



UNIVERSIDAD PERUANA
CAYETANO HEREDIA

Facultad de
MEDICINA

EVALUACIÓN DE LA CONCORDANCIA ENTRE MICROSCOPIA DIGITAL
Y MICROSCOPIA ÓPTICA EN ASPIRADOS DE MÉDULA ÓSEA EN
PACIENTES HEMATO-ONCOLÓGICOS: UNA REVISIÓN DE ALCANCE

EVALUATION OF CONCORDANCE BETWEEN DIGITAL MICROSCOPY
AND OPTICAL MICROSCOPY IN BONE MARROW SMEARS OF
HEMATO-ONCOLOGICAL PATIENTS: A SCOPING REVIEW

TESIS PARA OPTAR POR EL TÍTULO PROFESIONAL DE LICENCIADO
EN TECNOLOGÍA MÉDICA EN LA ESPECIALIDAD DE LABORATORIO
CLÍNICO Y ANATOMÍA PATOLÓGICA

AUTORES

HAROL DIEGO ALCANTARA POLO
MAURICIO JOAQUIN CHICMANA TUKASAKI
ELDER ZANABRIA AMPUERO

ASESOR

FROILAN OCTAVIO LUCANA AMANCAY

CO-ASESORA

LUPE YSABEL VIDAL VALENZUELA

LIMA - PERÚ

2025

JURADO

Presidente: DRA. CLEOFE DEL PILAR YOVERA ANCAJIMA
Vocal: MG. BELINDA MORAYMA ARIAS GUZMAN
Secretario: MG. BILLY JOEL SANCHEZ JACINTO

Fecha de sustentación: 25 de julio del 2025

Calificación: Aprobado

ASESORES DE TESIS

ASESOR

LICENCIADO EN TECNOLOGÍA MÉDICA Y ANATOMÍA PATOLÓGICA

FROILAN OCTAVIO LUCANA AMACAY

ORCID:0009-0005-7412-5564

CO-ASESOR

MAESTRA EN EPIDEMIOLOGÍA CLÍNICA

LUPE YSABEL VIDAL VALENZUELA

ORCID: 0000-0002-6624-314X

DEDICATORIA

Este logro no hubiera sido posible sin la fe en Dios, la fortaleza de mi madre Marcela, el coraje de Alberto, el apoyo constante de familiares, la valiosa experiencia transmitida por mis docentes y la compañía de amistades que se forjaron en este camino universitario. A todos ellos va dedicado el presente trabajo.

Harol Alcantara Polo

Dedicado a mi papá, mamá, hermana y abuelos por el apoyo brindado en este camino. También al Club Alianza Lima por alegrarme las tardes cuando sentía que ya no podía seguir.

Mauricio Chicmana Tukasaki

A mis padres y hermanos, por su apoyo constante y por enseñarme con su ejemplo el valor del esfuerzo y la perseverancia. A mis profesores y asesores, por compartir su conocimiento y su guía, inspirándome a crecer como profesional y como persona.

Elder Zanabria Ampuero

AGRADECIMIENTOS

Nuestro agradecimiento a la Universidad Peruana Cayetano Heredia y a las instituciones hospitalarias, cuyos docentes y personal de salud nos permitieron formarnos como Tecnólogos Médicos en Laboratorio Clínico y Anatomía Patológica. Quisiéramos agradecer también a la Dra. Lupe Vidal y al Lic. Octavio Lucana por su dedicada labor, paciencia y compromiso, lo que ha permitido concluir con éxito el presente trabajo de investigación.

FUENTES DE FINANCIAMIENTO

Autofinanciado

DECLARACIÓN DE CONFLICTO DE INTERÉS

Los autores declaran no tener conflicto de interés

RESULTADO DE INFORME DE SIMILITUD



UNIVERSIDAD PERUANA
CAYETANO HEREDIA | Facultad de
MEDICINA

EVALUACIÓN DE LA CONCORDANCIA ENTRE MICROSCOPIA DIGITAL
Y MICROSCOPIA ÓPTICA EN ASPIRADOS DE MÉDULA ÓSEA EN
PACIENTES HEMATO-ONCOLÓGICOS: UNA REVISIÓN DE ALCANCE

EVALUATION OF CONCORDANCE BETWEEN DIGITAL MICROSCOPY
AND OPTICAL MICROSCOPY IN BONE MARROW SMEARS OF
HEMATO-ONCOLOGICAL PATIENTS: A SCOPING REVIEW

TESIS PARA OPTAR POR EL TÍTULO PROFESIONAL DE LICENCIADO
EN TECNOLOGÍA MÉDICA EN LA ESPECIALIDAD DE LABORATORIO
CLÍNICO Y ANATOMÍA PATOLÓGICA

AUTORES

HAROL DIEGO ALCANTARA POLO
MAURICIO JOAQUIN CHICMANA TUKASAKI
ELDER ZANABRIA AMPUERO

ASESOR

FROILAN OCTAVIO LUCANA AMANCAY

CO-ASESORA

LUPE YSABEL VIDAL VALENZUELA

LIMA - PERÚ

2025



9% Similitud estándar

Fuentes

Mostrar las fuentes solapadas  



1

Internet

repositorio.upch.edu.pe

7 bloques de
texto

68 palabra
coincide



2

Internet

www.coursehero.com

6 bloques de
texto

55 palabra
coincide

TABLA DE CONTENIDOS

Resumen

Abstract

I.	Introducción	1
II.	Objetivos	4
III.	Materiales y métodos	5
IV.	Resultados	10
V.	Discusión.....	15
VI.	Conclusiones	20
VII.	Referencias bibliográficas	23
VIII.	Tablas y figuras	30

Anexos

RESUMEN

Introducción: El uso de inteligencia artificial (IA) en hematología ha ganado protagonismo gracias a su capacidad para automatizar procesos diagnósticos complejos como la evaluación morfológica de células hematopoyéticas. A pesar de estos avances, la microscopía óptica sigue siendo el estándar de oro para el análisis de aspirados de médula ósea, aunque presenta limitaciones como la variabilidad interobservador. En respuesta, la morfología digital asistida por IA surge como una alternativa prometedora. **Objetivo:** Mapear la evidencia científica disponible sobre la concordancia entre microscopía digital y óptica en aspirados de médula ósea en pacientes hemato-oncológicos, incluyendo el análisis por linajes celulares y los algoritmos utilizados. **Métodos:** Se realizó una revisión de alcance siguiendo la metodología del Instituto Joanna Briggs. Se buscaron estudios publicados desde 2010 en ocho bases de datos y literatura gris. Se aplicaron criterios de inclusión enfocados en estudios que compararan microscopía digital y óptica usando medidas de concordancia y correlación entre linajes y células de la médula ósea. **Resultados:** Se identificaron 33,606 registros, de los cuales 8 estudios cumplieron con los criterios de inclusión. Los estudios utilizaron diversos algoritmos como CNN, Mask R-CNN y YOLOv3, aplicados en plataformas como Morphog y BMSNet. La concordancia fue alta para linajes comunes (eritroide, granulocítico), pero baja en células raras (promonocitos, basófilos). Los coeficientes Kappa oscilaron entre 0.136 y 0.987. También se reportaron correlaciones fuertes ($r > 0.9$) y niveles de precisión superiores al 95% en linajes frecuentes. **Discusión:** Aunque los sistemas digitales muestran buen desempeño en linajes prevalentes, enfrentan limitaciones frente a clases poco representadas. La heterogeneidad metodológica y el desbalance de clases son desafíos recurrentes. Se recomienda mayor representación de células raras y validaciones multicéntricas. **Conclusión:** La morfología digital asistida por IA ofrece una alternativa válida a la microscopía óptica, con alto potencial diagnóstico si se optimiza su entrenamiento y validación clínica.

Palabras clave: Microscopía óptica, aprendizaje profundo, neoplasias hematológicas, células de la médula ósea.

ABSTRACT

Introduction: The use of artificial intelligence (AI) in hematology has gained prominence due to its ability to automate complex diagnostic processes such as the morphological evaluation of hematopoietic cells. Despite these advancements, optical microscopy remains the gold standard for bone marrow aspirate analysis, although it has limitations such as inter-observer variability. In response, AI-assisted digital morphology has emerged as a promising alternative. **Objective:** To map the available scientific evidence on the concordance between digital and optical microscopy in bone marrow aspirates from hemato-oncological patients, including lineage analysis and the algorithms used. **Methods:** A scoping review was conducted following the Joanna Briggs Institute methodology. Studies published since 2010 were searched in eight databases and grey literature. Inclusion criteria focused on studies comparing digital and optical microscopy using concordance and correlation measures between bone marrow lineages and cells. **Results:** A total of 33,606 records were identified, of which 8 studies met the inclusion criteria. The studies used various algorithms such as CNN, Mask R-CNN, and YOLOv3, applied in platforms like Morphogo and BMSNet. Concordance was high for common lineages (erythroid, granulocytic), but low for rare cells (promonocytes, basophils). Kappa coefficients ranged from 0.136 to 0.987. Strong correlations ($r > 0.9$) and precision levels above 95% were reported for frequent lineages. **Discussion:** Although digital systems perform well for prevalent lineages, they face limitations with underrepresented classes. Methodological heterogeneity and class imbalance are recurring challenges. Greater representation of rare cells and multi-center validations are recommended. **Conclusion:** AI-assisted digital morphology offers a valid alternative to optical microscopy, with high diagnostic potential if optimized through training and clinical validation.

