

Sistema em Nuvem para Identificação de Células Sanguíneas Infectadas pelo protozoário da Malária utilizando Redes Neurais Convolucionais

Jean Phelipe de O. Lima* Carlos Diego Ferreira de Almeida*
Luiz Carlos S. de Araújo Filho* Raimundo Corrêa de Oliveira*

* Escola Superior de Tecnologia, Universidade do Estado do Amazonas,
AM (e-mail: {jpdol.eng16, cdfa.eng16, lcsdafl.eng16,
rcoliveira}@uea.edu.br).

Abstract: Malaria is an infectious disease that mainly affects developing countries. As this is a disease whose more severe forms can be avoided with early diagnosis, there is a need for a computational tool to assist medical decisions efficiently and accurately. This paper presents the development of a cloud system for detecting malaria in blood cells. The client-serverless cloud model was chosen for implementation using the Function-as-a-Service approach, in which the cloud is responsible for processing images sent by clients and returning information about the existence or not of malaria protozoan. For image analysis, a Deep Learning model using Convolutional Neural Networks trained from a database provided by the National Institute of Health was developed. The Artificial Intelligence model presented was evaluated by Accuracy and F1-Score, having reached values equal to 97%, thus proving to be competitive with state-of-the-art models.

Resumo: Malária é uma doença infecciosa que afeta principalmente países em desenvolvimento. Por tratar-se de uma doença cujas formas mais graves podem ser evitadas através de diagnóstico precoce, surge a necessidade de uma ferramenta computacional para auxiliar a decisão médica de forma eficiente e acurada. Este trabalho apresenta o desenvolvimento de um sistema em nuvem para detecção de malária em células sanguíneas. Utilizou-se a arquitetura em nuvem *client-serverless*, beneficiando-se da abordagem *Function-as-a-Service*, para implementação, em que a nuvem é responsável por processar imagens enviadas por clientes e retornar a informação de existência ou não de protozoários da malária. Para a análise das imagens, foram testados diversos modelos de *Deep Learning* utilizando Redes Neurais Convolucionais treinados a partir de uma base de dados disponibilizada pelo *National Institute of Health*. O modelo de Inteligência Artificial apresentado foi avaliado pelas métricas Acurácia e F1-Score, tendo atingido valores iguais a 97%, demonstrando-se assim competitivo a modelos do estado da arte.

Keywords: Bioinformatics; Cellular Image Processing; Cloud System; Computer-Assisted Diagnosis; Deep Learning.

Palavras-chaves: Bioinformática; Processamento de Imagens Celulares; Sistema em Nuvem; Diagnóstico Assistido por Computador; Aprendizado Profundo.

1. INTRODUÇÃO

Malária é uma doença infecciosa transmitida pela picada do mosquito *Anopheles*. Essa doença, apesar de possuir cura, pode evoluir para formas mais graves quando não identificada e tratada com prontidão. No primeiro semestre de 2020, notificou-se 60.713 novos casos de malária, como apontam Medeiros e Cruz (2020), e, desde 2018, 99% dos casos registrados no Brasil ocorreram na região amazônica, de acordo com o Ministério da Saúde (2019). Em contrapartida, a região extra-amazônica (estados que não fazem parte da região amazônica), mesmo apresentando quantitativos expressivamente inferiores, possui taxa de mortalidade até 100 vezes maior que a região amazônica, segundo Medeiros e Cruz (2020). O que significa que toda população brasileira necessita de atenção especial no controle da doença.

A inspeção visual das células sanguíneas utilizando um microscópio ainda é a solução mais utilizada no diagnóstico inicial de malária, apesar de o resultado sempre estar sujeito a um viés humano que realiza tal tarefa com taxa média de 80% de acerto, segundo a Rajaraman et al. (2018). Uma vez constatada a presença de células infectadas, o médico encaminha amostras de sangue do paciente para testes bioquímicos que irão comprovar a presença da doença. Dessa forma, surge a necessidade de uma ferramenta computacional que dê suporte ao diagnóstico médico-laboratorial, aumentando a taxa de acerto e acelerando o processo de diagnóstico inicial, possibilitando o tratamento precoce, que reduz as chances de óbito, e otimizando recursos laboratoriais.

