

Mobilscope: A Technological Solution for Early Mastitis Detection in Dairy Cattle

Rosario Medina-Rodríguez, Eduardo Leuman Fuentes Navarro, César Beltrán-Castañón, *Senior Member, IEEE*, Miguel Nunez-del-Prado, *Senior Member, IEEE*, and Hugo Alatrística-Salas, *Member, IEEE*

Abstract—One of the most critical challenges in dairy farms is the Mastitis condition causing economic losses associated with milk production reduction and veterinary treatment expenses. Although it exists different methodologies for diagnosing animals with mastitis, these tests are usually indirect; others require laboratory analysis taking a lot of time to obtain the result, limiting its viability and monitoring in the field. To solve this problem, we propose a Mobiloscope, which is a portable, practical, effective, and low-cost diagnostic system for sub-clinical mastitis. Hence, this device provides an early detection in-situ and at a low cost to cover farmers' unsatisfied demand for having innovative tools that allow them to carry out better sub-clinical mastitis early detection. Our system comprises four components: (i) the holder for the electronic device and the screen to display the graphic interface; (ii) a part where the battery for the micro-computer will be housed; (iii) a dedicated part for the microscope and sample holder; and (iv) a holder for the light source. Despite the need to validate the prototype for commercial purposes, our prototype is able to estimate the number of somatic cells. Therefore, our mobiloscope could help the farmers to make an in-situ analysis of milk quality at a low-cost.

Index Terms—Mastitis detection, Image processing, Digital microscopy.

I. INTRODUCCIÓN

Las células somáticas en la leche están constituidas por leucocitos y células epiteliales. Los leucocitos se introducen en la leche en respuesta a la inflamación producida por una enfermedad o una lesión y participan en la defensa contra infecciones en la ubre. Es decir, cuando existe la posibilidad de una infección, el número de células somáticas aumenta. Los problemas infecciosos en ganadería vacuna se atribuyen a diversas causas; sin embargo, la mastitis es uno de las infecciones más importantes en las explotaciones lecheras, debido a que ocasiona pérdidas económicas asociadas con la reducción de la producción de leche y gastos en tratamientos veterinarios. El diagnóstico de infección intra-mamaria en vacas se realiza principalmente mediante el conteo de células somáticas y el análisis bacteriológico. Si bien existen pruebas para el diagnóstico de animales con mastitis, estas suelen ser indirectas, requieren de análisis en laboratorio o toman mucho tiempo para obtener un resultado; lo que limita su viabilidad y monitoreo en campo. Además, debido a su efecto

sobre la composición físico-química de la leche, este suele ser empleado como criterio para la medición de la calidad de leche [1]. Contar con información sobre células somáticas permite identificar de manera práctica la presencia de la mastitis en muestras de leche; facilitando en el ganadero la toma de acciones de control para evitar pérdidas de productividad por animales infectados. En ese sentido, un diagnóstico portátil y de bajo costo permitirá cubrir la demanda insatisfecha de los ganaderos por contar con herramientas innovadoras que les permita realizar un mejor control de mastitis.

En este artículo presentamos un sistema óptico de bajo costo y un algoritmo de alto desempeño que, de manera conjunta, permiten la detección temprana de mastitis sub-clínica en ganado vacuno. Así, se propone el desarrollo de un sistema portátil de detección de mastitis en leche usando un microscopio digital implementado en un micro-computador y un algoritmo de procesamiento de imágenes para la identificación y el conteo de células somáticas.

El artículo se organiza de la siguiente manera: La Sección II muestra los trabajos existentes en la literatura. Luego, la Sección III describe la solución tecnológica a desarrollar, mientras que la Sección IV muestra el proceso de captura de imágenes utilizando la solución tecnológica. Además la calibración del equipo está detallada en la Sección V; mientras que en la Sección VI, se describe el proceso de selección de células somáticas utilizando un algoritmo de aprendizaje supervisado. Una breve discusión es descrita en la Sección VII y finalmente las conclusiones y trabajos futuros son presentados en la Sección VIII.

II. ESTADO DEL ARTE

En la literatura existen diferentes métodos para el diagnóstico de mastitis bovina desde los más simples para ser usados en pequeños establos hasta los más sofisticados que pueden ser usados para producciones industriales. De esta forma, existen los métodos tradicionales, como los que evalúan la conductividad eléctrica y el estándar de oro Test de Mastitis California (CMT). El California Mastitis Test (CMT) es la prueba de campo más usada en ganadería para la determinación de animales con mastitis, dada su utilidad práctica, bajo costo y rápido resultado [2]. Es un método indirecto que se basa en la aplicación de un reactivo (CMT) a una muestra de leche en partes iguales, con la finalidad de determinar un incremento en la viscosidad de la leche; asociándose esta con el grado de mastitis. El CMT es un detergente con indicador de pH que, al mezclarse con la leche en partes iguales, disuelve

Rosario Medina-Rodríguez, Pontificia Universidad Católica del Perú, email: r.medinar@puccp.pe. César Beltrán-Castañón, Pontificia Universidad Católica del Perú, email: cbeltran@puccp.pe. Hugo Alatrística-Salas, Pontificia Universidad Católica del Perú, email: halatrística@puccp.pe. Miguel Nunez-del-Prado, Universidad del Pacífico, Perú, email: m.nunezdelpradoc@up.edu.pe. Eduardo Leuman Fuentes Navarro, Universidad Nacional Agraria La Molina, Perú, email: efuentes@lamolina.edu.pe

las paredes celulares y nucleares de los leucocitos presentes, liberando el material nuclear existente. Debido a que el ADN libre forma una masa gelatinosa, un aumento en la consistencia de la leche ha sido correlacionada con un incremento de leucocitos presentes [3]. Si bien existe un consenso en que, los valores del CMT están relacionados con el número resultante del recuento de células somáticas (RCS) en la leche de vacas con cuartos mamarios afectados [4], la interpretación de los resultados no necesariamente es uniforme, ya que depende de la percepción individual que el evaluador puede tener sobre los cambios en la viscosidad de la leche así como de otros factores [5]. Entre los métodos basados en biomarcadores, encontramos el recuento de células somáticas, el análisis de enzimas de la leche y el análisis de componentes de la leche como el sodio, calcio y cloro. También existen aquellos métodos que deben desarrollarse en un laboratorio, como el diagnóstico bacteriológico. Finalmente, los más complejos, como el diagnóstico basado en pruebas de Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR), las pruebas de Ensayo Inmunsorbente Ligado a Enzimas (ELISA), termografía infrarroja, diagnóstico fluorescente, tecnología de microarrays, entre otros [6], [7].

De la misma manera, diferentes dispositivos fueron creados para evaluar la mastitis [8]. Entre ellos tenemos a: Mas-D-Tec [9], R-Mastitest, Mast-o-Test [10] basados en conductividad eléctrica; Portacheck [11] y Somaticell [12] que están basados en reacciones a enzimas; BacSomatic, Fossomatic, Delavall Cell [13], Somacount [14], Nucleo Counter [15] y Lactoscan SCC que están basados en microscopía fluorescente. Más aún, entre los basados en microscopía fluorescente (que son aquellos que cuentan las células somáticas) muy pocos dispositivos son portátiles (*Delavall Cell*), es decir, que puedan ser utilizados en el establo por el ganadero. Estos dispositivos cuentan con un microscopio de fluorescencia y un algoritmo de análisis de imágenes; siendo un equipo todo-en-uno, que puede ser empleado en campo, así como en entornos de espacio limitado.