Keywords: Optical microscopy, deep learning, hematological neoplasms, bone marrow

I. INTRODUCCIÓN

La inteligencia artificial (IA) engloba programas informáticos diseñados para simular la inteligencia humana mediante el uso de conjuntos de datos robustos, lo que incluye habilidades como la resolución de problemas y el aprendizaje (1). Desde sus inicios en la década de 1950, la IA se ha integrado progresivamente en el ámbito médico, donde facilita el análisis, almacenamiento y la recuperación de datos de los pacientes (2). En este contexto, la incorporación de herramientas avanzadas de IA, como el aprendizaje automático y los algoritmos de aprendizaje profundo, ha experimentado un notable avance. Desde 2017, la Administración de Alimentos y Medicamentos de los Estados Unidos (US-FDA) ha aprobado múltiples softwares médicos basados en IA, consolidando su papel en la práctica clínica (3). Estas tecnologías permiten procesar grandes volúmenes de información clínica, analizar historiales médicos, identificar patrones en imágenes diagnósticas y predecir riesgos basados en datos demográficos y clínicos, lo que optimiza tanto los diagnósticos como los tratamientos (4).

En el campo de la hematología, la IA se aplica desde 1994, particularmente en Europa, donde se implementaron sistemas para el análisis de hemogramas completos, inmunofenotipajes e informes de médula ósea en pacientes con leucemia (2,5). No obstante, a partir de 2010, el número de investigaciones enfocadas en el diagnóstico de la leucemia mediante algoritmos de aprendizaje automático ha crecido significativamente (3). Estas aplicaciones no solo reducen la carga de trabajo de los profesionales de la salud, sino que también mejoran la precisión y la rapidez en la toma de decisiones clínicas, transformando la atención médica hacia un modelo más eficiente y personalizado (5).

La inteligencia artificial y el aprendizaje automático o ML por sus siglas en inglés suelen usarse como sinónimos, pero tienen diferencias clave; la IA abarca la creación de máquinas inteligentes, mientras que el ML es un subconjunto que utiliza algoritmos para entrenar modelos basados en datos y experiencia. El aprendizaje profundo, inspirado en redes neuronales biológicas, es una rama de ML destacada en el manejo de grandes volúmenes de datos, especialmente no estructurados como imágenes. Aunque ML y el modelado estadístico están relacionados y buscan describir la realidad, el primero prioriza la precisión predictiva, mientras que el segundo se enfoca en comprender relaciones entre variables (6).

El aprendizaje automático, es un campo dentro de la inteligencia artificial que permite a las computadoras aprender y mejorar en la realización de tareas sin depender de reglas fijas o instrucciones predefinidas. A través de algoritmos especializados, estos sistemas procesan grandes volúmenes de datos, identificando patrones subyacentes y tendencias por sí mismos. Este enfoque permite que los modelos realicen tareas complejas, como la detección de anomalías, la clasificación de objetos o eventos, y el reconocimiento de patrones en una amplia variedad de áreas, desde la medicina hasta la industria y las finanzas (7).

El aprendizaje profundo, en particular las redes neuronales convolucionales, ha surgido como una herramienta destacada en la inteligencia artificial aplicada, encontrando una aplicación generalizada en los sistemas asistidos por computadora para imágenes médicas. Su utilización en la detección, clasificación y diagnóstico de células mieloides ha mostrado un progreso significativo al aplicar filtros para extraer características espaciales como bordes, texturas y formas de una manera eficiente. A diferencia de los métodos de clasificación de imágenes tradicionales,

el aprendizaje profundo obvia la necesidad de la extracción manual de características de las imágenes de células de la médula ósea. En cambio, extrae de forma autónoma características semánticas abstractas de alto nivel de las imágenes de entrada, mejorando así la eficiencia del aprendizaje y la extracción de características (6,8).

A pesar del potencial de las tecnologías automatizadas para optimizar el análisis morfológico celular, el examen manual de las células de la médula ósea continúa siendo el estándar de oro y una herramienta fundamental para la identificación, diagnóstico y evaluación de los trastornos hematológicos. Sin embargo, este enfoque manual presenta limitaciones y desafíos inherentes, ya que es un proceso laborioso que exige una capacitación constante del personal y está expuesto a una considerable variabilidad entre observadores (9–11). En respuesta, estudios recientes muestran que los algoritmos de aprendizaje profundo reducen la subjetividad en la interpretación morfológica, ofrecen mayor precisión diagnóstica y mejoran la eficiencia del proceso (12–14).

Asimismo, la digitalización de imágenes de células hematológicas en aspirados de médula ósea abre el campo a la telepatología pues, el escaneo del portaobjetos de vidrio completos permitiría la circulación rápida y dinámica de imágenes para una revisión remota por pares. De igual manera, facilita la educación en morfología a través de la creación de bases de datos con la capacidad de mover, ampliar y enfocar siendo de gran utilidad en programas de enseñanza y capacitación, control de calidad y pruebas de competencia (12–15).

Además, el almacenamiento de portaobjetos de vidrio convencionales presenta limitaciones de espacio, y el acceso a consultas secundarias mediante microscopía

manual es complejo. En los laboratorios de hematopatología, el archivo de estas láminas requiere un espacio físico adecuado que mantenga condiciones óptimas de temperatura y humedad para su conservación. En contraste, la morfología digital permite almacenar los datos en sistemas computarizados y crear una biblioteca virtual que facilita el soporte, la educación continua y la investigación (12).

Sin embargo, de acuerdo con la revisión de la bibliografía actual, se evidenció la falta de trabajos retrospectivos que sinteticen información comparativa entre la metodología gold estándar con las automatizadas a través de diversos estadísticos como la concordancia y/o correlación, lo cual es importante para evaluar la aplicabilidad de estas tecnologías emergente en entornos reales de laboratorios de hematología.

Por ello, esta revisión de alcance ofrece una visión actualizada sobre el desarrollo y el estado actual de la morfología digital en la identificación y clasificación de células de médula ósea. Es así que el presente trabajo de revisión responde a la pregunta ¿Cuál es el grado de concordancia entre los resultados obtenidos a través de morfología digital y microscopía óptica en la evaluación de células hematopoyéticas de aspirados de médula ósea en pacientes hemato-oncológicos?

II. OBJETIVOS

General

Mapear la evidencia científica sobre la concordancia y correlación entre la microscopía digital y la microscopía óptica en la evaluación celular de aspirados de médula ósea en pacientes hemato-oncológicos, considerando los linajes celulares y los instrumentos utilizados.

Específicos

1. Describir el grado de concordancia entre la microscopía digital y la microscopía óptica en la identificación de los diferentes linajes celulares de médula ósea en pacientes hemato-oncológicos.
2. Detallar el grado de correlación entre la microscopía digital y la microscopía óptica en la evaluación cuantitativa y cualitativa de aspirados de médula ósea.
3. Identificar los instrumentos y algoritmos utilizados en la automatización del análisis celular de médula ósea, destacando sus características técnicas y metodológicas.
4. Sintetizar las principales fortalezas, limitaciones y brechas en la evidencia científica sobre la comparación entre microscopía digital y óptica en este contexto.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

Diseño del estudio

Se siguió la metodología del instituto Joanna Briggs (JBI) para la realización de revisiones de alcance. En esta revisión de alcance se llevó a cabo una búsqueda exhaustiva de la literatura científica en bases de datos como PubMed, Cochrane Library, Embase, Scopus y Science Direct utilizando términos Mesh (Medical Subject Headings) y/o palabras claves. Asimismo, se buscó literatura gris en base de datos ALICIA y ProQuest.

Población: La población objetivo de esta investigación incluyó pacientes hemato-oncológicos con enfermedades malignas del sistema hematopoyético, como leucemias, linfomas, síndromes mielodisplásicos y trastornos mieloproliferativos. Para esta investigación, se utilizaron los resultados de las láminas obtenidas de los aspirados de médula ósea de estos pacientes, dado que representan de manera más

amplia la diversidad celular presente en este tipo de muestras en un contexto hospitalario.

Concepto: El concepto central de la investigación es la concordancia y/o correlación entre dos técnicas de evaluación celular; morfología digital y microscopía óptica tradicional, ambas utilizadas para analizar aspirados de médula ósea. La microscopía óptica es el método estándar, donde un patólogo revisa las células directamente al microscopio, mientras que la morfología digital implica el uso de sistemas automatizados y digitales que capturan imágenes de las células, las analizan y ofrecen una interpretación de la morfología celular.

Contexto: El contexto se centra en centros hospitalarios y/o de investigación, donde se apliquen técnicas de morfología digital para el análisis de aspirados de médula ósea, sin restricción geográfica. Estos centros cuentan con el equipamiento y la infraestructura necesaria para implementar tecnologías digitales, y representan entornos clínicos o académicos adecuados para evaluar la concordancia diagnóstica entre microscopía digital y óptica.

Criterios de inclusión

Se incluyeron estudios primarios que realizaron una evaluación exhaustiva de la morfología celular de la médula ósea en pacientes con diagnósticos hematológicos, en los que se analizaron la morfología celular en aspirados de médula ósea, con el fin de comparar la concordancia entre las técnicas de morfología digital y microscopía óptica. Estos estudios reportaron medidas de concordancia y/o correlación, como el índice kappa de Cohen, el coeficiente de correlación intraclase (ICC), o los coeficientes de correlación de Pearson o de Spearman, además de estadísticos de rendimiento.

