monitoreo de microorganismos con relevancia biotecnológica y agroindustrial, donde la IA no ha sido implementada de manera significativa, lo que resulta en un área con un desarrollo incipiente (Chávez *et al.*, 2020).

Tradicionalmente, la identificación de microorganismos y su monitoreo ha sido un proceso tardado por el uso de métodos polifásicos. Este enfoque se ve limitado por el alto costo y la disponibilidad de equipos especializados, y depende en gran medida de poseer un conocimiento amplio para poder realizar la identificación, y obtener resultados objetivos y precisos (Hernández *et al.*, 2016).

3.2 Justificación.

Debido a la limitada existencia de Redes Neuronales Convolucionales (CNN) especializadas en identificación morfológica de cianobacterias y microalgas como potenciales microorganismos en el desarrollo de biofertilizantes, es necesario el desarrollo de un sistema de entrenamiento para que la IA permita resolver problemas de precisión, reducción de tiempo y costos que tienen los métodos tradicionales. El presente proyecto propone la implementación de YOLOv8, un detector de objetos, para la identificación de la microalga *Scenedesmus* sp. y la cianobacteria *Nostoc* sp. Ambos géneros de microorganismos son componentes comunes en CMF y son de gran interés biotecnológico y agroindustrial, por su importancia como fijadores de nitrógeno y bioestimulantes de metabolitos.

3.3 Hipótesis.

Con el entrenamiento de CNN usando las imágenes etiquetadas del CMF, se podrán identificar *Scenedesmus* sp. y *Nostoc* sp. de manera precisa en una imagen aleatoria, utilizando IA., demostrando los beneficios de las redes neuronales artificiales como YOLOv8 para la industria de los bioprocessos.

3.4 Objetivo General.

Implementar y desarrollar un sistema de Inteligencia Artificial (IA) que identifique automáticamente los microorganismos *Scenedesmus* sp. y *Nostoc* sp., mediante el entrenamiento de una Red Neuronal Convolucional utilizando las herramientas de YOLOv8 y *Roboflow*.

3.5 Objetivos Particulares.

- I. Obtener un banco de imágenes para etiquetar los microorganismos de interés: *Scenedesmus* sp. y *Nostoc* sp. del consorcio microbiano en *Roboflow*.
- II. Realizar la construcción del algoritmo en el entorno de *Google Colab* cargando YOLOv8 y sus librerías necesarias para el entrenamiento.
- III. Entrenar y validar el algoritmo mediante métricas de rendimiento en tiempo real en *Google Colab* generando una base de datos para la identificación morfológica de *Scenedesmus* sp. y *Nostoc* sp. de la Red Neuronal Convolucional de YOLOv8 y la base de datos del etiquetado de imágenes cargadas de *Roboflow*.

Capítulo 4

Materiales y

Métodos

4.1 Recolección de la muestra

4.2 Sistema de Captura de Fotografías del Consorcio Microbiano

4.3 Etiquetado en *Roboflow*

4.4 Construcción del Algoritmo y Entrenamiento de la Red Convolucional

En la Figura 6, se tomó la muestra del CMF de un fotobiorreactor por lote, posteriormente se armó el sistema para la captura de fotografías en el laboratorio y se seleccionó aleatoriamente una muestra representativa de 100 imágenes para construir la base de datos, las cuales fueron etiquetadas para identificar los microorganismos de interés en *Roboflow* (Dwyer y Nelson, 2019). Finalmente, se implementó el algoritmo en *Google Colab* aplicando las especificaciones requeridas en la red para el entrenamiento del modelo de YOLOv8, y poner a prueba la predicción del nuevo modelo.

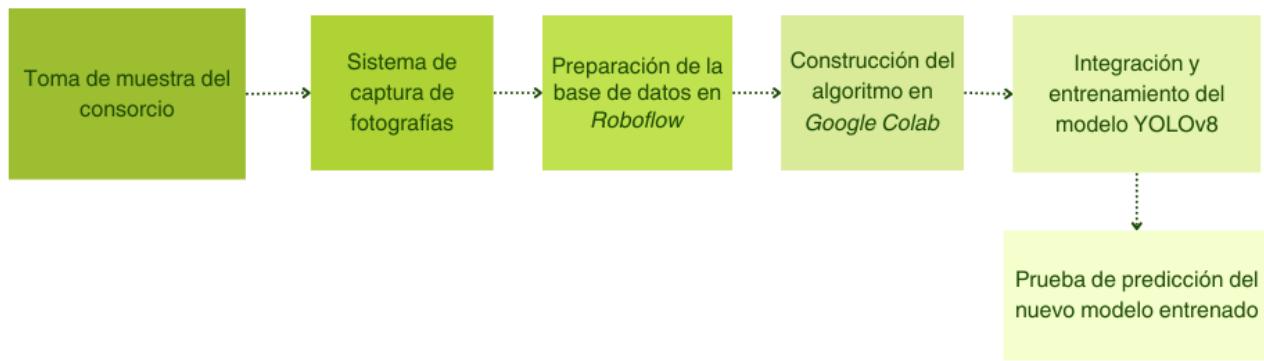


Figura 6. Diagrama de flujo de la metodología general.

4.1 Recolección de la muestra

La muestra del consorcio provino de un cultivo por lote en un fotobiorreactor RBF (Reactor Biológico de Flotación) tipo triangular de burbuja con un volumen de operación de 25 L, largo de 0.81 m, ancho de 0.37 m y altura de 0.30 m, empleando el medio BG11₀ (Rippka *et al.*, 1979) bajo condiciones controladas de luz (80 $\mu\text{mol fotones m}^{-2} \text{s}^{-1}$ 1500-2000 lx), con un fotoperiodo 12/12 (luz/oscuridad), temperatura de entre 20-25 °C y aireación 24 horas como se esquematiza en la Figura 7. En general, la mayoría de los productos activos de los biofertilizantes y bioestimulantes comerciales se producen en la fase donde se tiene el equilibrio óptimo entre producción de biomasa y acumulación de compuestos deseados. En este caso se consideró la región de transición entre el final de la Fase Exponencial o al inicio de la Fase Estacionaria donde la producción de biomasa es

máxima y el contenido de compuestos primarios que actúan como estimulantes directos (aminoácidos y proteínas). En términos de tiempo, esto suele ser entre los 10 y 20 días de cultivo en condiciones optimizadas del fotobiorreactor (Figura 7).

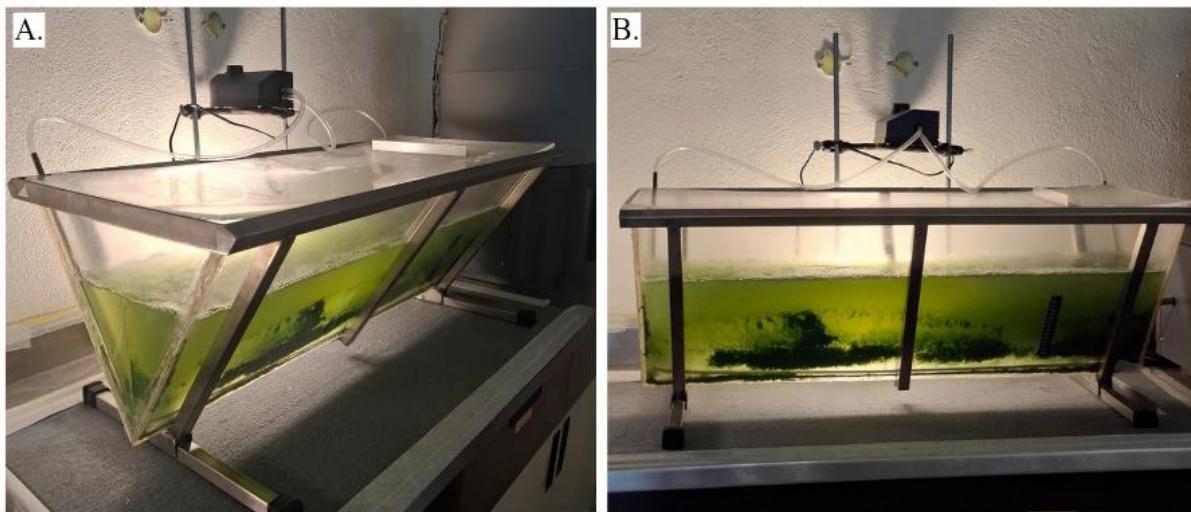


Figura 7. A. Fotobiorreactor (FBR) tipo triangular de burbuja con medio de cultivo BG110 y B. En crecimiento el CMF, dos ángulos diferentes.

4.2 Sistema de Captura de Fotografías del Consorcio Microbiano.

El sistema de captura de fotografías incorporó una cámara digital de 5MP (MP megapíxeles) equipada con un ocular de 10X para la magnificación adicional, acoplada a un microscopio óptico modelo VELAB VE-B50, con los objetivos de 40X y 100X y adicionalmente el ocular de 10X, se capturaron las tomas de los microorganismos del consorcio. Cabe resaltar que la cámara emplea su propio programa nativo llamado HAYEAR; el ordenador portátil ejecuta esta aplicación tras la conexión con el equipo fotográfico, como se muestra en la Figura 8. Una vez montado el sistema se capturaron 1600 imágenes para crear el banco de datos y cargarlos a la nube.

