

Machine Learning no Diagnóstico Parasitológico Direto de Leishmaniose Visceral: Uma Revisão

Viviane B. L. Dias¹, Clara E. S. Sátiro¹, Armando L. Borges¹, Kawan S. Dias¹,
Rafael L. Araújo³, Lucas B. M. de Souza⁵, Clésio de A. Gonçalves²,
Ana Carolina L. Pacheco⁴, Romuere R. V. e Silva^{1,6}

¹Sistemas de Informação, Universidade Federal do Piauí, Picos, Brasil

²Departamento de Informática, Instituto Federal do Sertão Pernambucano Ouricuri, Brasil

³Departamento de Informática, Instituto Federal do Piauí, Picos, Brasil

⁴Ciências Biológicas, Universidade Federal do Piauí, Picos, Brasil

⁵Ciência da Computação, Universidade Federal do Piauí, Teresina, Brasil

vivianebarbosa, clara.satiro, romuere@ufpi.edu.br

Abstract. *Canine Visceral Leishmaniasis is a zoonosis with a major impact on public health, whose direct parasitological diagnosis requires detailed microscopic analysis, making it an exhaustive and error-prone process. Computer Vision and Machine Learning techniques have been explored to automate this diagnosis, improving its accuracy and efficiency. This review identified that approaches based on deep neural networks and image segmentation demonstrate high potential to detect Leishmania. However, challenges such as the scarcity of public databases and the limited application of images from direct parasitological examination of bone marrow still hinder more significant advances. Implementing these technologies requires standardization and greater interpretability of the models to ensure their applicability in clinical practice.*

Resumo. *A Leishmaniose Visceral Canina (LVC) é uma zoonose de grande impacto na saúde pública, cujo diagnóstico parasitológico direto exige análise microscópica detalhada, tornando-se um processo exaustivo e suscetível a erros. Técnicas de Visão Computacional (VC) e Machine Learning (ML) têm sido exploradas para automatizar esse diagnóstico, melhorando sua precisão e eficiência. Esta revisão identificou que abordagens baseadas em redes neurais profundas e segmentação de imagens demonstram alto potencial na detecção da Leishmania. No entanto, desafios como a escassez de bases de dados públicas e a limitada aplicação de imagens do exame parasitológico direto da medula óssea ainda dificultam avanços mais significativos. A implementação dessas tecnologias requer padronização e maior interpretabilidade dos modelos para garantir sua aplicabilidade na prática clínica.*

1. Introdução

A Leishmaniose é uma doença tropical negligenciada distribuída no mundo inteiro [WHO 2010], e causada por um protozoário chamado *Leishmania*. Esta doença possui um grande impacto na saúde pública, pois trata-se de uma zoonose, afetando humanos

e animais, e na maioria das vezes não recebe a atenção ou os recursos adequados para sua prevenção. A Leishmaniose é transmitida através da picada de insetos conhecidos como flebotomíneos. O cão é considerado o principal reservatório/hospedeiro desta enfermidade [Campino and Maia 2010], e atuam como reservatórios eficazes no ciclo de transmissão do parasita aos seres humanos. A forma mais severa da doença é a Leishmaniose Visceral (LV) [Gonçalves et al. 2022] e se não tratada, pode ser fatal em até 90% dos casos [Pan American Health Organization]. Estima-se que, a cada ano, surgem entre 700.000 e 1.000.000 de novos casos de LV em humanos, e que 25% a 45% desses casos são notificados [Organização Mundial da Saúde], o que destaca a gravidade do problema.

Em cães, a LV apresenta uma ampla variação clínica, que se manifesta de formas sintomáticas leves à severas, ou até formas assintomáticas [Ivănescu et al. 2023]. Os sintomas clínicos estão ligados à composição genética, estado nutricional, carga parasitária inoculada e resposta imunológica inerentes a cada animal, o que pode ter um impacto direto na vulnerabilidade ou resistência à infecção [Baneth 2006]. A doença tem a capacidade de expandir-se pelo organismo através da circulação sanguínea e linfática, resultando na infecção de várias células em órgãos distintos, como medula óssea, baço, fígado e gânglios linfáticos [Álvaro 2022]. Os sintomas em seres humanos incluem febre de longa duração, fraqueza, perda de apetite e anemia [Kumar and Nylén 2012]. A detecção precoce e o controle da doença, especialmente em cães, são fundamentais para reduzir sua disseminação e minimizar seus impactos na saúde humana.

O diagnóstico da Leishmaniose requer a integração de informações clínicas, histórico do paciente e exames laboratoriais [Thakur et al. 2020, Santos et al. 2021]. O padrão-ouro para o diagnóstico, válido para humanos e cães, é a análise parasitológica direta através de exames de microscopia ótica. Esta análise consiste na busca por parasitas em amostras de esfregaços e aspirados dos órgãos afetados [Barbieri 2006]. O processo de avaliação desses dados pode levar horas consecutivas, sendo fisicamente exaustivo para os profissionais de saúde [Silva et al. 2019], principalmente por conta da quantidade de lâminas, de um único paciente, que requerem uma análise detalhada, exigindo um nível de atenção e precisão ao longo de várias horas consecutivas. Para simplificar e agilizar esse procedimento, a adoção de métodos computacionais que visam à automatização do processo pode ser uma abordagem promissora em comparação com métodos tradicionais.