Criterio de temporalidad: Se trabajó exclusivamente con artículos publicados posterior al 2010, cuando la inteligencia artificial (IA) comenzó a aplicarse de forma significativa en el campo de la microscopía, aprovechando algoritmos avanzados para optimizar la precisión y la capacidad de análisis en la evaluación morfológica (16). Desde el 2011, se integraron módulos de aprendizaje automático para la segmentación y clasificación celular a gran escala, como lo evidencian herramientas como CellProfiler (17). Posteriormente, en 2012, se desarrollaron sistemas como CellCognition, que permitieron el modelado no supervisado de dinámicas celulares en imágenes de time-lapse (18). En 2017, el uso de redes neuronales profundas revolucionó la microscopía al mejorar la resolución y el campo de visión sin necesidad de cambiar el hardware óptico, lo que facilitó su integración en entornos clínicos (19). Desde entonces, se ha observado una creciente consolidación de algoritmos de deep learning orientados a la segmentación, clasificación celular y fusión multimodal de datos, lo que ha sido ampliamente documentado en revisiones sistemáticas recientes (20).

Criterios de exclusión

Se excluyeron estudios de tipo editorial, cartas al editor, opiniones, estudios de caso únicos y resúmenes de congresos, ya que estos no aportan suficiente evidencia o detalles metodológicos. También se excluyeron estudios que evalúen la concordancia en biopsias de médula ósea y/o coágulos.

Procedimientos y técnicas

Esta revisión de alcance se llevó a cabo siguiendo el marco metodológico de Arksey y O'Malley, refinado por Levac et al. (21), y reportado según la guía PRISMA-ScR (Figura 1). Se realizó una búsqueda sistemática en bases de datos como PubMed,

Scopus, Web of Science y Embase, utilizando términos clave mostrados en el Anexo 1 y/o sus variantes Mesh..

El proceso de selección de estudios se desarrolló en tres fases consecutivas. Primero, se aplicaron filtros automatizados en los motores de búsqueda para excluir registros irrelevantes; luego, se realizó un tamizaje manual por título y resumen con base en los criterios definidos por la estrategia PCC (Población, Concepto y Contexto) (Anexo 1); y finalmente, se efectuó una revisión detallada del texto completo conforme a los criterios de inclusión y exclusión establecidos. Esta última etapa fue llevada a cabo por los tres investigadores de manera independiente, resolviéndose cualquier discrepancia por consenso. Los estudios seleccionados fueron organizados y categorizados de acuerdo con las dimensiones PCC, recopilando información clave como la población analizada, el enfoque metodológico y el contexto clínico. La extracción de datos se realizó utilizando una plantilla predefinida (Anexo 2) que permitió clasificar los hallazgos en categorías como linajes celulares evaluados, herramientas tecnológicas utilizadas y resultados asociados a concordancia, correlación y rendimiento diagnóstico. Posteriormente, la información fue sintetizada de manera descriptiva y presentada en tablas, complementadas por un diagrama PRISMA-ScR, lo cual facilitó la identificación de patrones comunes y variaciones significativas entre los estudios incluidos.

Aspectos éticos

Esta revisión de alcance se realizó exclusivamente con datos secundarios obtenidos de estudios publicados previamente y disponibles en las bases de datos mencionadas en la parte de métodos. No se recopilaron datos directamente de participantes humanos ni de animales, y no se utilizaron información identificable

de individuos o pacientes. Por tanto, este estudio no presentó riesgos directos para las personas ni implicó intervención alguna que pueda afectar su bienestar físico o psicológico.

Plan de análisis

El análisis de los datos se estructuró en torno a los objetivos específicos del estudio y se realizó de manera descriptiva y sistemática. En primer lugar, se diseñaron matrices de extracción de datos que permitieron organizar y categorizar la información relevante de los estudios incluidos, considerando variables como el diseño del estudio, la población analizada, el sistema de microscopía digital utilizado, los algoritmos de segmentación y clasificación empleados, así como los principales estadísticos de concordancia, correlación y rendimiento diagnóstico reportados.

Los datos extraídos fueron sintetizados mediante la construcción de tablas (tablas 1 a 5), las cuales facilitaron la agrupación de resultados según cinco ejes descriptivos: la caracterización general de los estudios seleccionados; las tecnologías, algoritmos y sistemas digitales utilizados; la concordancia entre microscopía digital y óptica por tipo; la correlación cuantitativa de conteos celulares entre ambos métodos; y finalmente, el rendimiento diagnóstico de los sistemas digitales.

La información fue analizada de forma narrativa, complementada con las medidas estadísticas más comúnmente utilizadas en estudios de validación diagnóstica, tales como el coeficiente Kappa, el coeficiente de correlación de Pearson o Spearman, el coeficiente de correlación intraclase (ICC), así como sensibilidad, especificidad, precisión y exactitud. Cuando fue posible, se identificaron patrones recurrentes, fortalezas metodológicas y limitaciones de los estudios. Las discrepancias

observadas se discutieron en función del linaje celular evaluado, el diseño del modelo de inteligencia artificial y el contexto clínico en el que fue aplicado.

IV. RESULTADOS

En la Figura 1 se presenta el proceso de selección de estudios mediante un diagrama de flujo PRISMA-ScR, que ilustra las distintas fases de identificación, cribado, elegibilidad e inclusión. En la etapa de identificación, se recuperaron 33,606 registros provenientes de ocho bases de datos: PubMed (1,919), Embase (476), Scopus (13), Science Direct (146), Cochrane Library (31), ProQuest (30,933), LILACS (88) y ALICIA (0). De estos, 21,090 registros fueron eliminados automáticamente por criterios de exclusión predefinidos en los buscadores, tales como tipo y año de publicación. Durante la fase de cribado, se evaluaron 12,516 registros, de los cuales 12,411 fueron descartados por no contener al menos un término representativo de cada componente de la estrategia PCC en el título (anexo 1). Esto dejó 105 publicaciones para recuperación, pero 82 fueron excluidas por no evaluar estadísticos de concordancia o correlación entre linajes y/o tipos celulares. En la fase de elegibilidad, se revisaron 23 artículos a texto completo, excluyéndose 11 por no cumplir con el criterio de evaluar dichos estadísticos específicamente en aspirados de médula ósea y 4 por ser duplicados. Finalmente, 8 estudios cumplieron con todos los criterios de inclusión y fueron incorporados en el análisis final de esta revisión de alcance.

Los 8 estudios incluidos para la presente revisión fueron publicados entre 2020 y 2025. Tres de ellos fueron realizados en China, uno en Estados Unidos, uno en Taiwán, uno en colaboración entre EE.UU. y Taiwán, uno en Canadá y uno en España. La tabla 1 presenta las características generales de estos estudios,

incluyendo el país, el diseño metodológico, las poblaciones evaluadas, el tamaño muestral y las variables demográficas de edad y sexo.

En cuanto al diseño, la mayoría de estudios correspondieron a estudio observacionales, retrospectivos de validación diagnóstica preliminar. Algunos emplearon enfoque transversal, mientras que otros aplicaron modelos de validación cruzada interna o cohortes divididas por fases de desarrollo, validación y/o competición.

Las poblaciones estudiadas abarcan pacientes hemato-oncológicos con diagnósticos como leucemia mieloide aguda (LMA), leucemia linfoblástica aguda (LLA), leucemia linfocítica crónica (LLC), leucemia mieloide crónica (LMC), síndromes mielodisplásicos (SMD), mieloma múltiple (MM), linfomas, así como otros trastornos hematológicos como anemias, trombocitopenias, enfermedades linfoproliferativas crónicas y casos sin alteraciones aparentes. El rango etario en los estudios fue amplio, desde pacientes pediátricos hasta adultos mayores, y en la mayoría de ellos se reportó una distribución relativamente equilibrada por sexo.

La tabla 2 presenta los instrumentos y algoritmos de inteligencia artificial empleados en el análisis automatizado de las células de la médula ósea en los estudios incluidos. Estos se clasifican según su función, abarcando tareas como la detección, segmentación, extracción de características y clasificación celular.

Los tres primeros artículos evaluaron Morphogo, un sistema cerrado patentado en China y aprobado por la FDA de los Estados Unidos. Entre sus principales características destacan la inclusión de algoritmos de preprocesamiento de imágenes, los cuales mejoran significativamente su nitidez, así como el agrupamiento por saturación y su red neuronal de 27 capas. Por otro lado, el modelo

HTC (Hybrid Task Cascade) se distingue de otros sistemas por combinar la segmentación celular semántica y por instancias, lo que incrementa la precisión en imágenes con alta densidad celular y variabilidad morfológica (22).

Se evaluaron también dos sistemas basados en redes neuronales residuales, como ResNet50V2 y SE-ResNet Xt50, en los cuales cada capa se suma a la salida de la capa anterior, lo que previene el desvanecimiento de la gradiente. El modelo SE-ResNet Xt50 añade dos módulos SE (Squeeze-and-Excitation), los cuales comprimen y reajustan las características celulares para enfatizar las más relevantes. En contraste, se analizó un sistema basado en redes neuronales densas como DenseNet121, en el que cada capa recibe entradas de todas las capas anteriores del bloque, lo que permite una extracción de características con una alta precisión.(23,24)

El estudio presentado por Bermejo-Pelaez et al., que evaluó la integración del Single-Shot Detection, Mobile Net v2 y una red neuronal convolucional entrenada con Xception, resalta la posibilidad de ensamblar teléfonos inteligentes al microscopio óptico para la digitalización de imágenes. Finalmente, los algoritmos como YOLO, Efficient Net y BMS Net sintetizan las características celulares previamente extraídas y realizan la clasificación celular.

En lo que respecta a la concordancia entre la microscopía digital y la microscopía óptica en el análisis de aspirados de médula ósea, esta fue evaluada por varios estudios mediante diferentes enfoques estadísticos como el Kappa de Cohen, ICC (índice de correlación intraclase) y CCC (coeficiente de correlación de concordancia).

