



# Deteção de Leishmânia usando Machine Learning

**EDUARDO JOSÉ SECA MONTEIRO**

Setembro de 2025

# **Deteção de Leishmânia usando Machine Learning**

**Eduardo José Seca Monteiro**

**Dissertação para obtenção do Grau de Mestre em  
Engenharia Informática, Área de Especialização em  
Jogos, Sistemas Gráficos e Interativos**

**Orientadora: Doutora Elsa Ferreira Gomes**

**Coorientador: Doutor Marcelo Nogueira**



# Declaração de Integridade

Declaro ter conduzido este trabalho académico com integridade.

Não plagiei ou apliquei qualquer forma de uso indevido de informações ou falsificação de resultados ao longo do processo que levou à sua elaboração.

Portanto, o trabalho apresentado neste documento é original e de minha autoria, não tendo sido utilizado anteriormente para nenhum outro fim.

Declaro ainda que tenho pleno conhecimento do Código de Conduta Ética do P.PORTO.

ISEP, Porto, 29 de setembro de 2025



# Dedicatória

À minha família, pelo amor e apoio contínuo, e à Kate, que deixa saudades eternas.



# Resumo

A Leishmaniose é uma doença tropical negligenciada, causada por parasitas protozoários, que infetam maioritariamente as populações mais pobres do mundo. Globalmente, há cerca de 700.000 a 1 milhão de novos casos de Leishmaniose humana por ano. Devido às alterações climáticas e a viagens com companhias caninas para regiões endémicas, está-se a identificar, respetivamente, uma expansão para norte do habitat do parasita, e o surgimento da doença em locais não endémicos no norte da Europa.

O objetivo principal deste trabalho é desenvolver um modelo baseado em *machine learning* capaz de identificar Leishmânia em imagens microscópicas, facilitando a deteção automática da Leishmaniose *in vitro*. Pretende-se também comparar esta abordagem com as existentes no estado da arte. O trabalho engloba a procura de conjunto de dados relevantes, o pré-processamento, tratamento de dados, arquitetura de modelos, e a sua otimização. O modelo com melhores resultados alcançou uma *accuracy* de 98%, um valor de *loss* de 0.06, e um *f1-score* de 0.98 no conjunto de teste.

**Palavras-chave:** Leishmânia, Promastigotas, Aprendizagem por Transferência, Rede Neuronal Convolucional, Classificação de Imagens, Imagens Microscópicas



# Abstract

Leishmaniasis is a neglected tropical disease caused by protozoan parasites, which mainly infect the world's poorest populations. Globally, there are approximately 700.000 to 1 million new cases of human Leishmaniasis each year. Due to climate change and travel with dogs to endemic regions, it is being identified, respectively, that the parasite's habitat is expanding northwards, and the disease is emerging in non-endemic locations in northern Europe.

The main objective of this work is to develop a machine learning-based model capable of identifying Leishmania in microscopic images, facilitating the automatic detection of Leishmaniasis in vitro. We also aim to compare this approach with existing state-of-the-art approaches. The work encompasses the search for relevant datasets, pre-processing, data treatment, model architecture, and optimisation. The model with the best results achieved an accuracy value of 98%, a loss value of 0.06, and an f1-score of 0.98 in the test set.

**Keywords:** Leishmania, Promastigotes, Convolutional Neural Network, Transfer Learning, Image Classification, Microscopic Images



# Agradecimentos

Gostaria de expressar a minha total gratidão a todos aqueles que me apoiaram durante o percurso académico e durante o desenvolvimento da dissertação.

À minha orientadora, Doutora Elsa Ferreira Gomes, e ao meu coorientador, Doutor Marcelo Nogueira, pela sua orientação, disponibilidade e compreensão. Foram um pilar fundamental para o desenvolvimento deste trabalho.

Ao meu irmão, pais, avós, e família, pelo apoio e amor incondicionais, bem como todos os sacrifícios. Acompanharam-me toda a minha vida e sempre serão a base de todas as minhas conquistas.

Aos meus amigos e colegas, pelo apoio, compreensão e boa disposição, e que tornam os desafios académicos, profissionais e pessoais mais fáceis de enfrentar.

Aos que hoje já não se encontram entre nós, mas que eternamente terão um lugar especial no meu coração, e cuja memória, humana ou animal, estará sempre presente.



# Índice

<b>1</b>	<b>Introdução</b>	<b>1</b>
1.1	Contexto e Descrição do Problema	1
1.2	Objetivos	3
1.3	Estrutura do documento	3
<b>2</b>	<b>Revisão Literária</b>	<b>5</b>
2.1	Leishmaniose	5
2.1.1	Ciclo de vida	7
2.1.2	Promastigotas	8
2.1.3	Amastigotas	8
2.2	Machine Learning	9
2.2.1	Deep Learning (DP)	10
2.2.2	Redes Neurais Convolucionais (CNN)	11
2.2.3	Camada Convolucional	11
2.2.4	Camada de Agrupamento (Pooling)	12
2.2.5	Camada Totalmente Conectada (Fully Connected / Dense)	13
2.2.6	Transfer Learning (TL)	13
<b>3</b>	<b>Estado da Arte</b>	<b>15</b>
3.1	Questões de Investigação	15
3.2	Pesquisa e análise de artigos	16
3.3	Pesquisa e análise de conjuntos de dados	18
3.4	Conclusão	20
<b>4</b>	<b>Arquitetura e Implementação</b>	<b>21</b>
4.1	Tecnologias e recursos	21
4.2	Conjunto de dados escolhido	22
4.3	Pré-processamento de dados	24
4.4	Tratamento de dados	25
4.4.1	Adaptação das classes do dataset	25
4.4.2	Divisão do dataset	26
4.4.3	Aumento de dados	27
4.5	Modelos	28
4.5.1	Abordagem A - Modelo CNN de raiz	29
4.5.2	Abordagem B - Modelo baseado em MobileNetV2	29
4.6	Otimização de Hiperparâmetros	30
<b>5</b>	<b>Resultados</b>	<b>31</b>
5.1	Abordagem A	31

5.2	Abordagem B.....	35
5.3	Comparação entre modelos.....	39
<b>6</b>	<b>Conclusão e Trabalho Futuro.....</b>	<b>41</b>
6.1	Conclusão .....	41
6.2	Trabalho futuro.....	42



# Lista de Figuras

Figura 1 - Situação endêmica da Leishmaniose cutânea em 2023 (WHO, 2023 B).....	2
Figura 2 – Ferida aberta provocada por Leishmaniose cutânea (MSD, 2023) .....	5
Figura 3 – Leishmaniose canina (Qualittas, 2023).....	6
Figura 4 – Ciclo de vida da Leishmânia (CDC, 2019).....	7
Figura 5 – Promastigotas de Leishmânia em cultura (coloração de Giemsa) (MedCMU, 2019) .	8
Figura 6 - Amastigotas de <i>Leishmania infantum</i> (indicados pelas setas vermelhas) num macrófago de líquido aspirado do baço de um cão clinicamente infetado (barra = 10µm), ampliação de 100x em óleo (C. Petersen, 2020).....	9
Figura 7 – Ilustração simplificada de um nó (neurónio artificial).....	10
Figura 8 – Estrutura de uma rede neuronal convolucional (C. Jorge, 2024).....	11
Figura 9 - <i>Kernel</i> de 3x3 pixéis numa camada convolucional (C. Jorge, 2024).....	12
Figura 10 – <i>Pooling</i> máximo (esquerda) e <i>pooling</i> médio (direita) (C. Jorge, 2024).....	13
Figura 11 – Imagem da classe Leishmânia .....	22
Figura 12 – Imagem da classe Plasmódio.....	23
Figura 13 - Imagem da classe Tricomónade .....	23
Figura 14 - Imagem da classe Tripanossoma.....	23
Figura 15 – Abordagem A: arquitetura do modelo e número de parâmetros.....	32
Figura 16 – Abordagem A: evolução de <i>accuracy</i> ao longo dos <i>epochs</i> .....	32
Figura 17 - Abordagem A: evolução de <i>loss</i> ao longo dos <i>epochs</i> .....	33
Figura 18 - Abordagem A: matriz de confusão .....	34
Figura 19 - Abordagem A: <i>ROC curve</i> .....	35
Figura 20 - Abordagem B: camadas adicionadas à arquitetura de MobileNetV2 e número de parâmetros .....	36
Figura 21 - Abordagem B: evolução de <i>accuracy</i> ao longo dos <i>epochs</i> .....	36
Figura 22 - Abordagem B: evolução de <i>loss</i> ao longo dos <i>epochs</i> .....	37
Figura 23 - Abordagem B: matriz de confusão .....	38
Figura 24 - Abordagem B: <i>ROC curve</i> .....	39



# Lista de Tabelas

Tabela 1 – Resumo das abordagens e resultados dos artigos.....	17
Tabela 2 - Resumo dos conjuntos de dados.....	19
Tabela 3 – Classes, natureza, e número de imagens do <i>dataset</i> escolhido.....	22
Tabela 4 – Abordagem A: hiperparâmetros ideais.....	31
Tabela 5 – Abordagem A: relatório de classificação.....	34
Tabela 6 – Abordagem B: hiperparâmetros ideais.....	35
Tabela 7 - Abordagem B: relatório de classificação.....	38
Tabela 8 – Comparação dos resultados das abordagens.....	39
Tabela 9 – Repositórios de informação utilizados.....	50
Tabela 10 – Frases de pesquisa usadas em cada repositório de informação.....	51



# Acrónimos e Símbolos

## Lista de Acrónimos

<b>ADN</b>	Ácido DesoxirriboNucleico
<b>AUC</b>	<i>Area Under the (ROC) Curve</i>
<b>CNN</b>	<i>Convolutional Neural Network</i>
<b>DL</b>	<i>Deep Learning</i>
<b>GPU</b>	<i>Graphics Processing Unit</i>
<b>IPP</b>	Instituto Politécnico do Porto
<b>ISEP</b>	Instituto Superior de Engenharia do Porto
<b>MAP</b>	<i>Mean Average Precision</i>
<b>ML</b>	<i>Machine Learning</i>
<b>ROC</b>	<i>Receiver Operating Characteristic</i>
<b>SIDA</b>	Síndrome da ImunoDeficiência Adquirida
<b>SVM</b>	<i>Support Vector Machine</i>
<b>TL</b>	<i>Transfer Learning</i>
<b>UE</b>	União Europeia
<b>URL</b>	<i>Uniform Resource Locator</i>
<b>WHO</b>	<i>World Health Organization</i>

## Lista de Símbolos

$\mu\text{m}$	Micrómetro
---------------	------------





# 1 Introdução

Esta dissertação, desenvolvida para o Mestrado em Engenharia de Software no Instituto Superior de Engenharia do Porto (ISEP), começa com uma breve contextualização e descrição do problema, estabelecendo a base para o estudo. De seguida, são delineados os principais objetivos do trabalho, e a estrutura da dissertação.

## 1.1 Contexto e Descrição do Problema

Segundo a *World Health Organization* (WHO) (WHO, 2023 A), a Leishmaniose é uma doença tropical negligenciada, causada por parasitas protozoários, que infetam maioritariamente as populações mais pobres do mundo em países na Ásia, África, Médio Oriente e América Central e do Sul. Embora haja apenas alguns casos na América do Norte e Europa todos os anos, em todo o mundo há cerca de 700.000 a 1 milhão de novos casos de Leishmaniose humana.

O parasita Leishmânia é transmitida por fêmeas infetadas da família de insetos flebotomíneos (WHO, 2023 A), e pode infetar, além de humanos, cães e outros mamíferos. A Leishmânia canina afeta milhões de cães e é endémica na América do Sul e na zona do Mediterrâneo (M. Almeida, 2022).

A maioria dos casos humanos de Leishmaniose visceral são registados no Brasil, Índia, e na região do Corno de África (WHO, 2023 A). É, portanto, responsável por um número substancial de mortes humanas em todo o mundo, emergindo assim como uma das doenças parasitárias mais fatais.

A Figura 1 mostra, a vermelho, os países onde a Leishmaniose é endémica, e a rosa, os países com casos reportados anteriormente, em 2023.



Figura 1 - Situação endémica da Leishmaniose cutânea em 2023 (WHO, 2023 B)

Como se pode observar na Figura 1, a Leishmaniose é uma doença endémica em Portugal. Os cães são os hospedeiros reservatórios do parasita no país, cuja prevalência quase duplicou entre 2009 e 2021, passando de 6,31% para 12,5% (M. Almeida, 2022).

Na restante região do mediterrâneo, a Leishmaniose canina também tem uma incidência muito mais elevada do que a Leishmaniose humana (L. Gradoni, 2017). Adicionalmente, devido às alterações climáticas e a viagens com companhias caninas para regiões endémicas, está-se a identificar, respetivamente, uma expansão para norte do habitat do parasita (E. A. Le Rutte, 2021) e o aparecimento da doença em locais não endémicos no norte da Europa (C. Maia, 2015)

Estas observações tornam-se ainda mais preocupantes, quando se tem em conta que os cães também são os principais hospedeiros do parasita e reservatórios da Leishmaniose visceral humana, uma doença fatal se não for tratada (M. Almeida, 2022). Apesar da transmissão direta entre cão e humano nunca ter sido reportada, um inseto transmissor é suficiente para transferir a doença.

Os métodos convencionais empregados para deteção do parasita Leishmânia através de microscopia não são apenas demorados, mas também suscetíveis a erros - devido à dificuldade do diagnóstico, na Amazônia, a microscopia deteta 1 em cada 2 casos, enquanto no Pacífico, deteta 3 em cada 4 casos (Bezemer JM, 2023).

## 1.2 Objetivos

O objetivo principal deste trabalho é desenvolver um modelo baseado em *Machine Learning* (ML) capaz de identificar Leishmânia em imagens microscópicas, facilitando a detecção automática da Leishmaniose *in vitro*. Pretende-se também comparar esta abordagem com as existentes no estado da arte.

Para alcançar este objetivo, existem questões a explorar no estado da arte: quais os *datasets* que estão disponíveis para uso neste trabalho, e que se enquadram na detecção de Leishmânia em imagens microscópicas; quais são as abordagens existentes para a detecção da Leishmânia, quais as medidas de avaliação usadas e quais são os seus resultados.

Na secção de Considerações Éticas, presente no Apêndice A, foram reconhecidos o Código de boas práticas e de conduta do Instituto Politécnico do Porto (IPP, 2020) e o Código de Ética e Deontologia Profissional da Ordem dos Engenheiros (Ordem dos Engenheiros, 2016), tal como o Regulamento Europeu da Inteligência Artificial (UE, 2024), da União Europeia (EU). Os objetivos deste trabalho não entram em conflito com essas considerações éticas.

## 1.3 Estrutura do documento

Este documento está dividido em 6 capítulos: Introdução, Revisão Literária, Estado da Arte, Arquitetura e Implementação, Resultados e Conclusão e Trabalho Futuro.

A introdução pretende providenciar contexto e apresentar o problema, os objetivos, e a estrutura do documento. A revisão literária apresenta os principais conceitos teóricos necessários para acompanhar os restantes capítulos. Devido ao tema desta dissertação, esses conceitos são a Leishmaniose e *machine learning*. No estado da arte, são delineadas as questões de investigação, e é iniciada uma pesquisa e análise de artigos e de conjuntos de dados, que são comparados entre si de forma a analisar as melhores abordagens para o trabalho, tal como o melhor conjunto de dados a utilizar para o mesmo.

O capítulo de arquitetura e implementação refere as tecnologias e recursos utilizados, tal como os processos de pré-processamento, tratamento e aumento de dados, bem como a definição das arquiteturas e a otimização dos modelos. No capítulo de resultados apresentam-se os hiperparâmetros otimizados e os resultados obtidos em cada abordagem, e é realizada uma comparação entre as métricas obtidas nas abordagens adotadas.

A conclusão e trabalho futuro indica as conclusões retiradas da dissertação de acordo com a percentagem de alcance dos objetivos delineados na introdução. São também identificadas melhorias para futuras iterações de projetos nesta área. No fim do documento, é possível ver as referências usadas na dissertação, tal como os apêndices com conteúdos que suportam o resto da dissertação.



## 2 Revisão Literária

Este capítulo apresenta a revisão da literatura relevante à dissertação. Inicialmente, são descritos os principais aspectos médicos e biológicos da Leishmaniose, incluindo o seu ciclo de vida e as formas parasitárias de promastigotas e amastigotas, estados evolutivos da Leishmânia, fundamentais para a compreensão do problema em questão.