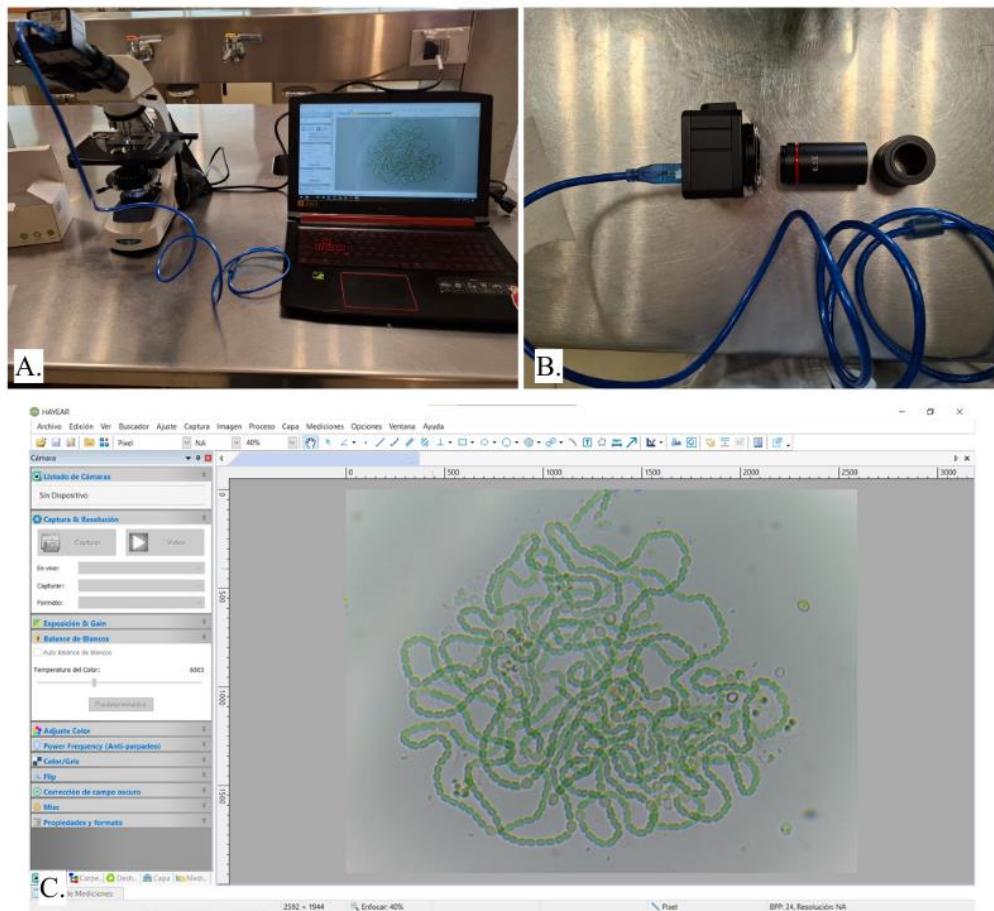


Figura 8. A. Sistema para la toma de fotografías del consorcio; B. Partes de la cámara digital con lente 10x.; C. Interfaz del programa de la cámara.

4.3 Etiquetado en *Roboflow*

Para la gestión, etiquetado y preprocesamiento del conjunto de datos, se utilizó la plataforma en línea *Roboflow*, desarrollada por Dwyer y Nelson en 2019. Esta herramienta proporciona un entorno integral de visión por computadora que permite organizar, anotar y preparar imágenes para su posterior entrenamiento en modelos de aprendizaje profundo.

La selección de esta plataforma se fundamentó en su integración nativa con la arquitectura YOLOv8, lo que permite exportar los datasets directamente en el formato de coordenadas y estructura de carpetas requerido por el modelo, eliminando la necesidad de *scripts* de conversión

adicionales. Además, su interfaz gráfica intuitiva optimiza el flujo de trabajo, reduciendo significativamente el tiempo dedicado a la anotación manual de las Regiones de Interés (ROI).

Entre las características técnicas evaluadas para su implementación en este proyecto, se destacan las siguientes ventajas y limitaciones en la Tabla 2.

Tabla 2. Ventajas y Limitaciones de la plataforma *Roboflow*.

| Ventajas | Limitaciones |
|---|---|
| Gestión de Versiones: Permite generar múltiples versiones del set de datos (v1, v2, etc.) aplicando diferentes técnicas de preprocesamiento sin perder las imágenes originales. | Privacidad en la versión gratuita: La licencia de uso libre (<i>Community Plan</i>) requiere que el conjunto de datos sea público, lo cual debe considerarse si se trabaja con información sensible o patentable. |
| Herramientas de Aumento de Datos: Facilita la aplicación automática de transformaciones (rotación, recorte, ruido) para incrementar artificialmente el tamaño del set de entrenamiento. | Dependencia de conexión: Al ser una herramienta <i>SaaS</i> (<i>Software as a Service</i>), requiere una conexión a internet estable para la carga y etiquetado de imágenes de alta resolución. |
| Colaboración y Portabilidad: Al ser una plataforma basada en la nube, permite el acceso remoto al proyecto y la exportación de datos mediante scripts compatibles con entornos como Google Colab. | Límites de almacenamiento: La versión gratuita posee restricciones en el número máximo de imágenes que se pueden procesar y generar por proyecto. |
| | |

A pesar de las limitaciones, la herramienta resultó idónea para el tamaño de la muestra de este estudio, permitiendo realizar el preprocesamiento necesario, así como el redimensionamiento de manera automatizada.

4.3.1 Definición de las clases.

Las clases se definieron como las especies de interés “Clase 1: *Scenedesmus* sp.” y “Clase 2: *Nostoc* sp.”. Adicionalmente, se agregó una clase llamada “Clase 3: *unknow*”; con el propósito de que el modelo clasifique como desconocidos a otros microorganismos o formas que no coincidan con la morfología de las dos especies definidas.

Se seleccionaron 100 imágenes de nuestro banco de datos de 1600 en *Roboflow*, donde fueron preprocesadas mediante un *resizing* de 320x320 píxeles para cumplir los requisitos del modelo YOLOv8. El etiquetado se realizó de forma manual, para lo cual se señalaron y encerraron en un recuadro las regiones correspondientes a cada clase en todas las imágenes, como se ejemplifica en la Figura 9.

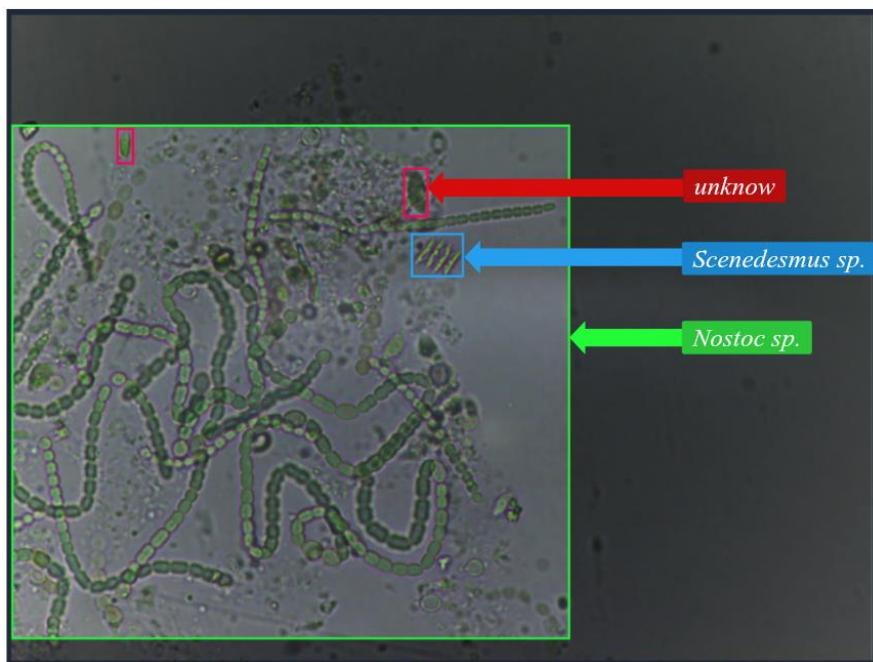


Figura 9. Etiquetado de las clases seleccionadas *Scenedesmus* sp., *Nostoc* sp. y *unknow*.

Finalmente, para construir nuestra base de datos y poder entrenar la red neuronal, el conjunto de 100 imágenes se dividió en: 80% para entrenamiento (*Train*), 15% para validación (*Validation*) y 5% para prueba (*Test*).

4.4 Construcción del Algoritmo y Entrenamiento de la Red Convolucional.

Para el entrenamiento del modelo, se debe de considerar el tamaño de la base de datos ya que esto puede requerir de un procesamiento demandante para los equipos de computadora portátiles convencionales, provocando que el entrenamiento tarde en completarse; por lo que se hizo uso de un cuaderno de *Google Colaboratory (Google Colab)* ya que este entorno ofrece los recursos informáticos necesarios (GPU) para realizar este proyecto de redes neuronales convolucionales. Además, la implementación del modelo preentrenado YOLOv8 de código abierto, se puede trabajar fácilmente en conjunto con estos cuadernos, ya que es parte de sus repositorios y emplean lenguaje *Python*.

Después de crear un nuevo cuaderno en *Google Colab* se cambió el tipo de entorno de ejecución y se seleccionó *Python 3*, y como acelerador de *hardware GPU T4*; que se utiliza para este tipo de redes (Pires, 2023), ver Figura 10.

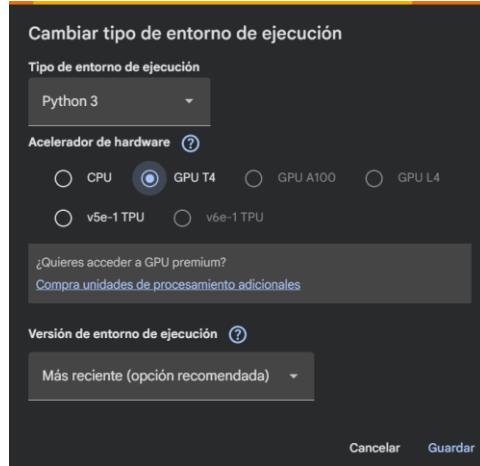


Figura 10. Configuración de entorno.