En la tabla 3A se presentan los valores del coeficiente Kappa de Cohen para la comparación global de conteos celulares, reportados por tres estudios. Los valores oscilaron entre 0.631 y 0.647 (25), 0.97 a 0.98 (10), y 0.856 a 0.889 (26). Por su parte, la tabla 3B presenta un análisis detallado por tipo celular, con los resultados específicos de dos estudios que evaluaron la concordancia utilizando el Kappa de Cohen y el CCC para diferentes tipos celulares de la médula ósea. Cabe destacar que en células de baja frecuencia como promielocitos y promonocitos, se evidenciaron concordancias moderadas y extremadamente débiles, con índices Kappa de 0.461 y 0.136, respectivamente; a diferencia de niveles de concordancia fuerte y muy fuerte en linajes celulares frecuentes como granulocítico y eritroide (27,28).

Por otro lado, la tabla 3C presenta una comparación más general por linaje celular utilizando el ICC. Dos estudios reportaron ICC elevados para los linajes eritroide y granulocítico ($ICC > 0.98$ y > 0.85 , respectivamente), mientras que los linajes monocitoide y plasmocítico mostraron menor consistencia interobservador ($ICC < 0.50$ en algunos casos) (27,29)

La correlación cuantitativa entre la microscopía digital y la microscopía óptica fue abordada en varios estudios mediante el uso de coeficientes de correlación (Pearson o Spearman). La tabla 4A muestra los valores reportados por un estudio, donde se calculó el coeficiente de correlación de Pearson para cinco linajes celulares. Se observó una correlación fuerte ($r \geq 0.762$) para granulocitos, eritrocitos y linfocitos, mientras que para monocitos y células plasmáticas los valores fueron inferiores a 0.459, indicando una correlación débil. Para mieloblastos, la correlación no fue estadísticamente significativa ($p > 0.05$) (30).

La tabla 4B amplía esta evaluación incorporando los resultados de varios estudios, quienes evaluaron la correlación por tipo celular individual. En general, se reportaron coeficientes de correlación muy fuertes ($r > 0.90$) para eritroblastos, neutrófilos segmentados, eosinófilos, células plasmáticas y otras células frecuentes. En contraste, se observó correlación baja o moderada en tipos celulares más difíciles de clasificar como promonocitos, basófilos y linfoblastos (27,28,31).

Además, se destacó el uso del coeficiente de correlación de Spearman (ρ) en el estudio (31), el cual mostró valores altos ($\rho > 0.80$) en la mayoría de los linajes evaluados. Estos resultados sugieren que los sistemas digitales evaluados no solo identifican correctamente las categorías celulares, sino que también reproducen en forma cuantitativa los conteos realizados por observadores humanos.

De forma adicional, algunos estudios evaluaron el rendimiento diagnóstico de sus sistemas mediante métricas clásicas como precisión, sensibilidad y exactitud, lo cual, si bien no forma parte de los objetivos principales de esta revisión de alcance, aporta información útil sobre la aplicabilidad clínica de estas herramientas. En la tabla 4C, se reportaron altos niveles de exactitud diagnóstica, con valores superiores al 95% en la mayoría de los linajes celulares, especialmente en neutrófilos segmentados, eosinófilos y células plasmáticas. La especificidad también fue consistentemente elevada, mientras que la sensibilidad mostró una mayor variabilidad, con valores más bajos en células como promielocitos, mieloblastos y basófilos (27,29,30).

Asimismo, en la tabla 4D complementa esta información con resultados que incluyen métricas como precisión por clase y sensibilidad. Estos estudios confirmaron un rendimiento sólido en linajes de alta frecuencia diagnóstica,

mientras que en tipos celulares menos comunes (como histiocitos, promonocitos y megacariocitos) se observaron limitaciones tanto en la detección como en la clasificación automática (10,25,31).

V. DISCUSIÓN

Esta revisión de alcance ha recopilado y mapeado la evidencia disponible sobre la concordancia entre microscopía digital y óptica en el análisis de aspirados de médula ósea en pacientes hemato-oncológicos. Si bien el objetivo principal fue describir la concordancia entre ambas modalidades, los estudios incluidos también ofrecieron datos sobre correlación cuantitativa, desempeño diagnóstico y tecnologías aplicadas, permitiendo una visión integral del estado actual en esta área emergente de la hematopatología digital.

En los linajes celulares más frecuentes, como el eritroide y granulocítico, los estudios revisados reportaron altos niveles de concordancia, correlación y rendimiento diagnóstico, con coeficientes Kappa e ICC elevados, correlaciones de pearson y spearman fuertes y precisiones superiores al 95% respectivamente. Sin embargo, este desempeño no se replicó en células proporcionalmente menos representadas. Por ejemplo, los índices de Pearson y de Spearman reportaron correlaciones muy débiles para promonocitos y basófilos e histiocitos.

Una de las causas principales de esta discrepancia es el desbalance de clases, lo cual ocurre cuando ciertas clases celulares, como neutrófilos o eritroblastos, están sobrerrepresentadas en los datos de entrenamiento. En contraste, otras como promielocitos, basófilos o promonocitos son menos frecuentes y, por tanto, más difíciles de identificar para el modelo. Esta distribución desigual reduce la capacidad del modelo para identificar correctamente tipos celulares raros pero

clínicamente significativos (32). Por ejemplo, como se observa en la tabla 4A, los monocitos y células plasmáticas mostraron coeficientes de correlación bajos (< 0.459), en contraste con los valores elevados observados en los linajes granulocítico, eritroide y linfoide.

Con relación a ello, diversos autores han propuesto estrategias para mitigar los efectos del desbalance de clases en modelos de clasificación celular automatizada. Se han sugerido estrategias como la ponderación por clase, que otorga mayor peso a las categorías menos representadas durante el entrenamiento, y el uso de atención jerárquica, que mejora la precisión al identificar primero el linaje general antes de clasificar el subtipo celular. También recomiendan el aumento de datos sintéticos, es decir, generar nuevas variantes artificiales de imágenes minoritarias para equilibrar la distribución (33). Asimismo, se ha propuesto el uso de transformaciones simples, como rotación, escalado y ajuste de color, para incrementar la diversidad sin necesidad de ampliar el número real de muestras (34). En conjunto, estas técnicas son clave para mejorar la detección automatizada de células infrecuentes, pero clínicamente relevantes, como promonocitos, blastos, linfocitos anómalos o megacariocitos.

Por otro lado, se evidenció una variabilidad en los resultados estadísticos en los diferentes artículos. Esto se sostiene principalmente en la diversidad de modelos de algoritmos usados en cada uno de ellos, tales como redes neuronales convolucionales residuales y densas, algoritmos de segmentación celular, entre otros. Por ejemplo, el modelo que evaluó DenseNet 121 (redes densas) sostuvo un Kappa de Cohen general oscilante entre 0.97 y 0.98; mientras que, aquel que utilizó SE-ResNet (redes residuales) informó un valor de concordancia entre 0.631 y 0.647.

Además, los hallazgos de esta revisión refuerzan la necesidad de incluir en los conjuntos de entrenamiento aspirados de médula ósea en los que predominan los tipos de células poco frecuentes, a fin de mejorar el rendimiento diagnóstico de los modelos y reducir los sesgos algorítmicos en contextos clínicos complejos. Por ejemplo, estudios recientes han desarrollado modelos específicos para leucemia promielocítica aguda (LPA) (35–38), reportando sensibilidad, especificidad y exactitud promedio de 95.6 %, 93.5 % y 93 %, respectivamente (39). Estos resultados evidencian que es posible desarrollar herramientas de inteligencia artificial altamente precisas para entidades hematológicas específicas, siempre que se cuente con una base de datos representativa y bien estructurada para el entrenamiento.

Se ha demostrado el valor del enfoque colaborativo entre inteligencia artificial y observadores humanos (26). En uno de los estudios, se evaluó la concordancia entre cuatro especialistas y un sistema automatizado, obteniendo coeficientes Kappa de 0.895 y 0.871, que indican un alto grado de acuerdo. Además, se comparó el grado de concordancia interobservador en dos escenarios: análisis ciego tradicional versus análisis asistido por IA. Los resultados mostraron un aumento del índice Kappa promedio de 0.88 (sin IA) a 0.93 (con IA), lo que evidencia que la precalificación realizada por el algoritmo, seguida de la validación por el especialista, mejora la reproducibilidad diagnóstica y reduce la variabilidad interobservador. Este enfoque sugiere que los sistemas automatizados, más que sustituir la interpretación clínica, pueden funcionar como herramientas complementarias para una evaluación más sistemática y consistente.

Por lo expuesto previamente, los sistemas de inteligencia artificial aplicados al análisis de aspirados de médula ósea representan una alternativa prometedora para su implementación en laboratorios de referencia, especialmente en instituciones con alto volumen de procesamiento de muestras, como el Instituto Nacional de Enfermedades Neoplásicas (INEN) en nuestro país. No obstante, es importante considerar que el costo de estas tecnologías puede limitar su adopción en todos los centros hospitalarios. A pesar de ello, las ventajas que ofrecen en términos de precisión diagnóstica y eficiencia en la evaluación celular de enfermedades hematológicas respaldan su aplicación en entornos especializados donde su impacto clínico puede ser significativo. Sin embargo, al analizar la evidencia recopilada en este scoping review, se identificaron algunas limitaciones. Una de las principales es la complejidad morfológica de los aspirados de médula ósea, que presenta desafíos significativos en la localización e identificación celular. Esta complejidad, a diferencia del frotis de sangre periférica, implica evaluar elementos como la presencia de espículas, la relación mieloide:eritroide, la celularidad según edad y la identificación de megacariocitos de acuerdo a las recomendaciones de la ICSH (40). Además, la heterogeneidad metodológica entre los estudios incluidos dificulta la comparación directa de los resultados; ya que estos emplearon distintos tipos de análisis estadísticos. A ello se suma la falta de estandarización en los procedimientos, tales como las técnicas de extensión en cuña o squash y tinción utilizada. A pesar de ello, se observó una tendencia consistente hacia altos niveles de concordancia y/o correlación entre la microscopía digital y óptica, un patrón que ha sido reportado previamente, con una concordancia global del 91.1% entre el

sistema de IA Scopio Labs X100 Full Field BMA y la microscopía óptica convencional (41).

