



Revista Micaela

ISSN: 2955-8646 (en línea) / 2709-8990 (impresa)  
Universidad Nacional Micaela Bastidas de Apurímac  
Vice Rectorado de Investigación – Perú

Vol. 5 Num. 1 (2024) - Publicado: 20/10/24  
<https://doi.org/10.57166/micaela.v5.n1.2024>

Páginas: 42- 49

Recibido 01/10/2024 ; Aceptado 20/10/2024

<https://doi.org/10.57166/micaela.v5.n1.2024.138>

**Autores:**

1. ORCID [iD](https://orcid.org/0009-0009-6684-2888) <https://orcid.org/0009-0009-6684-2888>  
Anthony Meza-Bautista, Universidad Nacional Micaela Bastidas de Apurímac – Pe 181221@unamba.edu.pe
2. ORCID [iD](https://orcid.org/0009-0008-8528-8280) <https://orcid.org/0009-0008-8528-8280>  
Luis Edison Ñahui-Vargas, Universidad Nacional Micaela Bastidas de Apurímac – Pe 191224@unamba.edu.pe
3. ORCID [iD](https://orcid.org/0000-0002-5205-3660) <https://orcid.org/0000-0002-5205-3660>,  
Universidad Nacional Micaela Bastidas de Apurímac, Perú. eclervirtual@unamba.edu.pe

## Comparativa de Modelos basados en redes neuronales convolucionales: ResNet-50V2, MobileNetV2 e EfficientNetB0 en la detección de Malaria

### Comparison of Models based on convolutional neural networks: ResNet-50V2, MobileNetV2 and EfficientNetB0 in the detection of Malaria

Anthony Meza-Bautista<sup>1</sup>, Luis Edison Ñahui-Vargas<sup>2</sup> y Ecler Mamani-Vilca<sup>3</sup>

**Resumen.** La malaria continúa siendo una de las principales causas de mortalidad a nivel mundial, afectando especialmente a las poblaciones más vulnerables. El diagnóstico tradicional de malaria, basado en la microscopía manual, es propenso a errores humanos y consume mucho tiempo, lo que dificulta la detección oportuna. En este estudio, se comparan tres modelos de redes neuronales convolucionales (CNN): ResNet-50V2, MobileNetV2 y EfficientNetB0, para la detección automática de células infectadas por malaria. Utilizando un conjunto de datos público de imágenes de células sanguíneas, se evaluaron métricas como precisión, recall, F1-score y accuracy. Los resultados indican que EfficientNetB0 obtuvo el mejor rendimiento, con una precisión del 97.12% y un recall del 97.59%, superando a ResNet-50V2 y MobileNetV2 en cuanto a desempeño general. Aunque ResNet-50V2 presentó resultados comparables, MobileNetV2, aunque menos preciso, destacó por su eficiencia computacional, lo que lo hace adecuado para dispositivos con recursos limitados. Los hallazgos sugieren que la selección del modelo debe depender del equilibrio entre precisión y disponibilidad de recursos computacionales, con EfficientNetB0 siendo el más apropiado para sistemas automatizados de diagnóstico médico en entornos con mayor capacidad de procesamiento, mientras que MobileNetV2 es ideal para entornos con restricciones computacionales.

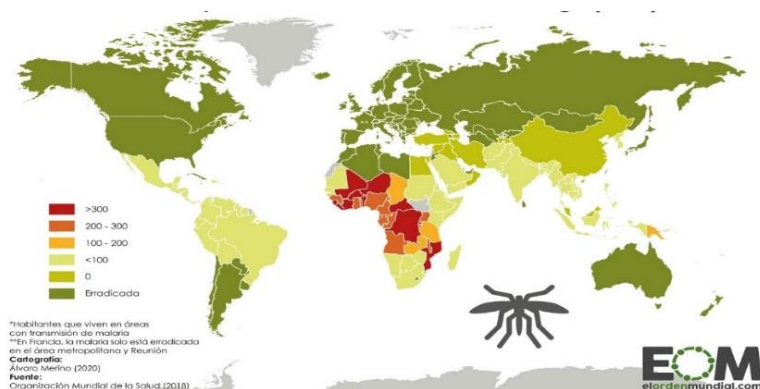
**Palabras Clave:** Detección de malaria, Redes neuronales convolucionales (CNN).