Para reduzir o esforço em tarefas repetitivas, é possível utilizar métodos avançados de *Machine Learning* (ML) durante o processamento e a avaliação de imagens médicas, com a finalidade de auxiliar na automatização do diagnóstico de doenças [e Silva et al. 2016]. A aplicação das técnicas de Visão Computacional (VC) desempenha um papel notável na detecção de doenças parasitológicas, com ênfase na LV [Gonçalves et al. 2023]. Estas técnicas demonstram uma precisão promissora em comparação com o método padrão, ao utilizar imagens provenientes de lâminas de exames parasitológicos realizados através de microscopia para identificação de doenças. Nesse contexto, a proposta deste estudo é realizar um levantamento bibliográfico das pesquisas que utilizam técnicas de VC para automatizar o diagnóstico da LVC. O estudo realizado neste trabalho busca responder de que maneira as inovações tecnológicas podem ser empregadas para aprimorar o diagnóstico da LVC, gerando um impacto direto na gestão da LV humana. Para atingir esse objetivo, é conduzida uma análise das técnicas atuais de diagnóstico, com ênfase nas potenciais contribuições das soluções tecnológicas. Com isso,

é possível identificar as lacunas existentes na pesquisa relacionada e discutir questões relevantes, como a disponibilidade de bases de dados e as principais técnicas utilizadas.

2. Fundamentação Teórica

O processo de diagnóstico da LV exige a condução de testes em laboratórios especializados [Sundar and Rai 2002]. Laboratórios, principalmente em nações endêmicas e com recursos limitados, utilizam frequentemente métodos de detecção como microscopia, histologia, cultura e sorologia [Reithinger and Dujardin 2007]. Neste trabalho, o foco será o diagnóstico parasitológico, que demonstra um potencial significativo para automação através da implementação de métodos baseados em VC, que melhoram a precisão e eficiência na identificação dos parasitas causadores da LV [Lebedev et al. 2018].

2.1. Diagnóstico Parasitológico

Os métodos parasitológicos que envolvem a coleta de amostra dos órgãos possibilitam a visualização do parasita através de procedimentos como aspirados de linfonodos, medula óssea e baço [Faria and de Andrade 2012], a existência de amastigotas fornece a certeza da infecção. Esses métodos podem alcançar especificidades de 100%; no entanto, a sensibilidade é variável devido à distribuição de tecido não homogênea [Gontijo and Melo 2004]. Após a coleta do material biológico, o mesmo é depositado em uma lâmina, onde é submetido ao processo de coloração. A etapa seguinte é a análise microscópica do material, na qual o profissional de saúde busca identificar a presença de formas amastigotas de *Leishmania* [Sakkas et al. 2016]. Normalmente, as amastigotas são observadas no interior de macrófagos, embora também possam manifestar-se fora dessas células, em menor quantidade [Sundar and Singh 2018]. Os aspirados da medula óssea e dos linfonodos são os métodos mais frequentemente usados pelos veterinários para o diagnóstico da LV canina [Silva 2007].

Na detecção da *Leishmania*, o diagnóstico parasitológico direto é reconhecido como padrão-ouro para a identificação da doença [Srividya et al. 2012]. Essa técnica é avaliada mais apropriada para o diagnóstico devido à sua análise e segurança [Elmahallawy et al. 2014]. No entanto, é importante mencionar que, apesar de seus méritos, o diagnóstico parasitológico não está isento de desvantagens, as quais estão sujeitas à habilidade do profissional que realizou a coleta do material, à leitura citopatológica da lâmina, à carga parasitária e à resposta imune desenvolvida pelo hospedeiro [Solano-Gallego et al. 2000]. Essa análise torna-se desafiadora para o especialista, uma vez que as formas amastigotas da doença são minúsculas e podem variar de tamanho entre $1.5\text{ }\mu\text{m}$ a $3\text{ }\mu\text{m} \times 3\text{ }\mu\text{m}$ a $6.5\text{ }\mu\text{m}$ de diâmetro e são propensas a serem confundidas com outras estruturas [Bermejo Rodriguez et al. 2019], o que intensifica o nível de dificuldade na análise. A Figura 1 apresenta a coleta de amostra através da medula óssea em cães.

2.2. Visão Computacional

A VC representa um ramo relevante da Inteligência Artificial (IA), que tem um destaque relevante em sua aplicação na área médica [Chen 2016]. Seu foco reside em estudar métodos que proporcionem às máquinas a capacidade de visualizar e aprender, emulando o processo de modelagem e reprodução da visão humana. Essa área de estudo visa criar algoritmos com a capacidade de compreender e interpretar informações visuais, incluindo dados multidimensionais, por meio da análise de imagens [Parker 2010].

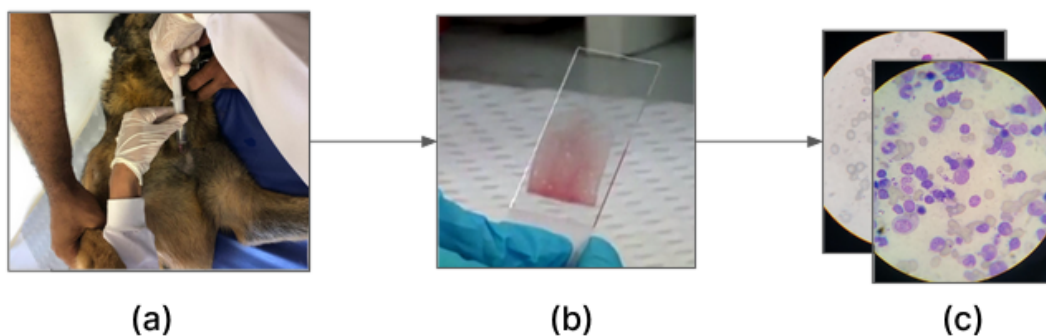


Figura 1. Coleta de amostra da medula óssea em cães. (a) Coleta do animal; (b) Amostra de esfregaço na lâmina; (c) Exemplo de imagem capturada da lâmina.
Fonte (a): [Laraia et al. 2018].