Uma solução possível para o problema de identificação de células infectadas pelo protozoário da malária é a

utilização de visão computacional. Dessa forma, o processo de inspeção de células passa a ser automático, em que imagens de Placas de Petri com amostras sanguíneas capturadas via microscópio são submetidas a um sistema que processa a imagem e em seguida é dada como entrada para um modelo inteligente, que realiza a classificação das células como infectadas ou não.

Ainda assim, há um problema fundamental: o poder de processamento dos dispositivos que utilizarão este serviço. Dependendo do modelo de cada dispositivo, o serviço pode ficar ineficiente em relação ao tempo de processamento. Por isso, este serviço será implantado em plataforma em nuvem, isto é, o processamento ocorre em uma máquina fisicamente distante do usuário. Assim, a partir de qualquer dispositivo com acesso a *internet*, um usuário poderá utilizar o serviço. O que é uma vantagem para atendimentos que ocorrem em regiões ribeirinhas, por exemplo, um dos principais focos de contágio por malária no Brasil, onde é difícil o transporte e acesso à máquinas com poder de processamento elevado.

Dessa forma, este trabalho apresenta um sistema inteligente hospedado em nuvem que realiza a classificação de imagens de células sanguíneas segmentadas para identificação de contaminação por protozoário da malária, diferenciando-se dos demais trabalhos encontrados na literatura pelo fato de apresentar o desempenho de classificadores de arquitetura simples treinados a partir de uma base de dados significativamente maior. A Seção 2 apresenta os trabalhos relacionados ao contexto deste, em seguida, na Seção 3, serão apresentados os Materiais e Métodos utilizados para implementação da solução proposta. Na Seção 4 os Resultados e Discussões dos modelos implementados são apresentados, seguidos das Considerações Finais e perspectivas de trabalhos futuros, na Seção 5.

2. TRABALHOS RELACIONADOS

A utilização de técnicas de Inteligência Artificial na medicina tem alcançado resultados promissores, principalmente em tarefas de visão computacional, em que abordagens de *Deep Learning* têm predominado, como aponta Budd et al. (2021). Grande parte dos estudos na área de computação aplicada à medicina envolve análise de dados médicos na tentativa de identificar padrões e, por fim, fornecer um pré-diagnóstico que possua um nível de certeza aceitável, tal qual em Lima et al. (2019), que apresenta um modelo baseado em *Deep Learning* para a classificação de imagens de doenças dermatológicas, inclusive câncer de pele do tipo melanoma.

Debelee et al. (2020) apresenta algo semelhante: modelos para detecção de lesões, a *priori* inofensivas, em imagens de mamografias, mas que poderiam evoluir para um estágio fatal no caso de um diagnóstico tardio. O objetivo, nessa linha de pesquisa, é que seja possível alcançar um desempenho superior ao de um especialista, embora a proposta seja sempre fornecer ao médico um pré-diagnóstico confiável, cabendo a ele, enquanto especialista da tarefa, deliberar o diagnóstico final e o encaminhamento necessário ao paciente.

Em Dong et al. (2017), os autores apresentam 4 modelos baseados em *transfer learning* para a tarefa de classificação

de células sanguíneas como infectadas ou não infectadas por protozoário da malária. Os modelos apresentados no trabalho relacionado são baseados nas seguintes redes neurais canônicas: LeNet-5, AlexNet, GoogLeNet e um modelo treinado por completo baseado na técnica Máquina de Vetor de Suporte (SVM) para uma base de dados com cerca de 2.500 imagens. Diyasa et al. (2021) também faz uso da técnica de *transfer learning*, utilizando os modelos GoogLeNet e ShuffleNet V2 com uma base de dados com 345 exemplos. Nakasi et al. (2020) apresenta um modelo em nuvem que utiliza a abordagem de *Faster Convolutional Neural Networks* (F-RCNN) para a mesma tarefa, utilizando uma base de dados composta por 643 imagens, além de expor as vantagens de um sistema dessa natureza disponível em nuvem para países em desenvolvimento, onde muitas vezes há a escassez de especialistas e de dispositivos com poder computacional suficiente para executar modelos de *Deep Learning*.