Posteriormente, se exportó la base de datos de la plataforma de *Roboflow* en formato de *script* o fragmento de código compatible para YOLOv8, véase la Figura 11. Este código se pegó en el cuaderno de *Google Colab*. En este se indican las dependencias y bibliotecas necesarias para la correcta ejecución del código y exportación de la base de datos.

```
!pip install roboflow

from roboflow import Roboflow
rf = Roboflow(api_key="██████████")
project = rf.workspace("ultramar").project("photosynthetic-p3")
version = project.version(4)
dataset = version.download("yolov8")
```

Figura 11. Código arrojado por *Roboflow* para la descarga de la base de datos.

El código de la Figura 12., se transcribió de la página oficial de YOLOv8 (yolov8.org) siguiendo los pasos que se describen en ella para utilizar el modelo en leguaje de programación *Python* y siendo un modelo de entrenamiento con *set* de datos propios.

```
!pip install ultralytics
from ultralytics import YOLO
model = YOLO("yolov8m.pt")
```

Figura 12. Código para la importación del modelo YOLOv8

!pip install ultralytics- es un comando que nos permite instalar el paquete de *Python ultralytics* usando el comando *pip*.

from ultralytics import YOLO –indica que de la biblioteca de *Ultralytics* se importe la clase YOLO

model=YOLO("yolov8m.pt") – model es una variable que almacena una instancia del modelo de YOLO cargando el modelo “yolov8m.pt” y los pesos preentrenados con COCO (*Common Objects in Context dataset*), donde la “m” indica el tamaño “medium” que necesitamos para nuestro set de datos.

Una vez ejecutadas las dos celdas se generaron varios archivos por el modelo, los cuales contienen la información de *Roboflow* (imágenes y etiquetas de clases con coordenadas) y los pesos del modelo preentrenado de YOLO, Figura 13 A.

Después, se escribió en una nueva celda lo siguiente:

```
model.train (data = "/content/Photosynthetic-P3-4/data.yaml", epochs = 100, imgsz=320)
```

La linea inicia el proceso del entrenamiento del modelo YOLOv8 con parámetros específicos, es decir, hace que el modelo aprenda a detectar los microorganismos del set de datos personalizado, donde: ***data.yaml*** es el archivo de configuración del *set* de datos; ***epochs=100*** define el número de épocas de entrenamiento, en este caso se eligieron 100 (el modelo verá los datos 100 veces) y

`imgsz= 320` indica el tamaño de imagen que definimos en *Roboflow* 320x320 píxeles, para el entrenamiento (Figura 13. B).

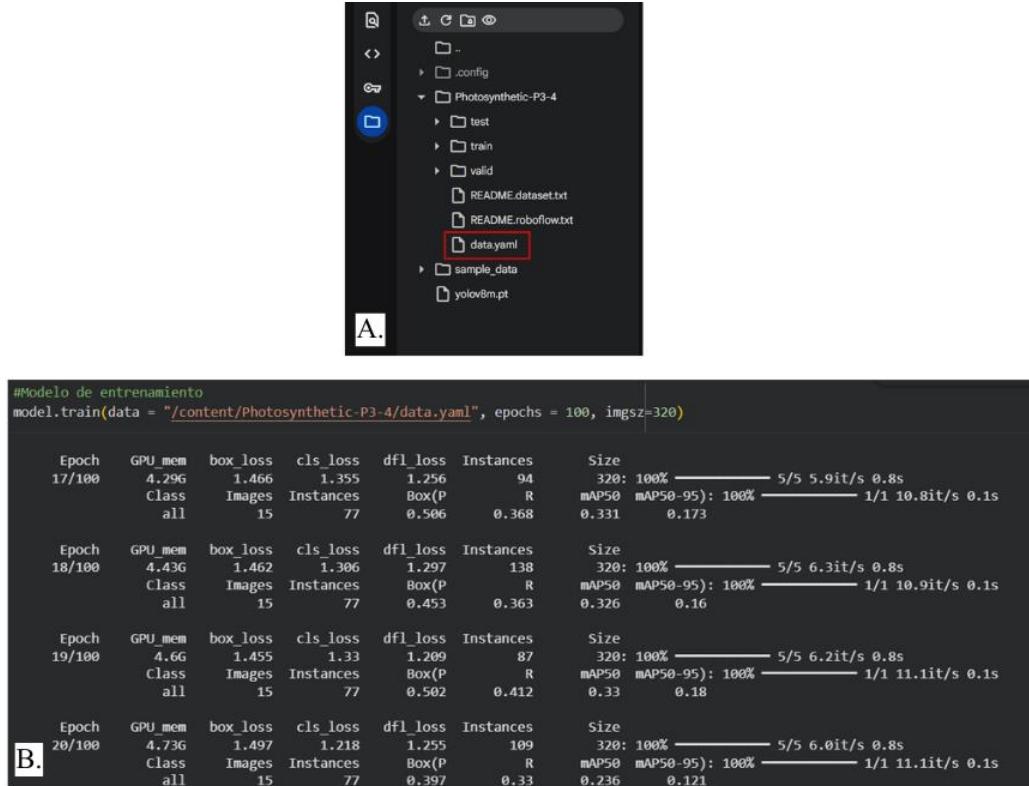


Figura 13. A. Visualización de la pestaña de archivos generados tras la ejecución del código de *Roboflow* e importación del modelo YOLOv8, B. Código del modelo de entrenamiento de la red convolucional.

Una vez concluido el entrenamiento, se generó el archivo ***best.pt***. que contenía los mejores pesos del modelo. Después, se realizó la prueba de predicción cargando una imagen aleatoria (no perteneciente a la base de datos) para aplicar el modelo sobre la imagen cargada. Además, se obtuvieron las cajas delimitadoras de los objetos detectados, las probabilidades de clasificación y las detecciones dibujadas incluyendo etiquetas con las clases y niveles de confianza, empleando el siguiente código:

```

model= YOLO("/content/runs/detect/train/weights/best.pt")

results = model("/Copia de 11_BG112024-11-01-11-33-02-217.jpg")

for result in results:

```

```
boxes = result.boxes
```

```
probs = result.probs
```

```
result.show()
```

Capítulo 5

Resultados y

Discusión

5.1 Identificación de las especies por su morfología

Para delimitar y etiquetar los microorganismos se revisaron fuentes de información como libros, artículos y bases de datos (*AlgaBase* y *NCBI*), que ayudaron a determinar el género de los microorganismos más recurrentes en el consorcio. *Scenedesmus* sp. fue identificado como un alga ya que suelen habitar en cuerpos de agua dulce o salada; además, se realizó el análisis de la forma de sus colonias y células, tomando de referencia la descripción del libro *Freshwater Algae* de Bellinger y Sigee (2015), el artículo *Algae* de Kaštovský *et al.*, (2019) y la base de datos *AlgaBase* (Guiry y Guiry, 2025) para realizar el siguiente análisis:

Primeramente, se identificó como un alga verde, por lo tanto, no se consideraron algas marrones, amarillas, de varios colores, rojas y tampoco sus variaciones. La siguiente consideración fue la estructura de sus células, los organismos pertenecientes al género *Scenedesmus* se distinguen por la formación de colonias que son relativamente pequeñas y alineadas, siendo individuales o en conjuntos de células de: 2, 4, 8 a 16, véase en la Figura 14., donde se comparan las formaciones generales de otros géneros con una especie de *Scenedesmus* y el de una colonia observada en este estudio.

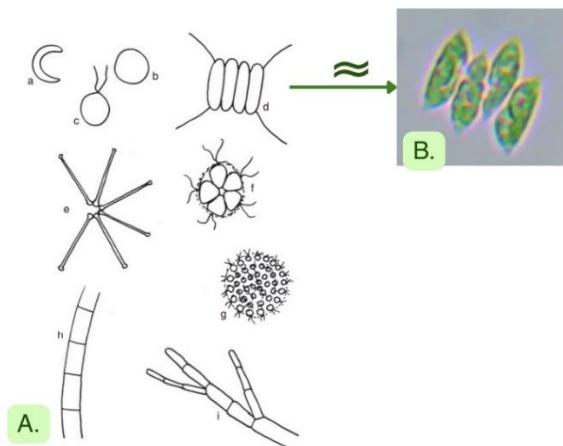


Figura 14. A. Formas comunes en algas. Adaptado de Bellinger y Sigee ,2015. B. *Scenedesmus* sp. Imagen propia.

Se determinó que pertenece al género *Scenedesmus* y se definió como una especie de este género (*Scenedesmus* sp.) ya que se identificó que cuenta con la forma estándar elipsoide que es característica de algunas especies de *Scenedesmus* y por la formación de colonias de especies pertenecientes a este género (Figura 15.)

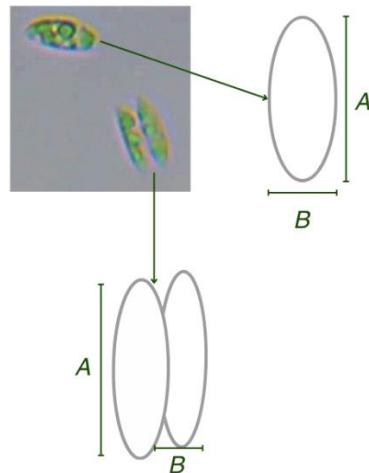


Figura 15. Morfología de *Scenedesmus* sp.

Para el caso de *Nostoc* sp., se utilizó el mismo libro de *Freshwater Algae* de Bellinger y Sige (2015), porque en él se encontraban las descripciones morfológicas de organismos filamentosos. Aunque en un principio se consideró que pertenecía al género *Anabaena*, ya que cuentan con células y características similares, se diferenció por la formación de colonias, las especies del género *Anabaena* no forma colonias esféricas, característica que se observó en el crecimiento de estas cianobacterias, por otro lado, se reporta que el género *Nostoc* forma colonias esféricas gelatinosas envueltas en sustancia mucilaginosa (Nicoletti, 2022). Los organismos *Nostocales* presentan este tipo de morfología característica de colonias secuenciales lineales con heterocistos, semejantes a un collar. En el artículo de Corrales *et al.*, en 2017 se caracterizó un organismo como *Nostoc* sp. el cual coincide fenotípicamente con los organismos que se visualizaban en nuestro

consorcio; con la presencia de mucílago gelatinoso alrededor, la forma de distribución de las células y la presencia de heterocistos, véase en la Figura 16. Por lo tanto, se definió que era una especie del género *Nostoc*, *Nostoc* sp., ya que cumplía con las características propias de este género mencionadas anteriormente.