Os sistemas de VC utilizam uma ou mais imagens como entrada e geram informações correspondentes como saída [Zhang 2010]. São conhecidos por sua usabilidade, demandando entrada e retornando saída [Salazar et al. 2019]. O desenvolvimento é dividido em etapas: aquisição de imagens, pré-processamento, extração de características e classificação [Nixon and Aguado 2019], seguidas de verificação dos resultados da pesquisa e a análise de confiabilidade da solução proposta [Scherer 2020].

3. Metodologia

A revisão bibliográfica adotou a metodologia proposta por [Kitchenham 2004], abrangendo as etapas de planejamento, administração e extração dos dados. A representação gráfica desses procedimentos é apresentada na Figura 2.

Com o objetivo de orientar a busca de dados realizadas durante este estudo e o seu desenvolvimento, essa pesquisa foi conduzida para responder duas principais perguntas: (1) Quais são as principais abordagens de ML utilizadas no diagnóstico parasitológico direto da LVC? e (2) Quais lacunas metodológicas ainda persistem na literatura em relação a estudos sobre LVC? Além dessa estratégia, foram estabelecidos critérios de inclusão e exclusão para auxiliar na seleção dos trabalhos durante as etapas de filtragem. Os critérios de inclusão adotados foram: (1) o estudo abordar a LVC, (2) utilizar técnicas de VC para detecção, segmentação ou classificação da doença e (3) apresentar métricas que permitam comparação com a literatura. Já os critérios de exclusão foram definidos para descartar trabalhos que: (1) não estivessem em inglês, (2) fossem publicados antes de 2020, (3) não utilizassem VC na análise da doença ou (4) não apresentassem métricas comparáveis.

A etapa de administração consistiu em submeter a string de busca nas bases de dados e aplicar os filtros nos resultados obtidos. A string de busca utilizada para esse procedimento foi ("*Visceral*"AND ("*Leishmania*"OR "*Leishmaniasis*") AND ("*Computer Vision*"OR "*Deep Learning*"OR "*Machine Learning*") AND ("*Canine*"OR "*Dogs*")) e a busca foi realizada nas bases de dados National Library of Medicine, Pubmed, Springer, Wiley, Medical Education Journal, ScienceDirect, Lilac, Scielo, ACM e IEEE Explorer¹. A etapa seguinte foi a aplicação dos filtros de inclusão e exclusão nos resultados en-

¹National Library of Medicine: www.ncbi.nlm.nih.gov, Pubmed: pubmed.ncbi.nlm.nih.gov, Springer: link.springer.com, Wiley: onlinelibrary.wiley.com, Medical Education

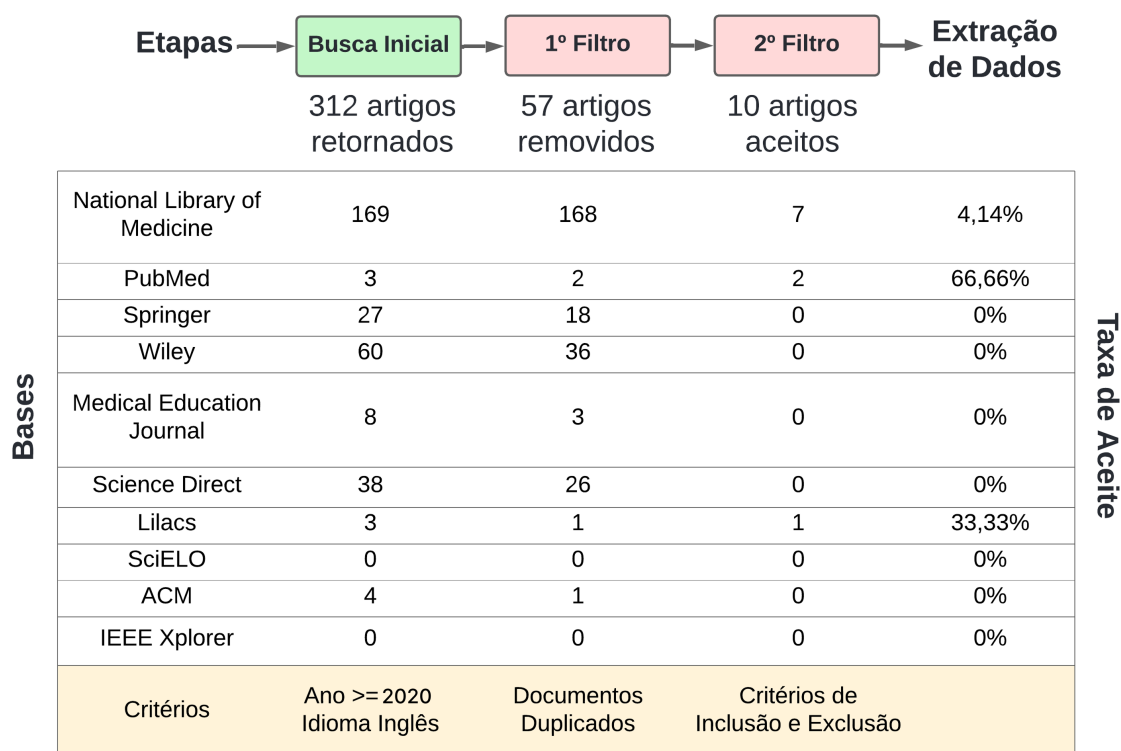


Figura 2. Etapas de condução da revisão bibliográfica: (1) Busca inicial das bases, filtrando por ano de publicação e idioma; (2) 1º Filtro: remoção dos trabalhos duplicados; e (3) 2º Filtro: Aplicação dos critérios de inclusão e exclusão.

contrados. Após a filtragem, foram selecionados um total de 10 artigos. A extração de informações destes trabalhos será apresentada na próxima seção.