**Abstract.** Malaria remains one of the leading causes of mortality worldwide, disproportionately affecting the most vulnerable populations. Traditional malaria diagnosis, based on manual microscopy, is prone to human errors and is time-consuming, hindering timely detection. This study compares three convolutional neural network (CNN) models: ResNet-50V2, MobileNetV2, and EfficientNetB0, applied to the automatic detection of malaria-infected cells. Using a publicly available dataset of blood cell images, metrics such as precision, recall, F1-score, and accuracy were evaluated. The results show that EfficientNetB0 achieved the best performance, with a precision of 97.12% and a recall of 97.59%, outperforming ResNet-50V2 and MobileNetV2 in overall performance. While ResNet-50V2 presented comparable results, MobileNetV2, though less accurate, stood out for its computational efficiency, making it suitable for devices with limited resources. The findings suggest that model selection should depend on the balance between accuracy and available computational resources, with EfficientNetB0 being the most appropriate for automated medical diagnostic systems in environments with higher processing capacity, while MobileNetV2 is ideal for resource-constrained environments.

**Keywords:** Malaria detection, Convolutional Neural Networks (CNN).

## 1 Introducción

La malaria, causada por parásitos del género *Plasmodium*, representa un grave desafío para la salud pública mundial. Cada año, más de 500,000 personas mueren a causa de esta enfermedad, principalmente por diagnósticos tardíos o incorrectos. En 2022, la Organización Mundial de la Salud (OMS) reportó 608,000 muertes y 249 millones de nuevos casos, con el 94% de ellos en la Región de África. Las poblaciones rurales y en situación de pobreza, con limitado acceso a la educación y servicios de salud, son las más afectadas. Los niños menores de 5 años son especialmente vulnerables, representando 4 de cada 5 muertes por malaria. Además, las mujeres embarazadas enfrentan mayores riesgos debido a su inmunidad reducida, lo que aumenta las complicaciones graves y la mortalidad tanto para la madre como para el feto. A pesar de los esfuerzos globales para erradicar la enfermedad, los avances se han estancado, poniendo en riesgo los hitos clave de la Estrategia Mundial contra la Malaria para 2025. La malaria perpetúa un ciclo de desigualdad, afectando desproporcionadamente a poblaciones vulnerables, incluidos refugiados, migrantes y Pueblos Indígenas. Los cambios climáticos y las emergencias humanitarias agravan la situación, aumentando la exposición a la malaria [1], [2]. La detección temprana y precisa de la malaria es crucial para reducir la mortalidad y controlar su propagación. Tradicionalmente, el diagnóstico se ha realizado mediante microscopía manual, un proceso que no solo es laborioso y consume tiempo, sino que también está sujeto a errores humanos [3], [4].



**Fig. 1.** Tasas de mortalidad por la malaria en todo el mundo [5]. Destacando que más de 300 casos por cada 1,000 habitantes en riesgo se concentran en África Central y Occidental. Las áreas con menor incidencia están en América del Sur y partes de Asia, reflejando desigualdades en la salud pública.

Con el avance de la inteligencia artificial y, en particular, de las técnicas de aprendizaje profundo, se han desarrollado modelos automáticos que prometen mejorar significativamente la precisión y rapidez en la detección de células infectadas por malaria. Varios estudios han explorado el uso de redes neuronales convolucionales (CNN) para clasificar imágenes de células infectadas y no infectadas, mostrando resultados prometedores en términos de precisión [6], [7], [8]. El uso de técnicas de transferencia de aprendizaje ha permitido que modelos previamente entrenados en grandes conjuntos de datos, como ImageNet, se adapten a tareas específicas en el ámbito médico, mejorando así la efectividad del diagnóstico [6], [8]. Investigaciones recientes han comparado diversas arquitecturas de CNN, ResNet-50V2, MobileNetV2 e EfficientNetB0, para determinar cuál ofrece el mejor rendimiento en la detección de malaria [9].

A continuación, se presentan algunos de los estudios más relevantes en este campo, Jameela *et al.* Se centraron en automatizar el diagnóstico de malaria, eliminando la intervención humana. Utilizaron redes neuronales convolucionales (CNN) y procesamiento de imágenes para evaluar la parasitemia en portaobjetos de sangre, mejorando la precisión del diagnóstico. El modelo VGG-19 se destacó, alcanzando una precisión de hasta el 97.2% en la identificación de células parasitadas. Este enfoque busca no solo aumentar la exactitud en la detección de malaria, sino también reducir el tiempo de diagnóstico, lo cual es crucial debido a la gravedad de esta enfermedad que afecta a millones de personas en todo el mundo [1]. Liang *et al.* Presentan un modelo de aprendizaje automático basado en redes neuronales convolucionales (CNN) para clasificar células en frotis de sangre como infectadas o no infectadas por malaria. Con una validación cruzada de diez pliegues y 27,578 imágenes, el modelo CNN de 16 capas alcanzó una precisión promedio del 97.37%, superando significativamente un modelo de transferencia de aprendizaje que obtuvo un 91.99%. Además, el modelo CNN destacó en todos los indicadores de rendimiento, incluyendo sensibilidad y especificidad. Este estudio resalta la necesidad de métodos de diagnóstico más efectivos, sugiriendo que las CNN pueden mejorar la precisión y eficiencia en el diagnóstico [10]. El análisis de los trabajos relacionados revela que la integración de técnicas de preprocesamiento de imágenes con métodos de aprendizaje profundo ha demostrado ser efectiva para aumentar significativamente la precisión en el diagnóstico. En particular, la aplicación de métodos de segmentación y extracción de características ha sido fundamental para optimizar la detección de células infectadas, permitiendo una identificación más precisa y eficiente de los casos de malaria [11].