De seguida, é abordado o tema de *machine learning*, com foco em *deep learning*, redes neuronais convolucionais (CNN), *transfer learning* (TL), e as camadas convolucionais, de agrupamento, e totalmente conectas. Estes são os conceitos que compõem a base teórica necessária para o objetivo proposto.

### 2.1 Leishmaniose

A Leishmaniose é causada por diferentes espécies de Leishmânia, e estas podem causar diferentes efeitos no hospedeiro. A Leishmaniose cutânea, apresentada na Figura 2, provoca lesões na pele (superficiais e indolores) de tamanhos variados e que, apesar de poderem persistir durante meses ou anos, acabam por sarar (M. Chelsea, 2022 B).



Figura 2 – Ferida aberta provocada por Leishmaniose cutânea (MSD, 2023)

A Leishmaniose mucosa afeta os tecidos do nariz, boca e garganta e pode causar a mutilação dos mesmos, podendo ser necessário uma reconstrução plástica após o tratamento da Leishmaniose. A Leishmaniose visceral causa febre irregular e falência de órgãos, incluindo o fígado, o baço e a medula óssea, tendo por isso alta mortalidade em pacientes não tratados (M. Chelsea, 2022 B).

Na Figura 3, apresenta-se um caso de Leishmaniose (mucosa ou visceral) canina.

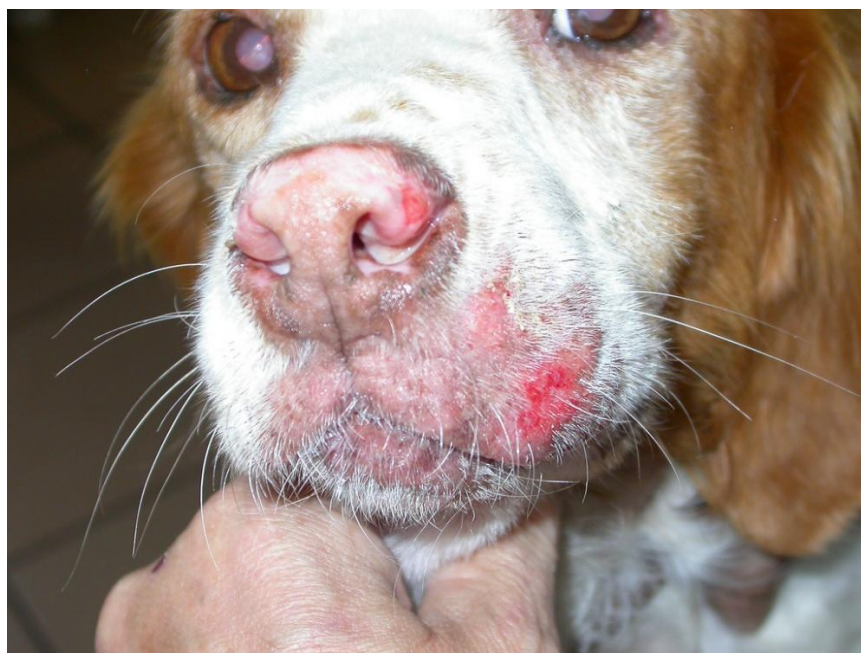


Figura 3 – Leishmaniose canina (Qualittas, 2023)

O diagnóstico da doença é feito através de testes de ácido desoxirribonucleico (ADN) em amostras de tecido infetado, testes ao sangue (apenas em Leishmaniose visceral) e examinações microscópicas de amostras de tecido infetadas com amastigotas (M. Chelsea, 2022 B).

A determinação de zonas endêmicas e a expansão ou retrocesso geográfico do parasita também é muito importante. Este tipo de estudo é possível a partir da colheita de insetos possivelmente portadores do parasita (flebotomíneos fêmea), que são posteriormente dissecados e examinados microscopicamente para a identificação de promastigotas Leishmânia (M. Yaghoobi-Ershadi, 2010).

Testes de sangue podem por vezes ser ineficazes, particularmente em indivíduos com um sistema imunitário enfraquecido, como é o caso de pacientes com síndrome da imunodeficiência adquirida (SIDA) (M. Chelsea, 2022 B).

### 2.1.1 Ciclo de vida

A Figura 4 abaixo apresenta e descreve o ciclo de vida da parasita Leishmânia dividido em 8 fases (CDC, 2019).

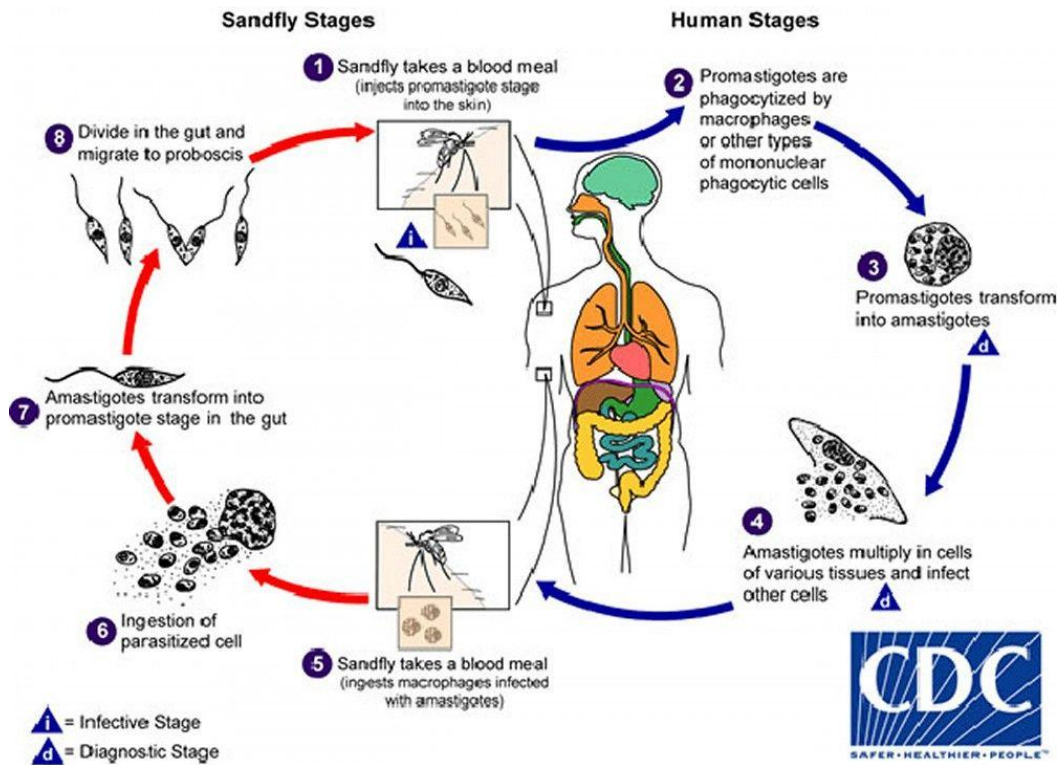


Figura 4 – Ciclo de vida da Leishmânia (CDC, 2019)

- **1:** Quando o inseto (flebotomíneos fêmeas infetadas) se alimenta do sangue, este injeta promastigotas a partir do seu aparelho bucal, chamado probóscide.
- **2:** Os promastigotas transferidos para o hospedeiro são absorvidos por macrófagos (um tipo de célula mononuclear).
- **3:** Nestas células, as promastigotas transformam-se em amastigotas.
- **4:** Os amastigotas multiplicam-se e infetam outras células.
- **5-6:** Uma nova picada ocorre, pelo que o inseto é infetado através da ingestão de macrófagos infetados com amastigotas.
- **7:** No intestino do inseto, estes amastigotas ingeridos transformam-se em promastigotas.
- **8:** Ainda no intestino, estes multiplicam-se, desenvolvem-se e migram de volta à probóscide, recomeçando assim o ciclo.

Os amastigotas de Leishmânia que queremos identificar em imagens microscópicas, com a ajuda de ML, são precisamente os presentes em macrófagos durante a fase 3 e 4 do ciclo de vida da Leishmânia apresentado acima.

### 2.1.2 Promastigotas

As promastigotas são células alongadas de comprimento variável, e uma das suas características mais reconhecíveis é o flagelo que possuem na extremidade anterior, visível na Figura 5. O flagelo é tão ou mais longo que o comprimento do corpo, e o seu movimento rotativo impulsiona a célula para a frente. O flagelo, às vezes, alarga-se na extremidade distal para se fixar à parede intestinal do inseto. (K.-P. Chang, 2014)

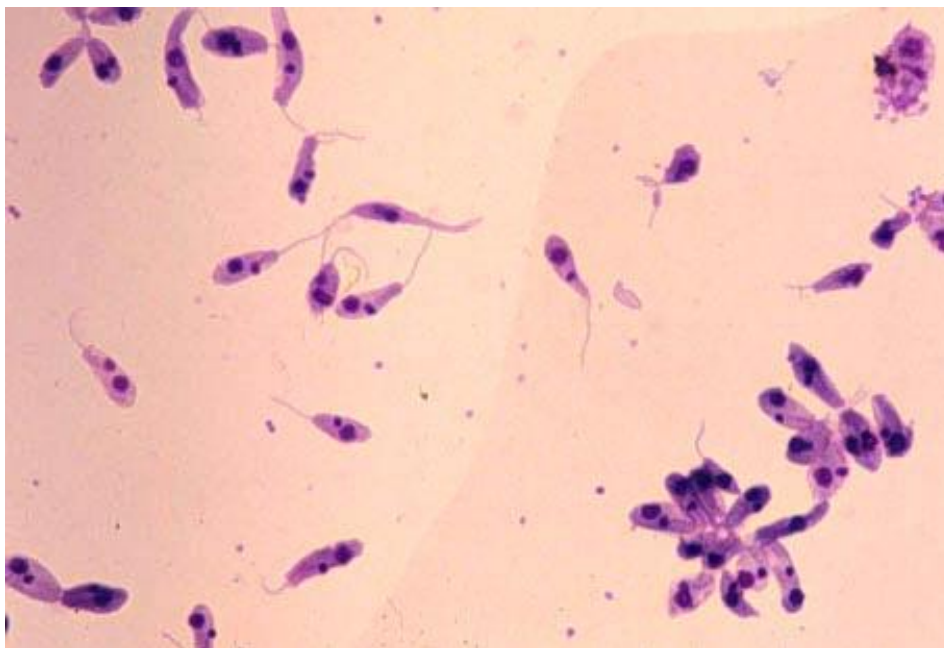


Figura 5 – Promastigotas de Leishmânia em cultura (coloração de Giemsa) (MedCMU, 2019)

A forma promastigota é mais fácil de manusear, mas tem uma limitação - o facto de possuir diferenças metabólicas quando comparada com a sua forma amastigota. Isto torna o desenvolvimento de medicação mais difícil visto que as duas formas vão ter, naturalmente, respostas diferentes aos medicamentos. No entanto, a forma amastigota também oferece as suas próprias dificuldades para avaliar a eficácia dos medicamentos, visto que é difícil cultivá-la extracelularmente (C. Paulo, 2001).

### 2.1.3 Amastigotas

Após a transmissão da infeção pelos flebotomíneos fêmea, as promastigotas são absorvidas pelos macrófagos do hospedeiro e transformam-se em amastigotas. Após a infeção do hospedeiro, a Leishmaniose pode manter-se superficial, espalhar-se para a mucosa da nasofaringe ou entrar na medula óssea, no baço, no fígado, ou outros órgãos, resultando nos três diferentes tipos de Leishmaniose mencionadas anteriormente: Cutânea, Mucosa e Visceral (M. Chelsea, 2022 A).

Como é possível observar na Figura 6 abaixo, os amastigotas de *Leishmania infantum* são circulares, medem entre 1 a 5 $\mu$ m (micrómetro) de comprimento e 1 a 2 $\mu$ m de largura, e possuem um núcleo grande, normalmente visível em microscópio. Os amastigotas residem nos macrófagos do hospedeiro e podem ser encontrados em todo o corpo (CDC, 2019).

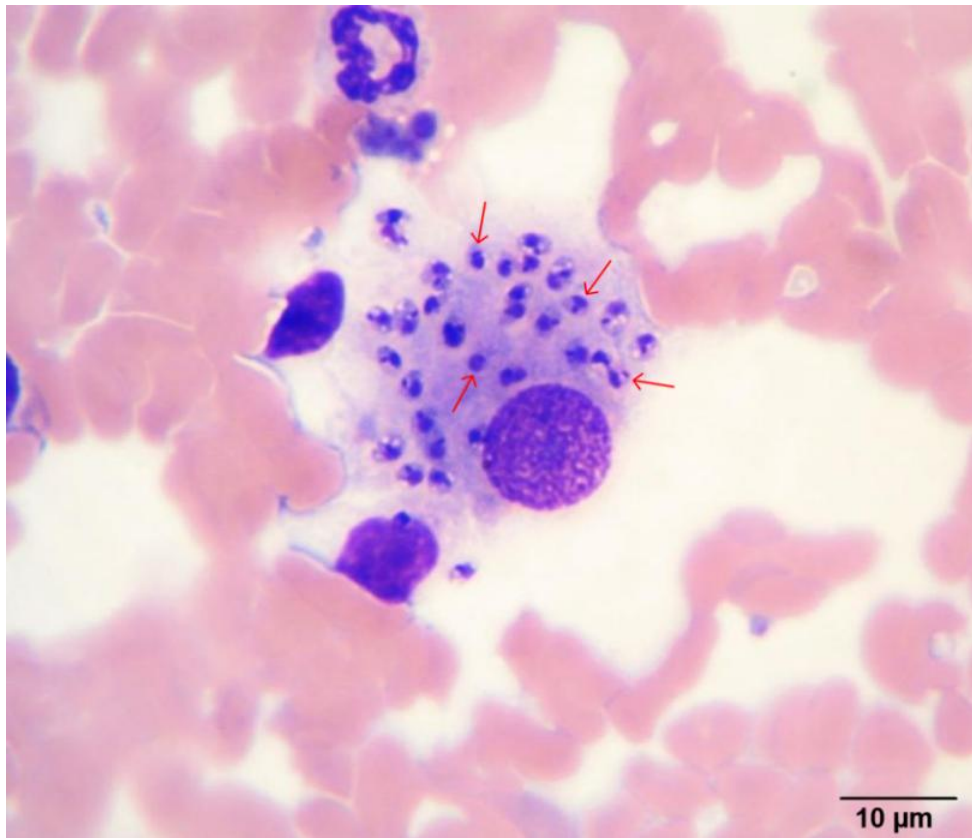


Figura 6 - Amastigotas de *Leishmania infantum* (indicados pelas setas vermelhas) num macrófago de líquido aspirado do baço de um cão clinicamente infetado (barra = 10 $\mu$ m), ampliação de 100x em óleo (C. Petersen, 2020)

## 2.2 Machine Learning

Os modelos de aprendizagem automática (ou *Machine Learning*, em inglês) têm a capacidade de, a partir de grandes conjuntos de dados, aprender com eles, e eventualmente identificar padrões nos dados. Independentemente do objetivo, modelos de ML têm a capacidade de aprender e ganhar experiência em tarefas muito mais rapidamente que um humano, isto porque o número de cenários e quantidade de informação que conseguem processar pode facilmente superar o que um único indivíduo conseguiria durante toda a sua vida. Um exemplo desta afirmação é dado no livro "*Machine Learning*", de Ethem Alpaydin (E. Alpaydin, 2021), onde um modelo de ML, chamado AlphaGo e treinado para jogar o jogo de tabuleiro Go, derrotou o campeão mundial Lee Se-dol em 2016.

A utilização de ML na saúde tem imenso potencial, nomeadamente, o seu uso para o diagnóstico de doenças e previsão de resultados tem mostrado que ML consegue ser eficaz e eficiente numa área considerada extremamente sensível e importante – tendo já conseguido igualar a *accuracy* de profissionais em alguns casos (J. Sidey-Gibbons, 2019).

### 2.2.1 Deep Learning (DP)

*Deep Learning* (ou aprendizagem profunda, em português), é um tipo de modelo de ML que usa redes neuronais multicamada e tem como inspiração a forma de processamento do cérebro humano (I.H. Sarker, 2021). Redes neuronais são compostas por um grande número de nós conectados entre si, que acabam por simular neurónios (I.H. Sarker, 2021). Na Figura 7 apresenta-se uma ilustração simplificada de um nó (neurónio artificial).