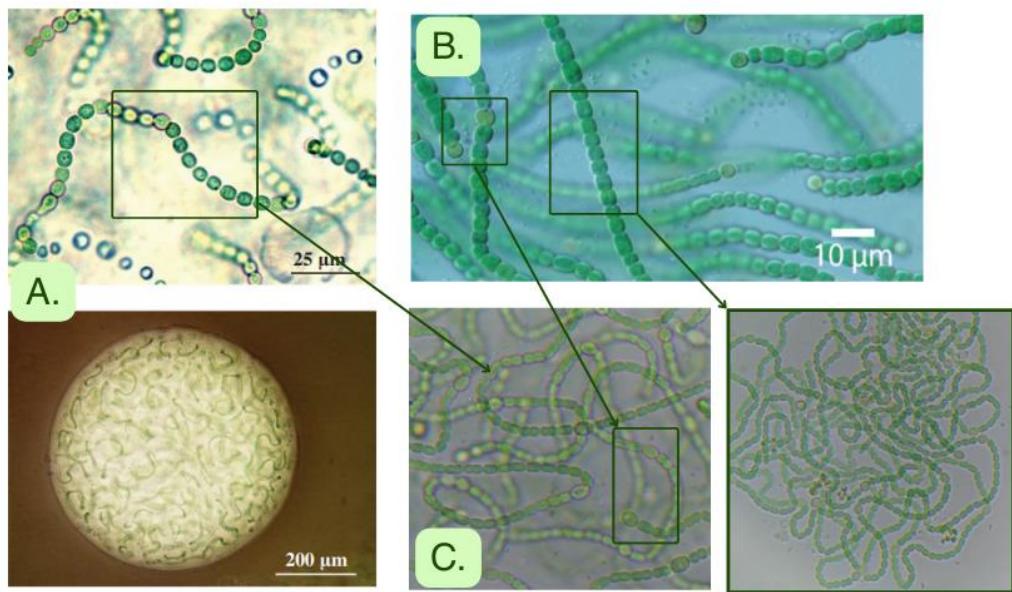


Figura 16. A. Colonia de *Nostoc*, y detalle de crecimiento en mucilago. Adaptado de Bellinger y Sigee, 2015. B. Colonia de *Nostoc*. Adaptado de Corrales *et al.*, 2017. C. Imágenes de *Nostoc* sp. obtenidas en este estudio.

Se hizo una búsqueda en la plataforma NCBI (s.f.) y AlgaBase (Guiry y Guiry, 2025) para corroborar los niveles taxonómicos de las dos especies seleccionadas, para fines de referencia y literatura, no se realizó ninguna prueba o experimentación filogenética.

Una vez determinadas las características morfológicas de los organismos seleccionados se llevó a cabo el etiquetado en *Roboflow* (Dwyer y Nelson, 2019) definiendo las tres clases como: *Scenedesmus* sp., *Nostoc* sp. y *unknow*. Es importante señalar que se realizó bajo criterio propio, seleccionando y delimitando con recuadros a los organismos que cumplieran con las especificaciones de forma ya discutidas.

5.2 Obtención de métricas de los Entrenamientos del Modelo YOLOv8 personalizado.

Una vez completado el entrenamiento de la red con el nuevo modelo personalizado de YOLOv8 se obtuvieron las métricas para determinar su rendimiento. Se realizaron pruebas de entrenamiento con distintos tamaños de YOLOv8 los cuales están diseñados para equilibrar la velocidad y precisión, entre mayor tamaño, mayor será la precisión, pero también requiere más recursos computacionales, por lo tanto, la velocidad se ve afectada.

Se realizaron estas variaciones de tamaño con la finalidad de comparar los modelos obtenidos en términos de las métricas de exactitud, Precisión (P) y Exhaustividad (R) para llegar a un modelo con alta precisión.

La primera prueba consistió en entrenar la red con 100 épocas donde se utilizaron 80% de las imágenes para entrenamiento, 15% para validación y 5% para prueba. Además de aplicar YOLOv8 con distintos modelos de tamaño *Nano* (n), *Small* (s) y *Medium* (m) para observar el comportamiento de la red. En la Tabla 3., se observan las métricas del rendimiento de los modelos, obtenidos después de los entrenamientos correspondientes a cada tamaño. Para la métrica de la Precisión (P) los valores obtenidos por los modelos *medium* (YOLOv8m) y *small* (YOLOv8s) en general, son altos en comparación con el modelo de tamaño *nano* (YOLOv8n) indicando que se están detectando pocos falsos positivos en los dos modelos, además, cuando se observan los puntajes de cada una de las clases, en el modelo nano, se están identificando mayormente falsos positivos de la clase *Scenedesmus* sp.

En el caso de la métrica de la exhaustividad los tres modelos no presentan gran variabilidad, si bien los valores rondan entre el 0.5 y 0.6 (50% - 60%) demostrando que los tres modelos identifican poco más del 50 % de los objetos de la imagen correctamente.

ara la métrica de la exactitud en mAP50 los modelos presentaron puntuaciones similares demostrando que un poco más del 50 % de los cuadros delimitadores predichos y los de salida coinciden resultando en una detección correcta, y en este caso el modelo *Medium* (YOLOv8m) obtuvo una puntuación de 0.585 siendo un poco más alta en comparación de los otros dos modelos en puntajes generales. Esto sugiere que el modelo m en términos de métricas mAP50 y mAP50-95 supera consistentemente a los dos modelos más chicos, demostrando que podría ofrecer un rendimiento más equilibrado.

Tabla 3. Métricas obtenidas de los distintos tamaños del modelo (n, s y m).

| Tamaño del modelo | Precisión (P) | Exhaustividad (R) | Exactitud | |
|-------------------|---------------|-------------------|-----------|----------|
| | | | mAP50 | mAP50-95 |
| YOLOv8n (nano) | 0.579 | 0.578 | 0.538 | 0.319 |
| YOLOv8s (small) | 0.599 | 0.587 | 0.571 | 0.347 |
| YOLOv8m (medium) | 0.682 | 0.518 | 0.585 | 0.370 |

Basandonos en los resultados al realizar las pruebas con una imagen aleatoria, pero la misma para los tres modelos (Figura 17.) observamos que el modelo Nano no detecta algunos objetos, por ejemplo, no está identificando a *Scenedesmus* sp., por el contrario del modelo *small* que, si lo detecta, pero en comparación con el modelo M reconoce menos objetos. En el caso del modelo *medium* se están detectando los organismos correctamente, pero reconoce muchos casos de la clase *unknow*.

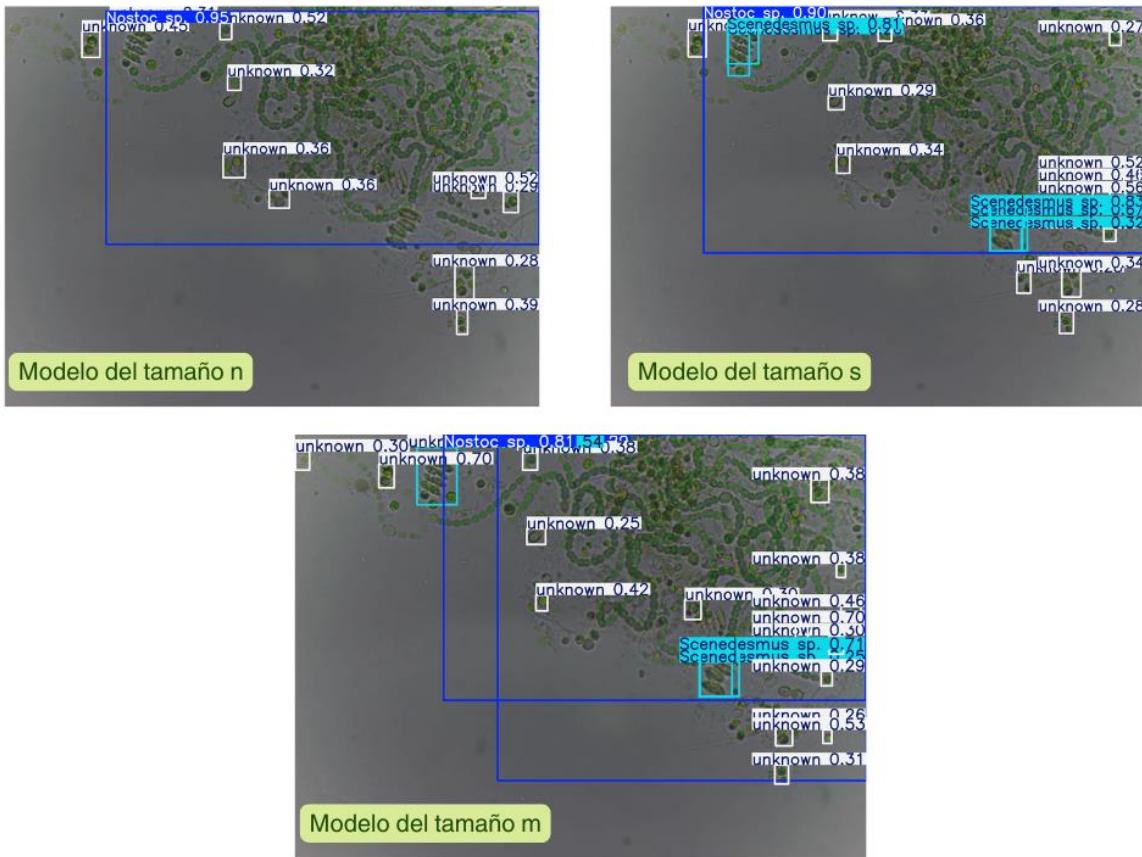


Figura 17. Comparación del resultado de detección de los microorganismos por los distintos tamaños del modelo.