A medida que la tecnología avanza, se hace evidente la necesidad de desarrollar sistemas automatizados que no solo reduzcan la carga sobre los trabajadores de salud, sino que también mejoren la accesibilidad a diagnósticos precisos en regiones con recursos limitados [12]. **El objetivo de este trabajo de investigación fue comparar los modelos de CNN para detección de la malaria.**

## 2 METODOLOGÍA

La población objetivo de esta investigación incluye todas las imágenes de células sanguíneas utilizadas para la detección de malaria, provenientes de bases de datos públicas disponibles en Kaggle [13]. La muestra se seleccionará mediante un muestreo aleatorio estratificado, asegurando una representación equitativa de imágenes Infected y Uninfected. Se incluirán un total de 4000 imágenes, los datos se dividirán en un 80% para el conjunto de entrenamiento y un 20% para el conjunto de validación, permitiendo evaluar el rendimiento de los modelos de redes neuronales convolucionales. Las imágenes de malaria se utilizan para identificar células infectadas por el parásito de malaria. Las células infectadas presentan características distintivas, como la presencia de parásitos visibles dentro de los glóbulos rojos, mientras que las no infectadas muestran una morfología normal como se observa en la figura 2. El uso de redes neuronales convolucionales (CNN) ha demostrado ser efectivo en la clasificación de estas imágenes, mejorando la precisión del diagnóstico [14].

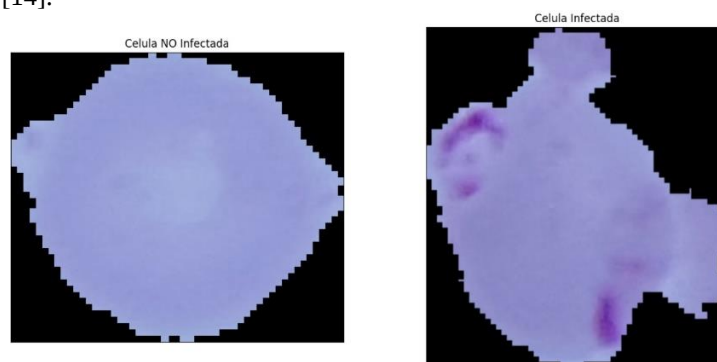


Fig. 2. Imágenes de células de malaria, NO infectada e Infectada [13].

El procedimiento de esta investigación se llevó a cabo en la recolección y preprocesamiento de datos, seguido de la implementación de tres modelos de redes neuronales convolucionales: ResNet-50V2, MobileNetV2 y EfficientNetB0. Se utilizarán técnicas de aumento de datos para mejorar la generalización del modelo. Posteriormente, se evaluarán las métricas de rendimiento, incluyendo Accuracy, Precision, Recall y F1-score [15]. Finalmente, se analizarán y compararán los resultados de cada modelo para determinar cuál ofrece un mejor rendimiento en la detección de malaria.

Las técnicas utilizadas en esta investigación incluyen el aprendizaje profundo a través de redes neuronales convolucionales (CNN) y técnicas de transfer learning para aprovechar modelos previamente entrenados. Los instrumentos empleados abarcarán bibliotecas de Python, como TensorFlow y Keras, para la implementación y entrenamiento de modelos. Se utilizarán herramientas de visualización, como Matplotlib y Seaborn, para graficar métricas de rendimiento y matrices de confusión [16], todo ello en la plataforma Google Colab [17], que facilitará la ejecución y análisis de los resultados obtenidos en la detección de malaria.