En cuanto a las fortalezas de este scoping review radica en la diversidad de algoritmos evaluados, lo que permite una comprensión amplia de las metodologías aplicadas en el análisis de la morfología celular en aspirados de médula ósea. Además, la revisión abarca una gran variedad de patologías, lo que otorga una perspectiva más inclusiva y representativa de las diferentes condiciones hemato-oncológicas en las que se emplean estas técnicas. Finalmente, la comparación con el "gold estándar", es decir, la microscopía óptica tradicional, refuerza la validez de los hallazgos, al proporcionar una medida de referencia sólida para evaluar la precisión y la confiabilidad de los algoritmos automatizados en su aplicación clínica.

Como último punto, consideramos importante que futuros estudios incluyan aspirados de médula ósea con mayor representación de linajes celulares poco frecuentes ya mencionados previamente, con el fin de mejorar el rendimiento de los sistemas automatizados en contextos clínicos reales. Asimismo, se recomienda enfocar investigaciones en otros tipos celulares de alta relevancia diagnóstica, como los linfocitos atípicos e infiltrantes, fundamentales en el abordaje de linfomas, así como en la caracterización de displasias celulares, clave en el diagnóstico de síndromes mielodisplásicos. Además, abordar la identificación automatizada de blastos de diferentes líneas de maduración y origen, tales como mieloblastos, linfoblastos y monoblastos, los cuales son decisivos en la clasificación y seguimiento de las leucemias agudas. Del mismo modo, se requiere aperturar la

investigación en estudios clínicos multicéntricos con lo cual se evaluarán los sistemas y algoritmos en ambientes clínicos reales.

Implicancias profesionales para el tecnólogo médico (TM)

El tecnólogo médico en laboratorio clínico tiene la responsabilidad de garantizar la fiabilidad y precisión de los resultados diagnósticos, un aspecto crucial en el ámbito de la salud. En este contexto, los sistemas de inteligencia artificial, gracias a que son capaces de asegurar la trazabilidad de los procedimientos, permiten el monitoreo constante de indicadores de calidad. Esto facilita la participación activa del TM en auditorías y en procesos de mejora continua, contribuyendo así a la optimización de los procesos diagnósticos. Además, el TM especializado en laboratorio clínico y anatomía patológica juega un papel esencial en la validación e implementación de nuevas tecnologías diagnósticas, como la microscopía digital. Gracias a su formación en análisis morfológico y control de calidad, el TM se convierte en un actor clave para asegurar que estas herramientas sean utilizadas de manera segura y efectiva en entornos hospitalarios.

VI. CONCLUSIONES

En conclusión, esta revisión de alcance evidencia que la microscopía digital asistida por inteligencia artificial representa una herramienta diagnóstica emergente con alto potencial en el análisis morfológico de aspirados de médula ósea en pacientes hemato-oncológicos. Dada la alta concordancia y correlación reportadas entre la microscopía digital y óptica en linajes como el eritroide y granulocítico, se recomienda su uso complementario en laboratorios especializados como medida para mejorar la eficiencia y reducir la carga de trabajo manual.

Se observó una concordancia muy débil en la identificación de promonocitos y una fiabilidad limitada para las células del linaje monocítico y las células plasmáticas. Asimismo, se registraron correlaciones muy bajas para promonocitos, basófilos e histiocitos. Estos resultados están estrechamente vinculados al desbalance de clases en los conjuntos de entrenamiento, así como a las particularidades técnicas de los algoritmos y sistemas evaluados. Por ello, se recomienda que los desarrolladores de algoritmos de inteligencia artificial prioricen estrategias de balanceo de clases e incorporen de manera explícita tipos celulares raros o difíciles de clasificar en sus modelos, con el fin de mejorar el rendimiento diagnóstico en estos subgrupos celulares.

Así mismo, se identificaron y caracterizaron los instrumentos tecnológicos y algoritmos utilizados, observándose una amplia variedad de arquitecturas de aprendizaje profundo aplicadas a la localización, segmentación, extracción de características y clasificación celular, destacando redes residuales y densas como ResNet y DenseNet, YOLO, HTC y sistemas como Efficient Net, BMSNet y Morpho.

Por otro lado, se identificaron brechas importantes en la evidencia disponible, como la limitada inclusión de algunos tipos celulares, por ejemplo, linfocitos atípicos, promielocitos hipogranulares e hipergranulares y subtipos de blastos; ausencia de estudios multicéntricos y la falta de estandarización tanto en los procesos implicados en el gold estándar, como en las herramientas utilizadas para el análisis estadístico. En ese sentido, se recomienda que futuros estudios incluyan muestras representativas de escenarios clínicos diversos, establezcan protocolos de validación multicéntrica y apliquen criterios estadísticos homogéneos.

Finalmente, se evidenció que la integración de sistemas de IA con la evaluación humana puede mejorar la reproducibilidad diagnóstica y reducir la variabilidad interobservador. Por ello, es necesario promover el desarrollo de modelos colaborativos híbridos, donde la IA actúe como sistema de apoyo a la decisión diagnóstica y no como reemplazo del juicio clínico

VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Shouval R, Fein JA, Savani B, Mohty M, Nagler A. Machine learning and artificial intelligence in haematology. *Br J Haematol.* enero de 2021;192(2):239-50.
2. Gedefaw L, Liu CF, Ip RKL, Tse HF, Yeung MHY, Yip SP, et al. Artificial Intelligence-Assisted Diagnostic Cytology and Genomic Testing for Hematologic Disorders. *Cells.* 30 de junio de 2023;12(13):1755.
3. Salah HT, Muhsen IN, Salama ME, Owaidah T, Hashmi SK. Machine learning applications in the diagnosis of leukemia: Current trends and future directions. *Int J Lab Hematol.* diciembre de 2019;41(6):717-25.
4. Alowais SA, Alghamdi SS, Alsuhebany N, Alqahtani T, Alshaya AI, Almohareb SN, et al. Revolutionizing healthcare: the role of artificial intelligence in clinical practice. *BMC Med Educ.* 22 de septiembre de 2023;23(1):689.
5. Briganti G, Le Moine O. Artificial Intelligence in Medicine: Today and Tomorrow. *Front Med.* 2020;7:27.
6. Obstfeld AE. Hematology and Machine Learning. *J Appl Lab Med.* 4 de enero de 2023;8(1):129-44.
7. Wong ANN, He Z, Leung KL, To CCK, Wong CY, Wong SCC, et al. Current Developments of Artificial Intelligence in Digital Pathology and Its Future Clinical Applications in Gastrointestinal Cancers. *Cancers.* 3 de agosto de 2022;14(15):3780.

8. Huang F, Guang P, Li F, Liu X, Zhang W, Huang W. AML, ALL, and CML classification and diagnosis based on bone marrow cell morphology combined with convolutional neural network: A STARD compliant diagnosis research. *Medicine (Baltimore)*. 6 de noviembre de 2020;99(45):e23154.
9. Lin Y, Chen Q, Chen T. Recent advancements in machine learning for bone marrow cell morphology analysis. *Front Med*. 2024;11:1402768.
10. Tayebi RM, Mu Y, Dehkharghanian T, Ross C, Sur M, Foley R, et al. Automated bone marrow cytology using deep learning to generate a histogram of cell types. *Commun Med*. 2022;2:45.
11. Mu Y, Tizhoosh HR, Dehkharghanian T, Campbell CJV. Whole slide image representation in bone marrow cytology. *Comput Biol Med*. noviembre de 2023;166:107530.
12. Kratz A, Lee SH, Zini G, Riedl JA, Hur M, Machin S, et al. Digital morphology analyzers in hematology: ICSH review and recommendations. *Int J Lab Hematol*. agosto de 2019;41(4):437-47.
13. Elsayed B, Elhadary M, Elshoeibi RM, Elshoeibi AM, Badr A, Metwally O, et al. Deep learning enhances acute lymphoblastic leukemia diagnosis and classification using bone marrow images. *Front Oncol*. 2023;13:1330977.
14. Hazra D, Byun YC, Kim WJ. Enhancing classification of cells procured from bone marrow aspirate smears using generative adversarial networks and sequential convolutional neural network. *Comput Methods Programs Biomed*. septiembre de 2022;224:107019.