Por otro lado, al analizar las métricas por clase es importante destacar que los valores del modelo *medium* son relativamente bajos en comparación con otros trabajos de investigación (Pires-Marques, 2023) donde la Precisión y la Exhaustividad presentan valores más ideales. Se pudo identificar que esto resulta por el tamaño de las bases de datos, mientras más datos, mayor será el entrenamiento y aprendizaje en las CNN, pero la base de datos de este estudio fue muy pequeña para hacer un refinamiento de la red y el entrenamiento.

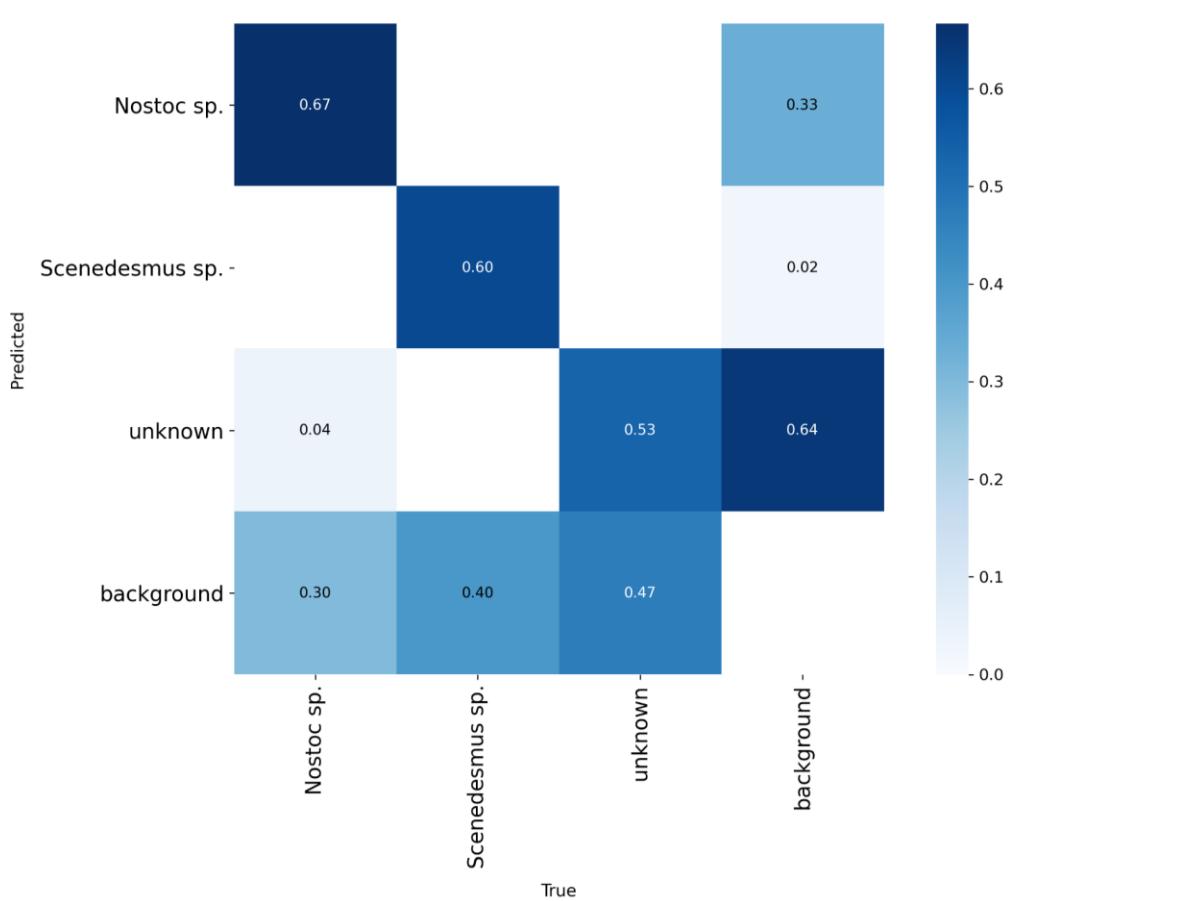


Figura 18. Matriz de correlación normalizada obtenida del modelo *medium*.

En la Figura 18., se presenta la matriz de confusión normalizada resultante del modelo YOLOv8m (*medium*) utilizada para evaluar el rendimiento de clasificación del modelo. Las filas del gráfico corresponden a las predicciones del modelo y las columnas a la verdad conocida. Para las tareas de detección y clasificación de objetos, se añaden una columna y una fila de clases de fondo (*background*), representando el espacio que no tiene objetos. Las muestras correctamente clasificadas por el modelo se representan mediante celdas dispuestas diagonalmente de izquierda a derecha en la matriz. Las celdas fuera de la diagonal muestran el número de organismos incorrectamente clasificados por el modelo para cada clase. Los valores de cada celda están normalizados y varían de 0 a 1. De acuerdo con esto se identifica que el modelo identifica correctamente la mayoría de veces las clases, además de casi nunca o nunca confundir las dos

clases de los organismos de interés con la tercera clase por el valor nulo para *Scenedesmus* sp. y 0.04 para *Nostoc* sp.

Un problema que se observa es que las puntuaciones de la primera fila indica que el modelo confunde las tres clases con el *background*, aunque hay una mayor puntuación correspondiente a la clase *unknow* también es significativamente alto en la clase *Scenedesmus* sp.

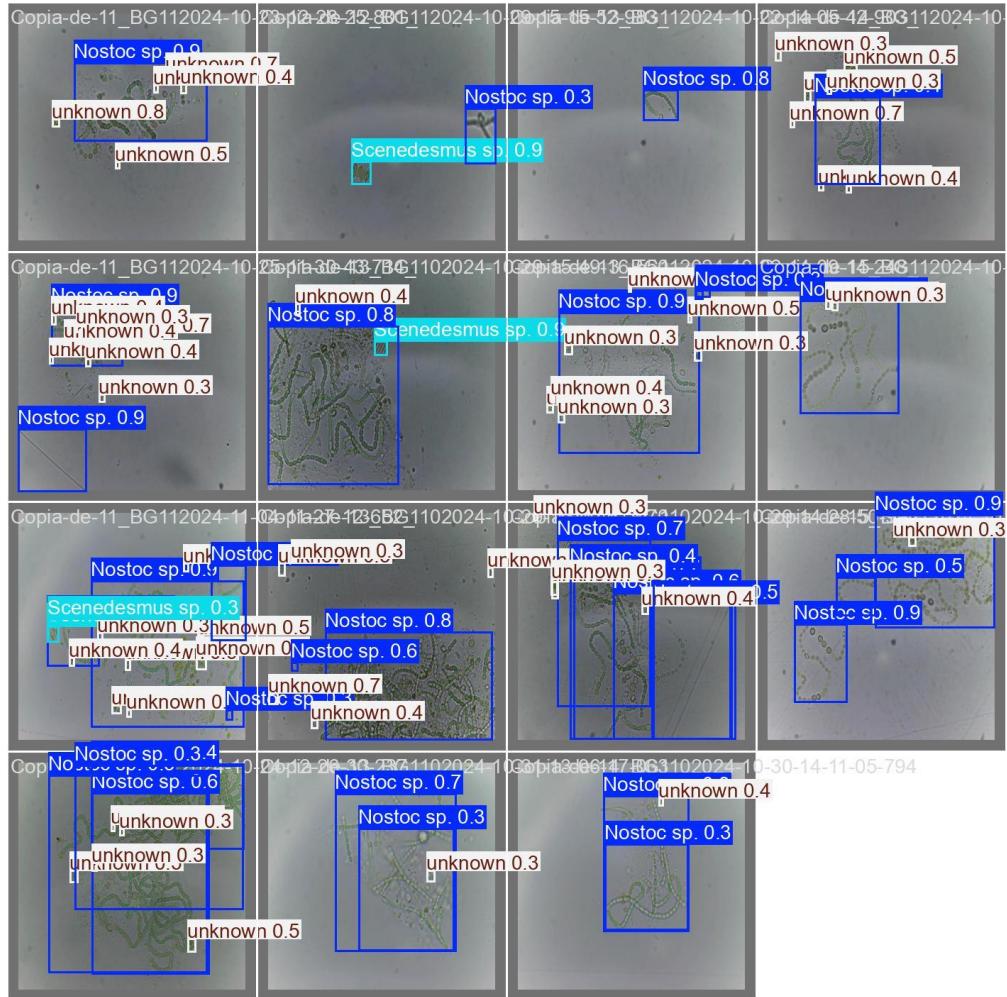


Figura 19. Grupo de imágenes de validación de la clasificación del modelo *medium* con las clases etiquetadas y puntuación de precisión.

En la Figura 19., se muestran las 15 imágenes que se ocupan para la validación de la clasificación de los objetos del entrenamiento. Las puntuaciones varían y rondan entre el 0.3 y 0.9 demostrando

que el modelo necesita refinamiento en la precisión y exactitud de los objetos para la obtención de puntajes más altos y consistentes.

Más adelante se hizo la prueba de una nueva versión del modelo donde los porcentajes para el entrenamiento (*Train*), Validación (*Valid*) y Prueba (*Test*) fueron cambiados por 80%, 10% y 10% respectivamente. Esto para intentar un refinamiento del modelo y observar si hay variación en las métricas de evaluación de rendimiento, cabe resaltar que el tamaño del modelo de YOLOv8 fue el *medium* para esa prueba. Al hacer una comparación con el modelo que se realizó posteriormente del mismo tamaño, en las métricas obtenidas fueron similares y no muestran un cambio significativo.