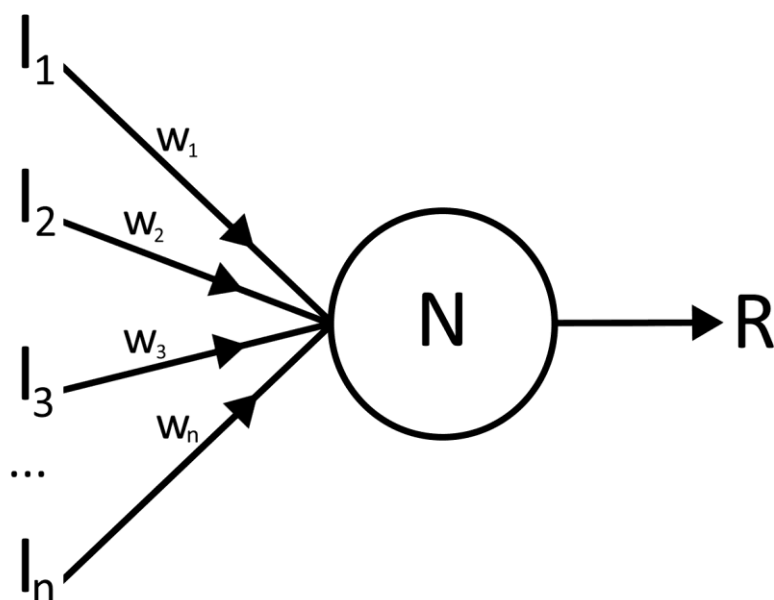


Figura 7 – Ilustração simplificada de um nó (neurónio artificial)

Resumidamente, os neurónios artificiais (N) recebem inputs (I), provenientes dos dados de entrada ou de outros nós da rede que já processaram a informação e que estão diretamente conectados. Estas conexões, além de transportar a informação entre nós, também têm pesos associados ( $w$ ) que indicam a sua importância. Desta forma, cada neurónio recebe, juntamente com o peso, informação de várias conexões, aplica funções para processar os dados, e finalmente envia o resultado (R) aos próximos neurónios com que está conectado (J. Jao, 2023). Através de várias tentativas e experimentação na variação dos pesos, a rede consegue aperfeiçoar lentamente os seus resultados (J. Jao, 2023).

## 2.2.2 Redes Neurais Convolucionais (CNN)

As redes neurais convolucionais (ou *Convolutional Neural Networks*, em inglês), um tipo de modelo de *deep learning*, são tipicamente utilizadas em tarefas de classificação, e são compostas maioritariamente por três camadas: a camada convolucional, de agrupamento (*pooling*), e totalmente conectadas (*fully connected/dense*) (H. Gholamalizadeh, 2020).

Na Figura 8, apresenta-se um exemplo de uma rede neuronal convolucional, que amplia esse conceito com uma arquitetura especializada particularmente eficaz para a análise de imagens (IBM, 2025). A sua estrutura é construída com base em três tipos principais de camadas: convolucionais, de agrupamento e totalmente conectadas.

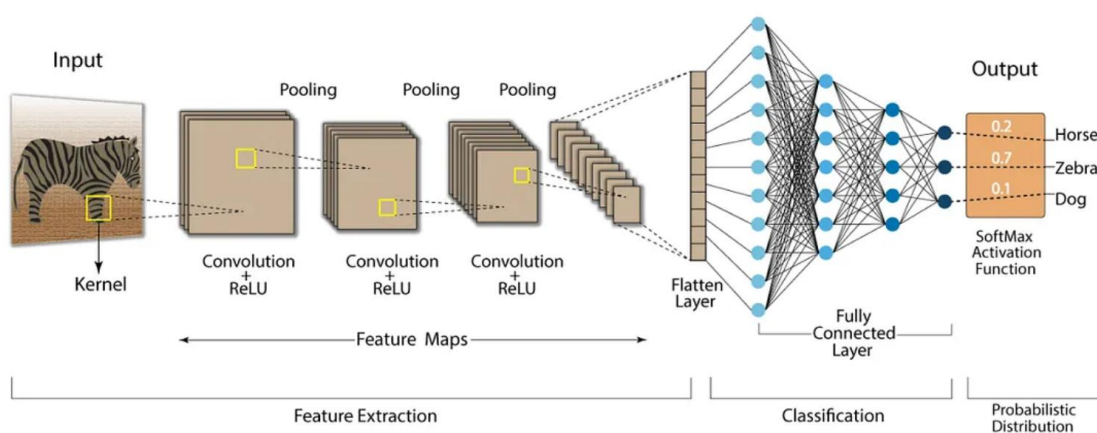


Figura 8 – Estrutura de uma rede neuronal convolucional (C. Jorge, 2024)

A arquitetura típica de uma rede neuronal convolucional é estruturada por uma série de etapas. As primeiras etapas costumam ser compostas pela combinação de duas camadas: a camada convolucionais e de *pooling* (Y. LeCun, 2015).

As camadas convolucionais geram *feature maps* que extraem padrões visuais fundamentais, as camadas de agrupamento (*pooling*) condensam a informação, preservando os detalhes mais relevantes, e nas etapas finais, as camadas totalmente conectadas usam essas características para formar a classificação final (H. Gholamalizadeh, 2020).

## 2.2.3 Camada Convolucional

A camada convolucional é o componente mais importante de uma rede neuronal convolucional, e é responsável por extrair padrões visuais dos dados da imagem. A camada aplica pequenos filtros, denominados *kernels*, a toda a imagem de entrada. Estes filtros deslizam ao longo da imagem de forma a detetar características locais. Cada filtro calcula produtos escalares com os valores de *input* e os seus pesos, dentro da sua área de interesse.

Estes cálculos, que a Figura 9 pretende representar, convertem os pixéis da imagem original em representações numéricas que destacam a existência e localização de características específicas dentro da imagem (L. Alzubaidi, 2021).

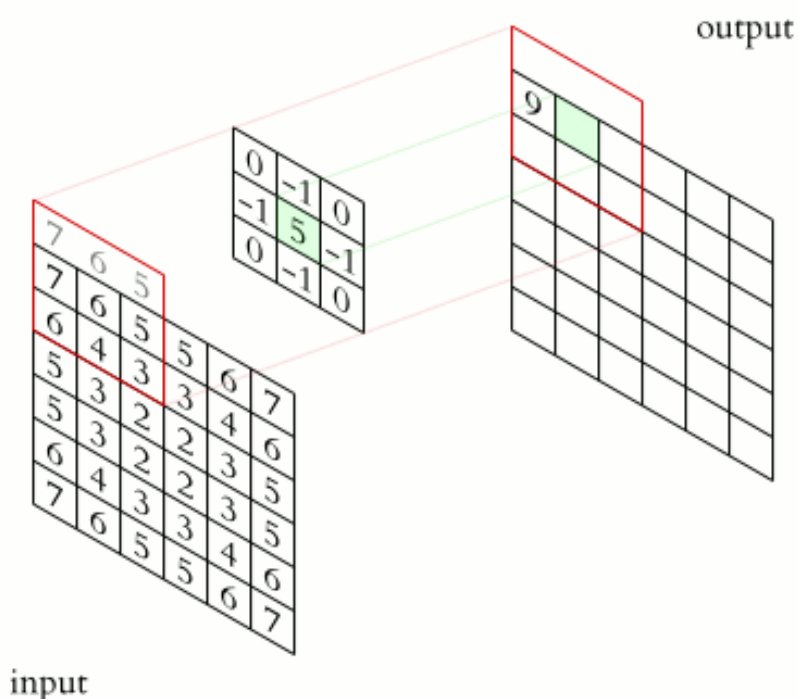


Figura 9 - Kernel de 3x3 pixéis numa camada convolucional (C. Jorge, 2024)

Quando várias camadas convolucionais são empilhadas, a rede desenvolve uma representação hierárquica dos dados. As camadas iniciais capturam características de baixo nível, como arestas ou texturas simples, enquanto as camadas mais profundas combinam progressivamente esses elementos em estruturas de nível superior, como componentes de objetos (Y. LeCun, 2015).

### 2.2.4 Camada de Agrupamento (Pooling)

As camadas de *pooling* são um componente essencial das redes neuronais convolucionais que ajudam a reduzir a dimensão dos dados - o que reduz o número de parâmetros ou pesos e ajuda a diminuir a carga computacional - e reduzir o risco de *overfitting* (sobreajuste, em português) do modelo (H. Gholamalinezhad, 2020).

Devido a estas qualidades, é costume usar a camada de *pooling* entre camadas convolucionais (P. Purwono, 2023). Para alcançar estes objetivos, este tipo de camada usa filtros com uma determinada área (*kernels*), e aplica operações de *down sampling* aos valores de forma a extrair as informações mais relevantes (H. Gholamalinezhad, 2020).

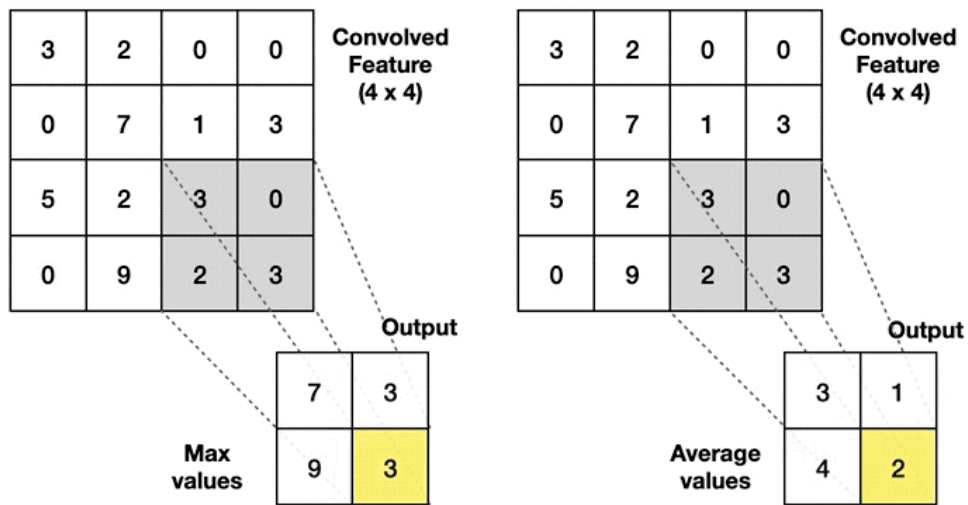


Figura 10 – *Pooling* máximo (esquerda) e *pooling* médio (direita) (C. Jorge, 2024)

As duas abordagens mais comuns, e ilustradas na Figura 10, são o *pooling* (agrupamento) máximo, que seleciona o valor mais alto dentro de cada área do filtro, e o *pooling* médio, que calcula o valor médio de todos os valores dentro do filtro (M. Sun, 2017). O *pooling* máximo é geralmente preferido na prática devido à sua melhor eficácia (P. Prono, 2023).

### 2.2.5 Camada Totalmente Conectada (Fully Connected / Dense)

A camada totalmente conectada é encontrada nas etapas finais de uma arquitetura CNN, e estabelece conexões completas entre todos os nós da camada e todos os nós da camada anterior, e da camada seguinte (K. O’Shea, 2015).

Estas camadas devem operar em dados com formato unidimensional, portanto, o uso de uma camada *flatten* (que torna o *output* unidimensional) é uma etapa necessária para a transição entre camadas convolucionais ou de agrupamento, para a camada totalmente conectada (H. Gholamalinezhad, 2020).

Em modelos de classificação binária, a última camada é uma camada totalmente conectada com um único nó, e aplica-se a função de ativação sigmoid, que retorna um valor entre 0 e 1 (P. Purwono, 2023).

### 2.2.6 Transfer Learning (TL)

Tal como redes neurais têm como base o funcionamento do cérebro humano, o *transfer learning* (ou aprendizagem por transferência, em português) tem como base outra vertente humana - a capacidade de, a partir de conhecimento aprendido e utilizado para uma função, conseguir ajustar esse conhecimento para realizar outra tarefa. (S.J. Pan, 2010).

Estas transferências de conhecimento podem ter diferentes níveis de complexidade – um jogador de ténis consegue, em poucos minutos de treino, aplicar e ajustar (com esforço moderado) o seu conhecimento do desporto para jogar padel; e um condutor português consegue, com esforço mínimo, conduzir no reino unido, onde se conduz do lado esquerdo da estrada.

Na área de ML, TL refere-se a utilizar modelos já existentes, com pesos pré-treinados – especialmente modelos treinados em conjuntos de dados grandes e genéricos - como base para um novo modelo (G. Vrbančič, 2020). O estudo “*Transfer learning for medical image classification: a literature review*” (H.E. Kim 2022), que reviu mais de 400 artigos revistos por pares, recomendou o uso de TL e conclui que a revisão demonstrou a sua eficácia, mesmo quando eram usados conjuntos de dados mais pequenos.

## 3 Estado da Arte

No estado da arte, pretende-se analisar as principais abordagens utilizadas nos trabalhos mais recentes sobre a deteção de Leishmânia em imagens microscópicas, tal como os resultados alcançados e os conjuntos de dados utilizados nesses trabalhos.

Antes dessa análise, são definidas as questões de investigação, os repositórios de informação a pesquisar, os termos de pesquisa, tal como os critérios de elegibilidade, de forma a identificar os artigos científicos mais relevantes. Após a análise e comparação dos resultados e *datasets*, é finalmente escolhido um conjunto de dados para este projeto, tal como as abordagens a usar.

As secções “Repositórios de Informação”, “Termos de Pesquisa”, e “Critérios de Elegibilidade” encontram-se no Apêndice B.

### 3.1 Questões de Investigação

Tendo em conta o problema e as questões a explorar no estado da arte, mencionadas na secção 1.2 Objetivos, as questões deste estudo do estado da arte são as seguintes:

- **Q1:** Quais são as abordagens mais utilizadas para a deteção de Leishmânia em imagens microscópicas e os seus resultados?
- **Q2:** Dos *datasets* encontrados, qual o mais adequado para o desenvolvimento deste trabalho, de forma a concluir mais positivamente os objetivos delineados?

## 3.2 Pesquisa e análise de artigos

Os repositórios de informação, R1 a R4 - identificados na secção “Repositórios de Informação” do Apêndice B – foram explorados de acordo com os termos de pesquisa e critérios de elegibilidade identificados nas secções presentes no mesmo apêndice, de forma a responder à questão de investigação Q1.

O repositório R5, também identificado em “Repositórios de Informação”, não é relevante a este subcapítulo, visto que se trata de um repositório orientado a conjuntos de dados, mas será explorado no subcapítulo seguinte.

Os repositórios R1 e R2 não apresentaram artigos relevantes para o estudo do estado da arte. Por outro lado, no repositório R3, foram encontrados quatro artigos de alto interesse, que apresentam diversas abordagens para o problema de classificação da Leishmânia em imagens microscópicas. Esses quatro artigos, apresentados na Tabela 1, são os seguintes:

O primeiro artigo (A1), com o título “*A deep learning-based model for detecting Leishmania amastigotes in microscopic slides: a new approach to telemedicine*” (A. Sadeghi, 2024), propôs a classificação binária através do uso de *same-domain transfer learning*, onde quatro modelos treinados previamente num conjunto de dados de COVID-19 são utilizados como modelos pré-treinados e é realizada *feature extraction* (extração de características), pelo que o modelo foi congelado e a cabeça de classificação substituída por camadas treinadas num conjunto de dados de imagens microscópicas de amastigotas de Leishmânia, composto por 138 imagens positivas e 154 imagens negativas. Esta abordagem alcançou uma *accuracy* de 98.95%, *specificity* de 98%, *sensitivity* de 100%, *precision* de 97.91%, *f1-score* de 98.92%, e uma *ROC Curve* de 99.

O artigo A2, “*DeepLeish: a deep learning based support system for the detection of Leishmaniasis parasite from Giemsa-stained microscope images*” (E. Tekle, 2024), optou pela finalidade de deteção de objetos (amastigotas, neste caso), em vez da classificação binária. O conjunto de dados sofreu um aumento de dados de forma a prevenir *overfitting* e melhorar a generalização do modelo treinado. Foram depois usados e ajustados os modelos Faster RCNN, SSD, and YOLOV5, e os seus resultados foram avaliados e comparados através do cálculo da *Mean Average Precision* (MAP), *precision*, e *recall* de cada modelo. O modelo YOLOV5 foi o que teve melhor desempenho, com valores de MAP de 73%.