15. Zini G, Barbagallo O, Scavone F, Béné MC. Digital morphology in hematology diagnosis and education: The experience of the European LeukemiaNet WP10. *Int J Lab Hematol*. septiembre de 2022;44 Suppl 1:37-44.
16. El Achi H, Khoury JD. Artificial Intelligence and Digital Microscopy Applications in Diagnostic Hematopathology. *Cancers*. 26 de marzo de 2020;12(4):797.
17. Kamentsky L, Jones TR, Fraser A, Bray MA, Logan DJ, Madden KL, et al. Improved structure, function and compatibility for CellProfiler: modular high-throughput image analysis software. *Bioinforma Oxf Engl*. 15 de abril de 2011;27(8):1179-80.
18. Zhong Q, Busetto AG, Fededa JP, Buhmann JM, Gerlich DW. Unsupervised modeling of cell morphology dynamics for time-lapse microscopy. *Nat Methods*. 27 de mayo de 2012;9(7):711-3.
19. Rivenson Y, Göröcs Z, Günaydin H, Zhang Y, Wang H, Ozcan A. Deep learning microscopy. *Optica*. 17 de noviembre de 2017;4(11):1437.
20. Tian L, Hunt B, Bell MAL, Yi J, Smith JT, Ochoa M, et al. Deep Learning in Biomedical Optics. *Lasers Surg Med*. agosto de 2021;53(6):748-75.
21. Levac D, Colquhoun H, O'Brien KK. Scoping studies: advancing the methodology. *Implement Sci IS*. 20 de septiembre de 2010;5:69.
22. Chen K, Pang J, Wang J, Xiong Y, Li X, Sun S, et al. Hybrid Task Cascade for Instance Segmentation. En: 2019 IEEE/CVF Conference on Computer Vision

- and Pattern Recognition (CVPR) [Internet]. 2019 [citado 16 de julio de 2025]. p. 4969-78. Disponible en: <https://ieeexplore.ieee.org/document/8954166>
23. Yang Y, Zhang L, Du M, Bo J, Liu H, Ren L, et al. A comparative analysis of eleven neural networks architectures for small datasets of lung images of COVID-19 patients toward improved clinical decisions. *Comput Biol Med.* diciembre de 2021;139:104887.
 24. Pavithra KC, Kumar P, Geetha M, Bhandary SV. Comparative Analysis of Pre-trained ResNet and DenseNet Models for the Detection of Diabetic Macular Edema. *J Phys Conf Ser.* octubre de 2023;2571(1):012006.
 25. Wu YY, Huang TC, Ye RH, Fang WH, Lai SW, Chang PY, et al. A Hematologist-Level Deep Learning Algorithm (BMSNet) for Assessing the Morphologies of Single Nuclear Balls in Bone Marrow Smears: Algorithm Development. *JMIR Med Inform.* 8 de abril de 2020;8(4):e15963.
 26. Bermejo-Peláez D, Rueda Charro S, García Roa M, Trelles-Martínez R, Bobes-Fernández A, Hidalgo Soto M, et al. Digital Microscopy Augmented by Artificial Intelligence to Interpret Bone Marrow Samples for Hematological Diseases. *Microsc Microanal Off J Microsc Soc Am Microbeam Anal Soc Microsc Soc Can.* 7 de marzo de 2024;30(1):151-9.
 27. Lv Z, Cao X, Jin X, Xu S, Deng H. High-accuracy morphological identification of bone marrow cells using deep learning-based Morphogo system. *Sci Rep.* 17 de agosto de 2023;13(1):13364.
 28. Lewis JE, Shebelut CW, Drumheller BR, Zhang X, Shanmugam N, Attieh M,

- et al. An Automated Pipeline for Differential Cell Counts on Whole-Slide Bone Marrow Aspirate Smears. *Mod Pathol Off J U S Can Acad Pathol Inc.* febrero de 2023;36(2):100003.
29. Jin H, Fu X, Cao X, Sun M, Wang X, Zhong Y, et al. Developing and Preliminary Validating an Automatic Cell Classification System for Bone Marrow Smears: a Pilot Study. *J Med Syst.* 7 de septiembre de 2020;44(10):184.
30. Fu X, Fu M, Li Q, Peng X, Lu J, Fang F, et al. Morphogo: An Automatic Bone Marrow Cell Classification System on Digital Images Analyzed by Artificial Intelligence. *Acta Cytol.* 2020;64(6):588-96.
31. Yu TC, Yang CK, Hsu WH, Hsu CA, Wang HC, Hsiao HJ, et al. A machine-learning-based algorithm for bone marrow cell differential counting. *Int J Med Inf.* 1 de febrero de 2025;194:105692.
32. Kim H, Hur M, d’Onofrio G, Zini G. Real-World Application of Digital Morphology Analyzers: Practical Issues and Challenges in Clinical Laboratories. *Diagn Basel Switz.* 10 de marzo de 2025;15(6):677.
33. Wang W, Guo P, Li L, Tan Y, Shi H, Wei Y, et al. Attention-Based Fine-Grained Classification of Bone Marrow Cells. En: *Computer Vision – ACCV 2020: 15th Asian Conference on Computer Vision, Kyoto, Japan, November 30 – December 4, 2020, Revised Selected Papers, Part V* [Internet]. Berlin, Heidelberg: Springer-Verlag; 2020 [citado 16 de julio de 2025]. p. 652-68. Disponible en: https://doi.org/10.1007/978-3-030-69541-5_39

34. Glüge S, Balabanov S, Koelzer VH, Ott T. Evaluation of deep learning training strategies for the classification of bone marrow cell images. *Comput Methods Programs Biomed.* 1 de enero de 2024;243:107924.
35. Manescu P, Narayanan P, Bendkowski C, Elmi M, Claveau R, Pawar V, et al. Detection of acute promyelocytic leukemia in peripheral blood and bone marrow with annotation-free deep learning. *Sci Rep.* 13 de febrero de 2023;13(1):2562.
36. Xiao Y, Huang Z, Wu J, Zhang Y, Yang Y, Xu C, et al. Rapid screening of acute promyelocytic leukaemia in daily batch specimens: A novel artificial intelligence-enabled approach to bone marrow morphology. *Clin Transl Med.* julio de 2024;14(7):e1783.
37. Eckardt JN, Schmittmann T, Riechert S, Kramer M, Sulaiman AS, Sockel K, et al. Deep learning identifies Acute Promyelocytic Leukemia in bone marrow smears. *BMC Cancer.* 22 de febrero de 2022;22(1):201.
38. Ouyang N, Wang W, Ma L, Wang Y, Chen Q, Yang S, et al. Diagnosing acute promyelocytic leukemia by using convolutional neural network. *Clin Chim Acta Int J Clin Chem.* enero de 2021;512:1-6.
39. Găman MA, Dugăeșescu M, Popescu DC. Applications of Artificial Intelligence in Acute Promyelocytic Leukemia: An Avenue of Opportunities? A Systematic Review. *J Clin Med.* 1 de marzo de 2025;14(5):1670.
40. Lee SH, Erber WN, Porwit A, Tomonaga M, Peterson LC, International Council for Standardization In Hematology. ICSH guidelines for the

standardization of bone marrow specimens and reports. *Int J Lab Hematol.* octubre de 2008;30(5):349-64.

41. Bagg A, Raess PW, Rund D, Bhattacharyya S, Wiszniewska J, Horowitz A, et al. Performance Evaluation of a Novel Artificial Intelligence-Assisted Digital Microscopy System for the Routine Analysis of Bone Marrow Aspirates. *Mod Pathol Off J U S Can Acad Pathol Inc.* septiembre de 2024;37(9):100542.

VIII. TABLAS Y FIGURAS

Tabla 1: Características generales de los estudios incluidos en la revisión

N°	Autor y año	País	Diseño del estudio	Población	Tamaño de muestra	Edad (media o rango)	Sexo
1	Fu et al. (2020)	China	Observacional, transversal de validación diagnóstica tipo piloto.	Pacientes con LMA, LLA, LLC, LMC, SMD, MM, etc.	230 AMO (desempeño); 111 AMO (correlación)	Para evaluar desempeño: 44,0 ± 21,2 años; Para evaluar correlación: 42,1 ± 21,2 años	Para evaluar desempeño: 76H/154M; Para evaluar correlación: 64H/47M
2	Jin et al. (2020)	China	Observacional transversal, comparativo y de validación diagnóstica preliminar	Pacientes con LMA, LLA, LLC, LMC, SMD, MM.	145 AMO (clasificación); 124 AMO (correlación)	Promedio: 49,2 años que oscilan entre 2–84 años	60H/64M
3	Lv et al. (2023)	China	Estudio retrospectivo de validación diagnóstica	Pacientes con enfermedad linfoproliferativa crónica, SMD, LA, MM, NMP, LMC, anemias, sangrado/trombosis y pacientes relativamente normales.	508 AMO	No especificado	No especificado
4	Lewis et al. (2023)	EE.UU.	Observacional, retrospectivo y de validación diagnóstica preliminar.	Pacientes hematooncológicos: LMA, LLC, LMC, LMMC, MM y benignos.	69 AMO (validación); 44 AMO (correlación)	No especificado	No especificado

5	Yu et al. (2025)	Taiwán / EE.UU.	Estudio retrospectivo de desarrollo y validación.	Pacientes con LLA, LMA, LA de linaje mixto, SMD, NMP, LLC, Leucemia/linfoma de células T adultas, neoplasia de células plasmáticas, LH, LNH agresivo e indolente, anemias, infecciones, cáncer sólido, otros.	254 AMO	Promedio: 64 años Oscilan entre 1–101 años	144M/110H
6	Wu et al. (2020)	Taiwán	Observacional, retrospectivo y de validación diagnóstica preliminar.	Pacientes con LLA, LMA, SMD, anemia aplásica, MM, MPD, linfoma.	122 frotis en 3 cohortes (42, 70, 10)	Cohorte de desarrollo: 57,8 (± 16,3) Cohorte de validación: 56.5 (±18.0) Cohorte de competición: 46,9 (±16,8)	Cohorte de desarrollo: 22M/20H; Cohorte de validación: 37M/ 33H; Cohorte de competición: 4M/6H
7	Tayebi et al. (2022)	Canadá	Observacional, retrospectivo y de validación diagnóstica preliminar.	Pacientes con SMD, LA, desorden linfoproliferativo, neoplasia de células plasmáticas, hiperplasia eritroide, NMP, SMD/NMP, necrosis, carcinoma	250 pacientes (204 entrenamiento, 46 validación)	No especificado	No especificado
8	Bermejo-Peláez et al. (2024)	España	Experimental de validación diagnóstica	Pacientes con LLA, LMA, LLC, LMC, linfoma de células B grande difusa, linfoma folicular, MM, linfomas, médula ósea reactiva, neoplasias de células plasmáticas.	101 AMO (desarrollo); 16 AMO (validación)	Fase de desarrollo: Media de 57.5 años oscilante entre 1 a 87.5 años. Fase de validación: Media de 55.5 años oscilante entre 2 a 22	En el desarrollo: 57M/37H; Para la validación: 9M/7H.

años.