Capítulo 6

Conclusiones y

Perspectivas

El presente estudio logró integrar exitosamente la caracterización taxonómica clásica con herramientas de visión por computadora para la detección automatizada de microorganismos en consorcios complejos. En el ámbito biológico, la revisión exhaustiva de literatura especializada (Bellinger y Siguee, 2015; Kaštovský *et al.*, 2019) y bases de datos taxonómicas (*AlgaBase*, *NCBI*) permitió establecer criterios morfológicos robustos para la discriminación fenotípica. Se confirmó la presencia de *Scenedesmus* sp. mediante la identificación de cenobios elipsoidales característicos (2-16 células), y se logró diferenciar taxonómicamente a *Nostoc* sp. de géneros filogenéticamente cercanos como *Anabaena*, basándose en la morfología colonial esférica y la presencia de matrices mucilaginosas con heterocistos, tal como describen Corrales *et al.*, en 2017. Esta delimitación manual fue crítica para garantizar la calidad del etiquetado en el set de entrenamiento.

En cuanto a la implementación computacional, el análisis comparativo de las arquitecturas YOLOv8 (*nano*, *small* y *medium*) demostró que el modelo YOLOv8m (*medium*) ofrece el balance más eficiente entre capacidad de detección y costo computacional. Este modelo alcanzó un mAP50 de 0.585, superando consistentemente a las variantes más ligeras y minimizando los falsos positivos observados en el modelo *nano*, particularmente para la clase *Scenedesmus* sp. El análisis de la matriz de confusión normalizada valida la capacidad discriminatoria del modelo entre las clases biológicas de interés, mostrando una confusión cruzada casi nula entre *Scenedesmus* sp. y *Nostoc* sp.

No obstante, las métricas de exhaustividad (*Recall*) oscilantes entre 0.5 y 0.6, sumadas a la confusión recurrente con la clase *background* y la clase *unknow*, evidencian las limitaciones inherentes al tamaño reducido del dataset. Al contrastar estos resultados con literatura reciente (Pires, 2023), se concluye que, si bien la arquitectura de la red neuronal convolucional es adecuada, la capacidad de generalización del modelo se vio restringida por la cantidad de datos disponibles

para el entrenamiento, impidiendo un refinamiento mayor incluso tras la modificación de los porcentajes de validación y prueba (80/10/10).

En definitiva, este trabajo establece una base metodológica sólida para el fenotipado digital de microalgas y cianobacterias. Para futuras iteraciones, se recomienda imperativamente la expansión del acervo de imágenes para potenciar el aprendizaje profundo de la red, así como la implementación de validación molecular (filogenética) para corroborar la identificación morfológica, consolidando así una herramienta de alto rendimiento para el monitoreo biotecnológico.

Aportaciones de Tesis:

- Se optimizó el proceso de entrenamiento utilizando pesos pre-entrenados de la arquitectura YOLOv8, lo que permitió al modelo adaptar conocimientos previos de detección de objetos a las características morfológicas específicas de los organismos.
- Se implementó la Inteligencia Artificial para la identificación y clasificación de un Consorcio Microbiano Fotosintético con herramientas como YOLOv8 y *Roboflow*
- Se obtuvo un modelo preentrenado para la identificación de los microorganismos de *Scenedesmus* sp. y *Nostoc* sp.
- Se generó nuevo conocimiento técnico al construir y obtener un algoritmo de visión artificial aplicado a la biotecnología, cerrando la brecha entre la taxonomía biológica tradicional y las ciencias de la computación.

Referencias.

Acosta, J. (2019). Algoritmo para analizar decisiones con objetivos múltiples bajo incertidumbre. *Ingeniería, investigación y tecnología*, 20(1). <https://doi.org/10.22201/fi.25940732e.2019.20n1.010>

Acosta, I. (2021). *Análisis De Tejidos En Muestras Histológicas Usando Redes Neuronales Convolucionales* [Tesis de maestría, Instituto Tecnológico de Chihuahua]. Repositorio Institucional-Instituto Tecnológico de Chihuahua.

Afanador, L.N., Navarro, Y.E., Luna, M.L. *et al.* (2021). Impact of a bacterial consortium on the soil bacterial community structure and maize (*Zea mays L.*) cultivation. *Sci Rep* 11, 13092. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-92517-0>

Ahemad, M. y Kibret, M. (2013). Mechanisms and applications of plant growth promoting rhizobacteria: Current perspective. *Journal of King Saud University - Science*, 26(1), 1-20. doi: 10.1016/j.jksus.2013.05.001.

Alori, E.T., Glick, B.R., y Babalola, O.O. (2017) Microbial Phosphorus Solubilization and Its Potential for Use in Sustainable Agriculture. *Front. Microbiol.* 8(1),971. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.00971>

Ammar, E. E., Aioub, A. A., Elesawy, A. E., Karkour, A. M., Mouhamed, M. S., Amer, A. A., y El-Shershaby, N. A. (2022). Algae as Bio-fertilizers: Between current situation and future prospective. *Saudi journal of biological sciences*, 29(5), 3083–3096. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2022.03.020>

Amores, I., Terrón, M. C., González, A. E., y González, T. (2015). Potential of microalgae and cyanobacteria in bioremediation of distillery wastewaters. ICIDCA. Sobre los Derivados de la Caña de Azúcar, 49 (1), 58–70.

Arias, R. M., Romero, A. J., Bañuelos, J., y Cruz, Y. (2019). Inoculación de hongos solubilizadores de fósforo y micorrizas arbusculares en plantas de jitomate. *Revista mexicana de ciencias agrícolas*, 10(8), 1747-1757. <https://doi.org/10.29312/remexca.v10i8.1558>

Bellinger, E. y Sigee, D. (2015). Freshwater Algae: Identification, enumeration and use as bioindicators: WILEY Blackwell. 2 (1). 10.1002/9781118917152.

Beltrán, M. E. y Bernal, A. A. (2022). Biofertilizantes: alternativa biotecnológica para los agroecosistemas. *Mutis*, 12(1). <https://doi.org/10.21789/22561498.1771>

Bishop, C. M. (2006). *Pattern recognition and machine learning*. Springer.

Bou, G., Fernández, A., García, C., Sáez, J. A., y Valdezate, S. (2011). Métodos de identificación bacteriana en el laboratorio de microbiología. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 29(8), 601-608. <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2011.03.012>

Carrasco, F. J., Paz, M. O., Santelices, C. S., y Castro, F. J. (2020). Identificación de microorganismos. *Boletín INIA*, (428). 157-182.

Castañeda, W., Escobar, P., Roldan, B. y Vega, F. (2023). Redes neuronales artificiales: una medición de aprendizajes de pronósticos como demanda potencial. *Universidad, Ciencia y Tecnología*, 27(118). 51-60. <https://doi.org/10.47460/uct.v27i118.686>

Chávez, I. F., Zelaya, L. X., Cruz, C. I., Rojas, E., Ruiz, S., y Santos, S. (2020). Consideraciones sobre el uso de biofertilizantes como alternativa agro-biotecnológica sostenible para la seguridad alimentaria en México. *Revista mexicana de ciencias agrícolas*, 11(6), 1423–1436. <https://doi.org/10.29312/remexca.v11i6.2492>

Chittora, D., Meena, M., Barupal, T., Swapnil, P., y Sharma, K. (2020). Cyanobacteria as a source of biofertilizers for sustainable agriculture. *Biochemistry and Biophysics Reports*, 22, 100737. <https://doi.org/10.1016/j.bbrep.2020.100737>

Corrales, K. V., Rodríguez, A., Muñoz, N. y Umaña, R. (2017). Identificación y caracterización molecular de cianobacterias tropicales de los géneros *Nostoc*, *Calothrix*, *Tolypothrix* y *Scytonema* (*Nostocales: Nostocaceae*), con posible potencial biotecnológico. *UNED Research Journal*, 9(2). 280-288. ISSN: 1659-4266

Dembitsky, V. M. y Řezanka, T. (2005). Metabolites Produced by Nitrogen-Fixing *Nostoc* Species. *Folia Microbiol.* 50 (5), 363–391. 10.1007/BF02931419.

Deng, L. y Dong, Y. (2013). Deep Learning: Methods and Applications. *Foundations and Trends in Signal Processing*, 7(3-4). 197-387.

Dodds, W., Gudder, D. y Mollenhauer, D. (2008). The ecology of *Nostoc*. *Journal of Phycology*, 31(1), 2-18. 10.1111/j.0022-3646.1995.00002.x

Dwyer, B. y Nelson, J. (2019). About. Roboflow. <https://roboflow.com/about>

FAO- Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. (2022). Uso de Biofertilizantes. <https://www.fao.org/family-farming/detail/en/c/1674530/>

Ferreira, A., Ribeiro, B., Ferreira, A.F., Tavares, M.L.A., Vladic, J., Vidović, S., Cvetkovic, D., Melkonyan, L., Avetisova, G., Goginyan, V. and Gouveia, L. (2019). *Scenedesmus obliquus* microalga-based biorefinery – from brewery effluent to bioactive compounds, biofuels and biofertilizers – aiming at a circular bioeconomy. *Biofuels, Bioprod. Bioref.*, 13(5) 1169-1186. <https://doi.org/10.1002/bbb.2032>

Ghorbani, E., Nowruzi, B., Nezhadali, M., y Hekmat, A. (2022). Metal removal capability of two cyanobacterial species in autotrophic and mixotrophic mode of nutrition. *BMC microbiology*, 22(1), 58. <https://doi.org/10.1186/s12866-022-02471-8>

Guiry, M.D. y Guiry, G.M. (2025). *AlgaeBase*. World-wide electronic publication, University of Galway. <https://www.algaebase.org>

Hernández, D. J., Carmona, J., Hidalgo, M. E., Dendooven, L., Marsch, R. y Cañizares, R. O. (2016). Identificación morfológica y filogenética de un consorcio microbiano fotosintético de posible interés biotecnológico. *Hidrobiológica* 26 (2): 311-321.

