

Implementación de la Inteligencia Artificial en la Microbiología Clínica:

Situación Presente y Horizontes Próximos

The Implementation of Artificial Intelligence in Clinical Microbiology:

Current Status and Near-Term Prospects

Valentina Castellanos Chacon¹, Tania Hadyary Romero Pineda², Sergio Andrés Correal³, Claudia P Guerrero A⁴, Sebastian Cely⁵, Astrid M Aguilera -Becerra⁶

¹ Estudiante de Bacteriología y Laboratorio clínico. Universidad de Boyacá.

<https://orcid.org/0009-0001-1946-5188>

² Estudiante de Bacteriología y Laboratorio clínico. Universidad de Boyacá.

<https://orcid.org/0009-0001-4122-9106>

³ Ingeniero de Sistemas, Master of Science in Telecommunications, Máster en Seguridad de la Información Empresarial, Doctor en Políticas y Gestión de la Educación Superior, Director Instituto de Estudios del Futuro. Universidad de Boyacá <https://orcid.org/0000-0003-1856-3242>

⁴ Socióloga, Doctora en Ciencias de la educación, Facultad de Ciencias Jurídicas y Sociales. Universidad de Boyacá. <https://orcid.org/0000-0002-6942-9329>

⁵ Ingeniero Industrial. Especialista en Inteligencia Artificial, Magíster en Industria 4.0, Instituto de Estudios del Futuro. Universidad de Boyacá. <https://orcid.org/0000-0003-0377-0935>

⁶ Especialista en Epidemiología, Magister en Sistemas Integrados de Gestión, Facultad de Ciencias de la Salud. Universidad de Boyacá. <https://orcid.org/0000-0003-2892-6916> Email amaguilera@uniboyaca.edu.co

Cite this article as: V. Castellanos Chacon, T. Romero Pineda, S. Correal, C. Guerrero, S. Cely, A. Aguilera -Becerra “*Implementación de la Inteligencia Artificial en la Microbiología Clínica: Situación Presente y Horizontes Próximos*” *Prospectiva*, Vol. 24 N° 2 2026

Recibido: 03/12/2025 / Aceptado: 28/06/2026

RESUMEN

La inteligencia artificial (IA) ha emergido como una herramienta con amplio potencial para fortalecer los procesos diagnósticos en microbiología clínica mediante el análisis automatizado de imágenes, datos microbiológicos y secuencias biológicas. El objetivo de este estudio fue analizar la evidencia científica disponible sobre la aplicación de la inteligencia artificial en la identificación, clasificación y detección de microorganismos de interés clínico. Se realizó una revisión narrativa de la literatura mediante búsquedas en las bases de datos PubMed, Scopus, ScienceDirect, SciELO y Google Académico como fuente complementaria. Se identificaron 50 referencias potencialmente relevantes publicadas entre 2020 y 2025 en inglés y español, de las cuales 45 estudios cumplieron los criterios de elegibilidad establecidos para el análisis. Los resultados evidenciaron una amplia diversidad de aplicaciones de la IA en bacteriología, micología, virología y parasitología, destacándose el uso de redes neuronales convolucionales, aprendizaje profundo y visión computacional para apoyar el diagnóstico microbiológico. Aunque varios estudios reportaron niveles elevados de sensibilidad, especificidad y precisión diagnóstica, los resultados mostraron variabilidad según el microorganismo, la técnica empleada y el contexto de validación. Se concluye que la inteligencia artificial constituye una herramienta prometedora para optimizar los procesos diagnósticos en microbiología clínica; sin embargo, persisten desafíos relacionados con la validación clínica, la estandarización de datos y la implementación en entornos asistenciales reales.

Palabras clave: Inteligencia Artificial, Aprendizaje Automático, Red Neuronal Convolucional, Sensibilidad y Microbiología.

ABSTRACT

Artificial intelligence (AI) has emerged as a promising tool for enhancing diagnostic processes in clinical microbiology through the automated analysis of images, microbiological data, and biological sequences. The aim of this study was to analyze the available scientific evidence regarding the application of artificial intelligence in the identification, classification, and detection of clinically relevant microorganisms. A narrative literature review was conducted through searches in the PubMed, Scopus, ScienceDirect, and SciELO databases, with Google Scholar used as a complementary source. A total of 50 potentially relevant references published between 2020 and 2025 in English and Spanish were identified, of which 45 studies met the established eligibility criteria for analysis. The findings revealed a wide range of AI applications in bacteriology, mycology, virology, and parasitology, highlighting the use of convolutional neural networks,

deep learning, and computer vision techniques to support microbiological diagnosis. Although several studies reported high levels of sensitivity, specificity, and diagnostic accuracy, the results varied according to the microorganism, the technique employed, and the validation setting. In conclusion, artificial intelligence represents a promising tool for optimizing diagnostic processes in clinical microbiology; however, challenges related to clinical validation, data standardization, and implementation in real-world healthcare settings remain.

Keywords: Artificial Intelligence, Machine Learning, Convolutional Neural Network, Sensitivity and Microbiology.

1. Introducción

La inteligencia artificial (IA) es un campo clave orientado a diseñar sistemas que imitan, amplían o superan capacidades humanas como el razonamiento y la resolución de problemas complejos. Esto le permite automatizar con rapidez y precisión tareas como el reconocimiento de voz e imágenes, el análisis de grandes volúmenes de datos y la identificación de patrones. A pesar de su notable evolución, la intervención humana sigue siendo esencial para la recopilación, gestión y entrenamiento de los datos. [1], [2], [3]. Desde su origen y su reconocimiento en 1956 se propuso evaluar la inteligencia de las máquinas mediante criterios operativos y verificables lo que estructuró el estudio del aprendizaje automático y las redes lógicas. [4], [5].

A medida que los desarrollos lógico-matemáticos se incorporaron a la tecnología, su complejidad fue en aumento, generando desafíos significativos y poniendo en evidencia diversas limitaciones, no obstante, la inteligencia artificial (IA) ha alcanzado importantes avances desde entonces, pasando de ser un concepto teórico a convertirse en una aplicación práctica en múltiples sectores. En la actualidad, la IA forma parte de la vida cotidiana y constituye una herramienta de gran relevancia en campos como la economía, el comercio, la investigación y, especialmente, la salud. [6], [7].

En el campo de la microbiología clínica, la identificación precisa y rápida de microorganismos es fundamental para el diagnóstico y tratamiento efectivo de enfermedades, sin embargo, los métodos tradicionales de detección, basados en la observación microscópica manual, presentan desafíos significativos. La falta de especificidad y sensibilidad en el reconocimiento de patógenos, la escasez de personal calificado y la fatiga visual del recurso humano son factores que limitan la capacidad de brindar

diagnósticos oportunos. Esto no solo genera retrasos, sino que también puede llevar a un aumento de la morbilidad y la mortalidad en los pacientes [8],[9].

En este contexto, la IA se presenta como una herramienta con potencial para sobrepasar las limitaciones de los diagnósticos convencionales; el uso de algoritmos de aprendizaje automático y análisis de imágenes puede automatizar la identificación de microorganismos como hongos, bacterias, parásitos y agentes infecciosos como los virus, optimizando el proceso de detección. Este enfoque busca reducir el tiempo de análisis, minimizar los errores de identificación y, en última instancia, ofrecer un diagnóstico más preciso y rápido. La aplicación de la IA en la microbiología clínica no solo representa un avance tecnológico, sino una oportunidad para transformar la atención médica, mejorando los resultados clínicos y la calidad de vida de los pacientes [10], [11], [12].

No obstante, su consolidación plena dependerá de superar retos técnicos, éticos y sociales para garantizar un desarrollo responsable. Su enfoque en la detección temprana de patógenos y la medicina personalizada permite diagnósticos más exactos y tratamientos específicos, reduciendo errores clínicos y optimizando la prevención. Así, al integrar datos clínicos, genómicos y epidemiológicos para una toma de decisiones más rápida, la IA se consolida como una herramienta de gran impacto en la salud. [13], [14], [15].

Por estas razones, es importante determinar la evidencia científica existente sobre el desempeño, las técnicas empleadas y las perspectivas de implementación de la IA en la microbiología clínica durante el período 2020–2025 y por lo tanto el objetivo de llevar a cabo esta revisión es analizar la evidencia científica disponible sobre la aplicación de la IA en el diagnóstico, identificación, clasificación y vigilancia de microorganismos de interés clínico, describiendo el estado actual y las perspectivas futuras del campo.

2. Metodología

Tipo de revisión

Con el propósito de dar respuesta al objetivo planteado, se desarrolló una revisión narrativa de la literatura científica orientada a identificar, analizar y sintetizar la evidencia disponible sobre la aplicación de la inteligencia artificial (IA) en la microbiología clínica. La búsqueda bibliográfica se realizó principalmente en las bases de datos PubMed, Scopus, ScienceDirect y SciELO. De manera complementaria, se utilizaron Google Académico, repositorios científicos especializados y plataformas de literatura académica de acceso

abierto para localizar estudios recientes y documentos relevantes no recuperados en las bases de datos principales.

Asimismo, se consideraron publicaciones emergentes difundidas como preprints cuando aportaban información relevante sobre desarrollos recientes en inteligencia artificial aplicada a la microbiología clínica; estos documentos fueron analizados de manera complementaria y sus resultados interpretados con cautela debido a la ausencia de revisión formal por pares al momento de su consulta. Se incluyeron publicaciones en inglés y español difundidas entre 2020 y 2025 relacionadas con el empleo de técnicas de inteligencia artificial para la identificación, clasificación, detección o análisis de bacterias, hongos, parásitos y virus de interés clínico.

Estrategia de búsqueda

La búsqueda bibliográfica se realizó mediante la combinación de términos MeSH (cuando la base de datos lo permitió), descriptores controlados y palabras clave relacionadas con la inteligencia artificial y la microbiología clínica. Entre los principales términos empleados se incluyeron: Artificial Intelligence, Machine Learning, Deep Learning, Neural Networks, Convolutional Neural Networks, Computer Vision, Clinical Microbiology, Medical Parasitology, Mycology, Virology, Diagnosis, Sensitivity, Pathogens y Microorganisms. Estos términos fueron combinados mediante los operadores booleanos AND y OR, adaptando la sintaxis de búsqueda a las características de cada fuente de información consultada.

Como ejemplo, se emplearon ecuaciones de búsqueda como: ("Artificial Intelligence" OR "Machine Learning" OR "Deep Learning" OR "Convolutional Neural Network") AND ("Clinical Microbiology" OR Microbiology) AND (Diagnosis OR Sensitivity). Adicionalmente, se realizó una búsqueda manual a partir de las referencias bibliográficas de los estudios seleccionados, así como la consulta de repositorios científicos especializados y literatura académica complementaria, con el propósito de identificar publicaciones relevantes no recuperadas durante la búsqueda inicial.

La búsqueda bibliográfica se desarrolló entre agosto y septiembre de 2025, estableciéndose como fecha de cierre el 30 de septiembre de 2025.