O artigo A3, “*Enhancing parasitic organism detection in microscopy images through deep learning and fine-tuned optimizer*” (Y. Kumar, 2024), usa vários modelos de *deep learning* - VGG19, InceptionV3, ResNet50V2, ResNet152V2, EfficientNetB3, EfficientNetB0, MobileNetV2, Xception, DenseNet169, e InceptionResNetV2 – que são *fine-tuned* com três diferentes otimizadores - SGD, RMSprop e Adam. O modelo com melhor desempenho foi o InceptionResNetV2, quando otimizado com o Adam, tendo atingido 99.96% de *accuracy* e 0.13 de *loss*. Os outros modelos também apresentam resultados muito próximos. Entre esses, o MobileNetV2 destaca-se por ser uma arquitetura CNN com o objetivo de reduzir os custos computacionais sem impactar significativamente a performance do modelo. Este objetivo torna

o MobileNetV2 altamente relevante em situações ou ambientes com recursos limitados ou menos potentes.

O artigo A4, “*A machine learning-based system for detecting Leishmaniasis in microscopic images*” (M. Zare, 2022), utiliza o algoritmo Viola-Jones em combinação com Haar-like *features* e AdaBoost. Os resultados obtidos foram consideravelmente inferiores aos obtidos com *deep learning* nos restantes artigos, tendo chegado a valores de *recall* e *precision* entre os 50% e 71%.

O repositório R4 também apresentou bons resultados, e foram, portanto, destacados mais dois artigos relevantes para este estudo, também referidos na Tabela 1:

O artigo A5, “*Parasite Classification in Biomedical Imaging Utilizing Vision Mamba*” (K. C. Yurdusever, 2025), explorou três variantes do modelo Vision Mamba. A variante com melhor desempenho, Vim-Base, alcançou uma *f1-score* médio de 99.64%.

O sexto e último artigo (A6), “*A Model for Leishmaniasis Disease Classification Based on Machine Learning and Deep Learning Algorithms*” (Z. H. Muradi, 2025), estudou três abordagens diferentes: algoritmos simples de aprendizagem automática, redes neuronais convolucionais (CNN), e *transfer learning* (algoritmo VGGNet-16). Um dos algoritmos simples de aprendizagem automática, *Support Vector Machine* (SVM), acabou por superar as outras duas abordagens, o que indica que por vezes modelos mais simples podem igualar ou até superar o resultado de arquiteturas mais avançadas - algo especialmente relevante na aplicação da tecnologia em regiões com recursos computacionais mais limitados.

A Tabela 1 resume as abordagens de todos os artigos explorados neste capítulo, tal como os resultados obtidos em cada um.

Tabela 1 – Resumo das abordagens e resultados dos artigos

Artigos	Abordagem	Resultados
A1 (A. Sadeghi, 2024)	Usam <i>same-domain transfer learning</i> a partir de 4 modelos distintos (VGG19, ResNet50, MobileNetV2, DenseNet169) treinados num <i>dataset</i> de COVID19, que são depois <i>fine-tuned</i> num <i>dataset</i> de Leishmânia com classes negativas e positivas.	<i>Accuracy</i> = 98.95% <i>Specificity</i> = 98% <i>Sensitivity</i> = 100% <i>Precision</i> = 97.91% <i>F1-score</i> = 98.92% <i>ROC Curve</i> = 99
A2 (E. Tekle, 2024)	O objetivo é a deteção de objetos, e não a classificação binária. Modelos usados: <i>Fine-tuned</i> Faster RCNN, SSD, and YOLOV5	<i>Fine-tuned</i> YOLOV5, Faster RCNN e SSD, com valores MAP de 73%, 54% e 57%, respetivamente
A3 (Y. Kumar, 2024)	Modelos usados: VGG19, InceptionV3, ResNet50V2, ResNet152V2, EfficientNetB3, EfficientNetB0, MobileNetV2, Xception, DenseNet169, InceptionResNetV2	InceptionResNetV2 + Adam, com <i>accuracy</i> = 99.96% e <i>loss</i> = 0.13; outros modelos acima de 99%

A4 (M. Zare, 2022)	Algoritmo Viola-Jones + Haar-like <i>features</i> + AdaBoost	Em macrófagos infetados com Leishmânia: 65% <i>recall</i> e 50% <i>precision</i> ; Em amastigotas fora de macrófagos: 52% <i>recall</i> e 71% <i>precision</i> ;
A5 (K. C. Yurdusever, 2025)	Usam 3 variantes do modelo Vision Mamba - a melhor variante foi a Vim-Base	<i>F1-score</i> médio de 99.64%.
A6 (Z. H. Muradi, 2025)	Usam 3 modelos diferentes: <i>simple machine learning</i> (SVM e outros algoritmos), <i>convolutional neural network</i> (CNN), e <i>transfer learning</i> (algoritmo VGGNet-16)	O algoritmo <i>Support Vector Machine</i> (SVM), usado no <i>simple machine learning model</i> , superou os modelos de CNN e <i>transfer learning</i>

### 3.3 Pesquisa e análise de conjuntos de dados

O repositório de informação, R5 - identificado na secção “Repositórios de Informação” do Apêndice B - foi explorado de acordo com os termos de pesquisa e critérios de elegibilidade identificados nas secções presentes no mesmo apêndice, e de forma a responder à questão de investigação Q2.

Neste repositório foram encontrados dois conjuntos de dados relevantes para este estudo. No entanto, ambos já estão a ser utilizados nos artigos discutidos no subcapítulo anterior (A1, A3 e A5). Na Tabela 2, encontram-se os mais relevantes, que passamos a descrever.

O primeiro conjunto de dados (CD1) (A. Sadeghi, 2024), é relativamente pequeno, com apenas 292 imagens, distribuídas em duas classes, a negativa e positiva. Foi utilizado no artigo A1 (A. Sadeghi, 2024), e no artigo A6 (Z. H. Muradi, 2025). Apesar da sua pequena dimensão, a melhores métricas deste conjunto de dados rondaram os 98%.

O conjunto de dados CD2 (E. Tekle, 2024) consiste em 1852 imagens que se destinam à deteção de objetos, em vez da classificação de imagens. Foi utilizado no artigo A2 (E. Tekle, 2024), onde o modelo com melhor desempenho teve valores de MAP de 73%. Este conjunto de dados não é apropriado para o objetivo de classificação de imagens.

O conjunto de dados CD3 (Sen Li, 2020) é o maior dos conjuntos, com 34,298 imagens, e está dividido em 10 classes diferentes – Babesia, Leishmania, Leukocyte 400X, Leukocyte 1000X, Plasmodium, RBCs, Toxoplasma 400X, Toxoplasma 1000X, Trichomonad, Trypanosome. Foi utilizado nos artigos A3 (Y. Kumar, 2024) e A5 (K. C. Yurdusever, 2025), onde conseguiram alcançar métricas muito boas, tendo alcançado mais de 99% de *accuracy* em multiclassificação. Este conjunto também foi encontrado no Kaggle (A. Alrefaei, 2023), mas foi ligeiramente

modificado, de forma a juntar as diferentes magnificações de classes que são iguais em todos os outros aspetos, o que corta o número de classes de 10 para 8.

O conjunto de dados CD4 (M. Zare, 2022) é privado e pequeno, possuindo 300 imagens – 150 imagens negativas e 150 imagens positivas. Foi usado no artigo A4 (M. Zare, 2022) e os melhores resultados foram relativamente fracos quando comparado com os resultados das abordagens dos restantes artigos - *recall* igual a 52% e *precision* igual a 71%. Apesar do conjunto de dados ser privado, o seu uso seria possível através de um pedido ao autor correspondente, se solicitado de forma razoável.

Os quatro conjuntos de dados apresentam-se resumidos na Tabela 2, onde se indica, para cada um, as suas classes, o número de imagens, as melhores métricas obtidas, e outros comentários relevantes.

Tabela 2 - Resumo dos conjuntos de dados

Nome	Classes	Nº de Imagens	Melhores Métricas	Outros Comentários
CD1 (A. Sadeghi, 2024)	Positivo / Negativo	292	Resultados do artigo A1, onde as métricas rondam os 98%	- Usado no artigo A1 e A6; - <i>Dataset</i> pequeno
CD2 (E. Tekle, 2024)	Destinado à deteção de objetos	1858	<i>Mean Average Mapping</i> (MAP) de 73%	- Usado no artigo A2; - Difícilmente utilizável para classificação binária.
CD3 (Sen Li, 2020)	Leishmânia (Promastigota) + 9 outros	2701 + 31,597 (= 34,298)	Resultados do artigo A3, com métricas acima dos 99%	- Usado no artigo A3 e A5; - Nenhum dos artigos abordou a classificação binária
CD4 (M. Zare, 2022)	Positivo / Negativo	300 (150 / 150)	<i>Recall</i> igual a 52% e <i>precision</i> igual a 71%	- Usado no artigo A4; - <i>Dataset</i> pequeno - <i>Dataset</i> privado, mas disponível através do autor correspondente, se solicitado de forma razoável.

### 3.4 Conclusão

O conjunto de dados CD4 suscitou interesse, visto que, apesar de ter classes e um número de imagens idênticos ao conjunto de dados CD1, resultou em métricas significativamente piores quando comparado com as métricas do artigo A1. Por isso, aplicar as abordagens do artigo A1 no conjunto de dados CD4 poderia provar-se interessante. Contudo, apesar de ter sido enviado um pedido formal ao autor correspondente do artigo A4 via um email institucional, não foi obtida uma resposta, o que inviabilizou a utilização deste conjunto de dados.

O conjunto de dados escolhido foi o CD3, por ser o que apresenta o maior número de imagens entre os conjuntos de dados relevantes. Apesar dos resultados já elevados em outros artigos, não foi encontrado nenhum trabalho que utilizasse este conjunto de dados para a detecção da Leishmânia. Assim, a escolha do CD3 justifica-se pelo alinhamento com o objetivo principal deste trabalho: desenvolver uma abordagem de classificação binária capaz de distinguir imagens positivas de Leishmânia de imagens negativas de Leishmânia, sendo que todas as classes diferentes da Leishmânia vão ser agrupadas nesta última categoria.

Foram escolhidas duas abordagens para este trabalho: uma rede neuronal convolucional (CNN) simples, treinada de raiz especificamente para o conjunto de dados escolhido, e que serve como base de comparação com a próxima abordagem; e uma CNN baseada em MobileNetV2 (TL), que pretende aproveitar os excelentes resultados apresentados por modelos de *deep learning* pré-treinados.

Embora outras arquiteturas, como a InceptionResNetV2, tenham alcançado melhores resultados que o MobileNetV2 nos artigos analisados anteriormente, estas são computacionalmente muito mais exigentes. Como o objetivo deste trabalho é a detecção de Leishmânia em imagens microscópicas – um parasita maioritariamente encontrado nas regiões mais pobres do mundo - foi dada prioridade à redução da complexidade e do uso de recursos computacionais, mesmo que esta escolha resulte num modelo com uma performance inferior às obtidas por um modelo computacionalmente mais exigente.

Estas duas abordagens permitem comparar o desempenho de uma arquitetura de *deep learning* mais simples e específica ao conjunto de dados escolhido, com uma arquitetura mais complexa, mas que também procura ser eficaz com os recursos computacionais usados.

## 4 Arquitetura e Implementação

Neste capítulo apresentam-se as tecnologias e recursos utilizados e são introduzidos o conjunto de dados selecionado, o pré processamento efetuado, as etapas de tratamento dos dados, os modelos resultantes das abordagens escolhidas, e, finalmente, métodos de otimização.

### 4.1 Tecnologias e recursos

A implementação deste trabalho foi realizada em Python, uma linguagem frequentemente utilizada na área de *machine learning* devido à sua versatilidade, alto nível, e bibliotecas, como TensorFlow, Keras, NumPy e scikit-learn, que foram utilizadas neste trabalho (J. Sundaram, 2023).

A plataforma escolhida foi o Kaggle (Kaggle, 2025), que disponibiliza um ambiente Jupyter Notebook, facilitando o desenvolvimento e teste do código, a visualização dos resultados e a integração de código com os mesmos.

Para acelerar o tempo de execução do treino dos modelos, foi utilizado um acelerador de hardware - dois GPUs (*Graphics Processing Unit*, ou Unidade de Processamento Gráfico em português) NVIDIA T4 - disponibilizados na plataforma do Kaggle, mas com um limite de tempo semanal de 30 horas. Este acelerador é essencial para lidar com operações intensivas, típicas no treino de modelos de aprendizagem automática. Além disso, a plataforma facilita a utilização de conjuntos de dados, visto que é possível adicionar qualquer *dataset* presente na plataforma a partir de uma simples pesquisa, que é depois carregado durante o *start-up* de uma sessão. O ambiente também tem acesso à Internet, que permitiu, por exemplo, o *download* dos pesos pré-treinados da arquitetura MobileNetV2.

## 4.2 Conjunto de dados escolhido

O conjunto de dados escolhido no estado da arte, CD3, tem o nome de “*Microscopic Images of Parasites Species*” (Sen Li, 2020), e consiste de um total de 34,298 imagens microscópicas de dez classes de imagens - sete classes de parasitas e três classes de células hospedeiras.

Na plataforma Kaggle, existe uma versão ligeiramente modificada deste conjunto de dados, com o nome “*Parasite Dataset: Leishmania, Plasmodium & Babesia*” (A. Alrefaei, 2023). A única alteração foi a junção de classes que possuíam a mesma parasita ou célula, mas que foram captadas com diferentes magnificações – as classes “*Toxoplasma 400X*”, “*Toxoplasma 1000X*”, “*Leukocyte 400X*” e “*Leukocyte 1000X*”. Esta junção corta o número de classes de 10 para 8.

Na Tabela 3, apresenta-se o nome das classes, presentes no diretório do *dataset*, a tradução da classe para português, etiqueta com a natureza da mesma, e o número de imagens que contém.

Tabela 3 – Classes, natureza, e número de imagens do *dataset* escolhido

Classe	Classe (em português)	Natureza	Nº de Imagens
Plasmodium	Plasmódio	Parasita	843
Toxoplasma	Toxoplasma gondii	Parasita	6,691
Babesia	Babesia	Parasita	1,173
Leishmania	Leishmânia	Parasita	2,701
Trypanosome	Tripanossoma	Parasita	2,385
Trichomonad	Tricomónade	Parasita	10,134
RBCs	Glóbulo vermelhos	Célula hospedeira	8,995
Leukocyte	Leucócito (Glóbulo Branco)	Célula hospedeira	1,376

Na Figura 11, observa-se uma imagem da classe Leishmânia.



Figura 11 – Imagem da classe Leishmânia

Na Figura 12, é apresentada uma imagem da classe Plasmódio.

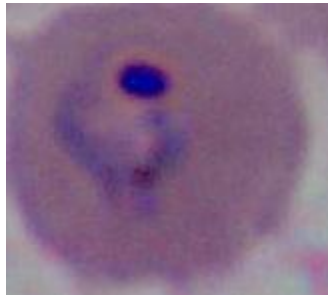


Figura 12 – Imagem da classe Plasmódio

Na Figura 13, observa-se uma imagem da classe Tricomónade.

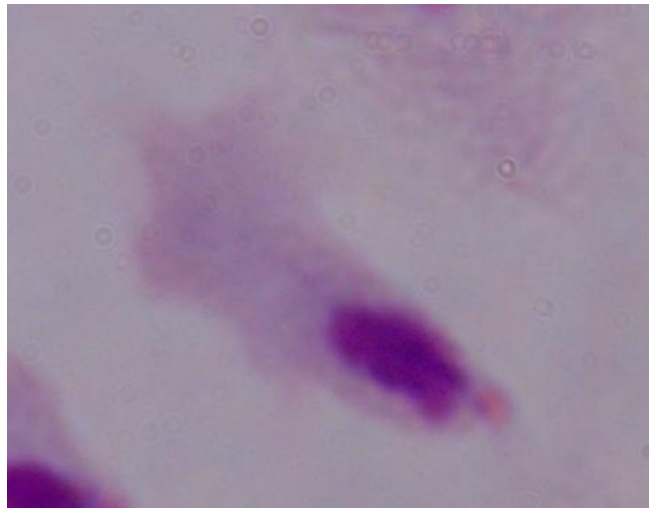


Figura 13 - Imagem da classe Tricomónade

Na Figura 14, observa-se uma imagem da classe Tripanossoma.