Este trabalho apresenta a implementação de um sistema em nuvem, que emprega uma arquitetura *serverless*, fazendo uso do modelo de computação em nuvem *Function-as-a-Service* (FaaS), para realizar a implantação de uma aplicação que utiliza Redes Neurais Convolucionais para a execução da tarefa proposta em classificar imagens de células sanguíneas quanto a presença do protozoário da malária a partir de uma base de dados composta por mais de 27.000 imagens, na expectativa de alcançar resultados competitivos a modelos do estado-da-arte treinados com bases de dados limitadas e, dessa forma, analisar a relação entre complexidade do modelo e capacidade de generalização de modelos treinados com bases de dados grandes.

3. MATERIAIS E MÉTODOS

Esta seção descreve os materiais e métodos utilizados para o desenvolvimento e análise dos experimentos conduzidos. As subseções abrangem os seguintes tópicos: Arquitetura de Rede, que apresenta a abordagem utilizada para implementar o sistema em nuvem; Dados Experimentais, que apresenta e analisa a base de dados utilizada; Descrição da Tarefa de Aprendizado de Máquina, que expõe como o Aprendizado de Máquina será utilizado no contexto deste trabalho em face à base de dados apresentada; e Proposição de Modelos, que indica quais modelos serão aplicados bem como suas construções e emprego na tarefa proposta.

3.1 Arquitetura de Rede

O Estilo Arquitetural *Client-Serverless*, Fauna (2021), é utilizado para implementar o sistema. Similar ao estilo *client-server*, Coulouris et al. (2013), essa arquitetura é projetada para suportar as funções e trocas de mensagens em interações típicas. Normalmente, a comunicação de requisição e resposta é síncrona, pois o processo cliente é bloqueado até que a resposta do servidor chegue, a resposta é efetivamente a confirmação de que a requisição chegou ao servidor.

A tecnologia dos *smartphones* vem evoluindo cada vez mais, atualmente possuem um poder de processamento e de armazenamento bastante relevante, porém, ainda não é o suficiente para rodar de forma eficiente aplicações

pesadas como as que se utilizam de *deep learning*. Com a arquitetura *Client-Serverless* não é mais necessário embarcar esses modelos em celulares, a computação toda é feita na nuvem.

A implementação do sistema foi feita utilizando o modelo de computação em nuvem *Function-as-a-Service* (FaaS). Na Figura 1 é mostrado como o FaaS funciona, o código da aplicação que lida com apresentação e interação com o usuário roda no lado do cliente, enquanto faz chamadas para serviços disponibilizados através de APIs que encapsulam toda a lógica de negócio. As APIs são *webservices* compostos de diversas funções que realizam tarefas específicas. Todo o gerenciamento e escalabilidade dessas funções é feito pelo provedor dos serviços em nuvem, permitindo a implementação de aplicativos de forma mais rápida e eficiente.

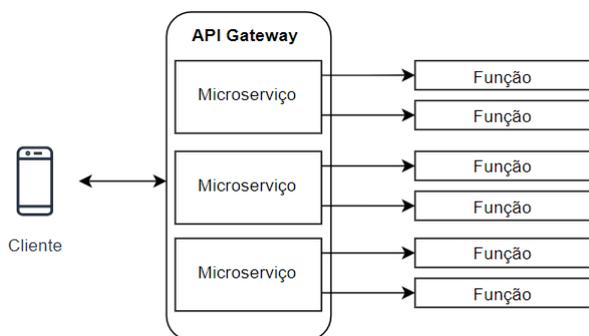


Figura 1. Representação da Arquitetura de Rede Utilizada

No sistema proposto, a realização da tarefa de classificação de células sanguíneas como infectadas ou não infectadas por protozoário da malária será feita através de uma API REST. O usuário irá realizar uma requisição POST contendo a imagem das células sanguíneas para um *endpoint* onde o modelo estará preparado para realizar a classificação. Uma vez terminada a tarefa o resultado será retornado ao usuário. A imagem enviada e o resultado inferido pelo modelo serão armazenados para futuras análises e eventuais atualizações do modelo.

3.2 Dados Experimentais

O conjunto de dados de células sanguíneas infectadas pelo protozoário da malária utilizado para o desenvolvimento deste trabalho é denominado *Malaria Cell Images Dataset*, que contém 27.558 imagens microscópicas segmentadas de células sanguíneas. As imagens são divididas, igualmente, em duas classes: células infectadas e células não infectadas. Dessa forma, são 13.793 exemplos de células infectadas e 13.793 de não infectadas, configurando assim uma base de dados balanceada, o que reduz chances de *overfitting*.