Criterios de selección, inclusión y exclusión

Se consideraron elegibles los estudios que reportan aplicaciones de inteligencia artificial en alguna de las áreas de la microbiología clínica, incluyendo bacteriología, micología, virología y parasitología. Como criterios de inclusión se establecieron: a) publicaciones científicas difundidas entre los años 2020 y 2025; b) artículos disponibles en inglés o español; c) investigaciones originales, revisiones sistemáticas, revisiones narrativas y estudios de validación tecnológica relacionados con el uso de inteligencia artificial para el diagnóstico, clasificación, identificación o análisis microbiológico; y d) estudios que aportaran evidencia empírica o análisis especializados sobre aplicaciones de IA en microorganismos de interés clínico.

Asimismo, se consideraron de manera complementaria preprints y publicaciones científicas de reciente aparición cuando aportan información relevante sobre desarrollos emergentes en inteligencia artificial aplicada a la microbiología clínica. Los resultados provenientes de estas fuentes fueron interpretados con cautela debido a que, en algunos casos, no habían completado procesos formales de revisión por pares al momento de la consulta.

Se excluyeron documentos que no guardaban relación directa con el objetivo de la investigación, publicaciones duplicadas, resúmenes de congresos sin texto completo disponible, editoriales, cartas al editor, documentos con acceso restringido y estudios que no presentaban información metodológica suficiente para su análisis.

Debido al carácter narrativo de la presente revisión, no se aplicó una herramienta formal de evaluación de la calidad metodológica de los estudios incluidos. No obstante, se priorizaron publicaciones indexadas, revisadas por pares y directamente relacionadas con el objetivo de investigación, con el fin de garantizar la pertinencia y consistencia de la evidencia analizada.

Proceso de selección y análisis de la información

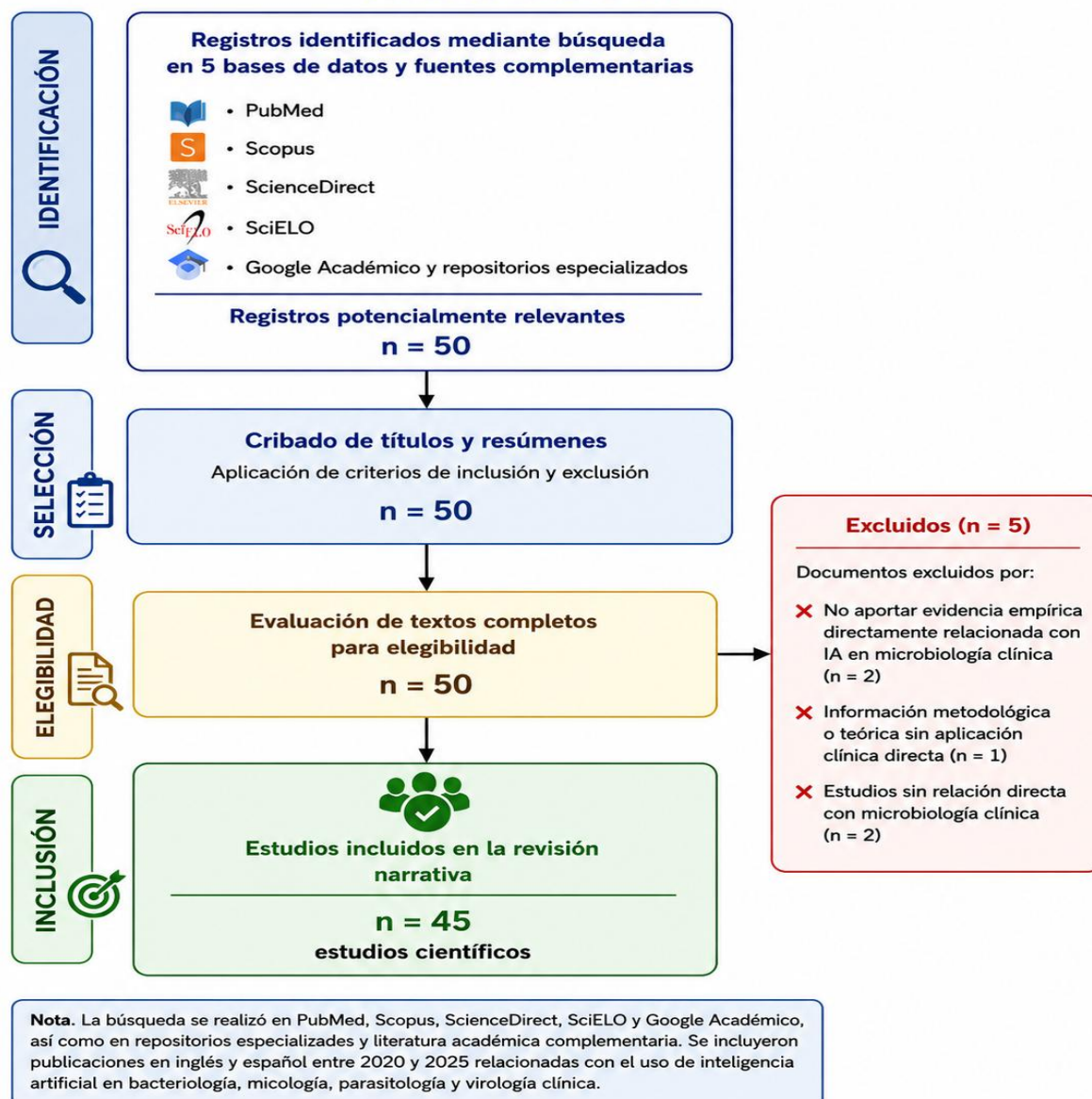
La selección de los estudios se llevó a cabo mediante una revisión secuencial de títulos, resúmenes y textos completos, verificando en cada etapa el cumplimiento de los criterios de inclusión y exclusión previamente establecidos. Este proceso fue realizado por los investigadores autores del estudio, quienes evaluaron de manera independiente la pertinencia de los documentos recuperados y resolvieron las discrepancias mediante consenso.

Posteriormente, la información de los estudios elegibles fue organizada en una matriz de extracción diseñada para sistematizar variables como año de publicación, país de procedencia, microorganismo estudiado, técnica de inteligencia artificial empleada, principales hallazgos y referencia bibliográfica. Esta información permitió realizar una clasificación temática de los estudios según su enfoque bacteriológico, micológico, parasitológico, virológico o integral.

Debido al carácter narrativo de la presente revisión, no se aplicó una herramienta formal de evaluación de la calidad metodológica de los estudios incluidos. No obstante, se priorizaron publicaciones indexadas, revisadas por pares y directamente relacionadas con el objetivo de investigación, con el fin de garantizar la pertinencia y consistencia de la evidencia analizada. Asimismo, los estudios difundidos como preprints fueron considerados de manera complementaria para identificar tendencias emergentes en el campo, interpretando sus resultados con cautela debido a la ausencia de revisión formal por pares al momento de su consulta.

Figura 1. Diagrama de flujo del proceso de identificación, selección e inclusión de estudios.

Figura 1. Diagrama de flujo del proceso de identificación, selección y inclusión de estudios.



Siguiendo la estructura que se muestra en la Figura 1., inicialmente, se identificaron 50 referencias potencialmente relevantes en 5 bases de datos.. Tras la aplicación de los criterios de elegibilidad, se hace el cribado específico y cinco documentos fueron excluidos por no aportar evidencia empírica directamente relacionada con las aplicaciones de la inteligencia artificial en microbiología clínica, consolidándose un corpus final de 45 estudios científicos para el análisis. Estos trabajos constituyeron la base para la síntesis crítica de la evidencia presentada en esta revisión.

3. Resultados y discusión

El análisis de los artículos revela una amplia diversidad de enfoques metodológicos, entre los que se incluyen el aprendizaje profundo, redes neuronales convolucionales y modelos aplicables de IA [7],[17],[18]. Estas técnicas han sido implementadas en distintas regiones geográficas, mostrando resultados altamente prometedores para el desarrollo y fortalecimiento del campo de la microbiología. Se han documentado hallazgos significativos en diversos grupos taxonómicos de microorganismos, los cuales se encuentran sistematizados en la **Tabla 1**.

La elección de las técnicas de IA responde a la naturaleza de los datos microbiológicos. Las redes neuronales convolucionales (CNN) se han consolidado como el estándar en tareas de reconocimiento de patrones en imagen (frotis, cultivos, histología, microscopía). Esto se justifica por su capacidad inherente de extracción de características jerárquicas; además, el uso de *transfer learning* desde arquitecturas pre-entrenadas (como ImageNet) permite entrenar modelos robustos con *datasets* limitados, un escenario frecuente en el entorno clínico. Por otro lado, para datos ómicos, secuencias genómicas o variables tabulares, predominan los modelos de aprendizaje automático clásico (Random Forest, SVM, XGBoost). Estas herramientas son óptimas para manejar matrices de abundancia relativa o perfiles moleculares estructurados, demostrando que la IA no es un bloque homogéneo, sino un conjunto de herramientas adaptadas a la topología de los datos microbiológicos.

Tabla 1. Distribución de estudios explorados por grupo microbiológico.

Grupo	Número de estudios
Hongos	18
Parásitos	10
Bacterias	8
Integral / multi-organismo	7
Virus	2
Total	45

Nota. Fuente: Autores.

Al analizar la distribución geográfica de la investigación (ver **Tabla 2**), se identifica un predominio consolidado de Asia, con China a la cabeza, y una participación significativa de Europa. Simultáneamente, destaca una robusta presencia latinoamericana, donde naciones como Brasil, Colombia, Ecuador y Guatemala suman aproximadamente diez estudios, los cuales presentan una fuerte vinculación con el diagnóstico de parásitos endémicos de la región. No obstante, se evidencia una baja representación del África subsahariana, limitándose a una participación de Egipto. Esta ausencia es particularmente relevante al contrastarla con un escenario de investigación relevante, dado que el África subsahariana soporta la carga más elevada de enfermedades como la malaria.

La concentración de esfuerzos en regiones con infraestructura tecnológica desarrollada o con perfiles de morbilidad específicos limita la generalizabilidad de los algoritmos. Si los modelos de inteligencia artificial se validan y entrenan primordialmente con datos provenientes de entornos ajenos a las zonas con mayor vulnerabilidad infecciosa, su utilidad clínica se ve severamente comprometida. Por tanto, la falta de representatividad africana en la literatura analizada advierte sobre el riesgo de implementar algoritmos que, aunque eficaces en entornos de prueba controlados, carezcan de la sensibilidad y especificidad necesarias para los contextos de alta carga de morbilidad. El desarrollo de una inteligencia artificial realmente transformadora requiere, inexorablemente, una democratización en la generación de bases de datos que incluya la diversidad epidemiológica global para asegurar la efectividad de estas tecnologías en los sistemas de salud pública donde más se necesitan.

Tabla 2. Distribución geográfica de los estudios explorados.

Región / País	N.º estudios
China	6
Estados Unidos	5
Brasil	4
Dinamarca	4
Colombia	3
Canadá / Corea del Sur / Italia / Alemania/Arabia Saudita	2 c/u

Japón, Filipinas, Taiwán, Polonia, Suecia, España, Guatemala, Ecuador, Egipto, India, Irán, México, Reino Unido	1 c/u
---	-------

Nota. Fuente: Autores.