4. Resultados

Com o objetivo de identificar soluções inovadoras para os desafios no diagnóstico da LVC, a busca por trabalhos retornou dez artigos que utilizam técnicas de VC e ML, aplicadas a imagens de microscopia, para auxiliar no diagnóstico. A seguir, são apresentados os artigos e suas contribuições para o diagnóstico da LVC.

4.1. Deep Learning (DL) e Visão Computacional Aplicados à LVC

O estudo de [Sadeghi et al. 2024] apresentou o LeishFuNet, um modelo de DL para detectar Leishmaniose em imagens microscópicas. Utilizando aprendizado de transferência, foi treinado inicialmente em um conjunto de dados de COVID-19 e depois ajustado com 292 imagens. Os resultados tiveram uma acurácia de 98,95%, sensibilidade de 100% e especificidade de 98%, além de ser interpretável pela técnica Grad-CAM. [Ferreira et al. 2022] explorou algoritmos de ML para classificar casos de LVC a partir de dados clínicos de 340 cães. O modelo de Regressão Logística obteve 75% de acurácia e demonstrou potencial para triagem inicial da doença. A análise das variáveis mostrou que características como lesões cutâneas e secreção ocular foram determinantes para a classificação correta.

Journal: www.tandfonline.com, ScienceDirect: www.sciencedirect.com, Lilac: lilacs.bvsalud.org, Scielo: www.scielo.org, ACM: dl.acm.org, IEEE Explorer: ieeexplore.ieee.org

4.2. Deep Learning e Visão Computacional Aplicados a Vetores ou Patógenos Relacionados

A aplicação de técnicas de DL na identificação de espécies de flebotomíneos foi explorada por [Cannet et al. 2023], que propôs o uso de Padrões Interferenciais de Asa (WIPs) para classificação taxonômica. O método alcançou uma precisão superior a 77% na identificação de famílias, gêneros, subgêneros e espécies, dispensando a necessidade de dissecação ou inspeção de órgãos internos. Com um banco de dados de 1.673 imagens de WIPs, incluindo espécimes de laboratório e coletados em campo. No campo da parasitologia veterinária, [Nagamori et al. 2020] avaliou o sistema VETSCAN IMAGYST, que combina técnicas de preparação de amostras fecais com um algoritmo de DL para detectar parasitas em cães e gatos. Testado em 100 amostras, o sistema apresentou coeficientes de correlação de Pearson entre 0,83 e 0,99 para parasitas como *Ancylostoma*, *Toxocara*, *Trichuris* e *Taeniidae*, com sensibilidade variando de 75,8% a 100% e especificidade entre 91,8% e 100%. O processo completo, da preparação à análise, levou de 10 a 14 minutos.

4.3. Espectroscopia e Aprendizado de Máquina para Diagnóstico de LVC

O trabalho de [Coelho et al. 2023] explorou o uso da espectroscopia UV e ML para o diagnóstico da LVC a partir da análise do soro sanguíneo canino. O estudo focou na interação antígeno-anticorpo, buscando identificar padrões espectrais para diferenciar amostras positivas e negativas de *Leishmania infantum*. Os espectros UV na faixa de 220 a 280 nm revelaram duas bandas principais em 206 nm e 224 nm, com nove bandas eletrônicas adicionais após a interação antígeno-anticorpo. No entanto, a similaridade entre os espectros de cães positivos e negativos limitou a diferenciação direta, indicando a necessidade de refinamentos metodológicos. Outra estratégia para o diagnóstico da LVC foi proposta no estudo de [Larios et al. 2021], que utilizou espectroscopia no infravermelho com transformada de Fourier (FTIR), e ML. Foram analisados soros sanguíneos de 20 cães não infectados, 20 infectados por *Leishmania infantum* e 8 infectados por *Trypanosoma evansi*. A aplicação de análise de componentes principais (PCA) e técnicas de ML permitiu alcançar uma precisão de 85% na classificação dos grupos. Essa abordagem mostrou-se promissora, superando limitações de métodos sorológicos tradicionais.

4.4. Técnicas Avançadas de Diagnóstico e Inovações Tecnológicas

O diagnóstico de doenças negligenciadas tem se beneficiado de avanços, como o desenvolvimento de novos reagentes, estratégias de amplificação de sinais e tecnologias inovadoras. Um exemplo é o uso de testes de diagnóstico rápido (RDTs) para a detecção de *Leishmania infantum* em cães, que, segundo [Costa and Santos 2022], demonstrou alta sensibilidade e especificidade em estudos multicêntricos. Além disso, o estudo destaca o potencial de biossensores eletroquímicos baseados em materiais bidimensionais, como o disseleneto de molibdênio (MoSe₂) e o disseleneto de tungstênio (WSe₂), que podem ser integrados a dispositivos portáteis, como smartphones, para diagnósticos rápidos e confiáveis. Embora inicialmente aplicadas a outras doenças, essas tecnologias têm potencial para serem adaptadas ao diagnóstico da LVC, especialmente em regiões endêmicas.