Además, en los últimos años fueron propuestos otros dispositivos de conteo, por ejemplo en el trabajo de Zeng et. al. [16], se propone una adaptación de lentes de bola única a la cámara de un teléfono inteligente para que funcione como un microscopio compacto; un chip deslizante de micro fluidos para colocar la muestra; y el procesador del teléfono realiza el análisis de nueve imágenes capturadas en el chip deslizante para obtener el número de células somáticas. Por otro lado, Gao et. al. [17], proponen un nuevo dispositivo para el conteo de células somáticas basado en microscopía fluorescente que compacta un microscopio, una lámina deslizante y una computadora personal con pantalla táctil. Sin embargo, a nuestro entender, no se encuentran dispositivos que usen microscopía óptica para realizar el conteo de células somáticas en muestras de leche bovina para el diagnóstico temprano de mastitis.

Un componente importante de los dispositivos de conteo de células somáticas es el método utilizado para identificarlas y contarlas. Es así, que entre aquellos que utilizan algoritmos de procesamiento de imágenes para lograr su objetivo, se puede aseverar que Nobuyuki Otsu [18] fue uno de los primeros autores que utilizó esta técnica para la segmentación automática de las mismas. El autor muestra una técnica de

aprendizaje no supervisado para la segmentación automática de una imagen, utilizando imágenes en escala de grises (tonos desde 0 a 255 valores entre blanco y negro), los cuales son representados por un histograma. Posteriormente, utilizando un criterio discriminante, selecciona automáticamente un umbral que permite separar los objetos de una misma imagen. Es importante señalar, que este método es muy utilizado actualmente, ya que es de amplio conocimiento y es bastante rápido. Posteriormente, Rosin [19], planteó una técnica de selección automática de objetos dentro de una imagen. A diferencia del método de Otsu, que trabaja sobre imágenes con una distribución unimodal, Rosin propone un método que puede hacer frente a las imágenes bimodales. El autor propone un algoritmo bastante simple pero efectivo, con base en la selección de dos picos discriminantes en el histograma que representa la imagen en escala de grises.

Otros autores, como Grillo et al. [20], utilizan métodos de procesamiento de imágenes y métodos de aprendizaje supervisado. En una primera etapa, los autores transforman la imagen utilizando el espacio de color *Lab color space* y luego en escala de grises, para posteriormente, aplicar un algoritmo de agrupamiento sobre la imagen. Después, los autores proponen un nuevo método para la selección de un umbral que permite separar las células del fondo de la imagen. Finalmente, para contar las células, aplican el método llamado *watershed*. En la parte experimental, los autores obtuvieron mejores resultados que los métodos basados en la técnica de Rosin y Otsu utilizando las métricas de correlación y precisión para mostrar esta eficacia.

Siguiendo la misma línea, Xiaojing Gao de la Universidad de Mongolia [21], propuso un nuevo proceso de identificación de células con la técnica llamada *the cloud model*. Dada una imagen, la convierten a una escala de grises para luego utilizar el método propuesto por los autores. Luego, extraen las células del fondo de la imagen, calculando un umbral mediante el método de la hiper-entropía. Finalmente, utilizan otras técnicas de tratamiento de imágenes ya conocidas para detectar células de 4 a 8 micrómetros. En sus resultados, los autores muestran que su propuesta es más eficiente que el modelo clásico, utilizando Otsu como método de detección de umbral. Luego, Melo et al. [22] proponen un método para identificar y contar células somáticas de ganado vacuno utilizando una transformación del espacio de color de RGB a *Lab color space*. Posteriormente, los autores aplican un algoritmo de segmentación *k-means* combinado con una transformación *Watershed*, a fin de eliminar las imperfecciones residuales generadas al momento de separar la célula del fondo. Finalmente, los autores proponen un nuevo espacio de color de escala de grises.

Recientemente, en el trabajo de [23], los autores proponen un nuevo método para detectar células somáticas en una imagen mejorada utilizando la Transformada Discreta de Fourier (DFT) y una modificación del método de Otsu basada en *Niche Particle Swarm Optimization*, que permite encontrar el mejor valor para el umbral. Sus resultados reportan buenos resultados para la segmentación de células sobrepuestas y juntas. Finalmente, Ramos et.al. [24], presentan un método para el conteo de células somáticas en leche de búfalo usando *Fuzzy*

C-Means para segmentar las células en la imagen basados en píxeles de colores similares y luego aplican la técnica de *Watershed* para separar y contar las células. En consecuencia, las técnicas de óptica y procesamiento de imágenes, son una combinación que permite estudiar una gran cantidad de problemas asociados a diferentes áreas. Una de ellas es la salud animal. En efecto, la salud animal es un tema que estos últimos años ha tomado un gran interés por parte de los investigadores de diferentes áreas. El objetivo de éstos es buscar métodos y técnicas que permitan optimizar ciertos procesos que pueden ser impactados directamente por el buen o mal estado de los animales. Así, Mavrogénisis [25] aplica técnicas no algorítmicas para la detección de mastitis sub-clínica en ganado ovino.

La presente investigación utiliza las técnicas anteriormente descritas, en conjunto con un sistema completo de captura y procesamiento de imágenes portátil, que permita de manera conjunta la detección temprana de mastitis sub-clínica; a fin de prevenir una infección mayor y reducir las pérdidas económicas que ocasiona esta enfermedad. Para lograr este objetivo, involucramos tres áreas de conocimiento: óptica, ciencias de la computación, y salud animal, presentando un prototipo funcional portátil desarrollado con insumos de bajo costo, el cual fue sometido a entornos reales.

III. DESCRIPCIÓN DE LA SOLUCIÓN TECNOLÓGICA

Las células somáticas participan en la defensa contra infecciones en la ubre; es decir, cuando existe un proceso infeccioso, el número de células somáticas se ve aumentado críticamente. Bajo este principio y ante la aparición de una posible infección de las glándulas mamarias, se propone una solución tecnológica que permita realizar el conteo de células somáticas presentes en una muestra de leche. Esta solución esta compuesta por cuatro componentes:

1. Un artefacto de captura de imágenes, compuesto por un microscopio que se encuentre acoplado a una fuente de luz que sirva como estimulador luminoso.
2. Un dispositivo electrónico que permita almacenar las imágenes capturadas por el microscopio y procesarlas. Además, este dispositivo cuenta con una pantalla táctil para facilitar su uso.
3. Un algoritmo de procesamiento de imágenes implementado en el dispositivo electrónico que, a partir de la imagen capturada identifique y cuente las células somáticas.
4. Una aplicación que encapsule todas las opciones asociadas a la toma de la imagen, transformación, conteo de células y visualización de los resultados.