La investigación muestra una concentración desigual de esfuerzos, favoreciendo a hongos y bacterias. Esta tendencia no es aleatoria; responde a la estabilidad de los marcadores genéticos. Grupos como hongos y bacterias poseen regiones genéticas altamente conservadas (ej. ITS, 16S) que facilitan la estandarización de datos y el entrenamiento de modelos coherentes. En contraste, los virus presentan un desafío mayor debido a su alta tasa de mutación, fragmentación genómica y ausencia de marcadores universales. Mientras que en hongos y bacterias la IA ha logrado estandarizar el análisis de comunidades estables mediante modelos clasificatorios, el análisis del viroma requiere modelos generativos y de reconocimiento profundo capaces de operar con datos heterogéneos, lo que sitúa al diagnóstico viral como una frontera tecnológica aún en desarrollo.

Entre los estudios analizados (ver **Tabla 3**), se evidencia el potencial de la IA en la microbiología clínica aplicada en las bacterias, así como su capacidad de convertirse en una herramienta clave para consolidar diagnósticos más rápidos, precisos y eficaces en la práctica médica. Esta sistematización permite visualizar el aporte de la IA en la identificación de patógenos, la detección de resistencia antimicrobiana, el análisis de imágenes y el apoyo en la toma de decisiones clínicas.

Tabla 3. Aplicaciones e importancia de la inteligencia artificial en el estudio de bacterias en Microbiología Clínica.

Microorganismo/tema	Año / País	Estrategia/técnica de IA usada	Resumen	Fase de validación
Bacterias patógenas de importancia clínica (<i>S. aureus</i> , <i>K. pneumoniae</i> , <i>M. tuberculosis</i> , etc.) [7].	2024 / China	Machine learning, deep learning, integración con MALDI-TOF MS con algoritmos de ML y redes neuronales aplicadas a sensores.	El artículo resalta el aporte de la IA para mejorar la identificación de patógenos, acelerar pruebas de susceptibilidad antimicrobiana, apoyar el diseño de fármacos y vacunas.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo

Microorganismo/tema	Año / País	Estrategia/técnica de IA usada	Resumen	Fase de validación
Bacteria (<i>Streptococcus agalactiae</i>) [19].	2020 / Estados Unidos	Algoritmo de análisis de imagen Pheno Matrix (algoritmos integrados)	Comprende cómo la PhenoMatrix mejoró la detección de <i>Streptococcus agalactiae</i> vs. lectura manual (95,5% vs. 84,5% sensibilidad), sin falsos negativos e identificando 8 casos no detectados. Sensibilidad comparable a NAAT (96,8%), útil para automatización de laboratorios.	Validación clínica retrospectiva
Bacteria (<i>Mycobacterium spp.</i>) [20].	2024 / Canadá	Deep learning digital microscopy	Validó la plataforma digital Neon Metafer para detectar bacilos ácido-alcohol resistentes vs. microscopía manual. En 286 portaobjetos evaluados, mostró una sensibilidad comparable de (90,7% vs. 92,0%) con especificidad ligeramente menor (91,9% vs. 95,7%) y alta concordancia general ($\approx 95\%$).	Validación clínica retrospectiva
Identificación de patógenos como enterobacterias [21].	2025 / Brasil	Machine GBM, KNN (algoritmo de aprendizaje supervisado)	Evaluó algoritmos de IA para detectar patógenos en muestras clínicas. El modelo GBM mostró el mejor desempeño con 91% de precisión y F1 Score de 0,94 en Enterobacteriaceae, superando a KNN (77% de precisión) y regresión logística.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo
Patógenos resistentes a antimicrobianos [9].	2025 / China	Supervised learning, deep learning, reinforcement learning, NLP, métodos de conjunto,	La inteligencia artificial y el aprendizaje automático se analizan como herramientas clave. DL, RL, NLP, etc., participan en la predicción, vigilancia	Prueba de concepto / desarrollo de modelo

Microorganismo/tema	Año / País	Estrategia/técnica de IA usada	Resumen	Fase de validación
		modelos híbridos y de optimización.	y control de la resistencia antimicrobiana.	
Implicaciones de la IA en la resistencia antimicrobiana o bacteriana [15].	2024 / Italia	ML (Machine learning), DL (Redes neuronales profundas)	Se identifica cómo la IA combate la resistencia antibiótica identificando genes de resistencia, optimizando la selección de antibióticos y acelerando el descubrimiento de nuevos fármacos.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo
Avances en el análisis de imágenes de células bacterianas [22].	2021 / Alemania	ML (Machine learning), DL (Redes neuronales profundas)	Identifica cómo la IA participa en el análisis de imágenes, puesto que mejora el diagnóstico de enfermedades infecciosas identificando patógenos con mayor rapidez y precisión.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo
Implicaciones de la IA en la resistencia antimicrobiana o bacteriana [1].	2024 / Reino Unido	Framework (software), ML (Machine learning)	El artículo aborda la resistencia antibiótica mediante el uso de la IA, como el análisis genómico rápido, guía en prescripción médica y acelera el desarrollo de nuevos antimicrobianos.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo

Nota. Fuente: Autores.

En el ámbito de la bacteriología clínica (2020–2025), la inteligencia artificial ha superado las capacidades del análisis manual mediante una integración diversificada de técnicas computacionales. Predominan los algoritmos de machine learning y deep learning, incluyendo arquitecturas como Random Forest y redes generativas (GAN), que han logrado niveles de sensibilidad diagnóstica superiores al 90%. Estas herramientas se validan principalmente a través de su capacidad para automatizar la identificación de patógenos críticos (como *S. aureus* o *M. tuberculosis*) y predecir perfiles de resistencia, funcionando no solo como una mejora en la exactitud, sino como un soporte decisivo para optimizar tiempos de respuesta y reducir la carga operativa en el laboratorio.

La mayoría de las tareas microbiológicas son de reconocimiento de patrones en imagen (frotis, cultivos, histología, microscopía), dominio donde las CNN son el estándar. Asimismo, el transfer learning desde ImageNet permite entrenar con datasets pequeños, frecuentes en este campo, y la salida (presencia o especie del patógeno) encaja de forma natural en la clasificación supervisada.

La dependencia de la bacteriología en el binomio MALDI-TOF MS y machine learning responde a una necesidad de superar la ambigüedad morfológica que la visión computacional por sí sola no siempre resuelve. Mientras que la microscopía digital se limita a rasgos visuales, la espectrometría aporta un perfil molecular preciso que, al ser procesado por algoritmos, permite identificar microorganismos y mecanismos de resistencia con una exactitud inalcanzable por métodos convencionales. No obstante, la generalización de estos modelos enfrenta barreras estructurales significativas: la disparidad en la calidad y disponibilidad de datos, la ausencia de una estandarización técnica entre laboratorios y los elevados costos de implementación. A estos retos se suman dilemas éticos y regulatorios sobre la privacidad y responsabilidad diagnóstica, lo que subraya la urgencia de transitar hacia modelos de IA explicable que garanticen la confiabilidad y la sostenibilidad de estas tecnologías en entornos clínicos diversos.

A mediano y largo plazo, la IA se reconocerá como una herramienta esencial en los laboratorios clínicos; su implementación permitirá controlar infecciones y brotes con mayor eficacia, reducir significativamente los tiempos de diagnóstico y mejorar los resultados en salud. En definitiva, la combinación entre IA, microbiología y análisis automatizado representa un paso firme hacia una atención médica más precisa y rápida, podrá contribuir a mejorar los desenlaces clínicos en contextos de alta carga infecciosa para finalmente fortalecer la respuesta frente a la resistencia antimicrobiana a nivel global.

Si la bacteriología representa el dominio donde la IA clínica ha validado con mayor rigor, la micología constituye el campo donde ha alcanzado el mayor volumen de evidencia. La **Tabla 4** sistematiza los estudios analizados sobre el uso de la IA en hongos de importancia médica, cubriendo desde la identificación de especies hasta el diagnóstico de infecciones fúngicas superficiales e invasoras.

Tabla 4: El papel de la inteligencia artificial en la investigación y diagnóstico de hongos.

Microorganismo/toma	Año / País	Estrategia/técnica de IA usada	Resumen	Fase de validación
IA para distinguir <i>Aspergillus sp.</i> vs. <i>Mucorales sp.</i> (histología) [23].	2022 / Japón	Algoritmo morfométrico / IA histológica	Evalúa la diferencia entre aspergilosis y mucormicosis analizando ángulo y tortuosidad de hifas en 214 muestras histológicas. Se clasificó correctamente ambos patrones morfológicos.	Validación clínica retrospectiva
Identificación de especies <i>Aspergillus</i> [24].	2020 / Filipinas	CNN (Red neuronal convolucional)	Presenta la identificación de <i>Aspergillus</i> mediante CNN entrenadas con imágenes microscópicas, lo cual logró >94% de precisión en nueve especies.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo
Identificación automática de <i>Aspergillus</i> (cultivos) [25].	2024 / Taiwán	ResNet-18 y CNN (Redes convolucionales)	Integra un sistema CNN que identifica automáticamente <i>A. flavus</i> , <i>A. fumigatus</i> , <i>A. niger</i> y <i>A. terreus</i> desde imágenes de cultivos. ResNet-18 alcanzó 99.35% de precisión.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo
Identificación automática de hongos <i>Fusarium sp.</i> [26].	2025 / Dinamarca	ResNet50, DenseNet-121, Vision Transformer	Identificación automática de <i>Fusarium sp.</i> mediante aprendizaje profundo en imágenes time-lapse. Clasifica especies evaluando micelio y esporulación.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo
IA para detección de <i>Cándida</i> [27].	2024 / Brasil	1D-CNN, Inception V3, Random Forest	Revisión sistemática de estudios sobre IA para detectar <i>Cándida</i> . La IA mostró mayor rapidez y precisión vs. métodos tradicionales.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo
Diagnóstico de onicomycosis mediante aprendizaje profundo [28].	2022 / Alemania	Deep Learning-WSI	Demuestra que las redes de aprendizaje profundo diagnostican onicomycosis desde imágenes microscópicas digitales con alta precisión.	Validación clínica retrospectiva