Hervé, B. (2015). Nuevas Tecnologías en Diagnóstico Microbiológico: Automatización y Algunas Aplicaciones en Identificación Microbiana y Estudio De Susceptibilidad. *Revista Médica Clínica Las Condes*, 26(6). 753-763. <https://doi.org/10.1016/j.rmclc.2015.11.004>.

Hubel, D. H., y Wiesel, T. N. (1962). Receptive fields, binocular interaction and functional architecture in the cat's visual cortex. *Journal of Physiology (London)*, 160(1), 106–154. <https://doi.org/10.1113/jphysiol.1962.sp006837>

Ishaq, A. G., Matias, H. M. y Basri, H. (2016). Bioactive Compounds from Green Microalga – *Scenedesmus* and its Potential Applications: A Brief Review. *Pertanika Journal of Tropical Agricultural Science* 39(1):1-16. https://www.researchgate.net/publication/292461496_Bioactive_Compounds_from_Green_Microalga_-_Scenedesmus_and_its_Potential_Applications_A_Brief_Review

Ismail, M. M., El-Ayouty, Y. M., Abdelaal, S. A., y Fathey, H. A. (2022). Biosorption of uranium by immobilized *Nostoc* sp. and *Scenedesmus* sp.: kinetic and equilibrium modeling. *Environmental science and pollution research international*, 29(55), 83860–83877. <https://doi.org/10.1007/s11356-022-21641-9>

Jiménez, D., Vahos, D. A., Galo, J. J., y Ríos, L. A. (2023). Efecto del uso de biofertilizantes sobre la productividad agrícola: revisión sistemática. *Hechos Microbiológicos*, 13(2). <https://doi.org/10.17533/udea.hm.v13n2a05>

Jiménez, S. T. (2024). Identificación de consorcios microbianos fotosintéticos a partir de suelos hortícolas en la provincia de Loja. <https://dspace.unl.edu.ec/server/api/core/bitstreams/6964b145-547c-4c6c-b344-9d99b3bf21e0/content>

Jisna, V. A., Jayaraj, P. B. (2021). Protein Structure Prediction: Conventional and Deep Learning Perspectives. *Protein J.* 40. 522–544. <https://doi.org/10.1007/s10930-021-10003-y>

Jocher, G. *et al.* (2023). Ultralytics. Revolutionizing the World of Vision AI. Recuperado el 03 de septiembre del 2025 de <https://docs.ultralytics.com/es/>

Jocher, G., Chaurasia, A. y Qiu, J. (2024) YOLO by Ultralytics. Consultado el 08 de octubre de 2025. <https://github.com/ultralytics/ultralytics>

Khan, F., Siddique, A. B., Shabala, S., Zhou, M. y Zhao, C. (2023). Phosphorus Plays Key Roles in Regulating Plants' Physiological Responses to Abiotic Stresses. *Plants (Basel)*. 12(15). <https://doi.org/10.3390/plants12152861>

Khan, M. S., Zaidi, A., Ahemad, M., Oves, M. y Ahmad, P. (2010). Plant growth promotion by phosphate solubilizing fungi - current perspective. In: *Arch Agron Soil Scien*, 56(1), 73-98.

Kim, M., Park, J., Park, C., Kim, S., Jeune, K., Chang, M. y Acreman, J. (2007). Enhanced production of *Scenedesmus* spp. (green microalgae) using a new medium containing fermented swine wastewater. *Bioresource Technology*, 98 (11). 2220-2228. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2006.08.031>.

Kroth, P. G. (2015). The biodiversity of carbon assimilation. *Journal of Plant Physiology*, 172(1), 76-81. <https://doi.org/10.1016/j.jplph.2014.07.021>.

Lazcano-Ferrat, I. (2006). El Potasio y El Concepto De La Fertilización Balanceada. https://www.researchgate.net/profile/Ignacio-Lazcano_Ferrat/publication/238736443_EL_POTASIO_Y_EL_CONCEPTO_DE_LA_FERTILIZACION_BALANCEADA/links/56e32cb108ae65dd4cbac2f9/EL-POTASIO-Y-EL-CONCEPTO-DE-LA-FERTILIZACION-BALANCEADA.pdf

LeCun, Y., Bengio, Y. y Hinton, G. (2015). Aprendizaje profundo. *Nature* 521, 436–444. <https://doi.org/10.1038/nature14539>

Lee, H., Depuydt, S., Choi, S., Kim, G., Kim, Y., Pandey, L. K., Häder, D. P., Han, T. y Park J. (2021). Chapter 10 - Potential use of nuisance cyanobacteria as a source of anticancer agents. En Rajeshwar p. Sinha, Donat-P Häder (Ed.), *Natural Bioactive Compounds* (pp. 203-231). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-820655-3.00010-0>.

López, M. A. (2021). Redes neuronales convolucionales para el modelado de sistemas no lineales con aplicación al monitoreo de daño estructural. <https://www.ctrl.cinvestav.mx/~yuw/pdf/DoTesMLopez.pdf>

Lubinus F., Rueda, C., Marconi B. y Arias Y. (2021). Redes neuronales convolucionales: un modelo de *Deep Learning* en imágenes diagnósticas. Revisión de tema. *Rev. Colomb. Radiol.* 32(3): 5591-9. <https://doi.org/10.53903/01212095.161>

Lürling, M. (2003). Phenotypic plasticity in the green algae *Desmodesmus* and *Scenedesmus* with special reference to the induction of defensive morphology. *International Journal of Limnology*. 39 (02), 85 – 101. doi: 10.1051/limn/2003014

Lürling, M., y Van Donk, E. (1997). Morphological changes in *Scenedesmus* induced by infochemicals released in situ from zooplankton grazers. *Limnology and Oceanography*, 42(4), 783-788.

MERCALAB. (2025). *Kit Tincion Gram Colorante Bacterias 125ml Golden Bell*. MercadoLibre. Recuperado el 29 de septiembre del 2025, de <https://www.mercadolibre.com.mx/kit-tincion-gram-colorante-bacterias-125ml-golden-bell>

Mestre, M. C., Fioroni, F., Heinze, L.Y., Sisón, L., Cardozo, A., Chillo, V., El Mujtar, V., y Fernández, N. (2024). Efecto de biofertilizantes a base de microorganismos de montaña sobre la colonización micorrícica y el rendimiento de lechuga y zanahoria, en la Patagonia argentina. *Siembra*, 11(2). <https://doi.org/10.29166/siembra.v11i2.6815>

Moreno, A., Carda, V., Reyes, J.L., Vásquez, J., y Cano, P. (2018). Rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal: una alternativa de biofertilización para la agricultura sustentable. *Revista Colombiana de Biotecnología*, 20(1), 68-83. <https://doi.org/10.15446/rev.colomb.biote.v20n1.73707>

National Center for Biotechnology Information. (2025). *National Center for Biotechnology Information*. Departamento de Salud y Servicios Humanos de EE. UU., Institutos Nacionales de Salud. www.ncbi.nlm.nih.gov.

Nicoletti, M. (2022). Chapter 10 - The nutraceutical potential of cyanobacteria. En M. S. Graciliana Lopes y V. Vasconcelos (Ed.), *The Pharmacological Potential of Cyanobacteria* (pp. 287-330). Academic Press.

Noll, P. y Henkel, M. (2020). History and Evolution of Modeling in Biotechnology: Modeling & Simulation, Application and Hardware Performance. <https://doi.org/10.1016/j.csbj.2020.10.018>

O'Connor, J. L. (2019). *Descifrando el contenido microbiano de bioinsumos comerciales para el diseño de un consorcio con potencial biofertilizante*. [Tesis de Maestría, Universidad Nacional Autónoma de Nicaragua, Managua]. Repositorio de la Universidad Nacional Autónoma de Nicaragua.

Ochoa, D. C., y Montoya, A. (2010). Consorcios microbianos: una metáfora biológica aplicada a la asociatividad empresarial en cadenas productivas agropecuarias. *Revista Facultad de Ciencias Económicas: Investigación y Reflexión*, 18(2), 55-74.

Pasquale, C., Giandomenico, C., Giuseppe, Kyriacou, M. C. y Rousphael, Y. (2018). Renewable Sources of Plant Biostimulation: Microalgae as a Sustainable Means to Improve Crop Performance. *Frontiers in Plant Science* 9(1). <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.01782>

Patiño, C. O., y Sanclemente, O. E. (2014). Los microorganismos solubilizadores de fósforo (MSF): una alternativa biotecnológica para una agricultura sostenible. *Entramado*, 10(2), 288-297.

http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1900-38032014000200018&lng=en&tlang=es.

Peraza, W., Rosales, J., Esquivel, A., Hilje, I., Molina, R., y Castillo, P. (2013). Morphological, morphometrical and molecular identification of *Meloidogyne incognita* in fig (*Ficus carica L.*) in Costa Rica. *Agronomía Mesoamericana*, 24(2), 337–346. <https://doi.org/10.15517/am.v24i2.12533>

Pires, T. A. (2023). *Automatic identification of microorganisms in microscopic imaging* [Tesis de maestría, Instituto Politécnico de Tomar]. https://comum.rcaap.pt/bitstream/10400.26/49910/1/Thesis_TM_15250_12.18.2023.pdf

Qin, B., Yang, L., y Wang, H. (2016). "The Ecological Success of the Green Alga *Scenedesmus*: Morphology, Physiology, and Biotechnology". *Critical Reviews in Biotechnology*, 36(6), 1021-1030.