A Figura 2 apresenta amostras de cada uma das classes contidas na base. É possível notar que as classes possuem algumas semelhanças entre si, aumentando as chances de erro no diagnóstico médico. Existe, no entanto, características atenuantes para a distinção entre elas, o que indica que, pela natureza de uma rede neural convolucional, de buscar padrões visuais como bordas, arredondamentos, contraste de cores, entre outros, segundo Lecun e Hinton (2015), é provável que esta abordagem seja eficiente na

classificação de células sanguíneas quanto às classes apresentadas.

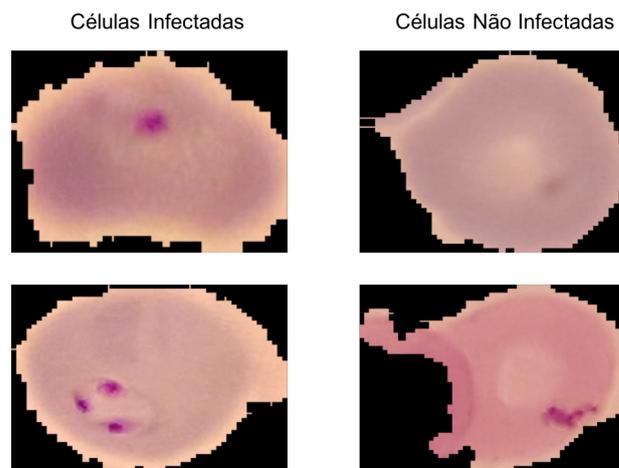


Figura 2. Amostras de Imagens Microscópicas Segmentadas contidas no *Malaria Cell Images Dataset*.

3.3 Descrição da Tarefa de Aprendizado de Máquina

A base de dados será utilizada para realização de um aprendizado de máquina supervisionado com a tarefa de classificação binária. Tal tarefa será executada de acordo com uma validação cruzada *K-Fold*, para $K = 10$.

Assim, a base de dados será dividida em 10 *splits* de teste, em que, a cada iteração, um *split* será utilizado como conjunto de validação e os demais como conjunto de treino. Ao final de todo o processo, serão avaliadas as médias e desvios padrão das métricas obtidas como resultado de cada *split* de teste.

As métricas utilizadas para avaliação do desempenho são: Acurácia e F1-Score. A acurácia é dada por: $Acuracia = \frac{TP+TN}{TP+FP+TN+FN}$, em que TP representa o número de verdadeiros positivos; TN o número de verdadeiros negativos; FP o número de falsos positivos; e FN o número de falsos negativos. Essa métrica representa a proporção de classificações corretas dentre o total de classificações realizadas, trazendo uma noção intuitiva do desempenho do modelo e, neste caso, confiável, por tratar de um modelo treinado a partir de uma base de dados balanceada. Todavia, será utilizada também a métrica F1-Score, denotada por: $F1-Score = \frac{2 \cdot Precision \cdot Recall}{Precision + Recall}$ que consiste em uma métrica mais robusta que a acurácia por representar a média harmônica entre a precisão (do inglês *Precision*) e a revocação (do inglês *Recall*), sendo estas denotadas por: $Precision = \frac{TP}{TP+FP}$ e $Recall = \frac{TP}{TP+FN}$.

3.4 Proposição de Modelos

A abordagem utilizada consiste em uma única Rede Neural Convolucional para a realização da classificação quanto às 2 classes contidas na base de dados. Isto é, um modelo capaz de realizar extração inteligente de características da imagem através das camadas convolucionais e realizar a classificação dos padrões encontrados, quanto as 2 classes, nas camadas densas (*fully-connected* e *feedforward*) da rede.

Para a definição das arquiteturas de redes neurais utilizadas para a tarefa em questão, foi utilizada a abordagem de Busca em Grade. Assim, foram pré-definidos valores para parâmetros e hiper-parâmetros de redes neurais e todas as combinações possíveis entre eles foram utilizadas para criação das arquiteturas de modelos. A partir daí, todos os modelos foram treinados, validados e avaliados conforme o método proposto na Subseção 3.3. O melhor modelo será definido com base na maior acurácia e F1-Score ao final da busca em grade.

A Tabela 1 apresenta os parâmetros, hiper-parâmetros e seus respectivos valores utilizados na busca em grade.