En los siguientes párrafos describiremos los componentes antes citados.

A. Artefacto de Captura de Imágenes

Las células somáticas son imperceptibles al ojo humano, por tal motivo, es necesaria la inclusión de un microscopio electrónico de bajo costo, portátil y que además tenga la potencia de un microscopio de laboratorio. En el mercado



Fig. 1. Microscopio Digital Endoscopio Lupa 1000×8 LED USB.

existen diferentes microscopios de bajo costo con diferentes características. Se realizaron diferentes pruebas utilizando lentes de 200x, 500x y 1000x veces el tamaño de la muestra. Además, en pruebas de campo, se compararon los microscopios portátiles con un microscopio de laboratorio, obteniéndose los mejores resultados en términos de calidad de imagen con un microscopio de 1000x, razón por la cual se decidió replicar esta configuración para nuestra solución tecnológica. De esta manera, se consideró como opción el uso de un microscopio digital cuyas características se pueden observar en la Tabla I. Este microscopio utiliza un sensor de imagen dinámico y ocho luces LED blancas para capturar imágenes detalladas (ver Fig. 1). Además se puede conectar a un equipo Raspberry Pi, utilizando uno de los 4 puertos USB con los que cuenta el dispositivo.

TABLA I
CARACTERÍSTICAS DEL MICROSCOPIO DIGITAL.

Característica	Valor
Sensor de Imagen	CMOS HD 0.3M
Iluminación Ajustable	8 diodos LED incorporados
Resolución de Captura	640 × 480
Velocidad de cuadros	Máximo 30 fps bajo brillo de 600 lux
Rango de Aumento	500x - 1500x
Distancia de Enfoque	Manual de 0 ~ 200 mm

B. Dispositivo Electrónico

El sistema de adquisición de imágenes es el componente sobre el cual reposa el sistema de captura y de procesamiento de imágenes. Para su aplicación en campo, se consideró que este componente sea portátil, de bajo costo y autónomo en términos de batería. Existen varios dispositivos con estas características; sin embargo, se decidió utilizar un Raspberry desarrollado en el Reino Unido por la Fundación Raspberry Pi (Universidad de Cambridge) en 2011. Específicamente, el Raspberry Pi 3 Modelo B cuyas características se encuentran descritas en la Tabla II, ya que se puede comparar con una mini-computadora. Según sus fabricantes, tiene un rendimiento 10 veces superior al del Raspberry Pi original y un 50 % más que su predecesor, la Raspberry Pi 2.

El sistema de adquisición de imágenes de la solución tecnológica utiliza la cámara del microscopio seleccionado, acoplado a uno de los puertos USB disponibles en el Raspberry Pi. Posteriormente, las imágenes fueron almacenadas en formato JPG, en un directorio del sistema operativo instalado en el Raspberry Pi.

TABLA II
CARACTERÍSTICAS DEL DISPOSITIVO ELECTRÓNICO
RASPBERRY PI 3 MODELO B.

Característica	Valor
Procesador	Broadcom BCM2837B0, Cortex-A53 (ARMv8) 64-bit SoC @ 1.4GHz
RAM	1GB LPDDR2 SDRAM
Wi-Fi y Bluetooth	2.4GHz y 5GHz IEEE 802.11. b/g/n/ac, Bluetooth 4.2, BLE.
Ethernet	Gigabit Ethernet USB 2.0 (300 Mbps)
Puertos	HDMI, DSI (pantalla), CSI (cámara) y 4×USB 2.0
Complementos	Pantalla táctil de 3.2 pulgadas
Sistema Operativo	Raspbian (Linux Debian)

C. Algoritmo para el Conteo de Células Somáticas

El recuento de células somáticas en la leche es un indicador del estado general de salud de la glándula mamaria de la hembra lactante. Nuestro estudio se basa esencialmente en la capacidad de automatizar este proceso mediante la implementación de un algoritmo que utiliza como entrada una imagen capturada por el microscopio descrito líneas arriba. Luego, debe procesar la imagen para finalmente mostrar un número aproximado de células somáticas presentes en la muestra. Con este fin e inspirados en los trabajos presentados en la Sección II, proponemos el Algoritmo 1 que combina diferentes técnicas de procesamiento de imágenes. Especialmente, la técnica de segmentación de imágenes, que se encarga de descomponer la imagen capturada por el microscopio en sus partes constituyentes; es decir, los objetos de interés (células somáticas) y el fondo. Esta tarea se realiza con base en ciertas características locales que nos permiten distinguir un objeto del fondo y objetos entre sí [26].

Las técnicas utilizadas en el algoritmo propuesto son brevemente descritas a continuación:

- *K-Means*: propuesto por MacQueen en 1967, es un algoritmo de agrupación basado en prototipos cuyo objetivo es encontrar grupos no superpuestos [27]. Estos grupos están representados por sus centroides (la media de los puntos en ese grupo). Primero, se seleccionan K centroides iniciales; donde K es especificado por el usuario e indica el número deseado de grupos. Luego, cada punto de los datos se asigna al centroide más cercano, y cada conjunto de puntos asignados a un centroide forma un grupo. Finalmente, el centroide de cada grupo se actualiza en función de los puntos asignados a ese grupo. Este proceso se repite hasta que ningún punto cambia de grupo [28].
- Morfología matemática: Los operadores morfológicos transforman la imagen original en otra a través de la interacción con otra imagen llamada *elemento estructurante*; teniendo en cuenta la forma y el tamaño. Así, las características geométricas de una imagen, que son similares en forma y tamaño al elemento estructurante, son mantenidas. Las otras características son eliminadas [26].
- *Watershed* (línea de división de aguas): es una técnica de segmentación basada en morfología matemática que permite extraer las fronteras de las regiones que existen en una imagen. Su objetivo es interpretar topográficamente la imagen (como un relieve terrestre), donde a cada píxel

se le asocia como valor de “altura” el nivel de gris correspondiente (intensidades bajas representan valles y las montañas por intensidades altas) [29]. Luego, la superficie se perfora en algunos valles y seguidamente estos se comenzarán a llenar. Sin embargo, el algoritmo no permite que el agua de diferentes perforaciones se mezcle, por lo que deben construirse separaciones para evitar esto. Estas divisiones representarán los límites de los objetos de imagen, es decir, el resultado de la segmentación [30].

Algoritmo 1 Contar número de células somáticas

```

1: Función CONTAR_CELULAS_SOMATICAS(imagen)
2:    $k \leftarrow 2$ 
3:    $img \leftarrow KMeans(imagen, k)$ 
4:    $img\_bin \leftarrow Otsu(img)$ 
5:    $img\_bin \leftarrow eliminar\_agujeros(img\_bin, 200)$ 
6:    $elem\_estruct \leftarrow disco(tamaño=7)$ 
7:    $img\_bin \leftarrow Apertura(img\_bin, elem\_estruct)$ 
8:    $etiquetas \leftarrow Watershed(img\_bin)$ 
9:    $numero\_celulas \leftarrow tamaño(etiquetas)$ 

```

En la línea 3, el algoritmo de agrupamiento *KMeans* es aplicado a la imagen utilizando el valor de $K = 2$, inicializado en la línea previa, puesto que debe encontrar dos agrupamientos: los píxeles de colores que pertenecen a células somáticas y fondo, respectivamente. Usamos la técnica de *K-Means* porque no es necesario convertir la imagen a escala de grises y en caso de existir ruido la segmentación no se ve afectada, como es el caso de la segmentación utilizando el método *Otsu* [31]. En la siguiente línea, se aplica un umbral con valor 127 para binarizar la imagen, es decir píxeles de color blanco representan las células somáticas y de la misma manera los píxeles negros representan el fondo.