Qin, S., Liu, G. X., y Hu, Z. Y. (2008). The accumulation and metabolism of astaxanthin in *Scenedesmus obliquus* (*Chlorophyceae*). *Process Biochemistry*, 43(8), 795-802. [10.1016/j.procbio.2008.03.010](https://doi.org/10.1016/j.procbio.2008.03.010)

Redmon, J., Divvala, S., Girshick, R. y Farhadi, A. (2016). You Only Look Once: Unified, Real-Time Object Detection. *IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)* pp. 779-788. doi: 10.1109/CVPR.2016.91

Ritai. (2025). Técnicas de fermentación de *E. coli* en la producción de fármacos. Consultado el 22 de Octubre de 2025 de <https://ritaibioreactor.com/es/tecnicas-de-fermentacion-de-e-coli-en-la-produccion-de-farmacos/>

Rivas, W. y Mazón, B. (2018). Redes neuronales artificiales aplicadas al reconocimiento de patrones. UTMACH. https://www.researchgate.net/profile/Bertha-Mazon-Olivo/publication/327703478_Capitulo_1_Generalidades_de_las_redes_neuronales_artificiales/links/5b9fe3c0299bf13e6038a1d8/Capitulo-1-Generalidades-de-las-redes-neuronales-artificiales.pdf

Rodríguez, P. A y Arenas, R. (2018). Hans Christian Gram y su tinción. *Dermatología, Cosmética, Médica y Quirúrgica*, 16(2).166-167. <https://www.medigraphic.com/pdfs/cosmetica/dcm-2018/dcm182n.pdf>

Russell, S. J. y Norvig, P. (2004). INTELIGENCIA ARTIFICIAL. UN ENFOQUE MODERNO. PEARSON PRENTICE HALL. 2(1). <https://luismejias21.files.wordpress.com/2017/09/inteligencia-artificial-un-enfoque-moderno-stuart-j-russell.pdf>

Sánchez, M. I., Beltrán, R. I., Lucho, C. A. y López, P. A. (2025). A kinetic dynamic model of a photobioreactor in batch operation for production as biofertilizer. *Revista Mexicana de Ingeniería Química* 24(1). Bio24366

Santana, D., Colina, E., Castro, D. y Santomayor, A. (2016). Microorganismos Fijadores De Nitrógeno Y Su Acción Complementaria A La Fertilización Química En El Cultivos De Coffea arabica L. *European Scientific Journal* January.13(3). <http://dx.doi.org/10.19044/esj.2016.v13n3p211>

Shehhi, A., Souissi, Y., Nair, A. S., Usmani, Z., Sharma, M., y Sivakumar, N. (2025). Microbial lipid-based biodiesel production using wastewater: opportunities and challenges. *Bioresources and bioprocessing*, 12(1), 70. <https://doi.org/10.1186/s40643-025-00897-2>

Sierra, J. M. (2022). *Introducción a las redes neuronales artificiales*. [Tesis de maestría, Universidad Complutense de Madrid] Repositorio Universidad Complutense de Madrid.

Siller, M., Hernández, S., Sánchez, F., González, J. M., y Muñoz, J. L. (2017). Métodos rápidos de identificación de bacterias y hongos. Espectrometría de masas MALDI-TOF, medios cromogénicos. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 35(5), 303–313. <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2016.12.010>

Spiegelman, D., Whissell, G. y Greer, C. (2005). A survey of the methods for the characterization of microbial consortia and communities. *Can. J. Microbiol.*, 51. doi: 355-386. 10.1139/W05-003

Turing, A. M. (1950). Computing Machinery and Intelligence. *Mind*, 59(236), 433–460. <https://doi.org/10.1093/mind/LIX.236.433>

Ultralytics. (s. f.). Ultralytics. Revolutionizing the World of Vision AI. Recuperado el 03 de septiembre del 2025 de <https://www.ultralytics.com/>

UNESCO. (2024). Mexico, Global AI Ethics and Governance Observatory. Consultado el 16 de agosto del 2025. <https://www.unesco.org/ethics-ai/es/mexico>.

Vizcaíno, L.A. (2022). Desarrollo de un bioindicador a partir de *Scenedesmus acuminatus*. [Presentacion oral]. 18th World Lake Conference, Universidad Politécnica de la Zona Metropolitana de Guadalajara, Mexico. <https://blogs.ugto.mx/wlc18/desarrollo-de-un-bioindicador-a-partir-de-scenedesmus-acuminatus/>

von Caemmerer, S. (2020). Rubisco carboxylase/oxygenase: From the enzyme to the globe: A gas exchange perspective. *Journal of Plant Physiology* 252. <https://doi.org/10.1016/j.jplph.2020.153240>

Wang, H., Yang, L., Leng, D., Du, Y. y Ning, H. (2025). Accelerating the discovery and optimization of metal-organic framework materials via machine Learning. *Advances in Colloid and Interface Science* 346 (1). <https://doi.org/10.1016/j.cis.2025.103671>

Wei, W., y Huang, F. (2024). Analysis of oil accumulation mechanisms in plasma induced mutant *Scenedesmus* strains compared to original *Scenedesmus* strains. *Scientific reports*, 14 (1). <https://doi.org/10.1038/s41598-024-72381-4>

Weiland-Bräuer N. (2021). Friends or Foes-Microbial Interactions in Nature. *Biology*, 10(6). 496. <https://doi.org/10.3390/biology10060496>

Weiss, K. R., Khoshgoftaar, T. M., y Wang, D. (2016). A survey of transfer learning. *Journal of Big Data*, 3(1), 9. <https://doi.org/10.1186/S40537-016-0043-6>

Zayed, O. (2023). El viaje del nitrógeno en las plantas: desde la absorción hasta el metabolismo, la respuesta al estrés y la interacción con los microorganismos. <https://doi.org/10.3390/biom13101443>

Zhang J., Chen, L., Yin, Y., Zhang, J. y Grzegorzek, M. (2022). Applications of artificial neural networks in microorganism image analysis: a comprehensive review from conventional multilayer perceptron to popular convolutional neural network and potential visual transformer. *Artificial Intelligence Review* 56.1013–1070. <https://doi.org/10.1007/s10462-022-10192-7>

Zhou X., Li C., Rahaman M. M., Yao Y., Ai, S., Sun, C., Wang, Q., Zhang, Y., Li, M., Li, X. *et al.* (2020) A comprehensive review for breast histopathology image analysis using classical and deep neural networks. *IEEE Access* 8. 90931–90956

Apéndice

Apéndice A “Algoritmo en Python del modelo de YOLOv8”

Apéndice B “Resumen de los entrenamientos con los tres diferentes tamaños del modelo”

Apéndice A “Algoritmo en Python del modelo de YOLOv8”

Obtenido de *Roboflow* (2019) y *Ultralytics* (2024) modificada para la implementación de la base de datos del *Scenedesmus* sp. y *Nostoc* sp.

```
!pip install roboflow
```

```
from roboflow import Roboflow
rf = Roboflow(api_key="████████")
project = rf.workspace("ultramar").project("photosynthetic-p3")
version = project.version(4)
dataset = version.download("yolov8")
```

```
!pip install ultralytics
from ultralytics import YOLO
model = YOLO("yolov8m.pt")
```

```
model.train(data = "/content/Photosynthetic-P3-4/data.yaml", epochs = 100, imgsz=320)
```

```
#Prediccion
model= YOLO("/content/runs/detect/train/weights/best.pt")
```

```
results = model("/content/14_BG112024-10-22-15-08-05-406.jpg")
for result in results:
    boxes = result.boxes
    probs = result.probs
    result.show() # display to screen
```

Apéndice B. “Resumen de los entrenamientos con los tres diferentes tamaños del modelo”.

```
ultralytics 8.3.234 🚀 Python-3.12.12 torch-2.9.0+cu126 CUDA:0 (Tesla T4, 15095MiB)
Model summary (fused): 72 layers, 3,006,233 parameters, 0 gradients, 8.1 GFLOPs
  Class   Images  Instances   Box(P      R      mAP50    mAP50-95): 100% 1/1 12.0it/s 0.1s
    all      15       77   0.579   0.578   0.538   0.319
    Nostoc sp.   14       27   0.423   0.704   0.636   0.371
    Scenedesmus sp.   3        5   0.747   0.594   0.546   0.386
    unknown     10       45   0.567   0.437   0.432   0.201
Speed: 0.1ms preprocess, 1.3ms inference, 0.0ms loss, 1.4ms postprocess per image
```

Nano

```
ultralytics 8.3.234 🚀 Python-3.12.12 torch-2.9.0+cu126 CUDA:0 (Tesla T4, 15095MiB)
Model summary (fused): 72 layers, 11,126,745 parameters, 0 gradients, 28.4 GFLOPs
  Class   Images  Instances   Box(P      R      mAP50    mAP50-95): 100% 1/1 8.2it/s 0.1s
    all      15       77   0.599   0.587   0.571   0.347
    Nostoc sp.   14       27   0.476   0.704   0.662   0.349
    Scenedesmus sp.   3        5   0.802   0.6   0.647   0.513
    unknown     10       45   0.52   0.457   0.404   0.179
Speed: 0.1ms preprocess, 1.3ms inference, 0.0ms loss, 1.6ms postprocess per image
```

Small

```
ultralytics 8.3.234 🚀 Python-3.12.12 torch-2.9.0+cu126 CUDA:0 (Tesla T4, 15095MiB)
Model summary (fused): 92 layers, 25,841,497 parameters, 0 gradients, 78.7 GFLOPs
  Class   Images  Instances   Box(P      R      mAP50    mAP50-95): 100% 1/1 7.2it/s 0.1s
    all      15       77   0.682   0.518   0.585   0.37
    Nostoc sp.   14       27   0.619   0.556   0.624   0.336
    Scenedesmus sp.   3        5   0.864   0.6   0.713   0.581
    unknown     10       45   0.562   0.399   0.419   0.193
Speed: 0.1ms preprocess, 4.7ms inference, 0.0ms loss, 0.9ms postprocess per image
```

Medium