O ML também tem desempenhado um papel crucial na gestão de doenças zoonóticas, conforme destacado por [Guo et al. 2023]. O ML é capaz de analisar grandes volumes de dados, como fatores ambientais, padrões de migração animal e comportamento humano, para prever surtos e identificar áreas de risco. Além disso, sua aplicação

no diagnóstico precoce, por meio da análise de imagens médicas, dados genéticos e registros clínicos, tem-se mostrado promissora para detectar infecções em estágios iniciais. O estudo também aborda o uso de redes neurais e algoritmos de ML para prever períodos de incubação e identificar biomarcadores, como no caso do COVID-19. Essas aplicações podem ser adaptadas para a LVC, permitindo um diagnóstico mais rápido e preciso.

Por fim, [Khanal et al. 2024] revisam técnicas para a detecção de patógenos transmitidos pelo sangue, com ênfase em biossensores e tecnologias microfluídicas. Os biossensores se destacam por sua sensibilidade, precisão e capacidade de fornecer resultados rápidos, superando métodos tradicionais como PCR e ELISA. A revisão sugere que a integração de diferentes abordagens de biossensoriamento pode levar ao desenvolvimento de dispositivos portáteis e de baixo custo para a detecção de patógenos. Essa tecnologia tem potencial para ser adaptada ao diagnóstico da LVC, especialmente em ambientes com infraestrutura limitada, onde a detecção precoce é vital para o controle da doença.

4.5. Aprendizado de Máquina Aplicado a Outros Patógenos

A metodologia de [Marangoni-Ghoreyshi et al. 2023] embora não diretamente relacionada à LVC, pode ser adaptada para seu diagnóstico. O estudo utilizou espectroscopia FTIR e ML para identificar cepas multirresistentes de *E. coli* em amostras fecais de bezerros, combinando DA, SVM e RFE para aprimorar a classificação, alcançando 88,5% de acurácia em validação cruzada e 75% em validação externa. A FTIR, associada ao ML, pode analisar fluidos biológicos de cães infectados por *Leishmania infantum*, permitindo um diagnóstico rápido e não invasivo. Embora não substitua o diagnóstico parasitológico e seja afetada por baixa carga parasitária, é útil em regiões com infraestrutura limitada.

5. Desafios e Direções da Pesquisa

A aplicação de técnicas de VC e ML para o diagnóstico da LVC tem mostrado avanços significativos, mas ainda enfrenta desafios importantes que precisam ser superados para garantir sua efetividade e adoção em larga escala. Embora a automação e a ML possam contribuir para melhorar a acurácia diagnóstica e otimizar os processos, a aplicação prática dessas tecnologias enfrenta diversas limitações. Dentre os principais desafios identificados na literatura, destacam-se as lacunas no uso de imagens do exame parasitológico direto da medula óssea, a construção de bases de dados públicas e padronizadas, as dificuldades relacionadas ao pré-processamento de imagens, os vieses introduzidos em conjuntos de dados pequenos e as limitações dos modelos de DL no diagnóstico parasitológico. A seguir, discutem-se esses desafios e as direções futuras para superar tais obstáculos.

Um desafio no diagnóstico da LVC é a escassez de estudos que utilizem imagens de exame parasitológico direto da medula óssea, que é a fonte padrão-ouro para detectar os parasitas da doença. A dificuldade em obter essas amostras, junto à complexidade na preparação e análise, limita seu uso em modelos diagnósticos, que geralmente se concentram em amostras sanguíneas. A análise microscópica da medula óssea poderia fornecer uma visão mais precisa da carga parasitária, permitindo diferenciar estágios da infecção e identificar co-infecções. A falta de uso dessas imagens impede que modelos de ML atinjam seu potencial na detecção precoce e quantificação da infecção. Técnicas avançadas de VC podem superar essa lacuna e devem ser investigadas em estudos futuros.

Outro desafio identificado na literatura é a falta de bases de dados públicas e padronizadas para o treinamento de modelos de ML. A maioria dos estudos revisados

utiliza conjuntos de dados próprios e restritos, o que dificulta a reprodutibilidade e a generalização dos resultados. Por exemplo, o estudo de [Sadeghi et al. 2024], que utilizou 292 imagens microscópicas, limita a robustez do modelo de DL, prejudicando sua aplicação em diferentes cenários e com novos dados. Além disso, conjuntos de dados pequenos podem causar viés e *overfitting*, já que os modelos tendem a aprender características específicas do conjunto de treinamento, sem conseguir generalizar para novas amostras, o que pode comprometer a precisão do diagnóstico. Para mitigar esse problema, podem ser usadas técnicas como *data augmentation*, que aumentam a diversidade dos dados com transformações nas imagens, e *transfer learning*, que adapta modelos pré-treinados com grandes bases de dados para tarefas específicas. Essas abordagens melhoram a capacidade de generalização dos modelos, mesmo com dados limitados.

A construção de bases de dados amplas, diversificadas e de acesso público é essencial para o desenvolvimento de modelos de IA robustos, permitindo sua avaliação em diferentes contextos. Essas bases devem ser bem anotadas, com informações sobre a origem, tipo de infecção e estágio da doença, o que facilita a criação de modelos mais precisos e confiáveis. Para fortalecer a criação de bancos de dados públicos, é importante explorar estratégias como colaborações com laboratórios em regiões endêmicas ou iniciativas como o BioImage Archive, além da adoção de padrões como DICOM para garantir a reprodutibilidade e facilitar a integração de dados. Portanto, a criação de bases de dados acessíveis deve ser uma prioridade nas pesquisas futuras, promovendo a comparação entre diferentes abordagens e impulsionando o avanço contínuo das tecnologias de diagnóstico.