## 3 Resultados

### 3.1 Rendimiento General de los Modelos

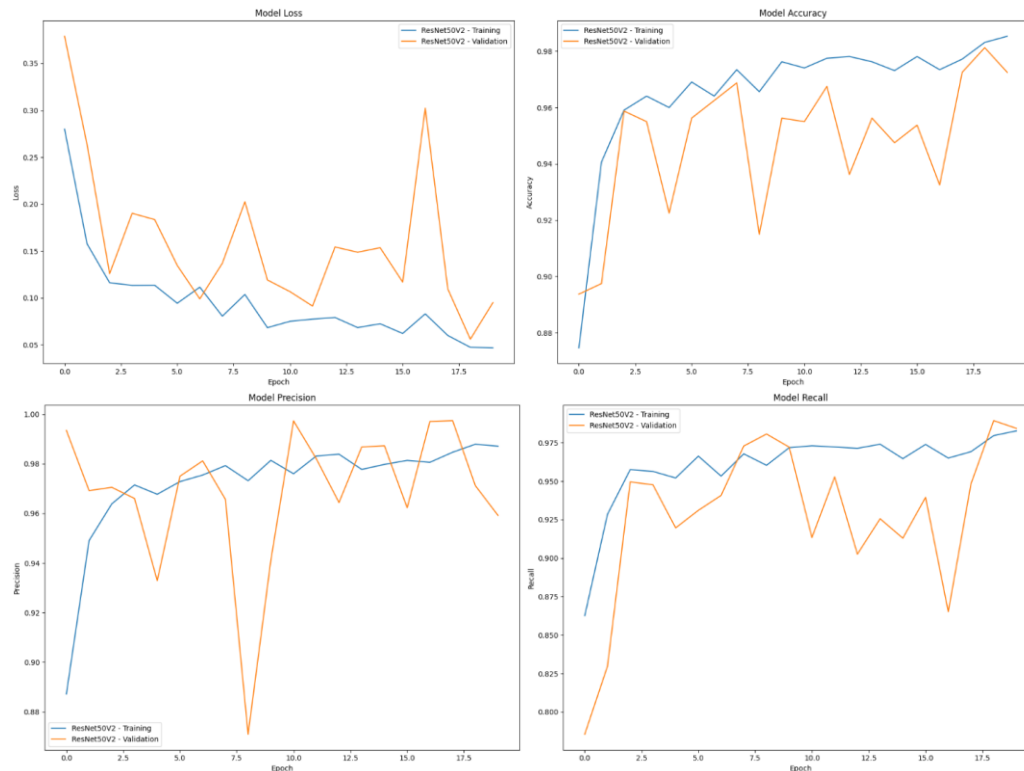
Los modelos utilizados en este estudio (ResNet50V2, MobileNetV2 y EfficientNetB0) fueron evaluados utilizando las métricas de precisión, recall, f1-score y accuracy. La Tabla 1 muestra los valores de estas métricas para los tres modelos en el conjunto de validación. Cada modelo fue entrenado con el mismo conjunto de datos y parámetros, permitiendo una comparación equitativa entre ellos.

**Tabla 1.** Comparación de métricas clave de los modelos en el conjunto de validación.

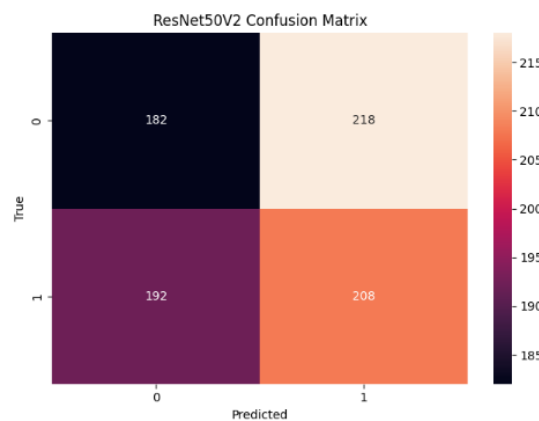
| Modelo         | Precisión | Recall | F1-Score | Accuracy |
|----------------|-----------|--------|----------|----------|
| ResNet50V2     | 0.9592    | 0.9843 | 0.9716   | 0.9725   |
| MobileNetV2    | 0.9247    | 0.9425 | 0.9335   | 0.9388   |
| EfficientNetB0 | 0.9712    | 0.9759 | 0.9736   | 0.9725   |

### 3.2 Resultados de ResNet50V2

ResNet50V2 alcanzó una precisión de 0.9592 y un recall de 0.9843. En la figura 3 se presenta las curvas de entrenamiento y validación de precisión, recall y pérdida durante las 20 épocas. Además, la figura 4 muestra la matriz de confusión para el modelo ResNet50V2, donde se observa un desempeño equilibrado en la clasificación de las células infectadas y no infectadas.