Tabla 2: Instrumentos y algoritmos utilizados en la automatización del análisis celular de médula ósea

N ^o	Autor y año	Sistema / Hardware	Segmentación y extracción de características	Clasificación / Algoritmo de IA	Observaciones
1	Fu et al. (2020)	Morphogo (hardware escáner + software propio)	Agrupamiento por saturación (K-means + Árbol de decisión); autofocus y ensamblado	Red neuronal artificial de 27 capas	Sistema propio validado con >600k imágenes
2	Jin et al. (2020)	Morphogo	Algoritmo de localización y segmentación automática	CNN propia (27 capas, entrenamiento con TensorFlow)	Validación clínica con ICC \geq 0.88
3	Lv et al. (2023)	Morphogo	Autofoco + algoritmos CNN sobre 2.8M de imágenes	CNN con alta especificidad y sensibilidad (>95%)	Concordancia con patólogos validada por Kappa
4	Lewis et al. (2023)	Escáner Leica AT2 + CNN	Detección con Faster R-CNN + ResNet50V2	Clasificación con Efficient NetV2L	Pipeline automatizado de 3 etapas
5	Yu et al. (2025)	Microscopio óptico + cámara integrada + CNN	HTC, basado en Mask R-CNN	HTC (Hybrid Task Cascade)	Validado en EE.UU. y Taiwán, correlación $\rho > 0.8$
6	Wu et al. (2020)	Squeeze and Excitation Residual	SE-ResNeXt-50 + YOLO v3	YOLOv3	Comparado con hematólogos y citometría

		Network (SE-ResNet), basado en BMS Net			
7	Tayebi et al. (2022)	Escáner WSI + YOLOv 4	Detección con DenseNet121 (detección ROI) + YOLO v4	YOLO v4	Generación de histogramas citológicos (HCT)
8	Bermejo-Pelaez et al. (2024)	Microscopio óptico + smartphone acoplado	Detección: SSD (MobileNetv2)	Clasificación: CNN entrenada con Xception	Plataforma telemédica, validación multi observador

Tabla 3A: Concordancia entre la microscopía digital y la microscopía óptica en el análisis de aspirados de médula ósea en pacientes hemato-oncológicos

Artículo	Sistema / Hardware	Kappa de Cohen								
		HemV10	HemV8	HemV6	Hem1	Hem2	Obs1	Obs2	Obs3	Obs4
Wu et al.	SE-ResNet, basado en BMS Net + YOLOv3	0.631	0.647	0.633						
Tayebi et al.	Escáner WSI + YOLOv 4				0.97	0.98				
Bermejo-Peláez et al.	Microscopio óptico + smartphone acoplado + SSD (MobileNetv2) + Xception						0.865	0.856	0.889	0.873

Tabla 3B: Concordancia entre la microscopía digital y la microscopía óptica en la identificación de las diferentes células de la médula ósea en pacientes hemato-oncológicos

Tipo celular	Lv et al. (2023)		Tipo celular	Lewis et al. (2023)	
	Kappa de Cohen	Interpretación		CCC	Interpretación
Mieloblasto	0.557	Moderada	Blastos	0.815	Fuerte
Linfoblasto	0.536	Moderada			
Plasmoblasto	0.968	Muy fuerte			
Proeritroblasto	0.654	Fuerte	Precursor eritroide	0.8	Fuerte
Eritroblasto temprano	0.834	Muy fuerte			
Eritroblasto intermedio	0.96	Muy fuerte			
Eritroblasto tardío	0.94	Muy fuerte			
Promielocito	0.461	Moderada	Promielocito	0.696	Moderada
Mielocito neutrófilo	0.8	Fuerte	Mielocito	0.337	Baja
Mielocito eosinófilo	0.86	Muy fuerte			
Metamielocito neutrófilo	0.901	Muy fuerte	Metamielocito	0.442	Baja
Metamielocito eosinófilo	0.858	Muy fuerte			
Eosinófilo en banda	0.885	Muy fuerte	Eosinófilo	0.516	Moderada
Eosinófilo segmentado	0.957	Muy fuerte			
Neutrófilo en banda	0.973	Muy fuerte	Neutrófilo	0.695	Moderada
Neutrófilo segmentado	0.987	Muy fuerte			
Basófilo	0.816	Muy fuerte	Basófilo	0.363	Baja
Prolinfocito	0.483	Moderada		-	
Linfocito	0.813	Muy fuerte	Linfocito	0.647	Moderada
Promonocito	0.136	Extremadamente débil	NA	NA	
Monocito	0.886	Muy fuerte	Monocito	0.257	Baja
Célula plasmática	0.945	Muy fuerte	Células plasmática	0.692	Moderada
Otros (histiocitos, células en sombra, etc.)	0.892	Muy fuerte	NA	NA	NA

CCC:coeficiente de correlación de concordancia o coeficiente de Lin.

Tabla 3C: Concordancia entre la microscopía digital y la microscopía óptica en la identificación de los diferentes linajes celulares de médula ósea en pacientes hemato-oncológicos.

Linaje celular	Lv et al.	Jin et al.
	ICC (95% IC)	ICC (95% IC)
Blastos	0.083 – 0.835	NA
Granulo cítico	0.855 – 0.998	0.893
Eritroide	0.989 – 0.996	0.883
Linfoide	0.531 – 0.956	0.763
Monocitoide	0.815 – 0.980	0.499
Plasmocitos	0.826 – 0.998	0.368

Tabla 4A: Grado de correlación entre la microscopía digital y la microscopía óptica en la evaluación cuantitativa de aspirados de médula ósea.

Fu et al.			
Línea celular	Coefficiente de correlación (r)	Valor p	Interpretación
Granulocitos	≥ 0.762	$p < 0.001$	Fuerte
Eritrocitos	≥ 0.762	$p < 0.001$	Fuerte
Linfocitos	≥ 0.762	$p < 0.001$	Fuerte
Monocitos	< 0.459	$p < 0.001$	Débil
Plasmocitos	< 0.459	$p < 0.001$	Débil
Mieloblastos	No significativa	$p = 0.110$	Sin correlación

Tabla 4B: Grado de correlación entre la microscopía digital y la microscopía óptica en la evaluación cuantitativa de las células del aspirado de médula ósea.

Tipo celular	Lv et al.		Tipo celular	Lewis et al.		Tipo celular	Yu et al.	
	"r"	Interpretación		"r"	Interpretación		"ρ"	Interpretación
Mieloblasto	0.601	Moderada						
Linfoblasto	0.792	Moderada	Blastos	0.913	Muy fuerte	Blastos	0.807	Alta
Plasmoblasto	0.999	Muy fuerte						
Proeritroblasto	0.690	Fuerte				Proeritroblastos	0.785	Moderada
Eritroblasto temprano	0.888	Muy fuerte						
Eritroblasto intermedio	0.9812	Muy fuerte	Precursor eritroide	0.807	Fuerte	Otros precursores	0.987	Muy alta
Eritroblasto tardío	0.993	Muy fuerte						
Promielocito	0.801	Moderada	Promielocito	0.754	Fuerte	Promielocito	0.772	Moderada
Mielocito neutrofilico	0.891	Fuerte	Mielocito	0.365	Débil	Mielocito	0.911	Muy alta
Metamielocito neutrofilico	0.895	Muy fuerte	Metamielocito	0.49	Moderada	Metamielocito	0.884	Alta
Mielocito eosinofilico	0.804	Muy fuerte						
Metamielocito eosinofilico	0.869	Muy fuerte	NA		NA			
Eosinófilo en banda	0.813	Muy fuerte				Eosinófilos y precursores	0.982	Muy alta
Eosinófilo segmentado	0.9878	Muy fuerte	Eosinófilo	0.544	Moderada			

Neutrófilo en banda	0.9923	Muy fuerte	Neutrófilo en banda y segmentados	0.862	Fuerte	Neutrófilo en banda y segmentados	0.983	Muy alta
Neutrófilo segmentado	0.9982	Muy fuerte						
Basófilo	0.9204	Muy fuerte	Basófilo	0.54	Moderada	Basófilos y precursores	0.616	Baja
Prolinfocito	0.7724	Moderada	NA	NA	NA	NA	NA	NA
Linfocito	0.7785	Muy fuerte	Linfocito	0.703	Fuerte	Linfocitos	0.713	Moderada
Promonocito	0.2038	Muy débil	NA	NA	NA	Monocitos y precursores	0.623	Baja
Monocito	0.9489	Muy fuerte	Monocito	0.462	Moderada			
C. plasmática	0.9963	Muy fuerte	C. plasmática	0.854	Fuerte	C. plasmática	0.89	Alta