Outra etapa importante é a qualidade e a padronização do pré-processamento das imagens microscópicas. A qualidade das imagens microscópicas pode variar significativamente devido a fatores como tipo de coloração, iluminação e resolução do equipamento utilizado, o que torna a automação e a padronização desse processo um ponto crítico. Atualmente, muitos estudos ainda dependem de ajustes manuais que podem introduzir viés nos resultados e dificultar a escalabilidade das soluções. Para superar esse desafio, é necessário investir no desenvolvimento de algoritmos automatizados capazes de corrigir variações nas imagens. O estudo de [Cannet et al. 2023], que aplicou segmentação automática em imagens, mostrou que técnicas avançadas de segmentação podem aumentar significativamente a precisão e eficiência da análise. Abordagens similares podem ser utilizadas para melhorar a detecção e quantificação dos parasitas da LVC em imagens microscópicas, possibilitando um diagnóstico mais rápido e menos suscetível a erros.

Embora o uso de modelos de DL tenha mostrado grande potencial para automatizar o diagnóstico da LVC, como no caso do LeishFuNet que alcançou uma acurácia de 98,95% no diagnóstico, esses modelos ainda enfrentam limitações significativas. A maioria dos estudos se concentra apenas em determinar a presença ou ausência do parasita nas amostras, mas a LVC é uma doença complexa, e um diagnóstico completo deve incluir a quantificação da carga parasitária, a diferenciação entre estágios da infecção e a identificação de co-infecções. A ampliação das tarefas realizadas pelos modelos de DL é vital para um diagnóstico preciso. Outro aspecto importante a ser considerado é a explicabilidade dos modelos de DL. Embora os modelos de DL sejam eficazes, eles raramente têm explicabilidade, o que dificulta o entendimento dos profissionais da saúde sobre como as decisões são tomadas. Para que essas tecnologias sejam aceitas na prática clínica, é fundamental que os modelos se tornem interpretáveis. Técnicas como Grad-

CAM, para visualização de áreas de ativação nas imagens, são promissoras, mas ainda é necessário integrar a explicabilidade à detecção de características específicas, como a quantificação da carga parasitária e a identificação de diferentes estágios da infecção.

As direções futuras da pesquisa devem focar no desenvolvimento de soluções para superar as lacunas e os desafios mencionados. A integração das imagens de medula óssea com as tecnologias de IA e VC representa uma área promissora para transformar o diagnóstico da LVC. A utilização de modelos de IA treinados com grandes bases de dados, de imagens parasitológicas de esfregaço da medula óssea, pode resultar em diagnósticos mais eficientes. Além disso, a melhoria das técnicas de pré-processamento de imagens, e o desenvolvimento de modelos de DL capazes de realizar diagnósticos complexos, como a quantificação da carga parasitária, deve ser uma prioridade nas próximas pesquisas. A combinação de técnicas avançadas de ML e a criação de protocolos padronizados para a coleta e análise de amostras permitirá que os modelos de IA se tornem ferramentas confiáveis na prática clínica, mesmo em regiões com infraestrutura limitada.

6. Conclusão

A aplicação de VC mostrou avanços no diagnóstico da LVC, melhorando a precisão, a automação e a eficiência no processo diagnóstico. No entanto, a revisão revela que importantes lacunas persistem, especialmente no uso de imagens do exame parasitológico direto da medula óssea, que fornece informações importantes sobre a carga parasitária e o estágio da infecção. A escassez de estudos que explorem essa abordagem limita a aplicabilidade clínica e a sofisticação dos modelos de IA. Além disso, a ausência de bases de dados públicas padronizadas compromete a reprodutibilidade dos estudos. Também é necessário quantificar a carga parasitária e diferenciar estágios da infecção, aspectos importantes para um diagnóstico mais completo. Levando esses aspectos em consideração, pode ser interessante explorar abordagens como redes neurais *attention-based*, que podem aumentar a explicabilidade dos modelos. Superando essas limitações, é possível desenvolver soluções mais precisas e rápidas, com grande potencial para transformar o diagnóstico e o controle da doença, especialmente em regiões endêmicas.

Referências

- [Álvaro 2022] Álvaro, C. I. L. S. (2022). Relatório de estágio e monografia intitulada "leishmaniose canina: Sintomas e tratamentos". Master's thesis.
- [Baneth 2006] Baneth, G. (2006). Leishmaniose. In *Greene: Doenças infecciosas do cão e do gato*, pages 685–698. Saunders Elsevier, Saint Louis, 3^a edition.
- [Barbieri 2006] Barbieri, C. L. (2006). Immunology of canine leishmaniasis. *Parasite Immunol.*, 28(7):329–337.
- [Bermejo Rodriguez et al. 2019] Bermejo Rodriguez, A., Ruiz Giardin, J., Garcia Martinez, J., San Martin Lopez, J., Castaneda de la Mata, A., Lopez Lacomba, D., Jaqueti Aroca, J., and Walter, S. (2019). Diagnostic model of visceral leishmaniasis based on bone marrow findings. study of patients with clinical suspicion in which the parasite is not observed. *European Journal of Internal Medicine*, 69:42–49.
- [Campino and Maia 2010] Campino, L. and Maia, C. (2010). Epidemiologia das leishmanioses em portugal. *Acta medica portuguesa*, 23(5):859–64.