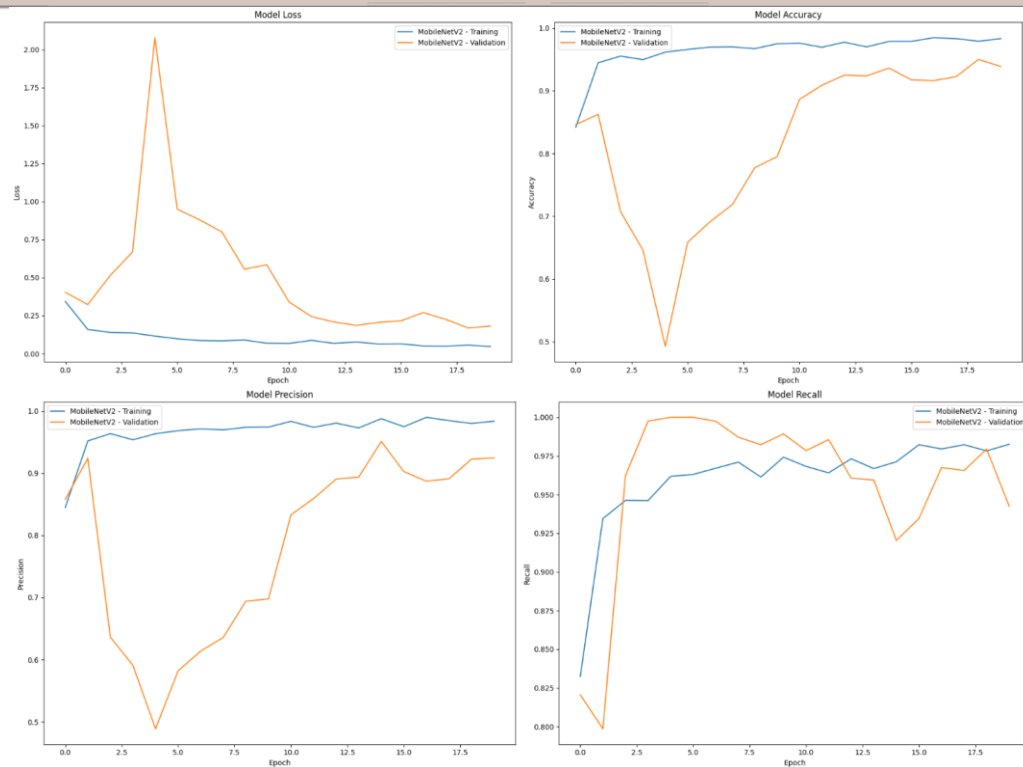
**Fig. 3.** Curvas de entrenamiento y validación de ResNet50V2 para las métricas de precisión, recall y pérdida.



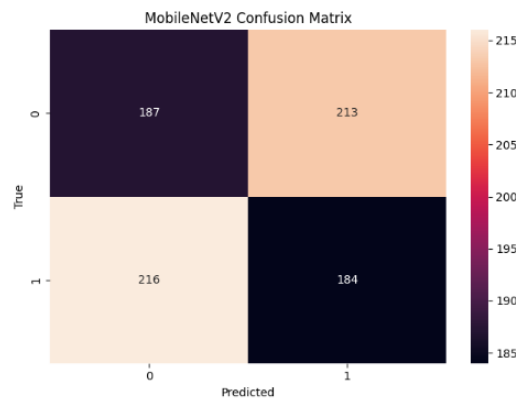
**Fig. 4.** Matriz de confusión para ResNet50V2.

### 3.3 Resultados de MobileNetV2

MobileNetV2 obtuvo una precisión de 0.9247 y un recall de 0.9425. En comparación con los otros modelos, MobileNetV2 tuvo un rendimiento inferior en términos de precisión, pero aún se mantuvo robusto. La figura 5 presenta el comportamiento del modelo a lo largo de las épocas de entrenamiento y validación, y la figura 6 muestra la matriz de confusión del modelo, donde se observan más errores en la clasificación de células infectadas en comparación con ResNet50V2 y EfficientNetB0.



**Fig. 5.** Curvas de entrenamiento y validación de MobileNetV2 para las métricas de precisión, recall y pérdida.



**Fig. 6.** Matriz de confusión para MobileNetV2.

### 3.4 Resultados de EfficientNetB0

EfficientNetB0 obtuvo los mejores resultados en las métricas de precisión 0.9712 y recall 0.9759, logrando una f1-score de 0.9736. La figura 7 muestra el proceso de aprendizaje del modelo, y la figura 8 presenta la matriz de confusión, donde EfficientNetB0 demostró el mejor equilibrio entre la clasificación de células infectadas y no infectadas.