Posteriormente, se aplica una operación de morfología matemática. En nuestro caso, en la línea 7, se aplica el operador morfológico de *Apertura* (construida a partir de una erosión seguida de una dilatación) utilizando un disco de tamaño 7 como elemento estructurante (Alg. 1-línea 6), para suavizar los contornos y romper uniones delgadas entre las células.

Finalmente, en la línea 8, es aplicada la técnica de *Watershed* que permite separar aquellas células que se encuentran juntas, motivo por el cual podrían ser contabilizadas como una sola célula. El número de células somáticas es obtenido a partir de contabilizar las regiones encontradas en la imagen.

Cabe destacar que el mencionado algoritmo fue implementado en el lenguaje de programación Python, utilizando la librería de procesamiento de imágenes *Scikit-Image* [32].

D. Aplicación para Raspberry Pi

Debido a que los usuarios finales de nuestra solución tecnológica son ganaderos que no necesariamente están familiarizados este tipo de sistemas, toda la complejidad del sistema se tuvo que encapsular en una aplicación de fácil uso. El objetivo de la construcción de la aplicación consistió en hacer que el dispositivo funcione armoniosamente dentro del Raspberry Pi, a fin de: (i) encuadrar continuamente fotogramas de nuestro flujo de video, (ii) actualizar la visualización del lente en la

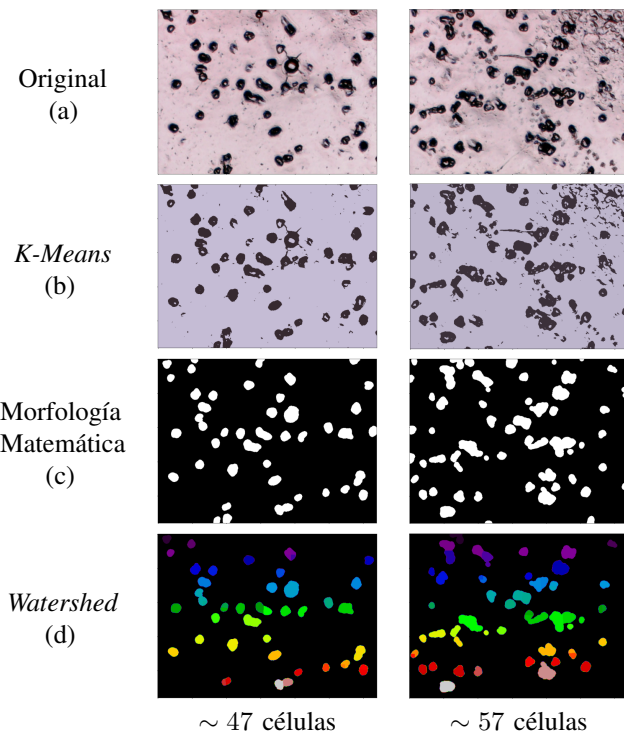


Fig. 2. Ejecución del algoritmo de conteo de células somáticas.

pantalla táctil en vivo y, a continuación, (iii) permitir la captura y almacenamiento de la imagen actual hacia un archivo cuando se hace clic en el botón de estímulo. Esto permitiría el uso confortable del usuario final.

Para que la aplicación pudiera funcionar en la arquitectura alojada en un Raspberry Pi, fue necesaria la instalación y ejecución de controladores y herramientas para que la cámara pueda funcionar e integrarse con la aplicación desarrollada en Python, que es un lenguaje del tipo *scripting*, el cual es bastante intuitivo y la curva de aprendizaje es mínima. Para ello, se utilizaron dos herramientas *open source*: OpenCV y Tkinter. OpenCV es una biblioteca libre de visión artificial originalmente desarrollada por Intel. Contiene más de 500 funciones que abarcan una gran gama de áreas en el proceso de visión, como reconocimiento de objetos, calibración de cámaras, etcétera. Por otro lado, Tkinter es la interfaz estándar de Python para la construcción de aplicaciones (conocidas como *Tk GUI*). Como el objetivo del presente estudio era crear una aplicación simple de utilizar, decidimos utilizar una pantalla táctil de 3.2 pulgadas de tamaño que se acopla Raspberry Pi. Esta pantalla es pequeña pero suficiente para efectos de nuestro trabajo. Se espera que la cámara capte una imagen (*i.e.*, streaming) y la aplicación deba responder al estímulo del usuario (por ejemplo, un *click*). Este estímulo debe activar la captura de la imagen que la cámara está enfocando en ese momento y guardarla en un repertorio dentro del sistema operativo. La interfaz gráfica de usuario fue diseñada para que contenga dos elementos: (i) un panel de imagen donde se muestre la imagen captada por nuestro microscopio, seguido de un botón, que nos permite guardar la imagen y lanzar el algoritmo de conteo de células somáticas,

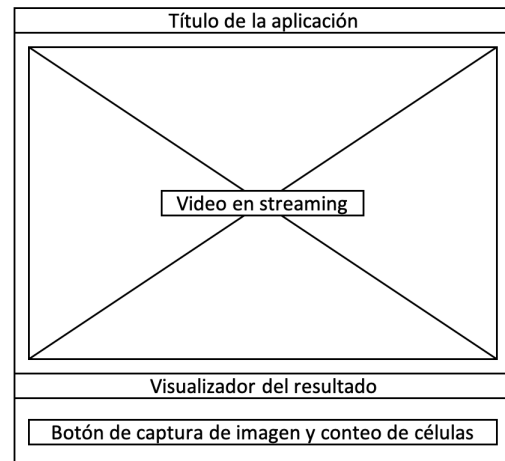


Fig. 3. Disposición de la interfaz gráfica de usuario.

y (ii) un cuadro de texto donde se visualice el resultado (ver Fig. 4). Técnicamente, se implementaron cuatro módulos lógicos en la aplicación:

1. Un módulo para crear la interfaz gráfica.
2. Un módulo que permite mostrar el flujo de imágenes provenientes de la cámara.
3. Un módulo para la captura de una imagen y su almacenamiento de la misma en el Raspberry Pi.
4. Un módulo que permite cerrar la aplicación una vez terminado el proceso.