Figura 14 - Imagem da classe Tripanossoma

### 4.3 Pré-processamento de dados

As imagens das diferentes classes do *dataset* escolhido têm modelos de cor diferentes, e as dimensões das imagens variam mesmo dentro de cada classe, por isso foi necessário uniformizar as características das imagens de todo o *dataset*, desde a sua dimensão ao modelo de cor de todas as imagens.

O modelo de cores escolhido para o *dataset* foi o “*grayscale*” por duas razões: todas as imagens conseguem ser facilmente convertidas em imagens monocromáticas, e os modelos treinados em imagens “*grayscale*” são mais simples, visto que só têm de trabalhar com um canal de cor, ou seja, uma única *layer* de informação.

Converter as imagens todas para, por exemplo, “*RGB*”, que possui três canais de cor, permitiria ao modelo treinado neste *dataset* a fácil distinção entre imagens de diferentes classes simplesmente pelas diferenças nos canais de cor, o que tornaria qualquer modelo treinado nesse *dataset* sobre ajustado (*overfitted*) para identificar estas diferenças, em vez de outros detalhes mais importantes, como a silhueta ou características específicas ao parasita.

A escolha de “*grayscale*” também permite que os modelos treinados com este *dataset* consigam ser usados para identificar Leishmânia em qualquer imagem capturada em cenários reais de análise microscópica, visto que qualquer imagem pode ser facilmente convertida para “*grayscale*”.

Quando o modelo MobileNetV2 (A.G. Howard, 2017) – que foi pré treinado em imagens RGB - é usado, é necessário adaptar as imagens ao modelo de cores esperado pelo MobileNetV2. Por isso, as imagens são convertidas para “*RGB*” após a conversão inicial para “*grayscale*”.

O excerto de código 1 mostra a conversão das imagens para o mapa de cores e resolução definidas para o *dataset*.

```
IMAGE_SIZE = (224, 224)

(...)

for img_path in images:
    try:
        img = Image.open(img_path).convert('L') # grayscale
        img = img.resize(IMAGE_SIZE)

        if MOBILENET_MODE:
            # Convert to RGB (MobileNetV2 requires 3 channels)
            img = img.convert('RGB')

    (...)

```

Código 1 – Conversão de canais de cores e redimensionamento

O tamanho da imagem escolhido foi 224 por 224 pixels (224x224). As imagens do *dataset* escolhido variam consideravelmente, quer em resolução de pixels quer em proporção de tela, mas 224 pixels é um tamanho perto do mediano das imagens observadas. Além disso, este tamanho de imagem também foi selecionado por ser a resolução de entrada esperada pelo MobileNetV2, possibilitando o seu uso para TL.

## 4.4 Tratamento de dados

### 4.4.1 Adaptação das classes do dataset

Considerando que o objetivo é a detecção de Leishmânia em imagens microscópicas, a classe mais relevante é a da Leishmânia, que possui 2701 imagens do parasita. Esta classe é considerada essencial porque, após o pré-processamento e tratamento de dados, vai servir como a classe positiva do conjunto de dados final.

Contudo, para treinar um modelo CNN de classificação binária, é necessário um conjunto de imagens constituído por duas classes: a classe positiva – imagens do parasita Leishmânia; e a classe negativa – imagens sem a presença do parasita Leishmânia.

Se as imagens que o *dataset* fornece fossem de Leishmânia na fase amastigota, seria ideal usar como classe negativa imagens microscópicas de macrófagos saudáveis, de forma a comparar macrófagos infetados e não infetados.

No entanto, as imagens de Leishmânia presentes neste *dataset* são do parasita na sua fase promastigota (fase extracelular, em que não se encontra alojado numa célula hospede), por isso, a classe negativa pode ser um conjunto variado de imagens microscópicas, onde o único requerimento é a ausência de parasitas Leishmânia.

A classe negativa foi, portanto, construída através da mistura de todas as outras classes presentes no *dataset* escolhido, até agora inutilizadas. De forma a oferecer maior controlo sobre o peso de cada classe no conjunto negativo final, foi criada uma variável, chamada `NEGATIVE_CLASS_CONFIG`, apresentada no excerto de código 2.

```
NEGATIVE_CLASS_CONFIG = {  
    'Babesia': 0.11,  
    'Leukocyte': 0,  
    'Plasmodium': 0.11,  
    'RBCs': 0,  
    'Toxoplasma': 0.12,  
    'Trichomonad': 0.33,  
    'Trypanosome': 0.33,  
}
```

Código 2 – Variável `NEGATIVE_CLASS_CONFIG`

Esta variável indica a porcentagem da classe negativa que cada classe do *dataset* (exceto a Leishmânia) deve representar. O total da soma de todas as porcentagens tem de igualar 1 (100%), e o número total de imagens que se pretende alcançar na classe negativa é 2701, de forma a manter o equilíbrio do conjunto de dados com a classe positiva, que possui as 2701 imagens presentes na classe da Leishmânia. Como são feitos arredondamentos no cálculo de imagens que cada classe deve contribuir para o conjunto final de imagens negativas, o total pode sofrer um ligeiro desvio das 2701 imagens esperadas.

As classes *Trichomonad* e *Trypanosome* receberam maior peso na variável `NEGATIVE_CLASS_CONFIG` porque apresentam uma maior semelhança com as imagens da classe da Leishmânia, o que torna o objetivo de classificação mais desafiante e incentiva os modelos a focarem-se em padrões específicos à estrutura visual da Leishmânia (promastigota). As classes *Leukocyte* e *RBCs* têm peso 0 por serem facilmente distinguíveis.

#### 4.4.2 Divisão do dataset

O *dataset* foi também dividido em três subconjuntos: o de treino, teste e validação, que são compostos, respetivamente, por 70%, 15%, e 15% do conjunto de dados total. Esta proporção de divisão, visível no excerto de código 3, é bastante equilibrada e amplamente aceite na área de *machine learning* (M. Sivakumar, 2024).

```
SPLIT_RATIOS = (0.7, 0.15, 0.15) # train, validation, test
```

Código 3 – Variável `SPLIT_RATIOS`

Como a classe positiva só possui imagens de promastigotas de Leishmânia, a divisão em três conjuntos é simples, mas a classe negativa requer mais atenção, visto que esta é composta por várias categorias de doenças e células diferentes, categorias que possuem pesos diferentes dentro da classe negativa.

O código do tratamento de dados, apresentado parcialmente no excerto de código 4, foi concebido de forma a, categoria a categoria, adicionar as imagens aos subconjuntos de treino, teste, e validação, de acordo com as suas respetivas percentagens.

```
(...)  
  
num_pos = len(positive_images)  
  
# Negative Class  
for disease in sorted(NEGATIVE_CLASS_CONFIG):  
    limit = NEGATIVE_CLASS_CONFIG[disease]  
    folder = INPUT_DIR / disease  
    if not folder.exists() or limit == 0:  
        continue  
    images = get_image_paths(folder)
```

```

if isinstance(limit, float) and 0 < limit <= 1:
    count = int(round(num_pos * limit))
    if count > len(images):
        count = len(images)
else:
    continue # disease eq 0 will bypass

sampled_images = random.sample(images, count)

neg_train, neg_temp = train_test_split(sampled_images, test_size= (1 -
SPLIT_RATIOS[INT_TRAIN]), random_state=SEED)
neg_val, neg_test = train_test_split(neg_temp, test_size=
test_val_relative_split, random_state=SEED)

process_and_copy(neg_train, OUTPUT_DIR, STR_TRAIN, STR_NEGATIVE)
process_and_copy(neg_val, OUTPUT_DIR, STR_VAL, STR_NEGATIVE)
process_and_copy(neg_test, OUTPUT_DIR, STR_TEST, STR_NEGATIVE)

(...)

```

Código 4 – Distribuição das imagens da classe negativa

#### 4.4.3 Aumento de dados

Para aumentar a dimensão do conjunto de treino e reduzir o risco de *overfitting*, foram aplicadas técnicas de aumento de dados (C. Shorten, 2019).

No excerto de código 5, caso ROTATION\_AUGMENTATION seja igual a “True” e split seja igual a “train”, cada imagem original sofre rotações de 90, 180 e 270 graus, e cada uma dessas rotações gera uma imagem que é depois adicionada ao mesmo repositório que a imagem original, com uma ligeira alteração do nome do ficheiro, de forma a não substituir outras imagens.

```

ROTATION_AUGMENTATION = True

(...)

# Save original-rotation version
img.save(out_path)

if ROTATION_AUGMENTATION and split == STR_TRAIN:
    # Save rotated versions
    for angle in [90, 180, 270]:

        # Name and path
        rotated_name = f"{out_path.stem}_{angle}{out_path.suffix}"
        rotated_path = out_path.parent/rotated_name

        # Save rotated version
        rotated = img.rotate(angle)
        rotated.save(rotated_path)

(...)

```

Código 5 – Geração de imagens via rotação de 90, 180, 270 graus

No excerto de código 6, utilizou-se `ImageDataGenerator`, importado do Keras, que aceita argumentos que nos permite aplicar transformações como pequenas rotações aleatórias, deslocamentos horizontais e verticais, cisalhamento (*shear*), *zoom* e *flips* horizontais. Estas transformações, que são aplicadas exclusivamente sobre o subconjunto de treino, ampliam artificialmente a variabilidade do *dataset*, melhorando a capacidade de generalização dos modelos. É importante notar que este tipo de transformação não compromete o “significado” das imagens, visto que são transformações simples e que mantém as características visuais dos organismos/células.

```
# Data Augmentation (only on training)
# Common ImageDataGenerator args
idg_args = {
    "rotation_range": 15,
    "width_shift_range": 0.1,
    "height_shift_range": 0.1,
    "shear_range": 0.1,
    "zoom_range": 0.1,
    "horizontal_flip": True
}

(...)

train_datagen = ImageDataGenerator(**idg_args)

(...)
```

Código 6 – Aumento de dados via rotação, *zoom*, e outros efeitos

Se a aplicação de aumento de dados, ou a divisão entre os conjuntos de treino, teste, e validação, não for feita com cuidado, há o risco de *data leakage* (fuga de dados). Isso acontece quando imagens de um conjunto são acidentalmente usadas noutra conjunto, o que pode dar uma percepção inflacionada do desempenho do modelo (M. Sivakumar, 2024). Por exemplo, caso uma imagem artificial, proveniente do aumento de dados, entre no conjunto de validação, enquanto a imagem original está presente no conjunto de treino, o modelo poderá ver e treinar com informações presentes no conjunto de validação, o que quebra a separação essencial entre informação de treino e validação.

Para evitar isto, o aumento de dados deve ser aplicado apenas nas imagens do conjunto de treino, após a divisão do *dataset* em treino, validação e teste.

## 4.5 Modelos

Nesta secção apresentam-se os modelos desenvolvidos para este trabalho. Foram desenvolvidas duas abordagens diferentes para esta dissertação: uma CNN (rede neuronal convolucional, em português), construída de raiz e especificamente desenhada para este trabalho (Abordagem A); e uma rede neuronal convolucional baseada em MobileNetV2 (Abordagem B).

#### 4.5.1 Abordagem A - Modelo CNN de raiz

A arquitetura usada na abordagem A (um modelo CNN) foi baseada na revisão literária feita para este trabalho, e é inicialmente composta por três grupos repetidos de camadas convolucionais e de *pooling*, onde o número de filtros tem uma tendência crescente, de forma a começar por identificar características pequenas e acabar com a junção de características de menor complexidade de forma a classificar estruturas mais complexas.

Após esta etapa inicial, passa-se por uma camada *flatten*, de modo a preparar o modelo para as camadas totalmente conectadas (*fully-connected/dense*). São utilizadas duas camadas *dense*, pelo que entre elas é inserida uma camada *dropout*, de forma a reduzir o risco de *overfitting* (N. Srivastava, 2014) - algo que o uso das camadas totalmente conectadas tende a agravar. A última camada *dense* tem um único nó e utiliza a função de ativação *sigmoid* de forma a apresentar resultados de classificação binária.

#### 4.5.2 Abordagem B - Modelo baseado em MobileNetV2

Para o modelo da abordagem B, foi escolhido MobileNetV2 por ser uma arquitetura de rede neuronal convolucional amplamente utilizada em tarefas de classificação de imagens e especificamente desenhada para ser computacionalmente eficiente e por ter uma dimensão de entrada adequada para as imagens do conjunto de dados escolhido. Como referido na revisão literária (e observado nos artigos analisados no estado da arte), o uso de *transfer learning* pode melhorar significativamente o desempenho em conjuntos de dados relativamente pequenos (H.E. Kim 2022).

O modelo foi inicializado com pesos pré-treinados no ImageNet (J. Deng, 2009) e ajustado de forma a conseguir receber as imagens do *dataset*. A camada original de classificação foi removida, e as camadas convolucionais do modelo base foram congeladas de modo a treinar apenas as camadas ainda por adicionar.

As camadas convolucionais do modelo base têm os seus pesos congelados visto que já foram eficientemente pré-treinados no ImageNet. As camadas adicionais precisam de ser treinadas, uma vez que as imagens do conjunto de dados escolhido não foram utilizadas no treino deste modelo, o que resultaria numa má performance do modelo caso este não seja treinado agora com as características específicas ao novo conjunto de dados.

```
IMAGE_SHAPE = (*IMAGE_SIZE, 3) # expects RGB images (needs 3 channels)

# Load base model
base_model = MobileNetV2(
    input_shape = IMAGE_SHAPE,
    include_top = False,
    weights = 'imagenet'
)

base_model.trainable = False # Freeze base model (only train top layers)
```

Código 7 – Setup do modelo base do MobileNetV2

Depois da inicialização apresentada no excerto de código 7, são adicionadas camadas de *global average pooling*, *dropout* e *dense*.

A camada *global average pooling* age como uma camada *flatten* mais compacta e eficiente, de modo a preparar o modelo para as camadas totalmente conectadas (*fully-connected/dense*). As duas camadas *dropout* pretendem, tal como na abordagem A, reduzir o risco de *overfitting* (N. Srivastava, 2014) - algo que o uso das camadas totalmente conectadas tende a agravar.

São utilizadas duas camadas totalmente conectadas (*dense*) de forma a que o modelo se ajuste ao novo conjunto de dados, onde a última destas camadas tem um único nó e utiliza a função de ativação sigmoid de forma a apresentar resultados de classificação binária.

## 4.6 Otimização de Hiperparâmetros

Na tarefa de otimização dos hiperparâmetros, com o objetivo de obter o melhor desempenho, foi utilizada a *framework* KerasTuner (O'Malley, 2019) de forma a tentar encontrar a melhor arquitetura para as duas abordagens. Como as redes são modelos altamente parametrizáveis, a utilização deste tipo de *frameworks* para a otimização de parâmetros pode ser problemática, devido aos recursos computacionais necessários, e ao tempo necessário para esta tarefa. Tendo isto em conta, decidiu-se fazer uma otimização apenas dos hiperparâmetros que consideramos mais relevantes, na tentativa de tornar este processo o mais eficiente possível:

- Na abordagem A, foram escolhidos os tamanhos dos filtros das 3 camadas convolucionais, as unidades da camada *dense*, o *dropout rate* da camada *dropout*, e a *learning rate*.
- Na abordagem B, foram escolhidas as unidades da camada *dense*, os *dropout rates* das duas camadas *dropout*, e a *learning rate*.

O *batch size* de 32 foi escolhido visto que é recomendado e frequentemente adotado em CNNs, por equilibrar velocidade, desempenho e memória (R. Lin, 2022).

## 5 Resultados

Neste capítulo são apresentados os resultados obtidos em cada uma das abordagens adotadas. Para cada abordagem, são apresentados os melhores hiperparâmetros encontrados, a arquitetura resultante, os gráficos de *accuracy* e de *loss* do treino e validação, tal como as métricas de avaliação dos modelos, recolhidas no conjunto de teste. É ainda realizada uma comparação final das duas abordagens.