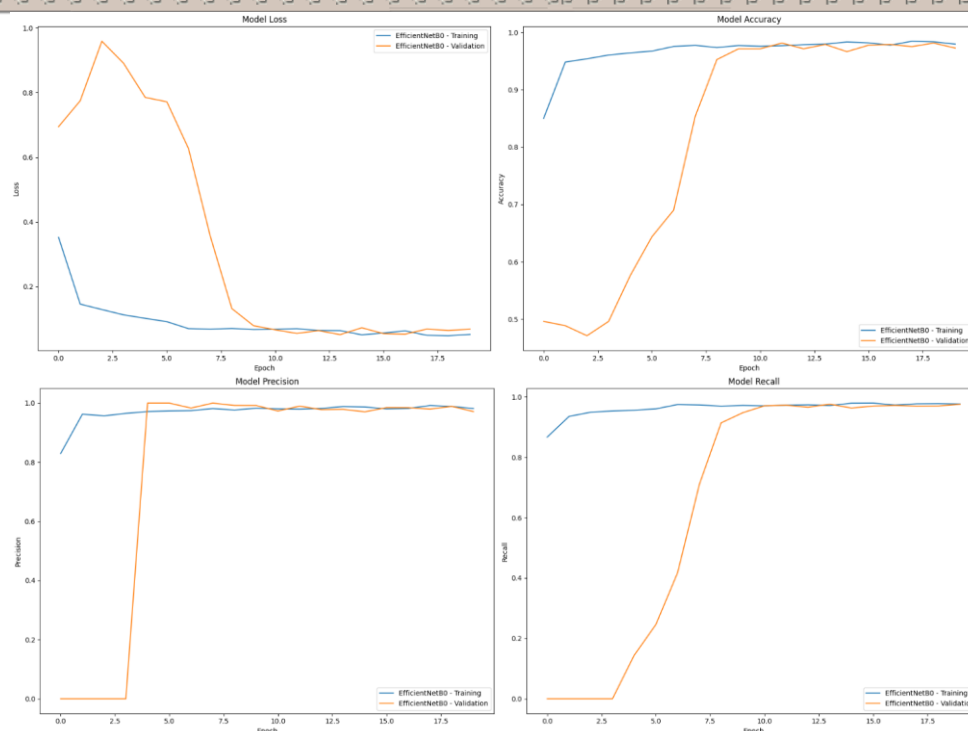


Fig. 7. Curvas de entrenamiento y validación de EfficientNetB0 para las métricas de precisión, recall y pérdida.

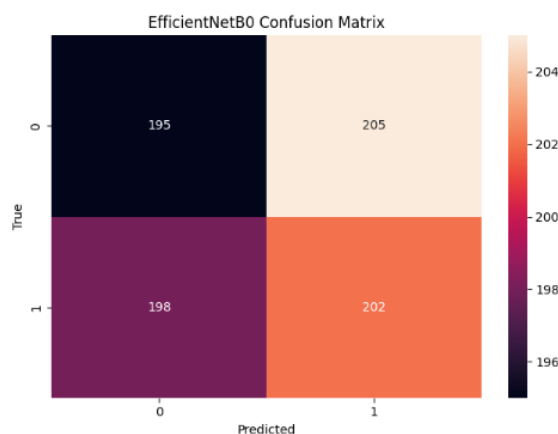


Fig. 8. Matriz de confusión para EfficientNetB0.

### 3.5 Análisis del Tiempo de Entrenamiento

El tiempo de entrenamiento de cada modelo se presenta en la Tabla 2. Se observó que EfficientNetB0 y MobileNetV2 tuvieron tiempos de entrenamiento similares, mientras que ResNet50V2 fue el más lento de los tres.

Tabla 2. Tiempo de entrenamiento de cada modelo en segundos.

| Modelo         | Tiempo de Entrenamiento (s) |
|----------------|-----------------------------|
| ResNet50V2     | 1300                        |
| MobileNetV2    | 1180                        |
| EfficientNetB0 | 1185                        |

## 4 Discusiones Conclusiones

Los resultados de nuestro estudio destacan que EfficientNetB0, con una precisión de 0.9712 y un recall de 0.9759, superó a ResNet-50V2 y MobileNetV2 en la detección de células infectadas por malaria. Esto es consistente con

investigaciones anteriores que destacan el alto rendimiento de EfficientNet en tareas de clasificación médica, como el estudio de Jameela et al. [1], que reportó una precisión similar para otros modelos profundos como VGG-19. Aunque no incluimos VGG-19 en nuestro análisis, el desempeño de ResNet-50V2 con un F1-score de 0.9716 refleja el potencial de los modelos más profundos en la clasificación de imágenes médicas.