Para cada teste, toda camada convolucional será acompanhada de uma função de transferência e de uma camada de *Maxpooling*. O número de camadas densas foi fixado em 2, pelo fato de redes neurais de camadas densas serem capazes de generalizar qualquer função com apenas duas camadas, de acordo com Braga et al. (2016). Foram fixadas, ainda, uma camada *dropout* com taxa de regularização 0,3 entre as duas camadas densas, para evitar *overfitting*, e uma camada de saída com função de ativação *softmax*, na tentativa de otimizar a tarefa de classificação.

Tabela 1. Valores de Parâmetros e Hiper-Parâmetros utilizados para Busca em Grade.

Parâmetro/Hiper-Parâmetro	Valor
Número de Camadas Convolucionais	3, 4
Número de Núcleos Convolucionais por camada	16, 32, 64, 128
Tamanho de Matriz de <i>Maxpooling</i>	2x2, 3x3
Função de Transferência	Identidade, TanH, ReLU
Número de Camadas Densas Ocultas	2
Número de Neurônios Ocultos por camada	16, 32, 64, 128

4. RESULTADOS E DISCUSSÕES

Nesta seção são descritos os resultados obtidos a partir da metodologia proposta em implementar um sistema em nuvem para realizar a identificação, em imagens microscópicas, de contaminação de células sanguíneas por malária. As subseções abrangem os seguintes tópicos: Desempenho das CNNs binárias para Identificação de contaminação de células sanguíneas por malária, que apresenta os resultados obtidos pelas CNNs propostas para a tarefa em questão; e Sistema em nuvem, que apresenta os resultados obtidos pela implementação da arquitetura de rede proposta e pela hospedagem do serviço que executa o modelo gerado pelo treino da CNN.

4.1 Desempenho das CNNs binárias para Identificação de contaminação de células sanguíneas pelo protozoário da malária

O modelo foi treinado e validado para classificar as imagens de células sanguíneas quanto as 2 classes da base de dados: Célula Infectada e Célula Não Infectada. Após a realização da busca em grade com validação cruzada, obtiveram-se os melhores modelos. As Arquiteturas do modelos que obtiveram melhor desempenho constam na

Tabela 2. Os resultados de cada um desses modelos, obtidos ao fim da validação cruzada, de acordo com as métricas Acurácia Média, Desvio Padrão da Acurácia, F1-Score Médio e Desvio Padrão do F1-Score, são apresentados na Tabela 3.

Dessa forma, podemos observar que o modelo 1, indicado nas Tabelas 2 e 3, obteve os melhores resultados quanto as métricas de desempenho utilizadas para avaliação dos modelos, alcançando médias de 97% de Acurácia e F1-Score, superando, assim, em cerca de 15% o desempenho atingido por especialistas.

A validação do aprendizado pode ser confirmada ainda pela Figura 3 e pela Figura 4, que apresentam, respectivamente, as curvas de aprendizado do modelo (*loss* médio e acurácia média), para um total de 15 épocas (foi constatado empiricamente que os modelos para a tarefa em questão atingem a convergência até décima quinta época); e a matriz de confusão normalizada.

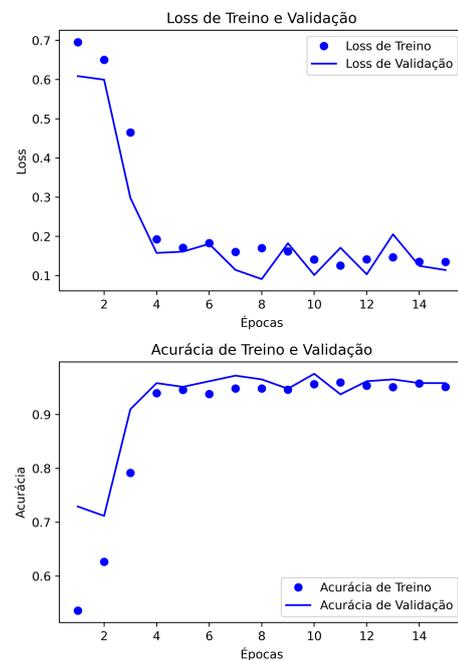


Figura 3. Curvas de *Loss* e de Acurácia do modelo, após 15 épocas.