Microorganismo/t ema	Año / País	Estrategia/técn ica de IA usada	Resumen	Fase de validación
Detección automática de infecciones fúngicas superficiales [29].	2021 / Corea del Sur	YOLOv4, CNN	Detección automática de hifas en imágenes microscópicas. Mostró una sensibilidad del 93,2-99% y especificidad 86,6-100%.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo
Reconocimiento automático de hongos [30].	2022 / Dinamarca	Vision Transformer	La aplicación Fungi Vision identifica hongos en tiempo real con 93% de precisión. Redujo errores de reconocimiento a la mitad.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo
Imágenes microscópicas de hongos [17].	2020 / Polonia	Deep Learning + Bag of Words	Las redes neuronales profundas sirven para clasificar imágenes microscópicas, eliminando pruebas bioquímicas y reduciendo tiempos.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo
Clasificación de especies con DL + XGBoost [31].	2022 / Italia	ResNeXt, EfficientNet, XGBoost	Combina aprendizaje profundo y datos geográficos en clasificador XGBoost para mejorar la precisión de clasificación de especies.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo
Clasificación de interacciones Fúngicas [32].	2024 / Dinamarca	ResNet50, DenseNet-121, ViT	El sistema identifica hongos con imágenes time-lapse de 110 especies. Alcanzó 92,6% de precisión, reduciendo trabajo manual.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo
Clasificación de géneros fúngicos [33].	2023 / Estados Unidos	CNNs, DenseNet, InceptionResNet	Modelo CNN clasifica géneros fúngicos desde imágenes microscópicas. DenseNet fue el más eficiente con 65,35% de precisión.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo
Raman + IA para Identificación fúngica [34].	2023 / China	IA + análisis de espectros ML	Combina espectroscopía Raman e IA para identificar infecciones fúngicas con 100% de sensibilidad. Diagnóstico en <1 hora.	Validación clínica retrospectiva
IA explicable para Predicción de	2025 / Canadá	CNN + ViT + XAI	XAI identificó características diagnósticas clave, facilitando	Prueba de concepto /

Microorganismo/t ema	Año / País	Estrategia/técn ica de IA usada	Resumen	Fase de validación
patógenos fúngicos [35].			la confianza en decisiones de IA para aplicaciones clínicas.	desarrollo de modelo
Identificación para <i>Cándida sp.</i> y dermatofitos [18].	2024 / Corea del Sur	ML y DL	Demuestra cómo la IA mejora el diagnóstico de infecciones fúngicas con alta precisión, reduciendo tiempos clínicos.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo
Marco de miARN para hongos de cultivo [36].	2020 / China	Random Forest, biclustering	Analiza cómo los miRNA manipulan la respuesta inmune vegetal para desarrollar estrategias innovadoras de control fúngico.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo
Automatización e IA en bioprocesos fúngicos [37].	2023 / Suecia	ML, IA aplicada	Automatización en cultivos de hongos mediante sensores inteligentes, mejorando la productividad en biorreactores.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo
IA para micotoxinas en alimentos [38].	2025 / España	ML, DL aplicado	Estrategias contra hongos toxigénicos. La IA facilita la predicción y detección temprana con monitorización en tiempo real.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo

Nota. Fuente: Autores.

Es crucial distinguir entre precisión (VPP) y exactitud (*accuracy*), ya que su uso intercambiable en la literatura ha generado confusiones metodológicas. Los altos niveles de desempeño (frecuentemente superiores al 90-99%) reportados en la literatura se asocian mayoritariamente a estudios bajo condiciones controladas, donde la señal es clara y el ruido mínimo, o bien mediante la integración sinérgica con espectroscopía Raman o MALDI-TOF. En contraparte, los modelos que presentan desempeños moderados o bajos reflejan la complejidad de la realidad asistencial. La variabilidad observada no denota ineficacia, sino que evidencia que la robustez del modelo depende críticamente de la representatividad de la muestra, el nivel de estructuración de los datos de entrenamiento y la capacidad del algoritmo para gestionar la heterogeneidad de las muestras reales frente a los entornos experimentales cerrados.

El predominio de los hongos en la literatura actual sobre IA clínica responde a características intrínsecas de este grupo microbiano que favorecen el aprendizaje computacional. A diferencia de otros patógenos, los hongos presentan rasgos morfológicos macro y microscópicos altamente definidos, como estructuras de hifas, esporas y patrones de crecimiento en medios de cultivo, que son óptimos para el entrenamiento de redes neuronales convolucionales. Además, poseen regiones genéticas altamente conservadas, como el ITS (Internal Transcribed Spacer), lo que facilita la estandarización de datos genómicos y la creación de bases de entrenamiento robustas y coherentes en comparación con la fluidez genómica observada en los virus o la ambigüedad en algunas bacterias.

Asimismo, la amplia dispersión en los desempeños reportados, que oscilan entre el 49% y el 100%, refleja la madurez desigual de las metodologías empleadas y la complejidad de los entornos de validación. Los niveles de exactitud cercanos al 100% suelen alcanzarse en pruebas de concepto que utilizan espectroscopía Raman o bases de datos de imágenes altamente controladas, donde la señal es clara y el ruido mínimo. En contraste, los modelos que reportan desempeños moderados (cercanos al 49%) corresponden a arquitecturas de mayor complejidad que intentan integrar múltiples dimensiones de datos, como la combinación de características visuales con variables geográficas, ambientales o sustratos específicos. Esta variabilidad evidencia que, si bien la IA ha logrado estandarizar la identificación de patógenos comunes, el desafío actual reside en la implementación clínica de modelos capaces de gestionar la heterogeneidad de las muestras reales y la clasificación de especies raras con baja representatividad en las bases de datos de entrenamiento.

Más allá del diagnóstico médico, la IA también está transformando el reconocimiento taxonómico y el análisis morfológico de hongos; modelos como el Vision Transformer (ViT) pueden identificar especies fúngicas a partir de imágenes de cultivo o fotografías macroscópicas, permitiendo clasificar mohos filamentosos con una concordancia comparable a la del experto en el conjunto evaluado. Además, al incorporar variables contextuales como el hábitat, el sustrato o la época del año, la clasificación se vuelve aún más exacta.

En el ámbito industrial y agrícola, la IA facilita la automatización de bioprocesos y la selección de hongos con potencial biotecnológico o capacidad de biocontrol. Los modelos como las redes neuronales permiten monitorear el crecimiento en biorreactores inteligentes y optimizar la producción de enzimas útiles, como la xilanasa [37]. También se han empleado sistemas de IA para estudiar las interacciones entre hongo-planta,

contribuyendo así a la comprensión de mecanismos de infección y al desarrollo de estrategias de control más sostenibles.

El futuro promete herramientas más accesibles mediante aplicaciones móviles e integración de datos más certeros, pero a su vez se requiere de la resolución de problemas en cuanto a la estandarización regulatoria, el fortalecimiento colaborativo y efectivo entre los profesionales y los sistemas de la IA para generar confianza en los entornos clínicos. En síntesis, la evidencia disponible indica que la micología clínica e industrial constituye actualmente el campo de aplicación más maduro de la IA en microbiología, con perspectivas de expansión hacia entornos de mayor complejidad taxonómica y validación clínica.

En el caso de los parásitos, la inteligencia artificial se ha empleado principalmente para el diagnóstico, especialmente en la detección automatizada de protozoos y helmintos en muestras clínicas. En cuanto a los virus, su aplicación se orienta a la clasificación y análisis de secuencias genómicas, permitiendo identificar variantes, así como en el descubrimiento de fármacos, vacunas y apoyar la vigilancia epidemiológica (ver **tabla 5**).

Tabla 5: Relevancia de la inteligencia artificial en el análisis de parásitos y virus en microbiología clínica.

Microorganismo/t ema	Año / País	Estrategia/técnica de IA usada	Resumen	Fase de validación
Parásitos intestinales (<i>Ascaris lumbricoides</i> , <i>Trichuris trichiura</i> , <i>Taenia spp.</i> , etc.) [8].	2023 / Guatemala	Parasite ID incluyó métricas estadísticas como sensibilidad, especificidad, exactitud, curva ROC y concordancia.	El estudio evaluó la exactitud de la aplicación gratuita de Parasite ID para identificar parásitos intestinales en imágenes obtenidas de microscopía óptica y teléfonos móviles. Los resultados mostraron baja sensibilidad (25,2%) y exactitud (48,6%), con un área bajo la curva ROC del 59,9%, evidenciando que la aplicación requiere mejoras y un catálogo más amplio de parásitos locales para su uso diagnóstico.	Validación clínica retrospectiva

Microorganismo/t ema	Año / País	Estrategia/técnica de IA usada	Resumen	Fase de validación
<i>Plasmodium falciparum</i> [39].	2024 / Estados Unidos	MiLab MAL (Plataforma de microscopio digital que permite un diagnóstico preciso y rápido de la malaria)	El artículo comparó la plataforma automatizada con inteligencia artificial miLab MAL con la microscopía convencional para el diagnóstico de malaria. Los resultados mostraron que miLab MAL tuvo una sensibilidad y especificidad del 100%. Aunque la parasitemia cuantificada fue más baja con miLab MAL, el sistema demostró ser más sensible y rápido, reduciendo el tiempo de análisis a 18 minutos.	Validación clínica retrospectiva
<i>Plasmodium falciparum</i> [40].	2023 / Brasil	Deep learning (Aprendizaje Profundo)	El objetivo fue crear un banco de imágenes de P. falciparum para apoyar sistemas de inteligencia artificial en el diagnóstico de malaria. El banco busca servir como herramienta de entrenamiento para algoritmos de IA, con acceso gratuito en línea, facilitando diagnósticos más rápidos, confiables y accesibles.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo
<i>Plasmodium spp.</i> [41].	2020 / España, Colombia	Red neuronal de segmentación (SNN) y una red neuronal convolucional (CNN).	Se diseñó un pipeline de tres etapas para diagnosticar malaria en imágenes digitales de sangre periférica y clasificación binaria infectado/no infectado. El modelo alcanzó 93,7% de precisión en segmentación y 87% de especificidad en la detección de malaria, reduciendo el tiempo de	Prueba de concepto / desarrollo de modelo

Microorganismo/t ema	Año / País	Estrategia/técnica de IA usada	Resumen	Fase de validación
			análisis de casi una hora a menos de un segundo por imagen.	
<i>Plasmodium spp.</i> , <i>Trypanosoma spp.</i> , <i>Toxoplasma gondii</i> , <i>Cryptosporidium spp.</i> , <i>Giardia spp.</i> [6].	2022 / China	Algoritmos clásicos de ML, redes neuronales artificiales y convolucionales y métodos de ensamblaje.	El artículo destaca la utilidad de la IA en la detección de parásitos mediante análisis de imágenes, vigilancia epidemiológica, exploración de interacciones hospedero- parásito, descubrimiento de fármacos y vacunas, y análisis ómicos.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo
<i>Babesia sp.</i> [42].	2024 / Ecuador	YOLOv8 (modelo de segmentación de objetos), usando técnicas de data augmentation, validación cruzada y entrenamiento en Google Colab con GPU Nvidia T4.	El estudio buscó mejorar el diagnóstico de babesiosis en perros mediante la detección de <i>Babesia sp.</i> en frotis sanguíneos. Para ello se construyó una base de datos de 630 imágenes microscópicas de merozoitos. Los resultados mostraron buena precisión y confiabilidad del sistema.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo
<i>Leishmania spp.</i> [43].	2024 / Colombia	Técnicas de procesamiento digital de imágenes (reducción de ruido, segmentación, extracción de características).	El estudio creó una base de datos de 500 imágenes de frotis directos de pacientes con leishmaniasis cutánea. Se aplicaron técnicas de preprocesamiento, segmentación (Otsu, umbral local, IGMS) y caracterización fenotípica. Se lograron identificar 7.905 parásitos etiquetados con una recuperación del 95,98%.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo

Microorganismo/t ema	Año / País	Estrategia/técnica de IA usada	Resumen	Fase de validación
<i>Leishmania spp.</i> [44].	2025 / Brasil	Redes neuronales profundas (DL, CNNs, transferencia de aprendizaje), segmentación de imágenes, espectroscopía combinada con ML y modelos estadísticos.	Revisión sistemática sobre el uso de visión computacional y aprendizaje automático para el diagnóstico parasitológico directo de la leishmaniasis visceral canina. Se identificó un alto potencial en las redes neuronales profundas y técnicas de segmentación, aunque persisten desafíos como la escasez de bases de datos públicas y la falta de estandarización.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo
Parásitos intestinales (<i>A. lumbricoides</i> , <i>T. trichiura</i> , <i>Taenia sp.</i> , <i>H. nana</i> , <i>S. mansoni</i> , <i>S. stercoralis</i>) [45].	2020 / Brasil	Aprendizaje profundo con redes neuronales convolucionales (CNNs).	Se desarrolló un software de IA (ParasitAI) para apoyar el diagnóstico de parasitosis intestinales. Se entrenó con 4.224 imágenes de huevos y larvas, validadas con 2.740 imágenes de laboratorio. El sistema logró sensibilidades entre 72,1% y 82,3%, y especificidades entre 92,1% y 95,1%.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo
Parásitos de importancia médica (<i>Plasmodium spp.</i> , <i>Leishmania spp.</i> , <i>Schistosoma spp.</i> , <i>Ascaris lumbricoides</i> , etc.) [46].	2024 / Egipto	Deep learning, CNNs, transferencia de aprendizaje, modelos de detección como YOLOv5.	La revisión subraya la alta precisión alcanzada en estudios de prueba de concepto, así como los desafíos de la escasez de bases de datos públicas, la estandarización de métodos y la necesidad de interpretabilidad de los modelos.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo
Virus - predicción de estructura jelly roll (JR) fold [47].	2025 / Estados Unidos	Transfer learning con LLMs (BERT, T5, XLNet, Albert) y regresión logística.	Se desarrolló JRSeek, un modelo de IA para clasificar secuencias virales con o sin la	Prueba de concepto / desarrollo de modelo

Microorganismo/t ema	Año / País	Estrategia/técnica de IA usada	Resumen	Fase de validación
			estructura jelly roll. El sistema alcanzó >95% de exactitud y permitió predecir JR folds incluso en virus no clasificados, confirmados con AlphaFold3.	
Virus [48].	2023 / India	Machine Learning, Deep Learning (CNNs), NLP, transferencia de aprendizaje.	Se destacan aplicaciones en diagnóstico rápido, análisis genómico, personalización de tratamientos antivirales, descubrimiento de fármacos, desarrollo de vacunas y predicción de brotes (ej. COVID-19). También se discuten retos éticos como sesgos algorítmicos.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo

Nota. Fuente: Autores.

En el caso de los parásitos y virus, la inteligencia artificial se ha empleado de forma diferencial según la naturaleza del microorganismo. La **Tabla 5** sistematiza la relevancia de la IA en este contexto, integrando la evidencia de 10 estudios de parásitos y 2 de virus, manteniendo la consistencia con el corpus total de 45 estudios analizados en la presente investigación.

En los estudios revisados, destacando el uso de redes neuronales convolucionales (CNNs) y modelos de deep learning, particularmente en identificación de *Plasmodium spp.*, *Trypanosoma spp.* y *Ascaris lumbricoides*, estos modelos alcanzan niveles de sensibilidad y especificidad entre un 72% y 95%, lo que refleja un avance significativo comparado con métodos manuales. Por ejemplo, el sistema ParasitAI logró sensibilidades entre 72,1% y 82,3% y especificidades de hasta 95,1%, mientras que otros modelos, como miLab MAL, alcanzaron valores de sensibilidad y especificidad de hasta el 100% en la detección de Plasmodium. De esta manera, se evidencia una mejora en la calidad de los resultados y se amplían las posibilidades de intervención temprana.

En el caso de los virus, el uso de IA se orienta al análisis genómico y estructural; el modelo JRSeek implementó large language models (BERT, T5, XLNet, Albert) para brindar estructuras virales tipo jelly roll fold, alcanzando más del 95% de precisión incluso en virus no clasificados. Por su parte, una investigación desarrollada en India integró técnicas de machine learning, deep learning y NLP (procesamiento del lenguaje natural) aplicados a datos clínicos y genómicos, lo que permitió optimizar la detección temprana, la predicción de brotes y el diseño de vacunas personalizadas.

El predominio de estudios sobre hongos frente a virus refleja que la aplicación de la IA en la microbiología médica se encuentra en una fase de consolidación intermedia, priorizando organismos metodológicamente más accesibles. Mientras que los hongos poseen genomas más estables y regiones universales conservadas (como el ITS) que facilitan su secuenciación y el entrenamiento de algoritmos en bases de datos robustas, los virus carecen de un marcador genético común y mutan rápidamente. Esta asimetría demuestra que, aunque el campo ha dominado el análisis de micobionomas y bacterionomas, el viroma representa la próxima frontera tecnológica; una brecha de investigación abierta que exigirá herramientas bioinformáticas y modelos de IA mucho más avanzados, capaces de operar con datos altamente fragmentados y heterogéneos.

La **Tabla 6** refleja estudios en diferentes países respecto al uso de la inteligencia artificial (IA) en el diagnóstico de microorganismos, sin enfocarse en un grupo específico. Esto demuestra el creciente interés por implementar herramientas de IA en diferentes áreas de la microbiología como apoyo diagnóstico. La tendencia observada muestra que las Redes Neuronales Convolucionales (CNN) son la técnica predominante en estudios de diagnóstico basados en imagen, mientras que el aprendizaje automático clásico (Random Forest, SVM, GBM) es la herramienta principal en estudios con datos genómicos, tabulares o de resistencia antimicrobiana. Los ensamblados o híbridos (ensemble learning y transfer learning) destacan por mejorar la sensibilidad y robustez de los diagnósticos. Las estadísticas reflejan la mejoría de la IA en cuanto a precisión y rapidez del diagnóstico microbiológico, con valores de desempeño superiores al 90% en la mayoría de los casos. Además, se evidencia cómo la inteligencia artificial está avanzando no solo para clasificar imágenes, sino para modelos más complejos que integran genómica, metagenómica, análisis del microbioma y predicción de resistencia.

Tabla 6. Aplicaciones de la inteligencia artificial en el diagnóstico integral de microorganismos

<i>Microorganismo/t ema</i>	<i>Año / País</i>	<i>Estrategia/técnica de IA usada</i>	<i>Resumen</i>	<i>Fase de validación</i>
<i>Staphylococcus</i> , <i>Streptococcus</i> , <i>Enterobacterias</i> y <i>Cándida sp.</i> [49].	2023 / Dinamarca	CPN (Dispositivo motorizado), Random Forest (aprendizaje supervisado que combina el resultado de múltiples árboles de decisión para obtener una predicción más precisa y robusta).	La investigación analizó modelos automatizados para detectar bacterias en tinción Gram. Random Forest alcanzó 99% de precisión vs. 80-95% de red probabilística causal en 660 imágenes de 33 especies. Alto potencial para mejorar el diagnóstico microbiológico automatizado.	Validación clínica retrospectiva
Bacterias (<i>Staphylococcus</i> <i>aureus</i> , <i>Enterococcus</i>), parásitos (<i>Plasmodium spp.</i>) y hongos (<i>Cándida</i> <i>spp.</i>), entre otros [11].	2020 / Estados Unidos	Redes neuronales convolucionales (CNNs), transfer learning, técnicas de data augmentation y modelos de clasificación de imágenes aplicados a microbiología clínica.	Es un análisis acerca del empleo de la IA en microbiología clínica para interpretar frotis, tinciones de Gram y cultivos en placa. Se reportan pruebas de concepto exitosas en malaria, vaginosis bacteriana y clasificación de colonias en agar, con sensibilidades y especificidades >95% en contextos de investigación.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo
Bacterias, virus y parásitos (ej. SARS-CoV-2, <i>Plasmodium spp.</i> , micobacterias, enterobacterias, entre otros) [12].	2024 / Estados Unidos, México y Arabia Saudita	Deep learning (CNNs, transfer learning), machine learning supervisado (SVM, Random Forest, ensembles), MALDI-TOF + ML, análisis de VOCs con ML y enfoques pan- genoma/algoritmos	El artículo enfatiza las aplicaciones de la IA en el diagnóstico microbiológico, como la identificación por imagen, secuenciación/genómic a, predicción de resistencia, conteo/lectura de placas y vigilancia; también aborda las	Prueba de concepto / desarrollo de modelo

Microorganismo/t ema	Año / País	Estrategia/técnica de IA usada	Resumen	Fase de validación
		genéticos para AMR.	restricciones éticas, de datos y de implementación.	
Diversos asociados al microbioma cutáneo y gastrointestinal: ej. oncomicosis por <i>Cándida spp.</i> , además de <i>Treponema pallidum</i> y microbiota relacionada con HPV [50].	2023 / China	Redes neuronales convolucionales (CNNs), machine learning supervisado (Random Forest, XGBoost, LightGBM, SVM, Logistic Regression) aplicado a datos de secuenciación y microbioma.	Revisión de aplicaciones de IA en dermatología mediante la investigación del microbioma. Se destaca el uso de IA para reconocer infecciones fúngicas (oncomicosis), analizar secuenciación microbiana (16S, metagenómica) y relacionar microbiomas de piel e intestino con enfermedades como vitíligo, acné y dermatitis atópica.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo
<i>Helicobacter pylori</i> , <i>Mycobacterium tuberculosis</i> , <i>Aspergillus</i> , <i>Mucorales</i> y microorganismos causantes de oncomicosis [10].	2024 / Bogotá	Redes neuronales convolucionales (CNN), aprendizaje profundo y técnicas de segmentación como U-NET, transferencias de aprendizaje y redes de aprendizaje activo.	La revisión comprende diez investigaciones actuales que utilizan modelos de inteligencia artificial en el diagnóstico histológico de microorganismos. Se destacan los avances en modelos basados en redes neuronales convolucionales (CNN) para detectar estas infecciones en biopsias y tejidos.	Prueba de concepto / desarrollo de modelo
Bacterias responsables de resistencia antimicrobiana (<i>Escherichia coli</i> , <i>Staphylococcus aureus</i> , etc.), virus	2024 / Irán	Aprendizaje automático clásico (e.g., Naive Bayes, SVM, Random Forest), aprendizaje profundo (deep learning), redes	El artículo trata sobre los avances, desafíos y perspectivas de integrar la IA en microbiología. Señala aplicaciones variadas como predicción de	Prueba de concepto / desarrollo de modelo

<i>Microorganismo/t ema</i>	<i>Año / País</i>	<i>Estrategia/técnica de IA usada</i>	<i>Resumen</i>	<i>Fase de validación</i>
(SARS-CoV-2), entre otros microorganismos [14] .		neuronales convolucionales (CNN), aprendizaje supervisado y técnicas de ensamblaje (ensemble learning).	resistencia antimicrobiana, diagnóstico de microorganismos, descubrimiento de fármacos, vigilancia epidemiológica, estudio de microbiomas y la automatización de laboratorios.	