Estos cuatro módulos, una vez implementados, se encapsularon en una aplicación ejecutable que pudiera ser lanzada desde el sistema operativo Linux Debian instalado en el Raspberry Pi. Finalmente, todos los componentes antes mencionados se alojaron en un soporte que fue construido para tal fin como se ilustra en la Fig. 4 En ella podemos distinguir cuatro elementos, tales como (i) el soporte para el dispositivo electrónico y la pantalla para mostrar la interfaz gráfica, (ii) una parte donde estará alojada la batería para la micro-computadora, (iii) una parte dedicada para el soporte del microscopio y la muestra, y (iv) un soporte para la fuente de luz. Dicho soporte fue construido con la ayuda de una

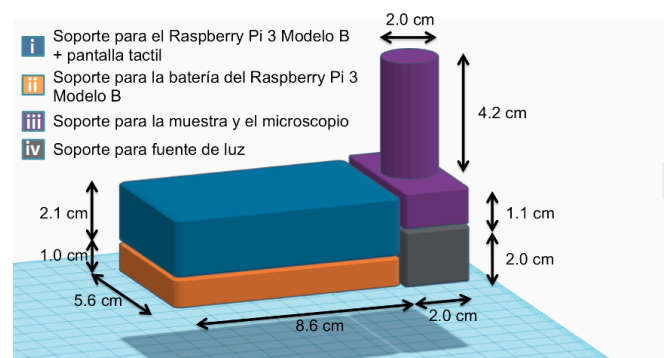


Fig. 4. Vista en perspectiva o isométrica de la propuesta.

impresora 3D. El soporte junto con los componentes antes descritos conformaron la solución tecnológica denominada Mobilscope; la cual permite la captura de una imagen a partir

de una muestra de leche, y la identificación y conteo de células somáticas. El equipo funcional tiene el aspecto mostrado en la Fig. 5.



Fig. 5. Imágenes del prototipo funcional de la solución tecnológica propuesta Mobilscope.

IV. PROCESO DE CAPTURA DE IMÁGENES

En esta sección, se describe el proceso que incluye la toma de la muestra; método de tinción y captura de la imagen por la solución tecnológica propuesta. Primero se debe extraer con ayuda de una pipeta una muestra del tanque de leche. Luego, se debe colocar de manera uniforme la muestra de leche a examinar (aproximadamente 0.01mL) sobre un portaobjetos de 1 cm^2 añadiéndole 0.01mL del reactivo yoduro de propidio (PI). Este reactivo permite colorear las células somáticas de color negro. Se espera unos minutos hasta que la muestra esté completamente seca y luego se coloca el portaobjetos en el soporte para la muestra (ver Fig. 5-iii). El sistema de excitación luminosa, emplea una fuente de luz sobre la muestra previamente preparada (leche + PI). Esta fuente de luz es un LED de espectro continuo, el cual se encuentra alojada bajo el portaobjetos. Incluye además un sistema óptico para colimar la luz emitida por la fuente luminosa (ver Fig. 4-iv). El sistema luminoso envía la señal de interés hacia el detector CMOS (cámara del microscopio). El detector comprende un sistema óptico de tipo afocal, con el uso de elementos refractivos para la formación de la imagen de interés en el plano imagen, para

poder visualizar las células somáticas en la zona de interés. Luego, a través de un evento en la interfaz de usuario se captura la imagen con un aumento de 1000x, en formato JPG con un tamaño de 640×480 píxeles ($\sim 140Kb$); la cual es almacenada en un directorio del sistema operativo Linux Debian instalado en el Raspberry Pi. La Fig. 6 muestra algunos ejemplos de las imágenes capturadas por el sistema propuesto.

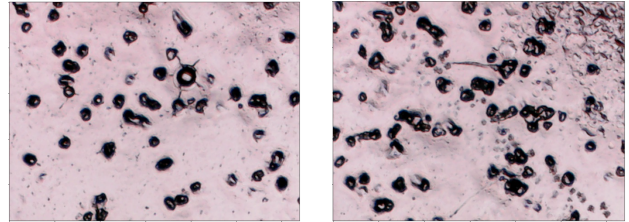


Fig. 6. Ejemplos de dos imágenes capturadas con el dispositivo propuesto.

V. PROCESO DE EVALUACIÓN Y CALIBRACIÓN DE LA PROPUESTA

Para la calibración de nuestra solución tecnológica, se procedió a comparar nuestra propuesta con el método de referencia, de la siguiente manera:

1. Método de Referencia: Primero, se recolectaron muestras de leche provenientes del Establo Experimental de Zootecnia de la Universidad Nacional Agraria La Molina. Estas muestras fueron puestas en frascos de 100 ml esterilizados para su posterior envío al laboratorio. En el laboratorio se procedió a hacer la medición mediante el método Prescott Breed [33]. Este método consiste en la diseminación de una muestra de leche (0.01 mL) sobre un portaobjetos (1 cm^2), para su posterior secado y tinción; logrando de esta manera una diferenciación de las células teñidas (células somáticas) del resto de muestra para facilitar el conteo de éstas utilizando un microscopio óptico. El conteo se realiza de manera manual por un especialista, el cual hace el conteo de las células en todo el portaobjetos.
2. Prototipo Propuesto: Se realizó una nueva toma de muestras y luego se colocó la muestra de leche de (0.01 mL) en el portaobjetos del prototipo. Posteriormente, se le aplicó el reactivo correspondiente (Yoduro de Propidio) para observar con el microscopio portátil las células somáticas de una zona representativa y la posterior captura de imágenes con la solución tecnológica propuesta.

Luego de realizar las comparaciones entre los valores obtenidos por ambos métodos, se determinó que, para que nuestra solución tecnológica proporcione un número de células somáticas equivalente al método de referencia, era necesario realizar un ajuste al conteo. Esto tomando en cuenta que el valor obtenido por nuestra solución era menor al método de referencia; principalmente por la forma cómo se cuentan las células, pero además por otros factores como la potencia de los microscopios, errores en la cantidad de muestra utilizada o errores del algoritmo de conteo propuesto.

Es así que de forma preliminar, se decidió multiplicar el número obtenido por el algoritmo propuesto por un factor de 14623; como se aprecia en la Tabla III, donde CSA son las células contadas por nuestro algoritmo, el CSMR son las células somáticas contadas según el método referencial (cel/ml) y FA es el factor de ajuste. Si bien el factor de ajuste promedio permitió calibrar nuestro prototipo a nivel piloto, se requiere mejorar el proceso de toma de muestra, así como procesar y comparar un mayor número de imágenes para poder llevar nuestra propuesta a escala comercial. Se espera realizar dicha actividad en la etapa de empaquetamiento del producto.

TABLA III

CÁLCULO DEL FACTOR DE AJUSTE. LAS SIGLAS CSA, CSMR Y FA CORRESPONDEN A: CÉLULAS SOMÁTICAS CONTADAS POR EL ALGORITMO PROPUESTO; CÉLULAS SOMÁTICAS CONTADAS POR EL MÉTODO REFERENCIAL; Y FACTOR DE AJUSTE, RESPECTIVAMENTE.