Es notable que los resultados obtenidos por EfficientNetB0 se debieron, en parte, al uso de técnicas de aprendizaje por transferencia y ajuste fino, lo que permitió maximizar su rendimiento. Esto está alineado con estudios como el de Sulistya et al. [18], que demuestran que el uso de estas técnicas, en combinación con otros enfoques como ensemble learning, mejora el desempeño en tareas de clasificación médica complejas.

En cuanto a MobileNetV2, a pesar de tener la precisión más baja 0.9247, sigue siendo útil en entornos donde la eficiencia computacional y el tiempo son limitados. Aunque su precisión es menor que la de modelos como EfficientNetB0, estudios previos han demostrado que su arquitectura optimizada lo convierte en una opción viable para aplicaciones con restricciones de recursos. Esto refuerza la importancia de elegir el modelo adecuado según las necesidades y limitaciones del entorno.

En este contexto, el trabajo de Alqudah et al. [8] destaca la relevancia de arquitecturas ligeras en la detección de malaria utilizando imágenes de frotis sanguíneos. Su estudio utilizó una CNN ligera, logrando una precisión del 98.85% con un tamaño de entrada pequeño (64x64), lo que demuestra la capacidad de estos modelos para equilibrar precisión y tiempo de procesamiento. Además, la aplicación de técnicas como el mapeo de activación de clases (CAM) permitió visualizar las áreas de interés en las imágenes, lo que mejora la interpretabilidad de los modelos, un factor crucial en tareas médicas críticas. Esto subraya la viabilidad de MobileNetV2 en escenarios donde los recursos son limitados, ya que proporciona una buena precisión manteniendo alta eficiencia computacional.

## 4.1 Conclusiones

EfficientNetB0 ha demostrado ser el modelo más eficaz para la detección de células infectadas por malaria en este conjunto de datos, superando a ResNet50V2 y MobileNetV2 en términos de precisión y recall. A pesar de ello, ResNet50V2 sigue siendo una opción viable, especialmente en entornos donde el tiempo de entrenamiento no es un factor limitante. Por otro lado, aunque MobileNetV2 fue el menos efectivo en este análisis, su diseño optimizado podría hacerlo más adecuado para aplicaciones donde la velocidad de procesamiento sea prioritaria sobre la precisión.

Los resultados de este estudio sugieren que la elección del modelo debe considerar los recursos disponibles y el contexto específico en el que se implementará el sistema de detección de malaria. Este análisis pone de relieve la necesidad de evaluar diversas arquitecturas de redes neuronales en aplicaciones médicas críticas. Además, el enfoque basado en EfficientNetB0 se presenta como una alternativa prometedora para futuros desarrollos en el diagnóstico automatizado de malaria, contribuyendo a mejorar la precisión y eficiencia en la identificación de células infectadas.

## 5 Biografías

- Anthony Meza-Bautista, Egresado de Ingeniería Informática y Sistemas de la Universidad Nacional Micaela Bastidas de Apurímac.
- Luis Edison Ñahui-Vargas, Egresado de Ingeniería Informática y Sistemas de la Universidad Nacional Micaela Bastidas de Apurímac.
- Ecler Mamani-Vilca, Dr. en Ciencias de la Computación, docente investigador y también del curso de trabajo de investigación y otras relacionadas a la investigación.

## 6 Referencias

- [1] T. Jameela, K. Athotha, N. Singh, V. K. Gunjan, and S. Kahali, "Deep Learning and Transfer Learning for Malaria Detection," *Comput Intell Neurosci*, vol. 2022, 2022, doi: 10.1155/2022/2221728.
- [2] "Organización Mundial de Salud." Accessed: Oct. 01, 2024. [Online]. Available: <https://www.who.int/es/campaigns/world-malaria-day/2024#:~:text=En%20el%20D%C3%ADa%20Mundial%20del,mundo%2C%20as%C3%AD%20como%20las%20medidas>