Nota. Fuente: Autores

En la recopilación literaria se presentan investigaciones que incluyen diversos tipos de microorganismos, en las que se ha utilizado la inteligencia artificial para diagnósticos y análisis de imágenes. Esta recopilación exhibe la flexibilidad de la IA en la microbiología, demostrando su aplicabilidad en diferentes patógenos sin limitarse a un grupo particular.

La **Tabla 7** nos presenta una cuantificación de los rangos de exactitud reportados por cada uno de los grupos de microorganismos en la recopilación de estudios. Se evidencia un rango amplio de desempeño correspondiente a los estudios con hongos y parásitos, provocado principalmente por la gran variedad de técnicas y modelos de IA explorados por los investigadores.

Sin embargo, se presentan desafíos en común entre los diferentes estudios analizados, así como los grupos de microorganismos mencionados, tales como la escasez de bases de datos públicas, la variabilidad de las imágenes entre regiones y la falta de interpretación de los modelos. Aspectos que limitan la implementación clínica en los sistemas de salud; aunque las perspectivas indican un crecimiento constante en el uso de la IA, especialmente en países de desarrollo, se constituye como una herramienta óptima para reducir errores humanos y fortalecer la precisión diagnóstica en el ámbito clínico y de investigación.

Tabla 7. Distribución de estudios analizados según la técnica de Inteligencia Artificial aplicada y el grupo taxonómico microbiológico.

<i>Técnica de Inteligencia Artificial</i>	<i>Número de Estudios (aprox.)</i>	<i>Microorganismos Predominante</i>	<i>Tipo de Datos</i>	<i>Desempeño Típico/Madurez</i>
CNN y aprendizaje profundo de imagen (ResNet, DenseNet, YOLO, U-Net)	~30	Hongos, parásitos.	Imagen (microscopía, cultivo, histología)	Alto pero heterogéneo (49-100%). En su mayoría, pruebas de concepto.
Aprendizaje Automático clásico (Random Forest, SVM, GBM, KNN, XGBoost)	~13	Bacterias, microbioma, AMR.	Tabular/ómico (Genes conservados como 16S, ITS)	Variable. Depende de la validación externa.
Transformers/ LLM (BERT, T5, ProtTrans)	2	Virus	Secuencia nucleotídica/ proteica	Experimental (>95 % en un estudio)
XAI (Grad-CAM, SHAP, LIME)	2-3	Hongos, bacterias.	Transversal (interoperabilidad clínica de modelos clásicos)	Emergente

Nota. Fuente: Autores. (Los conteos por familia suman más del total de estudios analizados, ya que pueden usar varias técnicas).

Las tareas de reconocimiento de patrones en imagen como frotis, cultivos, histología, microscopía, son la gran mayoría dentro de las microbiológicas, dominio donde las CNN son el estándar. Además, el uso de transfer learning desde ImageNet permite entrenar modelos robustos con datasets pequeños, frecuentes en este campo, mientras que la salida (presencia o especie del patógeno) encaja de forma natural en la clasificación supervisada.

La variabilidad observada en el desempeño de los modelos de inteligencia artificial en microbiología clínica responde, fundamentalmente, a la calidad de los datos de entrenamiento y a la rigurosidad del entorno de validación. Los niveles de alto rendimiento, que alcanzan exactitudes superiores al 99%, como el 99,35% reportado por el modelo ResNet-18 [25] en un único estudio y sin validación multicéntrica al procesar un

dataset curado de 6.867 imágenes, se asocian habitualmente a sistemas de clasificación cerrada con un número reducido de especies o a la integración sinérgica con técnicas físico-químicas como la espectroscopía Raman o MALDI-TOF, que optimizan la calidad de la señal. Por el contrario, los desempeños moderados o bajos se vinculan frecuentemente con aplicaciones de uso libre validadas en condiciones de campo real, como la baja sensibilidad (25,2%) reportada por Parasite ID, así como con arquitecturas que abordan catálogos taxonómicos extensos, ejemplificado por la exactitud del 65% de DenseNet en 89 géneros o el 49% del modelo ViT al integrar variables geográficas y el manejo de datos altamente fragmentados, un desafío persistente en el análisis del viroma. Esta disparidad subraya que la robustez de la inteligencia artificial no depende únicamente del algoritmo, sino de la representatividad, el nivel de estructuración y la fiabilidad de la información diagnóstica suministrada al sistema.

La distribución de la literatura sintetizada en la **Tabla 7** evidencia una asimetría metodológica que define el estado de madurez actual en la intersección de la inteligencia artificial y la microbiología médica. El marcado predominio del aprendizaje automático clásico, con aproximadamente 16 estudios orientados mayoritariamente al análisis de hongos y bacterias, responde a la naturaleza estructurada de los datos ómicos tradicionales. Al utilizar marcadores moleculares consolidados como las regiones ITS y 16S, los investigadores disponen de matrices tabulares de abundancia relativa que se adaptan óptimamente a la arquitectura matemática de algoritmos como Random Forests o SVM. No obstante, como se observa en la tabla, el nivel de precisión de estos modelos clásicos es variable; esto se debe a que, a pesar de su alta capacidad clasificatoria, su éxito clínico real sigue condicionado a la mitigación del sesgo de sobreajuste mediante la incorporación de validaciones externas robustas y marcos de IA explicable (XAI), una tendencia transicional que empieza a ganar terreno para dotar de interpretabilidad médica a los algoritmos.

El patrón de aplicación de la IA está determinado por la complejidad genética del microorganismo. En contraste, para los virus, cuya alta tasa de mutación y fragmentación genera datos caóticos y sin marcadores universales, las herramientas más potentes son el aprendizaje profundo (Deep Learning) y los Transformers. Estas redes neuronales avanzadas permiten "leer" secuencias nucleotídicas crudas directamente como si fueran texto, identificando patrones moleculares ocultos y prediciendo la patogenicidad de virus nuevos. Así, el campo transiciona de modelos estadísticos clasificatorios para organismos celulares a modelos generativos y de reconocimiento profundo para entidades virales.

Que estos estudios muestren actualmente una precisión baja o experimental no denota una ineficacia de la tecnología, sino el desafío que representa el ruido biológico del hospedero y la escasez de bases de datos curadas para el entrenamiento celular. En consecuencia, la **Tabla 7** describe un patrón de evolución claro: el campo ha logrado estandarizar el análisis asociativo de comunidades microbianas estables (hongos/bacterias) mediante IA convencional, mientras que el análisis generativo y profundo del viroma se consolida como la próxima frontera científica y metodológica de la disciplina.

Las perspectivas futuras de implementar inteligencia artificial en el diagnóstico microbiológico son bastante prometedoras, puesto que se desarrollarán instrumentos diagnósticos más exactos, rápidos y accesibles al combinar modelos de aprendizaje profundo, big data y sistemas automáticos. Adicionalmente, la fusión de la IA con campos como la metagenómica, proteómica y genómica podría facilitar el monitoreo epidemiológico en tiempo real y el temprano reconocimiento de nuevos patógenos; no obstante, es importante considerar los retos de estandarización de datos, validación clínica y ética, para asegurar la fiabilidad y seguridad de estas tecnologías en contextos reales.

El campo se encuentra predominantemente en una fase de «prueba de concepto». Si bien existen avances significativos, la implementación real en el flujo asistencial rutinario representa la brecha pendiente más crítica. La mayoría de las publicaciones reportan modelos desarrollados en entornos académicos o de laboratorio, con validaciones clínicas incipientes. A este desafío se suma el sesgo geográfico: existe una clara predominancia de estudios en regiones con alta infraestructura tecnológica (Asia, Norteamérica, Europa) y una preocupante escasez de datos provenientes del África subsahariana o zonas de alta carga infecciosa.

Esta falta de democratización en la generación de bases de datos públicas, sumada a la opacidad de los modelos tipo "caja negra", impide la generalizabilidad global. El desarrollo de una IA realmente transformadora requiere transitar hacia modelos de IA explicable (XAI) y estudios multicéntricos que garanticen que la herramienta sea sensible y específica no solo en el laboratorio, sino en los contextos de alta carga de morbilidad donde más se necesita.

Tabla 8. Desempeño de técnicas y modelos de Inteligencia Artificial aplicados por grupo de microorganismos.

<i>Grupo</i>	<i>Rango de desempeño reportado</i>	<i>Ejemplos</i>
<i>Bacterias</i>	Sensibilidad 90.7-95.5 %; Precisión 91 %	PhenoMatrix, MetaSystems, GBM.
<i>Hongos</i>	Precisión 49-100 % (muy heterogéneo).	ResNet-18 99.35 %; Raman 100 %; DenseNet 65 %; ViT+geo 49 %.
<i>Parásitos</i>	Sensibilidad 25.2-100 %	Parasite ID 25.2 %; ParasitAI 72-82 %; miLab MAL 100 %.
<i>Virus</i>	Exactitud >95 %	JRSeek

Nota. Fuente: Autores.

La evidencia reciente muestra que la inteligencia artificial ha avanzado de manera diferencial según el grupo de microorganismos evaluado, con desempeños que abarcan desde niveles moderados hasta valores cercanos al 100% de precisión diagnóstica en contextos de prueba de concepto. Esta variabilidad se explica, en buena medida, por la heterogeneidad de las arquitecturas empleadas, la calidad y el tamaño de las bases de datos, así como por la complejidad de los escenarios de validación clínica. Tal como se sintetiza en la **Tabla 8**, los modelos entrenados con imágenes altamente controladas o con técnicas como la espectroscopía Raman tienden a alcanzar rendimientos casi perfectos, mientras que los enfoques que integran múltiples fuentes de información, por ejemplo, variables visuales, geográficas y ambientales, exhiben un desempeño más modesto, pero metodológicamente más exigente y cercano a la realidad asistencial.

En conjunto, estos resultados indican que el desarrollo del área no solo depende del aumento en la precisión de los modelos, sino también de su capacidad para responder a condiciones clínicas más heterogéneas y representativas.

Al analizar la madurez tecnológica de la evidencia compilada, es fundamental subrayar una distinción crítica: la mayoría de los estudios reportados se encuentran en una fase de prueba de concepto o desarrollo de modelo. Aunque las métricas de desempeño son elevadas, la implementación real en el flujo asistencial rutinario sigue siendo una brecha pendiente. Investigaciones como [25], [46] y [11] definen explícitamente sus hallazgos como pruebas de concepto, lo que indica que, si bien el potencial técnico es innegable, la traslación hacia entornos clínicos reales, donde las variables son menos controladas y los datos menos estructurados, representa el desafío mayor para el campo en los próximos años.

El avance y la consolidación de los hallazgos presentados dependen críticamente de una transición hacia la inteligencia artificial explicable, garantizando que los modelos predictivos dejen de ser "cajas negras" y ofrezcan una interpretabilidad biológica clara para los profesionales de la salud. Esta evolución tecnológica debe converger con el desarrollo de la metagenómica asistida por IA para procesar la complejidad de los datos ómicos, respaldada por la creación de bases de datos públicas estandarizadas que sigan los principios de interoperabilidad y reusabilidad global. A pesar del éxito de estas tecnologías, persisten desafíos metodológicos urgentes. Gurajala (2024) subraya la necesidad crítica de mitigar la opacidad de los modelos de aprendizaje profundo frecuentemente percibidos como 'cajas negras' mediante el desarrollo de una Inteligencia Artificial Explicable (XAI) que devuelva la transparencia y la confianza a los profesionales de la salud en la toma de decisiones clínicas [16].