- [Cannet et al. 2023] Cannet, A., Simon-Chane, C., Histace, A., Akhoundi, M., Romain, O., Souchaud, M., Jacob, P., Sereno, D., Volf, P., Dvorak, V., and Sereno, D. (2023). Species identification of phlebotomine sandflies using deep learning and wing interferential pattern (wip). *Scientific Reports*, 13(1):21389.
- [Chen 2016] Chen, C. H. (2016). *Handbook of Pattern Recognition and Computer Vision*. World Scientific, 5th edition.
- [Coelho et al. 2023] Coelho, M., França, T., Fontoura Mateus, N., da Costa Lima Junior, M., Cena, C., and do Nascimento Ramos, C. (2023). Canine visceral leishmaniasis diagnosis by uv spectroscopy of blood serum and machine learning algorithms. *Photodiagnosis and Photodynamic Therapy*, 42:103575.
- [Costa and Santos 2022] Costa, A. and Santos, J. (2022). Editorial: New strategies and technologies enabling point of care diagnosis of neglected or tropical diseases. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 12:1089088.
- [e Silva et al. 2016] e Silva, R. R. V., de Araujo, F. H. D., dos Santos, L. M. R., Veras, R. M. S., and de Medeiros, F. N. (2016). Optic disc detection in retinal images using algorithms committee with weighted voting. *IEEE Latin America Transactions*, 14(5):2446–2454.
- [Elmahallawy et al. 2014] Elmahallawy, E., Martínez, A., Rodríguez-Granger, J., Hoyos-Mallecot, Y., Agil, A., Mari, J., and Fernández, J. (2014). Diagnosis of leishmaniasis. *The Journal of Infection in Developing Countries*, 8(08):961–972.
- [Faria and de Andrade 2012] Faria, A. R. and de Andrade, H. M. (2012). Diagnóstico da leishmaniose visceral canina: grandes avanços tecnológicos e baixa aplicação prática. *Revista Pan-Amazônica de Saúde*, 3(2):11–11.
- [Ferreira et al. 2022] Ferreira, T., Santana, E., Jacob Junior, A., Silva Junior, P., Bastos, L., Silva, A., Melo, S., Cruz, C., Aquino, V., Castro, L., Lima, G., and Freire, R. (2022). Diagnostic classification of cases of canine leishmaniasis using machine learning. *Sensors*, 22(9):3128.
- [Gonçalves et al. 2023] Gonçalves, C., Borges, A., Rodrigues, A., Andrade, N., Lemus, M., Aguiar, B., and Silva, R. (2023). Computer vision in automatic visceral leishmaniasis diagnosis: a survey. *IEEE Latin America Transactions*, 21(2):310–319.
- [Gonçalves et al. 2022] Gonçalves, C. d. A., Borges, A. L., Dias, V. B. L., de Andrade, N. B., Aguiar, B. G. A., and Negligenciados, P. (2022). Método automático para detecção de leishmaniose visceral em humanos.
- [Gontijo and Melo 2004] Gontijo, C. M. and Melo, M. N. (2004). Leishmaniose visceral no brasil: quadro atual, desafios e perspectivas. *Revista Brasileira de Epidemiologia*, 7(3):338–349.
- [Guo et al. 2023] Guo, W., Lv, C., Guo, M., Zhao, Q., Yin, X., and Zhang, L. (2023). Innovative applications of artificial intelligence in zoonotic disease management. *Scientific One Health*, 2:100045.
- [Ivănescu et al. 2023] Ivănescu, L., Andronic, B. L., Grigore-Hristodorescu, S., Martinescu, G. V., Mîndru, R., and Miron, L. (2023). The immune response in canine and human