Muestra	CSA	CSMR (cel/ml)	FA
1	97	1 200 000	12371
2	86	1 000 000	11628
3	214	3 750 000	17523
4	222	3 800 000	17117
5	98	1 400 000	14286
6	94	1 150 000	12234
7	240	3 800 000	15833
8	172	2 500 000	14535
9	30	480 000	16000
10	34	500 000	14706
Promedio del FA			14623

VI. SELECCIÓN DE CÉLULAS SOMÁTICAS

Los algoritmos de clasificación supervisada tienen como objetivo producir un modelo de aprendizaje a partir de un conjunto de entrenamiento etiquetado. A pesar de la larga tradición de reconocimiento de patrones, no existe una técnica que obtenga la mejor clasificación en todos los escenarios. En este sentido, se han propuesto diferentes métodos y enfoques para superar el problema de clasificación de dos clases. La literatura ofrece varios métodos, entre los más utilizados podemos encontrar las Máquinas de Soporte Vectorial (SVM), bosques aleatorios y recientemente los algoritmos de aprendizaje profundo. Este tipo de algoritmos han sido ampliamente utilizados en la resolución de problemas de visión computacional y en el reconocimiento de células somáticas. Por ejemplo, en trabajos como el de Gao *et al.* [17], luego del proceso de identificación y segmentación de células somáticas, los autores realizan un reconocimiento de células porque no siempre un grupo de píxeles es una célula, también puede ser ruido, o una célula rota. Con este fin, ellos se basan en las características de forma de la célula, específicamente, la forma circular de una célula basado en el círculo mínimo cuadrado. Por otro lado, en el trabajo de X.Gao *et al.* [34] se introducen las características de Gabor y las máquinas de soporte vectorial como un nuevo método para reconocer cuatro tipos de células (macrófagos, células epiteliales, neutrófilos y leucocitos) en la leche bovina.

Bajo este contexto, se pudo observar en el conjunto de imágenes capturadas por el dispositivo propuesto, que se

contabilizan también algunos elementos en la muestra que no representan células somáticas, es decir, algunos grupos de píxeles remanentes del proceso de segmentación utilizando morfología matemática. En este sentido, se generó un modelo que permita clasificar las células que se deberían contabilizar utilizando un algoritmo de aprendizaje supervisado. El algoritmo de aprendizaje supervisado utilizado fue el clasificador basado en segmentos de recta (*SLS Classifier*) [35]. Este método consiste en encontrar una función basada en la distancia entre dos conjuntos de segmentos de recta y un conjunto de ejemplos de entrenamiento, para resolver problemas de clasificación de dos clases. El algoritmo de aprendizaje está compuesto por dos fases denominadas: (i) *Placing*, que utiliza K-Means para encontrar las posiciones iniciales y; (ii) *Tuning*, que aplica el método de gradiente descendente para encontrar las posiciones óptimas. Una descripción más detallada del mismo se puede encontrar en [35] y [36]. Además, los autores mostraron que este clasificador es una excelente alternativa para ser utilizado en aplicaciones reales de visión computacional y es comparable con el rendimiento de SVM, en clasificación binaria. Finalmente, este algoritmo se caracteriza por ser de fácil interpretación y baja complejidad.

Con este fin, 112 ejemplos de células y 118 ejemplos de no células fueron cortados de las imágenes (ver Fig. 7), en un total de 230 ejemplos. Luego, fueron extraídas características de textura de cada célula, mediante Patrones Binarios Locales (LBP) introducidos por Ojala *et al.* [37], [38] para describir los patrones de textura locales de una imagen. Estas características reflejan la correlación entre píxeles dentro de un área local (por ejemplo, un área de 3×3 píxeles) [39]; además, son invariantes a rotación y escala. Seguidamente, dividimos las características extraídas en dos conjuntos: entrenamiento y prueba (195 y 35 ejemplos, respectivamente). Debido a la poca cantidad de ejemplos de células disponibles para el entrenamiento, se aplicó la técnica de validación cruzada estratificada usando 10 particiones. Los porcentajes de acierto alcanzados sobre un conjunto de prueba fueron del 75% de precisión, para determinar si es una célula somática o no lo es. Este proceso de selección ayudaría a mejorar el proceso de conteo de células de nuestro prototipo. A pesar de tener resultados aceptables, consideramos que utilizando diferentes características e incrementando el número de ejemplos de células para entrenamiento, los porcentajes de acierto podrían mejorar. Cabe destacar que este proceso de selección de células somáticas no está incorporado en el algoritmo de conteo de la solución tecnológica propuesta, sin embargo, forma parte de los trabajos futuros para escalar la propuesta a nivel comercial.

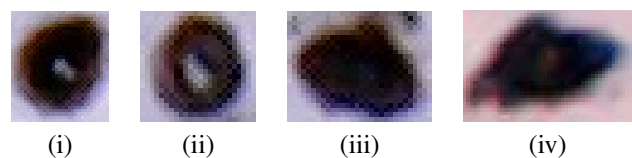


Fig. 7. Ejemplos de células somáticas (i,ii) y no células (iii,iv).

VII. DISCUSIÓN

La leche en su estado natural, contiene células somáticas. Sin embargo, las células somáticas en una glándula sana se presentan en pequeñas cantidades. Cuando hay estímulos o enfermedades en la glándula mamaria, aumenta el contenido de células somáticas. De esta manera, el contenido de células somáticas en la leche es un indicador que nos permite conocer el estado funcional y de salud de la glándula mamaria en período lactante. Es así que, un gran número de células somáticas puede indicarnos que existe una posible inflamación de las glándulas mamarias del animal, conocida como mastitis. El objetivo de este trabajo es comprobar la viabilidad de tener un artefacto de bajo costo que nos permita tomar muestras *in-situ* y detectar mastitis. A partir de los resultados en la Tabla III, mostramos que existe una relación entre el conteo realizado por el algoritmo computacional y el método referencial (ambos aumentan conforme se incrementa el grado de mastitis). La diferencia radica en que el método de referencia realiza un barrido de toda la muestra mientras que nuestra propuesta toma en cuenta solo una región representativa. Además, si nos basamos en los valores internacionales máximos indicados para mastitis (> 1000000 cel/ml), podemos indicar que las muestras que cuentan con más de 86 células identificadas por el equipo provienen de animales enfermos. No obstante, el factor de ajuste es necesario a fin de asegurar una adecuada interpretación de los resultados por parte de los ganaderos.

VIII. CONCLUSIONES Y TRABAJOS FUTUROS

El presente trabajo detalla la construcción de un dispositivo portátil de bajo costo que con la ayuda de un micro computador y técnicas de procesamiento de imágenes, permita la identificación y el conteo de células somáticas en leche de ganado vacuno. Además, este proyecto se tangibiliza en un prototipo totalmente funcional (de aproximadamente 10,6 cm de largo y 5,6 cm de ancho), provisto de una aplicación para Raspberry Pi que encapsula la complejidad de la propuesta y permite un fácil uso por parte de los ganaderos de la región. Si bien se muestra una relación entre el conteo realizado por el algoritmo y el método referencial (ambos aumentan conforme se incrementa el grado de mastitis), se requiere de realizar un mayor número de evaluaciones en el tiempo a fin de optimizar el cálculo de células somáticas del prototipo. Es bueno destacar que nuestra propuesta se diferencia de las demás por usar la microscopía óptica y no la microscopía fluorescente. Además, el hecho de identificar y contar células somáticas *in-situ*, nos permite identificar de manera rápida y temprana, una posible mastitis en el ganado vacuno, ayudando de esta manera a los ganaderos y a las empresas dedicadas a la manipulación y transformación de leche a detectar tempranamente una posible inflamación de las glándulas mamarias del animal.