### 5.1 Abordagem A

O processo de otimização de hiperparâmetros percorreu 30 *trials* (combinações de hiperparâmetros testadas) sobre os conjuntos de treino e validação, deixando de fora o conjunto de teste, e demorou aproximadamente 2h 30m. Na Tabela 4, apresenta-se o conjunto de hiperparâmetros que obtiveram melhores resultados.

Tabela 4 – Abordagem A: hiperparâmetros ideais

Hiperparâmetro	Valor
Filtro da 1ª camada <i>Conv2D</i>	16
Filtro da 2ª camada <i>Conv2D</i>	32
Filtro da 3ª camada <i>Conv2D</i>	256
Unidades da camada <i>Dense</i>	64
<i>Dropout rate</i>	0.3
<i>Learning rate</i>	0.001

Através do uso destes hiperparâmetros, a melhor arquitetura para o modelo pretendido nesta abordagem é apresentada na Figura 15.

Model: "sequential\_1"

Layer (type)	Output Shape	Param #
conv2d_3 (Conv2D)	(None, 222, 222, 16)	160
max_pooling2d_3 (MaxPooling2D)	(None, 111, 111, 16)	0
conv2d_4 (Conv2D)	(None, 109, 109, 32)	4,640
max_pooling2d_4 (MaxPooling2D)	(None, 54, 54, 32)	0
conv2d_5 (Conv2D)	(None, 52, 52, 256)	73,984
max_pooling2d_5 (MaxPooling2D)	(None, 26, 26, 256)	0
flatten_1 (Flatten)	(None, 173056)	0
dense_2 (Dense)	(None, 64)	11,075,648
dropout_1 (Dropout)	(None, 64)	0
dense_3 (Dense)	(None, 1)	65

Total params: 11,154,497 (42.55 MB)  
 Trainable params: 11,154,497 (42.55 MB)  
 Non-trainable params: 0 (0.00 B)

Figura 15 – Abordagem A: arquitetura do modelo e número de parâmetros

Esta arquitetura foi treinada durante 50 *epochs*, o que demorou aproximadamente 45 minutos. Durante o processo de treino – que utilizou os conjuntos de treino e validação – foi aplicado um *callback* de *early stopping* para interromper o treino antecipadamente caso não se observassem melhorias adicionais de desempenho. Na Figura 16, podemos ver o progresso dos valores de *accuracy* ao longo dos *epochs* nos conjuntos de treino (linha azul) e de validação (linha laranja), tal como o *epoch* que teve a melhor *accuracy* no conjunto de validação.

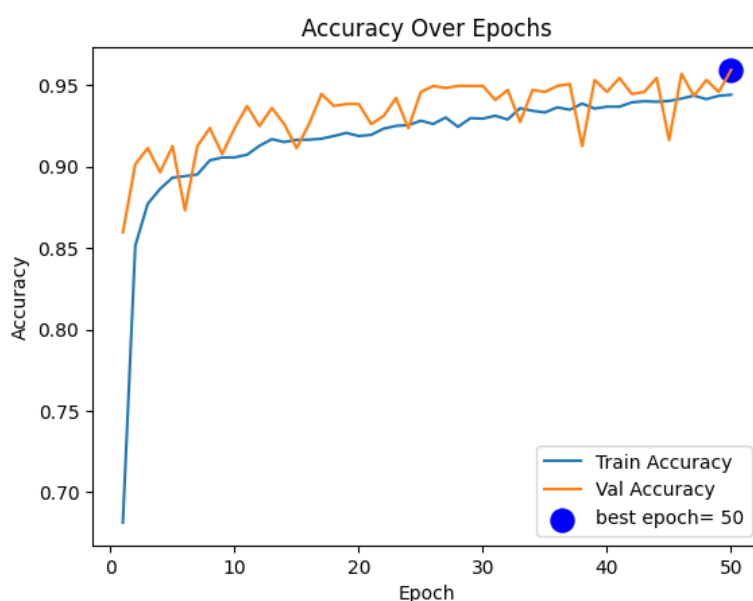


Figura 16 – Abordagem A: evolução de *accuracy* ao longo dos *epochs*

A evolução da *accuracy* ao longo dos *epochs* indica que o treino está a ser eficiente: a *accuracy* aumenta de forma consistente sem um distanciamento significativo entre treino e validação. Isto sugere que o modelo está a aprender de forma estável e não apresenta sinais de *overfitting*.

Observa-se também que a *accuracy* do conjunto de validação supera a *accuracy* do conjunto de treino. Este fenómeno pode estar associado ao uso de camadas *dropout* - que desativam aleatoriamente alguns nós da rede durante o treino, e podem fazer diminuir a *accuracy* do treino.

Isto não acontece durante a validação, porque em validação o *dropout* é desativado, o que faz com que a rede use todas as suas capacidades, e pode levar a uma *accuracy* maior e uma *loss* menor. A aplicação de aumento de dados torna o conjunto de treino mais complexo do que o conjunto de validação, o que também pode ajudar a justificar este fenómeno.

Na Figura 17, podemos ver o progresso dos valores de *loss* ao longo dos *epochs* nos conjuntos de treino (linha azul) e de validação (linha laranja), tal como o *epoch* que teve a menor *loss* no conjunto de validação.

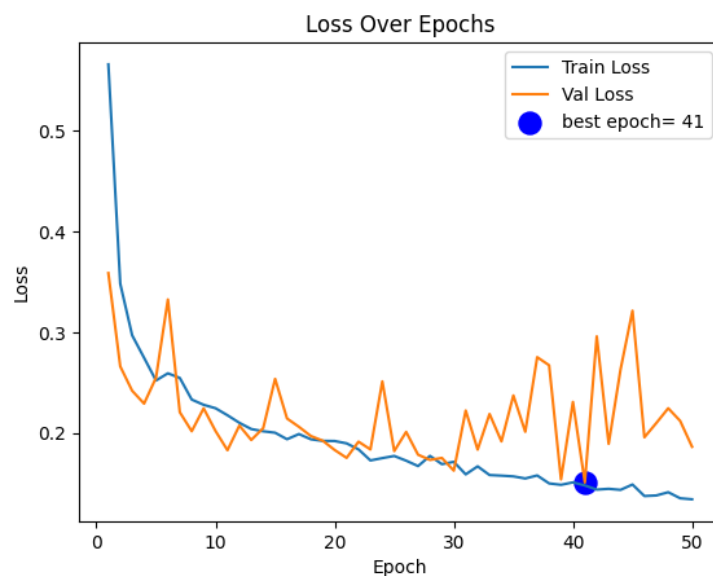


Figura 17 - Abordagem A: evolução de *loss* ao longo dos *epochs*

Até ao *epoch* 41, os valores de *loss* de treino e validação apresentam uma tendência decrescente, o que indica aprendizagem eficiente. A partir desse *epoch*, a evolução dos valores de *loss* de validação estagna - o modelo alcançou uma boa generalização, mas treino adicional aumentaria o risco de *overfitting*.

O conjunto de teste alcançou um valor de *accuracy* de 0.95 e um *f1-score* de 0.95. Na Tabela 5 é apresentado o relatório de classificação, e na Figura 18, é apresentada a matriz de confusão do modelo.

Tabela 5 – Abordagem A: relatório de classificação

	<i>Precision</i>	<i>Recall</i>	<i>F1-score</i>	<i>Support</i>
<b>Negative</b>	0.95	0.96	0.95	407
<b>Positive</b>	0.96	0.95	0.95	406
<b>Accuracy</b>			0.95	813
<b>Macro avg</b>	0.95	0.95	0.95	813
<b>Weighted avg</b>	0.95	0.95	0.95	813

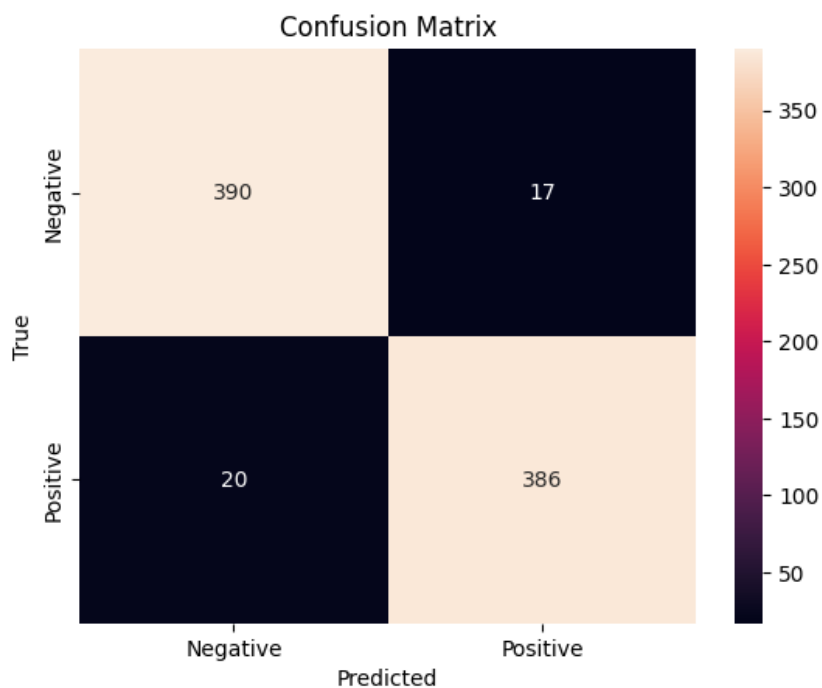


Figura 18 - Abordagem A: matriz de confusão

O relatório de classificação mostra métricas equilibradas ( $\approx 0.95$ ) para ambas as classes, e a matriz de confusão confirma o bom desempenho: dos 813 casos de teste, o modelo classificou corretamente 776 e errou 37 - com os erros distribuídos de forma semelhante entre as classes. Estes resultados evidenciam a utilidade prática do modelo, uma vez que atinge um desempenho robusto e consistente em ambas as classes.

Na Figura 19, é apresentada a *Receiver Operating Characteristic (ROC) curve*.

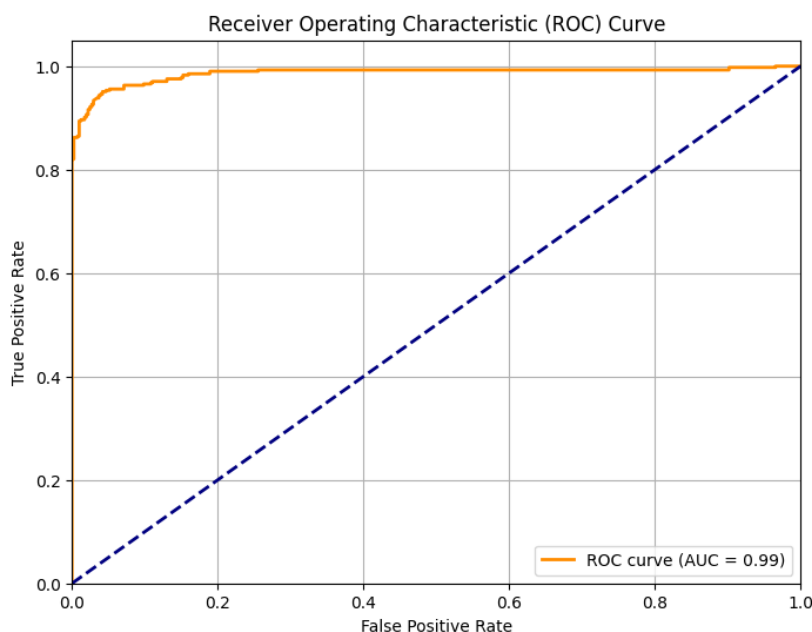


Figura 19 - Abordagem A: *ROC curve*

Sucintamente, a curva ROC representa graficamente a capacidade de um modelo discriminar entre duas classes, sendo que um valor mais elevado de AUC (*Area Under the ROC Curve*) indica uma melhor distinção entre as classes (F.S. Nahm, 2022). Esta abordagem resultou num valor AUC de 0.99, o que evidencia uma excelente capacidade discriminativa entre classes.

## 5.2 Abordagem B

O processo de otimização de hiperparâmetros percorreu 30 *trials* (combinações de hiperparâmetros testadas) sobre os conjuntos de treino e validação, deixando de fora o conjunto de teste, e demorou aproximadamente 07h 30m. Na Tabela 6, apresenta-se o conjunto de hiperparâmetros que obtiveram melhores resultados.

Tabela 6 – Abordagem B: hiperparâmetros ideais

Hiperparâmetro	Valor
Unidades da camada <i>Dense</i>	128
1º <i>Dropout rate</i>	0.5
2º <i>Dropout rate</i>	0.3
<i>Learning rate</i>	0.001

Através do uso destes hiperparâmetros, a melhor arquitetura para o modelo pretendido nesta abordagem é apresentada na Figura 20.

global_average_poo... (GlobalAveragePool...	(None, 1280)	0	out_relu[0][0]
dropout_2 (Dropout)	(None, 1280)	0	global_average_p...
dense_2 (Dense)	(None, 128)	163,968	dropout_2[0][0]
dropout_3 (Dropout)	(None, 128)	0	dense_2[0][0]
dense_3 (Dense)	(None, 1)	129	dropout_3[0][0]
<b>Total params: 2,422,081 (9.24 MB)</b>			
<b>Trainable params: 164,097 (641.00 KB)</b>			
<b>Non-trainable params: 2,257,984 (8.61 MB)</b>			

Figura 20 - Abordagem B: camadas adicionadas à arquitetura de MobileNetV2 e número de parâmetros

Esta arquitetura foi treinada durante 50 *epochs*, o que demorou aproximadamente duas horas. Durante o processo de treino – que utilizou os conjuntos de treino e validação – foi aplicado um *callback* de *early stopping* para interromper o treino antecipadamente caso não se observassem melhorias adicionais de desempenho.

Na Figura 21, podemos ver o progresso dos valores de *accuracy* ao longo dos *epochs* nos conjuntos de treino (linha azul) e de validação (linha laranja), tal como o *epoch* que teve a melhor *accuracy* no conjunto de validação.

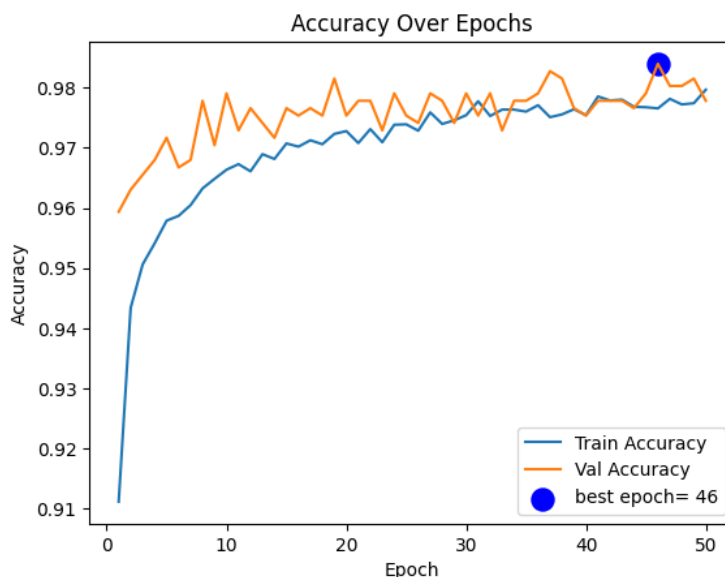


Figura 21 - Abordagem B: evolução de *accuracy* ao longo dos *epochs*

A evolução da *accuracy* ao longo dos *epochs* indica que o treino está a ser eficiente: a *accuracy* aumenta de forma consistente sem um distanciamento significativo entre treino e validação. Isto sugere que o modelo está a aprender de forma estável e não apresenta sinais de *overfitting*.

Observa-se também que a *accuracy* do conjunto de validação supera a *accuracy* do conjunto de treino - um fenómeno já justificado na Abordagem A.

Na Figura 22, podemos ver o progresso dos valores de *loss* ao longo dos *epochs* nos conjuntos de treino (linha azul) e de validação (linha laranja), tal como o *epoch* que teve a menor *loss* no conjunto de validação.