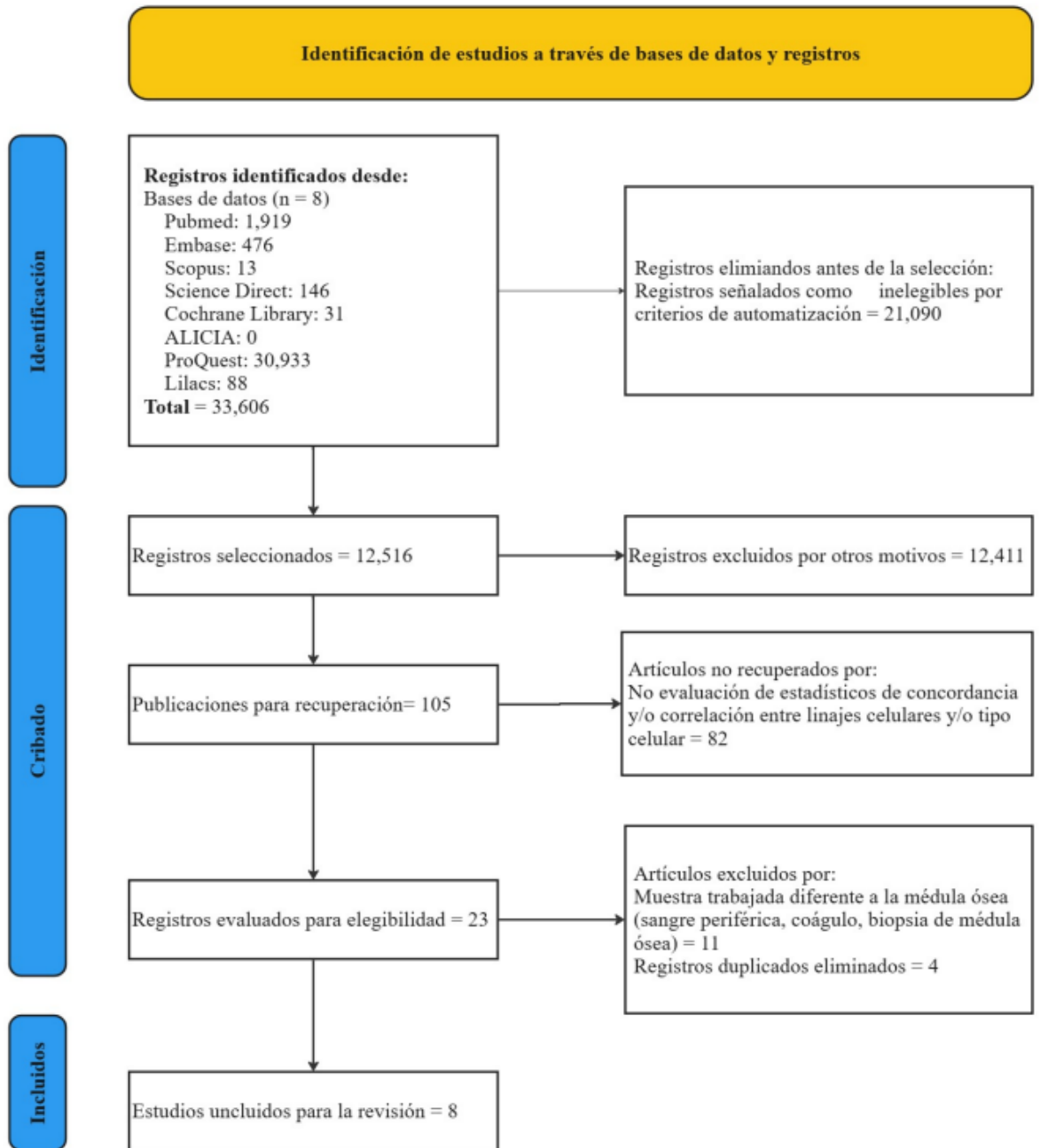
Tabla 4C: Rendimiento de la microscopía digital en la evaluación celular de aspirados de médula ósea.

Tipo celular	Exactitud (%)			Sensibilidad (%)			Especificidad (%)		
	Fu et al.	Jin et al.	Lv et al.	Fu et al.	Jin et al.	Lv et al.	Fu et al.	Jin et al.	Lv et al.
Mieloblastos	85.7	99.1	98.26	43.5	66.9	65.65	97.2	99.6	98.83
Promielocitos	94.6	99	96.82	40.4	42.7	87.88	97	99.8	96.97
Mielocitos	95	97.5	98.98	80.8	78.3	85.65	96.7	98.9	99.76
Metamielocitos	96.3	96.1	99.42	83	76.1	92.85	98.2	98.1	99.82
Neutrófilos	98.8	97.6	99.63	92.8	97.2	98.76	99.1	97.8	99.74
Eosinófilos	99.2	99.6	99.94	71.2	76.6	99.13	99.9	99.9	99.94
Basófilos	99.8	99.8	99.91	49.3	72.8	79.45	100	99.9	99.96
Monocitos	94.4	98	99.58	91.8	95.2	82.32	94.8	98.8	99.94
Eritroblastos	91.9	97.9	99.41	45.9	73.2	93.23	96.9	98.7	99.89
Linfocitos	87.8	97	95.55	85.5	95	85.01	88.3	97.5	97.21
Células plasmáticas	97.1	99.2	99.88	80.7	88.5	94.74	97.8	99.3	99.94
Otras células	99.8	99.7	96.29	67.7	35.6	84.62	100	100	99.92

Tabla 4D: Rendimiento de la microscopía digital en la evaluación celular de aspirados de médula ósea.

Tipo celular	Precisión			Sensibilidad (Recall)		
	Yu et al.	Wu et al.	Tayebi et al.	Yu et al.	Wu et al.	Tayebi et al.
Blastos	92.7	86.5	87.0	57.7	80.7	90.0
Proeritroblastos	56.2		0.0	69.3		
Otros eritroblastos	97.5	85.0	86.0	97.0	84.5	92.0
Monocitos y precursores	46.2	57.4	84.0	85.3	30.0	71.0
Linfocitos	78.9	74.0	73.0	79.9	58.9	65.0
Promielocitos	77.2		60.0	62.9		67.0
Mielocitos	87.3		80.0	72.4		82.0
Metamielocito	64.4		68.0	63.4		79.0
Banda y PMN	95.5	94.0	84.0	93.9	76.4	91.0
Eosinófilos y precursores	97.2		93.0	95.0		94.0
Basófilos y precursores	63.5			59.2		
Histiocitos	47.0		90.0	54.6		53.0
Células plasmáticas	93.0	53.4	75.0	93.6	74.1	69.0
Megacariocitos		71.0	100.0	0.0	56.4	79.0

Figura 1: Diagrama de flujo PRISMA-ScR



ANEXOS

Anexo 1: Término clave extraídos de la estrategia PCC

	Población	Concepto	Contexto
Términos clave	<ul style="list-style-type: none"> • Hematologic Neoplasms • Leukemia • Lymphoma • Hematopoiesis • Neoplasms • morphological analysis • Leukemia classification • Lymphoma classification 	<ul style="list-style-type: none"> • Image Processing, Computer-Assisted • Artificial Intelligence • Deep Learning • Machine Learning • Microscopy, Automated • Neural Networks, Computer • Support Vector Machine • whole slide image • digital morphology • Optical Microscopy 	<ul style="list-style-type: none"> • Hospital centers • Research centers • Bone Marrow Examination • Bone Marrow Cells • Bone Marrow • Cytodiagnosis • Myelogram • Bone Marrow Aspirate • bone marrow smear • Leukocytes • Blood Cells

Anexo 2: Plantilla de extracción de datos

Artículo	Autor	Año de publicación	País	Población	Tamaño muestral	Edad y sexo	IA empleada	Estadísticos de concordancia	Estadísticos de correlación	Estadísticos de rendimiento diagnóstico
----------	-------	--------------------	------	-----------	-----------------	-------------	-------------	------------------------------	-----------------------------	---

Anexo 3: Operacionalización de variables:

Variable	Definición conceptual	Definición operacional	Indicador	Tipo y escala de medición
Grado de concordancia	Es una medida que refleja el acuerdo entre dos métodos de medición o entre dos evaluadores en relación con una variable de interés.	<p>Índice Kappa de Cohen: Evalúa la concordancia entre dos observadores o métodos.</p> <p>Coefficiente de Correlación Intraclase: Evalúa la fiabilidad entre dos o más observadores o mediciones.</p>	<p>$k \leq 0$: Concordancia nula</p> <p>0,01 – 0,20: Concordancia muy débil</p> <p>0,21 – 0,40: Concordancia débil</p> <p>0,41 – 0,60: Concordancia moderada</p> <p>0,61 – 0,80: Concordancia fuerte</p>	<p>Cualitativa</p> <p>Ordinal</p>

			0,81 – 1,00: Concordancia muy fuerte	
			ICC < 0,50: Fiabilidad pobre 0,50 – 0,75: Fiabilidad moderada. 0,75 – 0,90: Buena fiabilidad > 0,90 Excelente fiabilidad	
Grado de correlación	Es una medida de la relación o asociación entre dos variables.	Coefficiente de correlación de Pearson (r de Pearson) Coefficiente de correlación de Spearman (ρ de Spearman)	$r \text{ o } \rho \geq 0.9$: Muy fuerte $0.7 \leq r \text{ o } \rho < 0.9$: Fuerte $0.4 \leq r \text{ o } \rho < 0.7$: Moderada $0.2 \leq r \text{ o } \rho < 0.4$: Débil $r \text{ o } \rho \leq 0.2$: Muy débil o nula	Cualitativa Ordinal
Linaje celular	Ruta de diferenciación que da lugar a distintas	Clasificación realizada por ambos métodos en	Granulocítico	Cualitativa

	líneas celulares que componen la sangre y sistema inmune.	aspirados de médula ósea según estudios seleccionados.	Monocitoide Eritroide Linfoide Megacariocítico Células plasmáticas Histiocitos	Nominal
Instrumentos y algoritmos utilizados	Tecnologías y procedimientos utilizados en la automatización del análisis de imágenes digitales de médula ósea.	Tipo de arquitectura de redes neuronales convolucionales(CNN)	Morphogo BMSNet etc.	Cualitativa Nominal
Diseño de estudio	Naturaleza del estudio de investigación	Plan general que guía a la investigación científica.	Cualitativos Observacionales Experimentales	Cualitativa Nominal