- leishmaniasis and how this influences the diagnosis-a review and assessment of recent research. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 13.
- [Khanal et al. 2024] Khanal, S., Pillai, M., Biswas, D., Torequl Islam, M., Verma, R., Kuca, K., Kumar, D., Najmi, A., Zoghebi, K., Khalid, A., and Mohan, S. (2024). A paradigm shift in the detection of bloodborne pathogens: conventional approaches to recent detection techniques. *EXCLI Journal*, 23:1245–1275.
- [Kitchenham 2004] Kitchenham, B. (2004). Procedures for performing systematic reviews. *Keele, UK, Keele University*, 33(2004):1–26.
- [Kumar and Nylén 2012] Kumar, R. and Nylén, S. (2012). Immunobiology of visceral leishmaniasis. *Frontiers in immunology*, 3:251.
- [Laraia et al. 2018] Laraia, A. C., Santana, K., and Donato, L. E. (2018). Avaliação da resposta de anticorpos vacinais em animais vacinados contra leishmaniose visceral canina. *Programa de Iniciação Científica-PIC/UniCEUB-Relatórios de Pesquisa*, 4(1).
- [Larios et al. 2021] Larios, G., Ribeiro, M., Arruda, C., Oliveira, S. L., Canassa, T., Baker, M. J., Marangoni, B., Ramos, C., and Cena, C. (2021). A new strategy for canine visceral leishmaniasis diagnosis based on ftir spectroscopy and machine learning. *Journal of Biophotonics*, 14(11):e202100141.
- [Lebedev et al. 2018] Lebedev, G., Klimenko, H., Kachkovskiy, S., Konushin, V., Ryabkov, I., and Gromov, A. (2018). Application of artificial intelligence methods to recognize pathologies on medical images. *Elsevier B.V.*, 126:1171–1177.
- [Marangoni-Ghoreyshi et al. 2023] Marangoni-Ghoreyshi, Y., Franca, T., Esteves, J., Maranni, A., Pereira Portes, K., Cena, C., and Leal, C. (2023). Multi-resistant diarrheagenic escherichia coli identified by ftir and machine learning: a feasible strategy to improve the group classification. *RSC Advances*, 13(36):24909–24917.
- [Nagamori et al. 2020] Nagamori, Y., Hall Sedlak, R., DeRosa, A., Pullins, A., Cree, T., Loenser, M., Larson, B., Smith, R., and Goldstein, R. (2020). Evaluation of the vetscan imagyst: an in-clinic canine and feline fecal parasite detection system integrated with a deep learning algorithm. *Parasites & Vectors*, 13(1):346.
- [Nixon and Aguado 2019] Nixon, M. and Aguado, A. (2019). *Feature Extraction and Image Processing for Computer Vision*. Academic Press, 4th edition.
- [Organização Mundial da Saúde] Organização Mundial da Saúde. Leishmaniose. Acessado em 11 de janeiro de 2024.
- [Pan American Health Organization] Pan American Health Organization. Visceral leishmaniasis. <https://www.paho.org/en/topics/leishmaniasis/visceral-leishmaniasis>. Acessado em 11 de janeiro de 2024.
- [Parker 2010] Parker, J. (2010). *Algorithms for Image Processing and Computer Vision*. Wiley Publishing, 2nd edition.
- [Reithinger and Dujardin 2007] Reithinger, R. and Dujardin, J. (2007). Molecular diagnosis of leishmaniasis: current status and future applications. *Journal of Clinical Microbiology*, 45:21–25.
- [Sadeghi et al. 2024] Sadeghi, A., Sadeghi, M., Fakhar, M., Zakariaei, Z., Sadeghi, M., and Bastani, R. (2024). A deep learning-based model for detecting leishmania amastigotes

- in microscopic slides: a new approach to telemedicine. *BMC Infectious Diseases*, 24(1):551.
- [Sakkas et al. 2016] Sakkas, H., Gartzonika, C., and Levidiotou, S. (2016). Laboratory diagnosis of human visceral leishmaniasis. *Journal of Vector Borne Diseases*, 53(1):8.
- [Salazar et al. 2019] Salazar, J., Vera, M., Huérfino, Y., Vera, M., Gelvez-Almeida, E., and Valbuena, O. (2019). Semi-automatic detection of the evolutionary forms of visceral leishmaniasis in microscopic blood smears. *Journal of Physics: Conference Series*, 1386:012135.
- [Santos et al. 2021] Santos, T. T. O., Ramos, F. F., Gonçalves, I. A. P., Tavares, G. S. V., Ludolf, F., Bandeira, R. S., et al. (2021). Potential of recombinant lihyq, a novel *Leishmania infantum* protein, for the diagnosis of canine visceral leishmaniasis and as a diagnostic and prognostic marker for human leishmaniasis and human immunodeficiency virus co-infection: A preliminary study. *Acta Tropica*, 224:106126.
- [Scherer 2020] Scherer, R. (2020). *Computer Vision Methods for Fast Image Classification and Retrieval*. Springer Cham, 1st edition.
- [Silva et al. 2019] Silva, R. R., Araujo, F. H., Ushizima, D. M., Bianchi, A. G., Carneiro, C. M., and Medeiros, F. N. (2019). Radial feature descriptors for cell classification and recommendation. *Journal of Visual Communication and Image Representation*, 62:105–116.
- [Silva 2007] Silva, S. (2007). *Avaliação clínica e laboratorial de cães naturalmente infectados por Leishmania (Leishmania) chagasi (cunha & chagas, 1937), submetidos a um protocolo terapêutico em clínica veterinária de Belo Horizonte*. Dissertação, Universidade Federal de Minas Gerais, Setor de Parasitologia, Belo Horizonte (MG).
- [Solano-Gallego et al. 2000] Solano-Gallego, L., Llull, J., Ramos, G., Riera, C., Arboix, M., Alberola, J., and et al. (2000). The ibizian hound presents a predominantly cellular immune response against natural leishmania infection. *Veterinary Parasitology*, 90(1–2):37–45.
- [Srividya et al. 2012] Srividya, G., Kulshrestha, A., Singh, R., and Salotra, P. (2012). Diagnosis of visceral leishmaniasis: developments over the last decade. *Parasitology Research*, 110(3):1065–1078.
- [Sundar and Rai 2002] Sundar, S. and Rai, M. (2002). Laboratory diagnosis of visceral leishmaniasis. *Clinical and Vaccine Immunology*, 9(5):951–958.
- [Sundar and Singh 2018] Sundar, S. and Singh, O. (2018). Molecular diagnosis of visceral leishmaniasis. *Molecular Diagnosis & Therapy*, 22(4):443–457.
- [Thakur et al. 2020] Thakur, S., Joshi, J., and Kaur, S. (2020). Leishmaniasis diagnosis: an update on the use of parasitological, immunological and molecular methods. *J. Parasit Dis.*, 44(2):253–272.
- [WHO 2010] WHO, E. C. (2010). Control of the leishmaniasis. *World Health Organ Tech Rep Ser*, 949:22–26.
- [Zhang 2010] Zhang, B. (2010). Computer vision vs. human vision. In *9th IEEE International Conference on Cognitive Informatics (ICCI'10)*, pages 3–3.