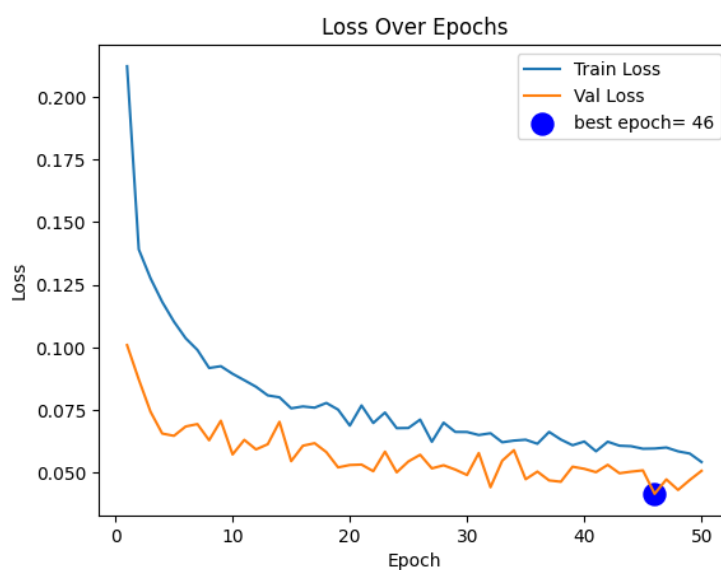


Figura 22 - Abordagem B: evolução de *loss* ao longo dos *epochs*

A evolução da *loss* ao longo dos *epochs* indica que o treino está a ser eficiente: a *loss* diminui de forma consistente sem um distanciamento significativo entre treino e validação. Isto sugere que o modelo está a aprender de forma estável e não apresenta sinais de *overfitting*.

Observa-se também que a *loss* do conjunto de validação é menor que a *loss* do conjunto de treino - um fenómeno já justificado na Abordagem A, mas que se agrava na Abordagem B devido a um maior uso da camada *dropout*.

O conjunto de teste alcançou um valor de *accuracy* de 0.98 e um *f1-score* de 0.98. Na Tabela 7 é apresentado o relatório de classificação, e na Figura 23, é apresentada a matriz de confusão do modelo.

Tabela 7 - Abordagem B: relatório de classificação

	<i>Precision</i>	<i>Recall</i>	<i>F1-score</i>	<i>Support</i>
<b>Negative</b>	0.98	0.98	0.98	407
<b>Positive</b>	0.98	0.98	0.98	406
<b>Accuracy</b>			0.98	813
<b>Macro avg</b>	0.98	0.98	0.98	813
<b>Weighted avg</b>	0.98	0.98	0.98	813

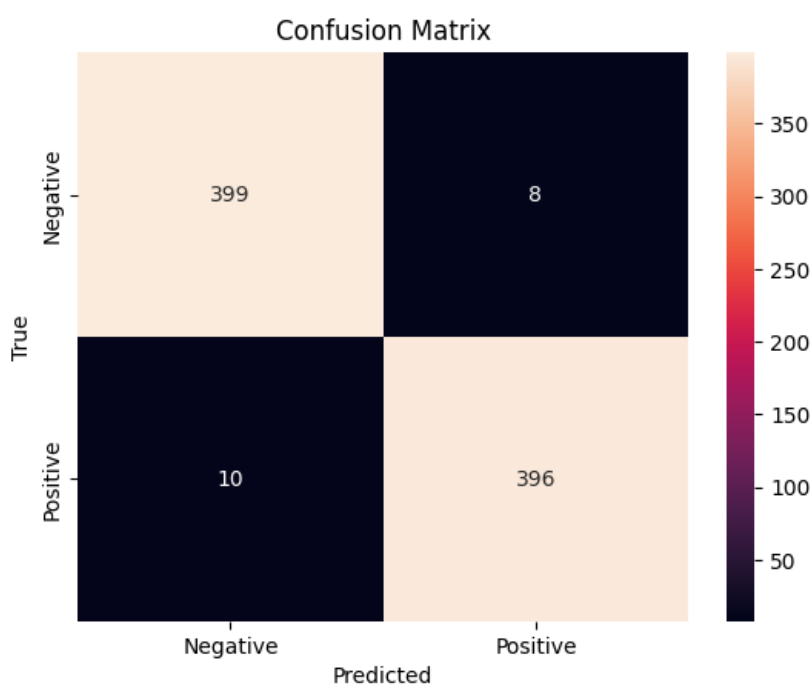


Figura 23 - Abordagem B: matriz de confusão

O relatório de classificação mostra métricas equilibradas e muito elevadas ( $\approx 0.98$ ) para ambas as classes, e a matriz de confusão confirma o bom desempenho: dos 813 casos de teste, o modelo classificou corretamente 795 e errou 18 - com os erros distribuídos de forma semelhante entre as classes. Estes resultados evidenciam a utilidade prática do modelo, uma vez que atinge um desempenho excelente e consistente em ambas as classes.

Na Figura 24, é apresentada a ROC *curve* com o valor AUC de 1.00. Este valor AUC perfeito, em conjunção com uma ROC *curve* que quase atinge o canto superior esquerdo do gráfico, evidencia a elevada capacidade discriminativa do modelo, sendo a ligeira discrepância observada possivelmente explicada por um arredondamento do valor AUC.

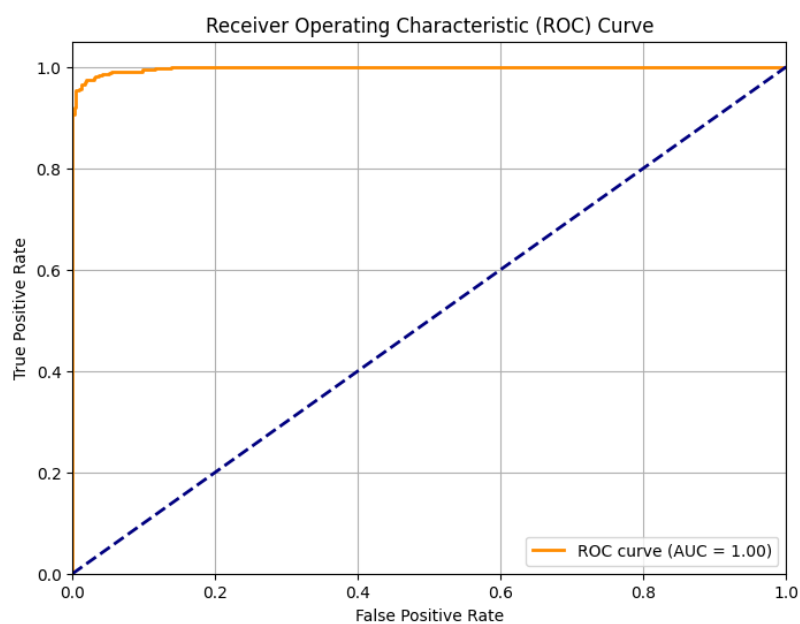


Figura 24 - Abordagem B: ROC curve

### 5.3 Comparação entre modelos

De forma geral, a abordagem B obteve melhores resultados, mas à custa de um aumento significativo do tempo consumido para a otimização dos hiperparâmetros e treino do modelo final (mais de 3.5x o tempo da abordagem A). Felizmente, não existe uma relação tempo/qualidade muito forte, pelo que a abordagem A, apesar do tempo de execução ser 3.5x mais rápido, obteve resultados apenas 3% inferiores aos da abordagem B. A Tabela 8 apresenta uma comparação dos resultados obtidos pelas duas abordagens.

Tabela 8 – Comparação dos resultados das abordagens

Resultados	Abordagem A	Abordagem B
Tempo de otimização	≈ 2h 50m	≈ 7h 30m
Tempo de treino	≈ 45m	≈ 2h
<i>Accuracy</i>	0.95	0.98
<i>Loss</i>	0.21	0.06
<i>Precision</i>	0.95	0.98
<i>Recall</i>	0.95	0.98
<i>F1-score</i>	0.95	0.98
<i>AUC</i>	0.99	1.00

Podemos observar que, para além da diferença nos tempos já referida, observa-se também uma clara superioridade da abordagem B em todas as métricas de desempenho, com valores próximos da perfeição (f1-score = 0.98, AUC  $\approx$  1.00). A abordagem A, embora mais rápida, apresentou resultados ligeiramente inferiores, mas ainda bastante robustos, o que reforça a sua relevância quando o tempo de execução ou exigência computacional é um fator crítico.

## 6 Conclusão e Trabalho Futuro

Nesta secção apresenta-se as conclusões e sugestões de trabalho futuro.

### 6.1 Conclusão

O trabalho que se descreve neste documento mostrou a relevância de CNNs na área de classificação de imagens e, mais particularmente, no diagnóstico visual de doenças ou na análise de imagens microscópicas. Neste trabalho apresentam-se duas abordagens, designadas por abordagem A e abordagem B, para a resolução do problema.

A abordagem A, que consistiu numa abordagem de arquitetura *CNN* simples, adotada como modelo de referência, e treinada exclusivamente no conjunto de dados escolhido, alcançou um *f1-score* de 0.95. Este resultado sublinha o elevado potencial que modelos relativamente leves e computacionalmente pouco exigentes - características importantes para a sua aplicação em regiões mais pobres, onde a prevalência da Leishmaniose é significativamente superior à do resto do mundo (WHO, 2023 A) - podem alcançar.

A abordagem B consistiu numa abordagem que incluiu TL através da utilização de MobileNetV2 - um modelo treinado em conjuntos de dados de grandes dimensões, mas concebido de forma a ser computacionalmente pouco exigente, quando comparado a modelos de dimensão idêntica (Y. Kumar, 2024). Nesta abordagem, os pesos das camadas convolucionais foram congelados e procedeu-se ao *fine-tuning* das camadas totalmente conectadas adicionadas. Este modelo alcançou um *f1-score* de 0.98, o que evidencia o papel importante que este tipo de abordagem tem no atual estado da arte, e reforça as conclusões do estudo "*Transfer learning for medical image classification: a literature review*" (H.E. Kim 2022), que apontam para a eficácia de TL, mesmo quando usado em conjuntos de dados pequenos.

Dado que o conjunto de dados é constituído por imagens microscópicas de promastigotas, os modelos desenvolvidos nas abordagens A e B seriam especialmente relevantes no estudo de identificação de zonas endémicas da Leishmaniose e a sua propagação - estudos realizados a partir da colheita de insetos possivelmente portadores do parasita, que são posteriormente dissecados e examinados microscopicamente (M. Yaghoobi-Ershadi, 2010).

Em suma, ambas as abordagens mostraram elevado desempenho. A abordagem A destaca-se pela leveza computacional, enquanto a abordagem B evidencia a eficácia de TL, reforçando o potencial das CNNs no apoio ao diagnóstico da Leishmânia.

## 6.2 Trabalho futuro

Apesar dos resultados interessantes obtidos por este trabalho, apresentam-se propostas que podem ser exploradas em pesquisas futuras.

Trabalhos futuros poderiam explorar conjuntos de dados de imagens microscópicas de amastigotas de Leishmânia, em vez de promastigotas, seria um próximo passo promissor. As abordagens adotadas neste trabalho poderiam ser diretamente aplicadas a este novo tipo de conjunto de dados, permitindo comparações entre os resultados obtidos com os diferentes *datasets*. Uma alternativa, seria a mistura dos conjuntos de dados de forma a treinar um modelo genérico de classificação de Leishmânia, independentemente de ser amastigota ou promastigota.

Para além disso, a implementação de abordagens com o objetivo de deteção de objetos, que requereria conjuntos de dados específicos para tal, também seria uma excelente direção para a continuidade deste trabalho, visto que permitiria localizar e quantificar a Leishmânia em imagens microscópicas que não estão focadas apenas numa única célula, mas sim numa variedade de células e organismos.

# Referências

- (A. Alrefaei, 2023) Alrefaei, A. (2023). "Parasite Dataset: Leishmania, Plasmodium & Babesia" [Dataset]. Kaggle. <https://doi.org/10.34740/KAGGLE/DS/4216937>
- (A.G. Howard, 2017) Howard AG, Zhu M, Chen B, et al. MobileNets: efficient convolutional neural networks for mobile vision applications. arXiv.org. (2017, 17 abril) <https://arxiv.org/abs/1704.04861>.
- (A. Sadeghi, 2024) Sadeghi, A., Sadeghi, M., Fakhar, M. et al. A deep learning-based model for detecting Leishmania amastigotes in microscopic slides: a new approach to telemedicine. *BMC Infect Dis* 24, 551 (2024). <https://doi.org/10.1186/s12879-024-09428-4>
- (Bezemer JM, 2023) Bezemer JM, Merckx J, Paspuel BPF, et al. Diagnostic accuracy of qPCR and microscopy for cutaneous leishmaniasis in rural Ecuador: A Bayesian latent class analysis. *PLoS Neglected Tropical Diseases*. 2023;17(11): e0011745. doi:10.1371/journal.pntd.0011745
- (CDC, 2019) CDC, "CDC - DPDx - Leishmaniasis," *Centers for Disease Control and Prevention*, 2019. <https://www.cdc.gov/dpdx/leishmaniasis/index.html>
- (C. Jorge, 2024) C. Jorge, "Convolutional Neural Networks: A Comprehensive Guide", Medium.com, 7 de fevereiro 2024, <https://medium.com/thedeephub/convolutional-neural-networks-a-comprehensive-guide-5cc0b5eae175>
- (C. Maia, 2015) C. Maia and L. Cardoso, "Spread of Leishmania infantum in Europe with dog travelling," *Veterinary Parasitology*, vol. 213, no. 1–2, pp. 2–11, Sep. 2015, doi: <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2015.05.003>
- (C. Paulo, 2001) Paulo B. de Carvalho, Elizabeth I. Ferreira, Leishmaniasis phytotherapy. Nature's leadership against an ancient disease, *Fitoterapia*, Volume 72, Issue 6, 2001, Pages 599-618, ISSN 0367-326X, [https://doi.org/10.1016/S0367-326X\(01\)00301-X](https://doi.org/10.1016/S0367-326X(01)00301-X)
- (C. Petersen, 2020) C. Petersen, "Leishmaniosis in Dogs - Generalized Conditions," *Veterinary Manual*, Feb. 2020. <https://www.msdevetmanual.com/generalized-conditions/leishmaniosis/leishmaniosis-in-dogs>
- (C. Shorten, 2019) Shorten, C., Khoshgoftaar, T.M. A survey on Image Data Augmentation for Deep Learning. *J Big Data* 6, 60 (2019). <https://doi.org/10.1186/s40537-019-0197-0>
- (E. Alpaydın, 2021) Alpaydın, E. (2021). *Machine learning (Revised and updated edition)*. The MIT Press.
- (E. A. Le Rutte, 2021) E. A. Le Rutte *et al.*, "Incidence and geographical distribution of canine leishmaniosis in 2016—2017 in Spain and France," *Veterinary Parasitology: Regional Studies and Reports*, vol. 25, p. 100613, Jul. 2021, doi: <https://doi.org/10.1016/j.vprsr.2021.100613>
- (E. Tekle, 2024) Tekle, E., Dese, K., Girma, S. et al. DeepLeish: a deep learning based support system for the detection of Leishmaniasis parasite from Giemsa-stained microscope images. *BMC Med Imaging* 24, 152 (2024).