As curvas apresentadas explicitam que o processo de aprendizado não apresentou *overfitting*, tampouco *underfitting*, mas sim um aprendizado devidamente ajustado. A matriz de confusão normalizada, apresentada na Figura 4, mostra explicitamente as relações entre saídas desejadas e saídas obtidas, onde as colunas representam as saídas obtidas pelo modelo, enquanto as linhas indicam as saídas desejadas. Nota-se, pela coloração mais escura, a alta densidade de valores na diagonal principal, o que evidencia o alto índice de classificação correta em face dos triângulos superior e inferior da matriz que, por sua vez, possuem seus elementos próximos a zero, indicando assim baixa taxa de erro.

A Tabela 4 apresenta um comparativo do desempenho do modelo proposto com os modelos apresentados em Dong et al. (2017), Diyasa et al. (2021) e Nakasi et al. (2020)

Tabela 2. Arquiteturas dos 5 melhores modelos encontrados após a busca em grade com validação cruzada.

Modelo	Número de Camadas Convolucionais	Número de Núcleos Convolucionais	Matriz de <i>Maxpooling</i>	Função de Transferência	Número de Neurônios Ocultos por Camada
1	4	(16, 32, 64, 128)	(2x2, 2x2, 2x2, 3x3)	Identidade	(128, 64)
2	3	(32, 64, 32)	(2x2, 3x3, 2x2)	Identidade	(64, 64)
3	3	(64, 32, 128)	(2x2, 3x3, 2x2)	ReLU	(128,64)
4	4	(32, 64, 64, 128)	(3x3, 2x2, 3x3, 3x3)	Identidade	(64,32)
5	4	(16, 32, 64, 128)	(2x2, 3x3, 2x2, 3x3)	ReLU	(64, 64)

Tabela 3. Resultados obtidos pelas CNNs após a validação cruzada.

Modelo	Acurácia	Desvio Padrão Acurácia	F1-Score	Desvio Padrão F1-Score
1	0,97	0,01	0,97	0,01
2	0,96	0,01	0,95	0,01
3	0,95	0,02	0,95	0,02
4	0,94	0,01	0,93	0,01
5	0,91	0,03	0,91	0,03



Figura 4. Matriz de Confusão Normalizada dos resultados da fase de validação.

para a mesma tarefa apresentada neste trabalho. A métrica de comparação entre modelos foi a acurácia. Percebe-se que há a utilização de modelos bastante complexos nos trabalhos relacionados, entretanto, estes modelos foram treinados com bases de dados restritas, variando entre 345 e 2.565 imagens. Por outro lado, o modelo apresentado neste trabalho, por possuir uma base de dados maior (com mais de 27.000 imagens), atingiu um grande poder de generalização com uma arquitetura simples de CNN, demonstrando-se assim competitivo a modelos do estado-da-arte.

Tabela 4. Comparação do modelo proposto com modelos do estado-da-arte encontrados em trabalhos relacionados

Número de Exemplos	Modelo	Acurácia
2.565	Dong et al. (2017) - LeNet-5	0,96
2.565	Dong et al. (2017) - AlexNet	0,95
2.565	Dong et al. (2017) - GoogLeNet	0,98
2.565	Dong et al. (2017) - SVM	0,91
345	Diyasa et al. (2021) - GoogLeNet	0,93
345	Diyasa et al. (2021) - ShuffleNet V2	0,95
643	Nakasi et al. (2020) - F-RCNN	0,93
27.558	Modelo Proposto	0,97

Dessa forma, percebe-se que, com 97% de Acurácia e F1-Score, o modelo atingiu resultados superiores a quase todos os modelos da literatura, com exceção da GoogLeNet, apresentada em Dong et al. (2017), que, com uma arquitetura muito maior, alcançou 98% de acurácia. Assim, comprova-se a premissa de que modelos treinados com bases de dados maiores possuem maior poder de generalização. Ressalta-se, ainda, que o desempenho do modelo proposto superou em cerca de 17% a taxa de acerto de um especialista.

4.2 Sistema em nuvem

Afim de manter o alto nível de escalabilidade prometido, provedores de serviços em nuvem limitam o espaço disponível para armazenamento do código e bibliotecas das funções de suas plataformas de implementação de soluções FaaS. A Tabela 5 apresenta o espaço que os principais provedores de serviços em nuvem disponibilizam em seus serviços de computação sem servidor.