Asimismo, la traslación clínica efectiva de estas herramientas exigirá la realización de estudios multicéntricos y rigurosas validaciones clínicas externas en cohortes geográficamente diversas para mitigar sesgos de sobreajuste, complementándose finalmente con estudios de costo-efectividad formales que demuestren la viabilidad económica y la sostenibilidad de su implementación en los sistemas de salud pública a nivel mundial.

La brecha entre el desempeño técnico medido en entornos académicos y la utilidad diagnóstica real en laboratorios de microbiología representa el principal reto de la próxima década, dado que, la evidencia analizada en la presente revisión revela que el campo de la inteligencia artificial aplicada a la microbiología clínica está, en su mayoría, en una fase de prueba de concepto o desarrollo de modelos experimentales. Es así que solo una minoría de los 45 estudios incluidos alcanza niveles de validación clínica retrospectiva bajo condiciones controladas, y ninguno reporta implementación efectiva en el flujo asistencial rutinario [11], [25], [46].

la integración de la IA con metagenómica, proteómica y genómica, señalada por múltiples estudios de síntesis [6], [12], [14], [48], permitirá en los próximos años desarrollar sistemas capaces de registrar en tiempo real el surgimiento de nuevos patógenos o predecir la evolución de variantes y apoyar el diseño de vacunas y antivirales de forma personalizada, funciones que trascienden el diagnóstico individual para alcanzar la vigilancia epidemiológica a escala poblacional. Esto dada la asimetría metodológica observada en el corpus analizado, donde hongos y bacterias concentran el 73% de los estudios frente al 4% dedicado

a los virus, no refleja una menor relevancia clínica de la virología, sino las limitaciones técnicas que la alta tasa de mutación viral, la fragmentación genómica y la ausencia de marcadores universales imponen sobre los métodos de aprendizaje automático convencional. Sin embargo, la evidencia reciente sugiere que esta frontera está comenzando a ceder. El modelo JRSeek [47], desarrollado en 2025 mediante modelos de lenguaje de gran escala (LLM) como BERT, T5 y XLNet, demostró que los Transformers pueden leer secuencias nucleotídicas crudas como si fueran texto, identificando patrones estructurales en virus no clasificados con más del 95% de exactitud, y sus predicciones fueron confirmadas mediante AlphaFold3.

4. Conclusiones

Del total de 45 estudios analizados, la inmensa mayoría corresponde a pruebas de concepto o desarrollos de modelos experimentales. Solo una minoría alcanza fases de validación clínica retrospectiva bajo condiciones controladas, y no se identificaron casos de implementación real en el flujo asistencial rutinario. Por tanto, aunque la evidencia científica disponible respalda el potencial diagnóstico de la inteligencia artificial, el campo se encuentra aún lejos de una adopción clínica generalizada, evidenciando una brecha crítica entre la experimentación y la práctica médica diaria.

La elección técnica está intrínsecamente ligada a la naturaleza de los microorganismos analizados: mientras que las redes neuronales convolucionales (CNN) dominan el análisis de imagen en bacterias y hongos debido a la estabilidad de sus estructuras morfológicas, el aprendizaje automático clásico (Random Forest, SVM) es la herramienta predominante para datos ómicos y de resistencia antimicrobiana. Esta segmentación metodológica explica por qué hongos y bacterias concentran la mayor parte de la literatura, mientras que el análisis del viroma, dada su complejidad genómica y falta de marcadores universales, permanece como una frontera experimental con menor representación y mayor dependencia de modelos de aprendizaje profundo y generativo.

El desempeño reportado de estas tecnologías es altamente heterogéneo, con exactitudes que oscilan entre el 25% y el 100%. Esta disparidad no debe interpretarse como una inconsistencia algorítmica, sino como una consecuencia de la variabilidad en la calidad de los datos de entrenamiento, la falta de estandarización técnica y un marcado sesgo geográfico; la investigación está concentrada en regiones con alta infraestructura tecnológica, lo que compromete la generalizabilidad de los modelos en entornos con alta carga de morbilidad, donde su aplicación resulta más necesaria.

Declaración de Uso de Herramientas Digitales y de IA

Los autores utilizaron Grammarly® (Grammarly Inc., EE. UU.) exclusivamente para la edición gramatical y lingüística del manuscrito. Ninguna herramienta de IA generó contenido, análisis de datos o interpretación. Todas las salidas de Grammarly fueron revisadas por los autores, quienes asumen la responsabilidad total del contenido final.

Referencias bibliográficas

- [1] Howard A, Aston S, Gerada A, Reza N, Bincalar J, Mwandumba H, et al. Antimicrobial learning systems: an implementation blueprint for artificial intelligence to tackle antimicrobial resistance. *The Lancet Digital Health* [En línea]. 2024 Jan 1;6(1):e79–86. Disponible en: [https://www.thelancet.com/journals/landig/article/PIIS2589-7500\(23\)00221-2/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/landig/article/PIIS2589-7500(23)00221-2/fulltext)
- [2] José M, Luis M. Inteligencia Artificial en Ciencias de Laboratorio: Conceptos, aplicaciones y escenario actual de Costa Rica [En línea]. Ucr.ac.cr. 2025. Disponible en: <https://www.kerwa.ucr.ac.cr/items/d75d62c2-8158-4393-81c3-5eca4e0d3c14>
- [3] Hermann E, Puntoni S. Artificial intelligence and consumer behavior: From predictive to generative AI. *Journal of Business Research* [En línea]. 2024 Jul 1;180(0148-2963):114720. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0148296324002248>
- [4] Ricardo JE, Vázquez MYL, Palacios AJP, Ojeda YEA. Inteligencia artificial y propiedad intelectual. *Universidad y Sociedad* [En línea]. 2021 Dec 1;13(S3):362–8. Disponible en: <https://rus.ucf.edu.cu/index.php/rus/article/view/2490>
- [5] Nasser F. El papel de la Inteligencia Artificial en la Educación: Explorando sus Ventajas y Desafíos. *Tabanque Revista Pedagógica*. [En línea]. 2024. Dec 30;(36):7–18. Disponible en: <https://doi.org/10.24197/trp.36.2024.7-18>
- [6] Hu RS, Hesham AEL, Zou Q. Machine Learning and Its Applications for Protozoal Pathogens and Protozoal Infectious Diseases. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*. [En línea]. 2022 Apr 28;12. Disponible en: <https://doi.org/10.3389/fcimb.2022.882995>
- [7] Zhang X, Zhang D, Zhang X, Zhang X. Artificial intelligence applications in the diagnosis and treatment of bacterial infections. *Front Microbiol*. [En línea]. 2024;15:1449844. Disponible en : [10.3389/fmicb.2024.1449844](https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1449844)

- [8] Samayoa Herrera BE, Moller Sundfeldt A, Gil Carrera M, Alquijay Pacheco. M. Evaluación de una aplicación basada en inteligencia artificial para el diagnóstico de parásitos intestinales. *Ciencia, Tecnología y Salud* [En línea]. 2023 Dec 29 10(2):149–63. Disponible en: <https://doi.org/10.36829/63CTS.v10i2.1344>
- [9] Bilal H, Khan MN, Khan S, Shafiq M, Fang W, Khan RU, et al. The Role of Artificial Intelligence and Machine Learning in Predicting and Combating Antimicrobial Resistance. *Computational and Structural Biotechnology Journal* [En línea]. 2025 Jan 18;27. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2001037025000078>
- [10] González, A. Caro, M. Romero, I. Quintero, L. Mosquera, A. Vista de Inteligencia artificial en el diagnóstico histopatológico de microorganismos | *Revista Repertorio de Medicina y Cirugía*. Fucsalud.edu.co. [En línea]. 2020. Disponible en : <https://revistas.fucsalud.edu.co/index.php/repertorio/article/view/1585/2546>
- [11] Smith KP, Kirby JE. Image analysis and artificial intelligence in infectious disease diagnostics. *Clinical Microbiology and Infection*. [En línea]. 2020 Oct;26(10):1318–23. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2020.03.012>
- [12] Alsulimani A, Akhter N, Jameela F, Ashgar RI, Jawed A, Hassani MA, Dar SA. The Impact of Artificial Intelligence on Microbial Diagnosis. *Microorganisms*. . [En línea]. 2024 May 23;12(6):1051. Disponible en: [10.3390/microorganisms12061051](https://doi.org/10.3390/microorganisms12061051)
- [13] Angel M, Correa NB. Inteligencia Artificial Pasado, presente y futuro. *XIKUA Boletín Científico de la Escuela Superior de Tlahuelilpan*. . [En línea]. 2024. 5;12:81–8. Disponible en : <https://doi.org/10.29057/xikua.v12iEspecial.12747>
- [14] Mohseni P, Ghorbani A. Exploring the synergy of artificial intelligence in microbiology: Advancements, challenges, and future prospects. *Comput Struct Biotechnol J*. [En línea]. 2024; p. 100005. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.csbr.2024.100005>
- [15] Branda F, Scarpa F. Implications of Artificial Intelligence in Addressing Antimicrobial Resistance: Innovations, Global Challenges, and Healthcare's Future. *Antibiotics (Basel)*. [En línea]. 2024 May 29;13(6):502. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/antibiotics13060502>
- [16] Gurajala, S. (2024). Artificial intelligence (AI) and medical microbiology: A narrative review. *Indian Journal of Microbiology Research*, 11(3), 156-162. <https://doi.org/10.18231/j.ijmr.2024.029>
- [17] Zieliński B, Sroka-Oleksiak A, Rymarczyk D, Piekarczyk A, Brzychczy-Włoch M. Deep learning approach to describe and classify fungi microscopic images. Xie H, editor. *PLOS ONE*. [En línea]. 2020 Jun 30;15(6). Disponible en: [10.1371/journal.pone.0234806](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0234806)