Como perspectiva de este trabajo se sugiere la mejora del proceso de identificación y conteo de células somáticas. Esto a fin de reducir la necesidad de tener que emplear un factor de ajuste. Asimismo, cuando la inflamación es severa, se aprecia que las células somáticas aparecen en gran número, haciendo que su conteo sea más difícil. También es pertinente la realización de trabajos futuros relacionados a la mejora

del proceso de captura de la imagen, ya que el microscopio visualiza la imagen en *streaming* y los pequeños movimientos del equipo pueden ocasionar capturas borrosas. Con respecto al alojamiento del prototipo, este debe ser mejorado con miras a una posible comercialización. Finalmente, se destaca el potencial de aplicar este dispositivo en otros sectores productivos relevantes para el país en los que se requieran evaluaciones basadas en procesamiento de imágenes, tal como es el caso de la industria del café y cacao.

REFERENCIAS

- [1] O. Fernández Bolaños, J. Trujillo Graffe, J. Peña Cabrera, J. Cerquera Gallego, and Y. Granja Salcedo, "Mastitis bovina: generalidades y métodos de diagnóstico," *Revista electrónica de Veterinaria*, vol. 13, no. 11, pp. 1–20, 2012.
- [2] C. Sanford, G. P. Keefe, J. Sanchez, R. Dingwell, H. Barkema, K. Leslie, and I. R. Dohoo, "Test characteristics from latent-class models of the california mastitis test," *Preventive Veterinary Medicine*, vol. 77, no. 1-2, pp. 96–108, 2006.
- [3] J. Cerqueira, A. Cruz, J. Correia, I. Blanco-Penedo, J. Cantalapiedra, and J. Araújo, "Test de california para mastitis y microbiología de la glándula mamaria en explotaciones de vacas lecheras," 2017.
- [4] P. L. Ruegg, "Investigation of mastitis problems on farms," *Veterinary Clinics: Food Animal Practice*, vol. 19, no. 1, pp. 47–73, 2003.
- [5] O. E. Gómez-Quispe, C. S. Santivañez-Ballón, F. Arauco-Villar, O. H. Espezua-Flores, and J. Manrique-Meza, "Criterios de interpretación para california mastitis test en el diagnóstico de mastitis subclínica en bovinos," *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, vol. 26, no. 1, pp. 86–95, 2015.
- [6] R. Sinha, M. Bhakat, T. Mohanty, A. Ranjan, R. Kumar, S. A. Lone, A. Rahim, A. R. Paray, K. Khosla, and Z. Danish, "Infrared thermography as non-invasive technique for early detection of mastitis in dairy animals-a review," *Asian Journal of Dairy & Food Research*, vol. 37, no. 1, 2018.
- [7] F. Aguilar Gálvez and C. A. Álvarez Díaz, "Mastitis bovina," 2019.
- [8] C. Bedolla, V. Castañeda, and W. Wolter, "Métodos de detección de la mastitis bovina (methods of detection of the bovine mastitis)," *Redvet*, 2007.
- [9] M. Pérez-Ruano and L. Tarafa-Zambrana, "Evaluación del equipo masd-tec en el diagnóstico de campo de mastitis subclínica en el ganado bovino," *Revista de Salud Animal*, vol. 39, no. 3, pp. 00–00, 2017.
- [10] D. Brezovan, J. Savici, R. Moga, M. Şincai *et al.*, "Investigations regarding the value of some direct and indirect diagnose tests for cattle subclinical mastitis," *Lucrari Stiintifice-Universitatea de Stiinte Agricole a Banatului Timisoara, Medicina Veterinara*, vol. 46, no. 3, pp. 20–26, 2013.
- [11] W. Law and A. Finlay, "Portascc®, new portable quantitative scc test for mastitis," in *American Association of Bovine Practitioners Proceedings of the Annual Conference*, 2006, pp. 302–302.
- [12] H. Langoni, D. d. S. Penachio, D. B. Nóbrega, F. d. F. Guimarães, and S. B. Lucheis, "Somaticcell® as a screening method for somatic cell count from bovine milk," *Ciência Rural*, vol. 42, no. 6, pp. 1095–1101, 2012.
- [13] K. Kawai, T. Hayashi, Y. Kiku, T. Chiba, H. Nagahata, H. Higuchi, T. Obayashi, S. Itoh, K. Onda, S. Arai *et al.*, "Reliability in somatic cell count measurement of clinical mastitis milk using d e l aval cell counter," *Animal Science Journal*, vol. 84, no. 12, pp. 805–807, 2013.
- [14] E. F. Arcuri, P. D. L. d. Silva, J. R. F. Brito, M. R. Silva, and G. N. Souza, "Emprego do somacount 300, calibrado com leite de vaca, na contagem de células somáticas no leite de cabra," *Ciência Rural*, vol. 34, no. 5, pp. 1497–1500, 2004.
- [15] S. M. R. Sumon, M. S. Parvin, M. A. Ehsan, and M. T. Islam, "Dynamics of somatic cell count and intramammary infection in lactating dairy cows," *Journal of Advanced Veterinary and Animal Research*, vol. 7, no. 2, p. 314, 2020.
- [16] Y. Zeng, K. Jin, J. Li, J. Liu, J. Li, T. Li, and S. Li, "A low cost and portable smartphone microscopic device for cell counting," *Sensors and Actuators A: Physical*, vol. 274, pp. 57–63, 2018.
- [17] F. Gao, J. Wang, Y. Ge, and S. Lu, "A vision-based instrument for measuring milk somatic cell count," *Measurement Science and Technology*, vol. 31, no. 12, p. 125904, 2020.