- [3] E. Hassan, M. Y. Shams, N. A. Hikal, and S. Elmougy, "A Novel Convolutional Neural Network Model for Malaria Cell Images Classification," *Computers, Materials and Continua*, vol. 72, no. 3, pp. 5889–5907, 2022, doi: 10.32604/cmc.2022.025629.
- [4] H. Rinky, R. Bhuiyan, and H. Rahman, "Performance comparison of CNN architectures for detecting Malaria diseases," 2020, Accessed: Sep. 22, 2024. [Online]. Available: [https://dspace.bracu.ac.bd/xmlui/bitstream/handle/10361/14725/16101252%2C%2016101127%2C%2016101063\\_CSE.pdf?sequence=1&isAllowed=y](https://dspace.bracu.ac.bd/xmlui/bitstream/handle/10361/14725/16101252%2C%2016101127%2C%2016101063_CSE.pdf?sequence=1&isAllowed=y)
- [5] "El mapa de la malaria en el mundo - Mapas de El Orden Mundial - EOM." Accessed: Oct. 12, 2024. [Online]. Available: <https://elordenmundial.com/mapas-y-graficos/incidencia-malaria-mundo/>
- [6] P. S. Prasad, B. Sunitha Devi, M. Janga Reddy, and V. K. Gunjan, "A Survey of Fingerprint Recognition Systems and Their Applications," *Lecture Notes in Electrical Engineering*, vol. 500, pp. 513–520, 2019, doi: 10.1007/978-981-13-0212-1\_53.
- [7] Y. Dong *et al.*, "Evaluations of deep convolutional neural networks for automatic identification of malaria infected cells," *2017 IEEE EMBS International Conference on Biomedical and Health Informatics, BHI 2017*, pp. 101–104, Apr. 2017, doi: 10.1109/BHI.2017.7897215.
- [8] A. Alqudah, A. M. Alqudah, and S. Qazan, "Lightweight deep learning for malaria parasite detection using cell-image of blood smear images," *Revue d'Intelligence Artificielle*, vol. 34, no. 5, pp. 571–576, Oct. 2020, doi: 10.18280/ria.340506.
- [9] Ninni Singh, Amit Kumar, and Neelu Jyothi Ahuja, "Implementation and Evaluation of Personalized Intelligent Tutoring System," 2019.
- [10] Z. Liang *et al.*, "CNN-based image analysis for malaria diagnosis," *Proceedings - 2016 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine, BIBM 2016*, pp. 493–496, Jan. 2017, doi: 10.1109/BIBM.2016.7822567.
- [11] M. Poostchi, K. Silamut, R. J. Maude, S. Jaeger, and G. Thoma, "Image analysis and machine learning for detecting malaria," Apr. 01, 2018, *Mosby Inc.* doi: 10.1016/j.trsl.2017.12.004.
- [12] M. Kumar Gourisaria, S. Das, R. Sharma, S. S. Rautaray, and M. Pandey, "A Deep Learning Model for Malaria Disease Detection and Analysis using Deep Convolutional Neural Networks," *International Journal on Emerging Technologies*, vol. 11, no. 2, pp. 699–704, 2020, [Online]. Available: [www.researchtrend.net](http://www.researchtrend.net)
- [13] "Malaria Cell Images Dataset." Accessed: Oct. 13, 2024. [Online]. Available: <https://www.kaggle.com/datasets/iarunava/cell-images-for-detecting-malaria>
- [14] H. K. Rinky, R. R. Bhuiyan, and H. T. Rahman, "Performance Comparison of CNN Architectures for Detecting Malaria Diseases," Thesis, Brac University, Dhaka, 2020. Accessed: Oct. 13, 2024. [Online]. Available: [https://dspace.bracu.ac.bd/xmlui/bitstream/handle/10361/14725/16101252%2C%2016101127%2C%2016101063\\_CSE.pdf?sequence=1&isAllowed=y](https://dspace.bracu.ac.bd/xmlui/bitstream/handle/10361/14725/16101252%2C%2016101127%2C%2016101063_CSE.pdf?sequence=1&isAllowed=y)
- [15] T. B. Alakus and I. Turkoglu, "Comparison of deep learning approaches to predict COVID-19 infection," *Chaos Solitons Fractals*, vol. 140, Nov. 2020, doi: 10.1016/j.chaos.2020.110120.
- [16] "Aprendizaje profundo o deep learning: Guía completa." Accessed: Oct. 13, 2024. [Online]. Available: <https://www.innovaciondigital360.com/i-a/deep-learning-que-es-el-aprendizaje-profundo-como-funciona-y-cuales-son-los-casos-de-aplicacion/>
- [17] "colab.google." Accessed: Oct. 13, 2024. [Online]. Available: <https://colab.google/>
- [18] Y. I. Sulistya, E. T. Br Bangun, and D. A. Tyas, "CNN Ensemble Learning Method for Transfer learning: A Review," *ILKOM Jurnal Ilmiah*, vol. 15, no. 1, pp. 45–63, Apr. 2023, doi: 10.33096/ilkom.v15i1.1541.45-63.