- [18] Guthrie JD, Shankarnarayan SA, Charlebois DA. Peering Inside the Black Box: Explainable AI to Interpret Advanced Computer Vision Fungal Pathogen Prediction. bioRxiv. [En línea].2025 Jun 29. Disponible en: <https://doi.org/10.1101/2025.06.27.662051>
- [19] Baker J, Timm K, Faron M, Ledebner N, Culbreath K. Digital Image Analysis for the Detection of Group B Streptococcus from ChromID Strepto B Medium Using PhenoMatrix Algorithms. J Clin Microbiol. [En línea].2020;59:10.1128/jcm.01902-19. Disponible en:<https://doi.org/10.1128/jcm.01902-19>
- [20] Desruisseaux C, Broderick C, Lavergne V, Sy K, Garcia D, Barot G, Locher K, Porter C, Caza M, Charles MK. [En línea]. 2024. Retrospective validation of MetaSystems' deep-learning-based digital microscopy platform with assistance compared to manual fluorescence microscopy for detection of mycobacteria. J Clin Microbiol 62:e01069-23.Disponible en :<https://doi.org/10.1128/jcm.01069-23>
- [21] Silva Chaves AN da. Algoritmo de Inteligência Artificial para Detecção Precoce de Patógenos em Amostras Clínicas. SaudColetiv (Barueri) [En línea]. 21º de março de 2025.15(94):15283-94. Disponible en: <https://www.revistasaucoletiva.com.br/index.php/saucoletiva/article/view/3387>
- [22] Jeckel H, Drescher K. Advances and opportunities in image analysis of bacterial cells and communities. FEMS microbiology reviews. [En línea]. 2021 Aug 17 ;45(4): fuaa062.Disponible en:<https://doi.org/10.1093/femsre/fuaa062>
- [23] Tochigi N, Sadamoto S, Oura S, Kurose Y, Miyazaki Y, Shibuya K. Artificial Intelligence in the Diagnosis of Invasive Mold Infection: Development of an Automated Histologic Identification System to Distinguish Between Aspergillus and Mucorales. Med Mycol J. [En línea]. 2022;63(4):91–97. Disponible en: <https://doi.org/10.3314/mmj.22-00013>
- [24] Billones RKC, Calilung EJ, Dadios EP, Santiago N. Aspergillus Species Fungi Identification Using Microscopic Scale Images. [En línea].2020 IEEE 12th International Conference on Humanoid, Nanotechnology, Information Technology, Communication and Control, Environment, and Management (HNICEM).Disponible en:[10.1109/HNICEM51456.2020.9400039](https://doi.org/10.1109/HNICEM51456.2020.9400039)
- [25] Chi-Ching Tsang, Chenyang Zhao, Yueh Liu, Ken P. K. Lin, James Y. M. Tang, Kar-On Cheng, Franklin W. N. Chow, Weiming Yao, Ka-Fai Chan, Sharon N. L. Poon, Kelly Y. C. Wong, Lianyi Zhou, Oscar T. N. Mak, Jeremy C. Y. Lee, Suhui Zhao, Antonio H. Y. Ngan, Alan K. L. Wu, Kitty S. C. Fung, Tak-Lun Que, Jade L. L. Teng, Dirk Schnieders, Siu-Ming Yiu, Susanna K. P. Lau & Patrick C. Y. Woo . [En línea]. 2025. Automatic identification of clinically important Aspergillus species by artificial intelligence-based image recognition: proof-of-concept study, Emerging Microbes & Infections, 14:1, 2434573, Disponible en: <https://doi.org/10.1080/22221751.2024.2434573>

- [26] Marjan Mansourvar, Charylo KR, Normand J, Brewer SS, Hoof JB. Automated Fungal Identification with Deep Learning on Time-Lapse Images. Information. [En línea]. 2025 Feb 5;16(2):109–9. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/info16020109>
- [27] Fook KD, Borges KRA, Andrade MS de, Abreu JPP, Rosa LP, Vieira C de C, Cordeiro CB, Alves R de NS, Oliveira MFL de, Freitas AS, Silva MACN da, Nascimento M do DSB. Use of artificial intelligence for the detection of infections caused by Candida spp.: a systematic review. OLEL. [En línea]. 13^o de junho de 2024;22(6):e5215. Disponible en: <https://ojs.observatoriolatinoamericano.com/ojs/index.php/olel/article/view/5215>
- [28] Jansen P, Creosteanu A, Matyas V, Dilling A, Pina A, Saggini A, et al. Deep Learning Assisted Diagnosis of Onychomycosis on Whole-Slide Images. Journal of Fungi. [En línea]. 2022 Aug 28;8(9):912–2. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/jof8090912>
- [29] Koo T, Kim MH, Jue MS. Automated detection of superficial fungal infections from microscopic images through a regional convolutional neural network. PLoS One. [En línea]. 2021 Aug 17;16(8):e0256290. Doi: [10.1371/journal.pone.0256290](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0256290)
- [30] Picek L, Šulc M, Matas J, Heilmann-Clausen J, Jeppesen TS, Lind E. Automatic Fungi Recognition: Deep Learning Meets Mycology. Sensors. [En línea]. 2022 Jan 14;22(2):633. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/s22020633>
- [31] Karthik Desingu, Bhaskar A, Palaniappan M, Eeswara Anvesh Chodisetty, Haricharan Bharathi. Classification of Fungi Species: A Deep Learning Based Image Feature Extraction and Gradient Boosting Ensemble Approach. The Information Retrieval Anthology. [En línea]. 2022. Disponible en: [conf/clef/DesinguBPCB22](https://arxiv.org/abs/2205.12345)
- [32] Mansourvars M, Funk J, Petersen SD, Tavakoli S, Hoof JB, Corcoles DL, et al. Automatic classification of fungal-fungal interactions using deep learning models. Computational and Structural Biotechnology Journal. [En línea]. 2024 Nov 14;23:4222–31. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.csbj.2024.11.027>
- [33] Rahman MA, Clinch M, Reynolds J, Dangott B, Meza Villegas D, Nassar A, Hata DJ, Akkus Z. Classification of fungal genera from microscopic images using artificial intelligence. J Pathol Inform. [En línea]. 2023;14:100314. Disponible en: [http://dx.doi.org/10.1016/j.jpi.2023.100314](https://doi.org/10.1016/j.jpi.2023.100314)
- [34] Xu J, Luo Y, Wang J, Tu W, Yi X, Xu X, Song Y, Tang Y, Hua X, Yu Y, Yin H, Yang Q and Huang WE. [En línea]. 2023. Artificial intelligence-aided rapid and accurate identification of clinical fungal infections by single-cell Raman spectroscopy. Front. Microbiol. 14:1125676. Disponible en: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1125676>

- [35] Kim J, Boo J, Park CO. Artificial Intelligence Applications in Medical Mycology: Current and Future. *J Mycol Infect*. [En línea]. 2024;29(3):85-91. Doi:[10.17966/JMI.2024.29.3.85](https://doi.org/10.17966/JMI.2024.29.3.85)
- [36] Zhang T, Chang H, Zhang B, Liu S, Zhao T, Zhao E, et al. Transboundary Pathogenic microRNA Analysis Framework for Crop Fungi Driven by Biological Big Data and Artificial Intelligence Model. *Computational Biology and Chemistry*. [En línea]. 2020. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.compbiolchem.2020.107401>
- [37] Wainaina S, Taherzadeh MJ. Automation and artificial intelligence in filamentous fungi-based bioprocesses: A review. *Bioresour Technol*. [En línea]. 2023;369:128421. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2022.128421>
- [38] Mateo F, Mateo EM, Tarazona A, María Ángeles García-Esparza, Soria JM, Misericordia Jiménez. New Strategies and Artificial Intelligence Methods for the Mitigation of Toxigenic Fungi and Mycotoxins in Foods. *Toxins*. [En línea]. 2025 May 7;17(5):231–. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/toxins17050231>
- [39] Nagendra S, Hayes R, Bae D, Dodge K. [En línea]. 2025. Diagnosis of Plasmodium infections using artificial intelligence techniques versus standard microscopy in a reference laboratory. *J Clin Microbiol* 63:e00775-24. Disponible en: <https://doi.org/10.1128/jcm.00775-24>
- [40] Ribeiro MAM, Negreiros CB, Mota MS, Codo LVM, Manzi PS, Cunha TL, de Moura RS, Arruda JT. Uso de Inteligencia Artificial para facilitar la diferenciación de especies de Plasmodium en frotis sanguíneos. *SHS*. [En línea]. 10 de octubre de 2023 ;4(3):919-33. Disponible en: <https://ojs.studiespublicacoes.com.br/ojs/index.php/shs/article/view/1428>
- [41] Delgado-Ortet M, Molina A, Alferez S, Rodellar J, Merino A. A Deep Learning Approach for Segmentation of Red Blood Cell Images and Malaria Detection. *Entropy*. [En línea]. 2020 Jun 13;22(6):657. Disponible en: [10.3390/e22060657](https://doi.org/10.3390/e22060657)
- [42] Leon Motoche D del C, Zapata Saavedra ML, Aguilar Gálvez Z FL, Perez Hernandez DV. Detección de Babesia sp. en Frotis Sanguíneo a través del Uso de la Inteligencia Artificial. *Ciencia Latina* [En línea]. 18 de julio de 2024;8(2):8669-86. Disponible en: <https://ciencialatina.org/index.php/cienciala/article/view/12045>
- [43] Contreras-Ramirez M, Ovalle-Bracho C, Sora-Cardenas J, Colorado-Salamanca C, Suárez-Venegas D. Caracterización del parásito Leishmania spp. utilizando procesamiento de imágenes como apoyo al diagnóstico por microscopía. *Actualidades Biológicas, suppl. Suplemento 1* [En línea]. 2024;46:139. Disponible en: <https://www.proquest.com/docview/3197808064?pq-origsite=gscholar&fromopenview=true&sourcetype=Scholarly%20Journals>

- [44] Dias V, Sátiro C, Borges A, Dias K, Araújo R, Souza L, Gonçalves C, Pacheco A, Silva RV. Aprendizaje automático en el diagnóstico parasitológico directo de la leishmaniasis visceral: una revisión. En: Actas del XXV Simposio Brasileño de Computación Aplicada en Salud. Porto Alegre: SBC; [En línea]. 2025. p. 641-652. Disponible en: <https://doi.org/10.5753/sbcas.2025.7695>
- [45] Ottobelli Chielle E. Desenvolvimento de sistema estruturado com inteligência artificial para apoio no diagnóstico de parasitoses intestinais. Clin Biomed Res. 11º de março de 2021, [En línea]. 40(3). Disponible en: <https://seer.ufrgs.br/index.php/hcpa/article/view/105362>
- [46] Fathi E. Artificial Intelligence in Diagnostic Medical Parasitology: The State of the Art. مجلة سوهاج الباحثين [En línea]. 2024 Sep 11;0(0):1–11. Disponible en: <http://doi.10.21608/SJYR.2024.291657.1436>
- [47] Sánchez JE, Guo W, Li C, Li L, Xiao C. JRSeek: Artificial intelligence meets jelly roll fold classification in viruses. bioRxiv [En línea]. 2025.01.27.635132; Disponible en: <https://doi.org/10.1101/2025.01.27.635132>
- [48] Padhi, A., Agarwal, A., Saxena, S.K. et al. Transforming clinical virology with AI, machine learning and deep learning: a comprehensive review and outlook. VirusDis. 34, 345–355 [En línea]. 2023. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s13337-023-00841-y>
- [49] Kristensen K, Ward LM, Mogensen ML, Cichosz SL. Using image processing and automated classification models to classify microscopic gram stain images. Comput Methods Programs Biomed Update. [En línea]. 2023;3(100091):100091. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/j.cmpbup.2022.100091>
- [50] Sun T, Niu X, He Q, Chen F and Qi R-Q. [En línea]. 2023) Artificial Intelligence in microbiomes analysis: A review of applications in dermatology. Front. Microbiol. 14:1112010. Disponible en: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1112010>