- [18] N. Otsu, "A threshold selection method from gray-level histograms," *IEEE transactions on systems, man, and cybernetics*, vol. 9, no. 1, pp. 62–66, 1979.
- [19] P. L. Rosin, "Unimodal thresholding," *Pattern recognition*, vol. 34, no. 11, pp. 2083–2096, 2001.
- [20] G. Grillo, M. Perez, J. Baro, and C. Carleos, "Video-microscopy as an alternative method for evaluation of somatic cell count," in *2005 IEEE Instrumentation and Measurement Technology Conference Proceedings*, vol. 1. IEEE, 2005, pp. 236–239.
- [21] X. Gao, H. Xue, X. Pan, X. Jiang, Y. Bo, and Y. Wang, "Segmentation of somatic cells based on cloud model," *Rev. Téc. Ing. Univ. Zulia*, vol. 39, no. 2, pp. 93–101, 2016.
- [22] G. de Melo, V. Gomes, C. Baccili, L. de Almeida, and A. d. C. Lima, "A robust segmentation method for counting bovine milk somatic cells in microscope slide images," *Computers and Electronics in Agriculture*, vol. 115, pp. 142–149, 2015.
- [23] F. Wang and X. Pan, "Image segmentation for somatic cell of milk based on niching particle swarm optimization otsu," *Engineering in Agriculture, Environment and Food*, vol. 12, no. 2, pp. 141–149, 2019.
- [24] A. S. Ramos, C. H. Fontes, A. M. Ferreira, C. C. Baccili, K. N. da Silva, V. Gomes, and G. J. A. de Melo, "Somatic cell count in buffalo milk using fuzzy clustering and image processing techniques," *Journal of Dairy Research*, pp. 1–4, 2021.
- [25] A. Mavrogenis, A. Koumas, C. Kakoyiannis, and C. Taliotis, "Use of somatic cell counts for the detection of subclinical mastitis in sheep," *Small Ruminant Research*, vol. 17, no. 1, pp. 79–84, 1995.
- [26] Q. Dai and Y. Yu, "The advances of mathematical morphology in image processing," *Control Theory and Application*, vol. 18, no. 4, pp. 479–481, 2001.
- [27] J. MacQueen *et al.*, "Some methods for classification and analysis of multivariate observations," in *Proceedings of the fifth Berkeley symposium on mathematical statistics and probability*, vol. 1, no. 14. Oakland, CA, USA, 1967, pp. 281–297.
- [28] J. Wu, *Advances in K-means clustering: a data mining thinking*. Springer Science & Business Media, 2012.
- [29] R. C. Gonzalez and R. E. Woods, "Digital image processing, 2002," *Google Scholar Google Scholar Digital Library Digital Library*, 2007.
- [30] J. Rogowska, "5 - overview and fundamentals of medical image segmentation," in *Handbook of Medical Imaging*, ser. Biomedical Engineering, I. N. BANKMAN, Ed. San Diego: Academic Press, 2000, pp. 69–85. [Online]. Available: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/B9780120777907500096>
- [31] A. Kumar and A. Tiwari, "A comparative study of otsu thresholding and k-means algorithm of image segmentation," *Int. J. Eng. Technol. Res.*, vol. 9, pp. 2454–4698, 2019.
- [32] S. van der Walt, J. L. Schönberger, J. Nunez-Iglesias, F. Boulogne, J. D. Warner, N. Yager, E. Gouillart, T. Yu, and the scikit-image contributors, "scikit-image: image processing in Python," *PeerJ*, vol. 2, p. e453, 6 2014. [Online]. Available: <https://doi.org/10.7717/peerj.453>
- [33] S. C. Prescott and R. S. Breed, "The Determination of the Number of Body Cells in Milk by a Direct Method," *The Journal of Infectious Diseases*, vol. 7, no. 5, pp. 632–640, 10 1910. [Online]. Available: <https://doi.org/10.1093/infdis/7.5.632>
- [34] X. Gao, H. Xue, X. Pan, X. Jiang, Y. Zhou, and X. Luo, "Somatic cells recognition by application of gabor feature-based (2d) 2pca," *International Journal of Pattern Recognition and Artificial Intelligence*, vol. 31, no. 12, p. 1757009, 2017.
- [35] J. H. B. Ribeiro and R. F. Hashimoto, "Pattern recognition based on straight line segments," in *Pattern Recognition Recent Advances*. InTech, 2010.
- [36] R. Medina-Rodríguez, C. B. Castañón, and R. F. Hashimoto, "Evaluation of the impact of initial positions obtained by clustering algorithms on the straight line segments classifier," in *2018 IEEE Latin American Conference on Computational Intelligence (LA-CCI)*. IEEE, 2018, pp. 1–6.
- [37] T. Ojala, M. Pietikainen, and D. Harwood, "Performance evaluation of texture measures with classification based on kullback discrimination of distributions," in *Proceedings of 12th international conference on pattern recognition*, vol. 1. IEEE, 1994, pp. 582–585.
- [38] T. Ojala, M. Pietikainen, and D. Harwood, "A comparative study of texture measures with classification based on featured distributions," *Pattern recognition*, vol. 29, no. 1, pp. 51–59, 1996.
- [39] M. Pietikainen and G. Zhao, "Two decades of local binary patterns: A survey," in *Advances in independent component analysis and learning machines*. Elsevier, 2015, pp. 175–210.



Rosario Medina Rodríguez Magíster en Ciencia de la Computación por la Universidad de Sao Paulo, Brasil y Candidata a Doctora en Ingeniería en la Pontificia Universidad Católica del Perú. Sus tesis de posgrado están relacionadas con el área de Aprendizaje de Máquina, trabajando sobre un clasificador basado en segmentos de recta. Actualmente se desempeña como Asistente de Investigación en la Universidad del Pacífico e investigadora del laboratorio de Inteligencia Artificial de la Pontificia Universidad Católica del Perú.



Eduardo Leuman Fuentes Navarro Ingeniero Zootecnista egresado de la UNALM, Mg. Sc. en Nutrición y Desarrollo Rural de la Universidad de Gent (Bélgica) y Doctor de la Universidad de Cork (Irlanda) y Montpellier Supagro (Francia) en el marco del programa europeo Erasmus Mundus "Agricultural Transformation by Innovation". Se desempeña como docente visitante en los programas doctorales de Ciencia Animal y de Economía de los Recursos Naturales y Desarrollo Sustentable de la UNALM. Especialista en innovación y transferencia de tecnología, desarrollo sustentable, modelización de sistemas de producción, mitigación y adaptación frente al cambio climático, evaluación de pastizales, mejoramiento genético de ganado, elaboración de productos lácteos y evaluación de calidad de leche.



Biología Computacional.

César A. Beltrán Castañón Es actualmente profesor de Ciencias de la Computación en la Pontificia Universidad Católica del Perú, Departamento de Ingeniería. Fundador y líder del Grupo Científico de Inteligencia Artificial (IA-PUCP) y Presidente de la IEEE Computer Society Perú (2019-2020) de la que es Senior Member. Tiene una reconocida trayectoria académica en diferentes universidades. Sus áreas de interés son Inteligencia Artificial, Machine Learning, Deep Learning, Visión Computacional, Recuperación de imágenes por contenido, Bioinformática y



Miguel Nuñez del Prado Es doctor en informática por la Universidad de Toulouse. Obtuvo este título por su trabajo sobre ataques de inferencia en datos geolocalizados y su impacto en la privacidad de los usuarios en el LAAS-CNRS Francia. Es ingeniero en Computación, Redes y Telecomunicaciones. Tiene dos maestrías, una en Informática y Telecomunicaciones y otra en Gestión estratégica de la Innovación. Trabajó como científico de datos en el Grupo INTERSEC (París, Francia).



universidad.

Hugo Alatrística Salas Es doctor en Ciencias de la Computación de la Universidad de Montpellier en Francia. El tema de investigación con el cual obtuvo su título está relacionado con la minería de datos espacio-temporal con aplicación en el medio ambiente y la salud pública. Además, tiene una maestría en Calculabilidad, Algorítmica, Seguridad y Administración de Redes de la misma Universidad. Actualmente, es profesor investigador en la Pontificia Universidad Católica del Perú y miembro del laboratorio de Inteligencia Artificial de la misma