<https://doi.org/10.1186/s12880-024-01333-1>

- (F.S. Nahm, 2022)** Nahm FS. Receiver operating characteristic curve: overview and practical use for clinicians. *Korean J Anesthesiol.* 2022 Feb;75(1):25-36. doi: 10.4097/kja.21209. Epub 2022 Jan 18. PMID: 35124947; PMCID: PMC8831439.
- (G. Vrbančič, 2020)** G. Vrbančič and V. Podgorelec, "Transfer Learning With Adaptive Fine-Tuning," in *IEEE Access*, vol. 8, pp. 196197-196211, 2020, doi: 10.1109/ACCESS.2020.3034343
- (H.E. Kim 2022)** Kim, H.E., Cosa-Linan, A., Santhanam, N. et al. Transfer learning for medical image classification: a literature review. *BMC Med Imaging* 22, 69 (2022). <https://doi.org/10.1186/s12880-022-00793-7>
- (H. Gholamalinezhad, 2020)** Gholamalinezhad, H., & Khosravi, H. (2020). Pooling methods in deep neural networks: A review. *arXiv*. <https://doi.org/10.48550/arXiv.2009.07485>
- (IBM, 2025)** IBM, "What are convolutional neural networks?", [Online]. Disponível: <https://www.ibm.com/think/topics/convolutional-neural-networks> (acedido setembro 28, 2025)
- (IPP, 2020)** Instituto Politécnico do Porto (IPP), "Código de boas práticas e de conduta do Instituto Politécnico do Porto," nov. 2020. [Online]. Disponível: <https://www.iscap.ipp.pt/regulamentos/CodigoboaspraticasedecondutaIPP.pdf> (acedido setembro 28, 2025)
- (I.H. Sarker, 2021)** Sarker, I.H. Deep Learning: A Comprehensive Overview on Techniques, Taxonomy, Applications and Research Directions. *SN COMPUT. SCI.* 2, 420 (2021). <https://doi.org/10.1007/s42979-021-00815-1>
- (J. Deng, 2009)** J. Deng, W. Dong, R. Socher, L. -J. Li, Kai Li and Li Fei-Fei, "ImageNet: A large-scale hierarchical image database," 2009 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, Miami, FL, USA, 2009, pp. 248-255, doi: 10.1109/CVPR.2009.5206848.
- (J. Jao, 2023)** Jao J. The Power of Nodes: Understanding and implementing artificial neural networks. *www.hilarispublisher.com*. December 2023. doi:10.37421/2168-9695.2023.12.269
- (J. Sidey-Gibbons, 2019)** Sidey-Gibbons, J., Sidey-Gibbons, C. Machine learning in medicine: a practical introduction. *BMC Med Res Methodol* 19, 64 (2019). <https://doi.org/10.1186/s12874-019-0681-4>
- (J. Sundaram, 2023)** Sundaram, J. et al. (2023). An Exploration of Python Libraries in Machine Learning Models for Data Science. In S. Biju, A. Mishra, & M. Kumar (Eds.), *Advanced Interdisciplinary Applications of Machine Learning Python Libraries for Data Science* (pp. 1-31). IGI Global Scientific Publishing. <https://doi.org/10.4018/978-1-6684-8696-2.ch001>
- (K. O'Shea, 2015)** O'Shea, K., & Nash, R. (2015). An introduction to convolutional neural networks (Version 2). *arXiv*. <https://doi.org/10.48550/arXiv.1511.08458>
- (K.-P. Chang, 2014)** K.-P. Chang, *Leishmaniasis*, Reference Module in Biomedical Sciences, Elsevier, 2014, ISBN 9780128012383, <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-801238-3.00254-3>

- (L. Alzubaidi, 2021)** Alzubaidi, L., Zhang, J., Humaidi, A.J. et al. Review of deep learning: concepts, CNN architectures, challenges, applications, future directions. *J Big Data* 8, 53 (2021). <https://doi.org/10.1186/s40537-021-00444-8>
- (L. Gradoni, 2017)** L. Gradoni, "The Leishmaniasis of the Mediterranean Region," *Current Tropical Medicine Reports*, vol. 4, no. 1, pp. 21–26, Jan. 2017, doi: <https://doi.org/10.1007/s40475-017-0099-1>
- (MedCMU, 2019)** MedCMU, Promastigote. Department of Parasitology Faculty of Medicine ChiangMai University, novembro 2019. <https://w1.med.cmu.ac.th/parasite/prorozoa-flagellates/1154/>
- (MSD, 2023)** Manual MSD. (2023, março). Leishmaniose. Manual MSD Versão Saúde para a Família. <https://www.msmanuals.com/pt/casa/infec%C3%A7%C3%B5es/infec%C3%A7%C3%B5es-parasit%C3%A1rias-protozo%C3%A1rios-extraintestinais/leishmaniose>
- (M. Almeida, 2022)** Almeida M, Maia C, Cristóvão JM, Morgado C, Barbosa I, Ibars RF, Campino L, Gonçalves L, Cortes S. Seroprevalence and Risk Factors Associated with *Leishmania* Infection in Dogs from Portugal. *Microorganisms*. 2022 Nov 15;10(11):2262. doi: 10.3390/microorganisms10112262. PMID: 36422332; PMCID: PMC9695918.
- (M. Chelsea, 2022 A)** M. Chelsea, P. William, "Leishmaniasis," MSD Manual Professional Edition, dez. 2022. <https://www.msmanuals.com/professional/infectious-diseases/extraintestinal-protozoa/leishmaniasis> (acedido setembro 28, 2025).
- (M. Chelsea, 2022 B)** M. Chelsea, P. William, "Leishmaniasis," MSD Manual Professional Edition, dez. 2022. <https://www.msmanuals.com/home/infections/parasitic-infections-extraintestinal-protozoa/leishmaniasis> (acedido setembro 28, 2025)
- (M. Sivakumar, 2024)** Sivakumar M, Parthasarathy S, Padmapriya T. Trade-off between training and testing ratio in machine learning for medical image processing. *PeerJ Comput Sci*. 2024 Sep 6;10:e2245. doi: 10.7717/peerj-cs.2245.
- (M. Sun, 2017)** Sun, M., Song, Z., Jiang, X., Pan, J., & Pang, Y. (2017). Learning pooling for convolutional neural network. *Neurocomputing*, 224, 96–104. <https://doi.org/10.1016/j.neucom.2016.10.049>
- (M. Yaghoobi-Ershadi, 2010)** Yaghoobi-Ershadi M, Hakimparizi M, Zahraei-Ramazani A, et al. Sand fly Surveillance within an Emerging Epidemic Focus of Cutaneous Leishmaniasis in Southeastern Iran. *Iran J Arthropod Borne Dis*. 2010;4(1):17-23. Epub 2010 Jun 30. PMID: 22808384; PMCID: PMC3385542
- (M. Zare, 2022)** Zare, M., Akbarialiabad, H., Parsaei, H. et al. A machine learning-based system for detecting leishmaniasis in microscopic images. *BMC Infect Dis* 22, 48 (2022). <https://doi.org/10.1186/s12879-022-07029-7>
- (N. Srivastava, 2014)** Srivastava N, Hinton G, Krizhevsky A, Sutskever I, Salakhutdinov R. Dropout: A Simple Way to Prevent Neural Networks from Overfitting. (2014) 15(56):1929–1958. <https://jmlr.org/papers/v15/srivastava14a.html>

- (Ordem dos Engenheiros, 2016)** Ordem dos Engenheiros, "Código de Ética e Deontologia," nov. 2016. [Online]. Available: [https://www.ordemengenheiros.pt/fotos/editor2/regulamentos/codigo\\_ed.pdf](https://www.ordemengenheiros.pt/fotos/editor2/regulamentos/codigo_ed.pdf) (acedido setembro 28, 2025)
- (O'Malley, 2019)** O'Malley et al., (2019) "KerasTuner" [Online] Disponível: <https://github.com/keras-team/keras-tuner> (acedido 28 setembro 2025)
- (P. Purwono, 2023)** Purwono, P., Ma'arif, A., Rahmaniar, W., Fathurrahman, H., Frisky, A., & Haq, Q. (2023). Understanding of Convolutional Neural Network (CNN): A Review. *International Journal of Robotics and Control Systems*, 2(4), 739-748. doi:<https://doi.org/10.31763/ijrcs.v2i4.888>
- (Qualittas, 2023)** Qualittas. (2023, 21 de março). CFMV faz alerta sobre o tratamento da leishmaniose visceral canina. Blog Qualittas. <https://blog.qualittas.com.br/cfmv-faz-alerta-sobre-o-tratamento-da-leishmaniose-visceral-canina/>
- (R. Lin, 2022)** R. Lin, "Analysis on the Selection of the Appropriate Batch Size in CNN Neural Network," 2022 International Conference on Machine Learning and Knowledge Engineering (MLKE), Guilin, China, 2022, pp. 106-109, doi: 10.1109/MLKE55170.2022.00026.
- (Sen Li, 2020)** Li, Sen; Zhang, Yang (2020), "Microscopic Images of Parasites Species", Mendeley Data, V3, doi: 10.17632/38jtn4nzs6.3
- (S.J. Pan, 2010)** S. J. Pan and Q. Yang, "A Survey on Transfer Learning," in *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, vol. 22, no. 10, pp. 1345-1359, Oct. 2010, doi: 10.1109/TKDE.2009.191
- (UE, 2017)** União Europeia, "Regulamento (UE) 2017/746", Eur-lex. <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/PT/TXT/?uri=CELEX:32017R0746>
- (UE, 2024)** União Europeia, "Regulamento (UE) 2024/1689", Eur-lex. <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/PT/TXT/?uri=CELEX:32024R1689>
- (WHO, 2023 A)** World Health Organization, "Leishmaniasis," World Health Organization, Jan. 12, 2023. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/leishmaniasis> (acedido setembro 28, 2025)
- (WHO, 2023 B)** World Health Organization, "Leishmaniasis," World Health Organization, 2023, <https://www.who.int/data/gho/data/themes/topics/gho-ntd-leishmaniasis> (acedido setembro 28, 2025)
- (Y. Kumar, 2024)** Kumar, Y., Garg, P., Moudgil, M.R. et al. Enhancing parasitic organism detection in microscopy images through deep learning and fine-tuned optimizer. *Sci Rep* 14, 5753 (2024). <https://doi.org/10.1038/s41598-024-56323-8>
- (Y. LeCun, 2015)** LeCun, Y., Bengio, Y. & Hinton, G. Deep learning. *Nature* 521, 436–444 (2015). <https://doi.org/10.1038/nature14539>
- (Z. H. Muradi, 2025)** Z. H. Muradi, A. Hussain and M. Fayaz, "A Model for Leishmaniasis Disease Classification Based on Machine Learning and Deep Learning Algorithms," 2025 IEEE 15th Symposium on Computer Applications & Industrial Electronics (ISCAIE), Penang, Malaysia, 2025, pp. 01-05, doi: 10.1109/ISCAIE64985.2025.11081085



# Apêndice A

## Considerações Éticas

Esta dissertação foi realizada com o conhecimento e aplicação do Código de boas práticas e de conduta do Instituto Politécnico do Porto (IPP, 2020) e do Código de Ética e Deontologia Profissional da Ordem dos Engenheiros (Ordem dos Engenheiros, 2016)

Realço:

- A minha consciência perante os efeitos que sistemas tecnológicos, como *machine learning*, podem ter em contexto social, económico, ambiental e da saúde, tal como o impacto na vida de quem usa estes sistemas diretamente ou indiretamente. Oriento, portanto, as minhas ações no sentido da salvaguarda do bem comum;
- Que garanto a imparcialidade e rigor durante momentos de revisão, decisão e avaliação, abstendo-me de influenciar qualquer situação onde possam existir conflitos de interesse;
- Que os resultados e interpretações da minha dissertação são publicados de forma aberta, honesta, transparente e rigorosa;

Destaco, adicionalmente, o Regulamento Europeu da Inteligência Artificial (UE, 2024), que qualifica o uso de sistemas de inteligência artificial em dispositivos médicos para diagnóstico *in vitro* como sendo de alto risco para os utilizadores (Considerando nº 46, 50), e aponta para o Regulamento (UE) 2017/746 (UE, 2017), relativo a dispositivos médicos de diagnóstico *in vitro*, cuja 2ª definição do Artigo 2.º define-os da seguinte maneira:

“«Dispositivo médico para diagnóstico *in vitro*», qualquer dispositivo médico que consista num reagente, produto reagente, calibrador, material de controlo, kit, instrumento, aparelho, parte de equipamento, software ou sistema, utilizado isolada ou conjuntamente, destinado pelo fabricante a ser utilizado *in vitro* para a análise de amostras provenientes do corpo humano, incluindo sangue e tecidos doados, exclusiva ou principalmente com o objetivo de obter informações relativas a um ou mais dos seguintes aspetos:

- a) relativas a um processo ou estado fisiológico ou patológico,
- b) relativas a incapacidades físicas ou mentais congénitas,
- c) relativas à predisposição para uma condição médica ou doença,
- d) destinadas a determinar a segurança e compatibilidade com potenciais recetores,
- e) destinadas a prever a resposta ou reação a um tratamento,
- f) destinadas a definir ou monitorizar medidas terapêuticas.

Os recipientes de amostras são igualmente considerados dispositivos médicos para diagnóstico *in vitro*;" (UE, 2017).

Além desta definição, o regulamento introduz “procedimentos rigorosos para avaliação da conformidade (a fim de assegurar que os dispositivos não conformes ou não seguros não chegam ao mercado)” (UE, 2017).

Tendo em conta estes regulamentos, e com o intuito de prevenir ambiguidades, esclareço que o código, os modelos, e qualquer *software* desenvolvidos no âmbito desta dissertação têm como única e explícita finalidade a investigação académica. Adicionalmente, as imagens microscópicas de Leishmânia alvo, que os modelos treinados pretendem classificar, não proveem de amostras do corpo humano, mas sim de mosquitos portadores da doença, ou de animais com Leishmaniose.

Desta forma, a definição de dispositivo médico para diagnóstico *in vitro* apresentada pelo Regulamento (UE) 2017/746 não se aplica a este trabalho, pelo que procedimentos para avaliação da conformidade não são requeridos, e a possibilidade de que o mesmo seja considerado de alto risco perante o Regulamento Europeu da Inteligência Artificial é eliminada.

# Apêndice B

## Repositórios de Informação

A escolha de Repositórios de Informação é uma decisão muito importante no estudo do estado da arte, visto que é a base para toda a pesquisa e análise concluída neste capítulo. Apresentam-se, na Tabela 9, os repositórios de informação usados:

Tabela 9 – Repositórios de informação utilizados

Repositório	Nome	URL
R1	ACM Digital Library	<a href="https://dl.acm.org">https://dl.acm.org</a>
R2	Figshare	<a href="https://figshare.com/">https://figshare.com/</a>
R3	Springer	<a href="https://link.springer.com/">https://link.springer.com/</a>
R4	IEEE Xplore	<a href="https://ieeexplore.ieee.org">https://ieeexplore.ieee.org</a>
R5	Kaggle	<a href="https://www.kaggle.com/">https://www.kaggle.com/</a>

Estes repositórios são reconhecidos e, exceto o Kaggle, oferecem em conjunto um enorme catálogo de artigos científicos, livros e estudos relevantes, com bons números de referências, citações e revisão por pares. O Kaggle foi adicionado à lista de repositórios visto que tem um enorme catálogo de *datasets*.

## Termos de Pesquisa

Os termos e operadores lógicos usados durante a pesquisa nos repositórios são altamente importantes para encontrar a informação mais relevante para o estudo. Devido ao maior número de publicações na língua inglesa, optou-se pela pesquisa com termos ingleses ao invés de portugueses. No entanto, qualquer publicação em português identificada seria igualmente elegível.

As palavras-chave (ou termos) utilizadas foram escolhidas devido à sua relevância perante o problema da dissertação, e são os seguintes:

- *Leishmania*
- *Microscopic*
- *Images*
- *Machine Learning*

A diferença entre sistemas de pesquisa avançada dos repositórios de informação escolhidos significa que, para cada repositório, foi criada uma frase de pesquisa diferente para garantir os melhores resultados. As frases de pesquisa construídas apresentam-se na Tabela 10:

Tabela 10 – Frases de pesquisa usadas em cada repositório de informação

Repositório	Frase de pesquisa
R1	<i>[[All: leishmania] OR [All: leishmaniasis]] AND [[All: microscop*] OR [All: machine] OR [All: machine learning]]</i>
R2	<i>leishmania microscopic images</i>
R3	<i>leishmania microscopic images machine learning</i>
R4	<i>("All Metadata":"Leishmania") AND (("All Metadata":"microscopic") OR ("All Metadata":"machine learning"))</i>
R5	<i>leishmania</i>

O uso dos operadores lógicos *OR* e *AND* e, por vezes, do carácter '\*' (*wild card*), permite um maior controlo na filtragem de publicações pretendidas em cada repositório. Todas as pesquisas também foram filtradas temporalmente, de forma a só aparecerem artigos publicados a partir do ano 2022.

## Critérios de Elegibilidade

Alguns critérios de inclusão e exclusão foram definidos de forma a reduzir o número de artigos incluídos neste estudo ao estritamente relevante.

- **Critérios de inclusão:**
  - O artigo explora a deteção de Leishmânia em imagens microscópicas.
  - O artigo apresenta os resultados obtidos com as suas abordagens.
- **Critérios de exclusão:**
  - O conjunto de dados utilizado no artigo não é referenciado, é de muito difícil acesso, ou privado.
  - O artigo não foi publicado em português ou inglês.
  - O artigo foi publicado antes de 2022