Tabela 5. Espaço disponível para código e bibliotecas nas principais plataformas para FaaS

Plataforma	Espaço disponível
AWS Lambda	250 MB
Google Cloud Function	500 MB
IBM Cloud Function	48 MB

Como apresentado na Tabela 5, o espaço disponibilizado pelos provedores de serviços em nuvem é extremamente pequeno para aplicações que envolvem *machine learning*, devido ao tamanho dos modelos gerados e das bibliotecas específicas utilizadas.

O modelo Dong et al. (2017) GoogLeNet apresenta uma acurácia superior ao modelo proposto neste artigo, porém, ele necessita de uma biblioteca extremamente pesada, chamada PyTorch. Os modelos Diyasa et al. (2021) GoogLeNet, Diyasa et al. (2021) ShuffleNet V2 e Dong et al. (2017) AlexNet apresentados na Tabela 4 também fazem uso dessa biblioteca. A biblioteca PyTorch possui um tamanho superior a 1 GB, o que impossibilita o *deploy* desses modelos nas plataformas apresentadas na Tabela 5, pois a soma do tamanho da biblioteca e do modelo é superior ao que os provedores atualmente disponibilizam, sendo necessário utilizar uma abordagem diferente, que provavelmente necessitará de um tempo de implementação superior, e não terá o nível de escalabilidade que o modelo de computação em nuvem FaaS fornece.

O arquivo do modelo proposto neste artigo é razoavelmente pequeno (13 MB), e necessita apenas da biblioteca Keras para ser posto em produção. O tamanho total do pacote (bibliotecas e modelo) é de 240 MB, com isso, como apresentado na Tabela 5, o *deploy* da aplicação pode ser

feito sem problemas utilizando a Google Cloud function e a AWS Lambda. Dos modelos comparados na Tabela 4, Dong et al. (2017) LeNet-5, SVM e Nakasi et al. (2020) F-RCNN, também poderiam ser postos em produção nas mesmas plataformas, pois são pequenos e utilizam bibliotecas que cabem no espaço permitido, porém, possuem uma acurácia menor do que a do modelo proposto.

5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Neste trabalho foi apresentado um modelo inteligente automático em nuvem para identificação de células sanguíneas infectadas por protozoário da malária através de imagens. Foi avaliado o sistema em nuvem implementado para receber requisições de usuário com imagens; processar a imagem através do modelo inteligente; e retornar a informação de existência de infecção por malária. Além disso, foi avaliado o modelo desenvolvido baseado em Redes Neurais Convolucionais, que atingiu 0,97 de Acurácia e F1-Score, sendo assim, equiparado ao desempenho de abordagens do estado-da-arte.

O trabalho apresentado, realiza a tarefa proposta em classificar imagens de células sanguíneas segmentadas, isto é, um pré-processamento em imagens de Placas de Petri deve ser realizado para extrair, individualmente, imagens das células sanguíneas. Em trabalhos futuros, sugere-se a automatização destes dois processos, tanto o pré-processamento, que pode ser feito utilizando técnicas de Inteligência Artificial ou técnicas clássicas de Processamento Digital de Imagens, seguidos da classificação de imagens proposta neste trabalho, com isso, o modelo poderia identificar o número de células infectadas em um número de n amostras e tentar realizar inferência quanto ao estágio da doença. Outra ideia, seria a captação de outros dados do paciente, como idade, endereço, etc. Com isso, através de uma mineração de dados, o sistema conseguiria estipular, por exemplo, regiões mais afetadas e, assim, gerar informações de como otimizar direcionamento de recursos para conter surtos.

REFERÊNCIAS

- Alves, A. (2019). Inteligência artificial pode detectar alzheimer seis anos mais cedo. Disponível em: <https://exame.abril.com.br/ciencia/inteligencia-artificial-pode-detectar-alzheimer-seis-anos-mais-cedo/>.
- Braga, A., Ludemir, T., and Carvalho, A. (2016). *Redes Neurais Artificiais: Teoria e Aplicações*, volume 2ns. LTC.
- Budd, S., Robinson, E.C., and Kainz, B. (2021). A survey on active learning and human-in-the-loop deep learning for medical image analysis. *Medical Image Analysis*, 71, 102062. doi:<https://doi.org/10.1016/j.media.2021.102062>. URL <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1361841521001080>.
- Cerioni, C. (2019). A vez da inteligência artificial na medicina. Disponível em: <https://exame.abril.com.br/revista-exame/a-vez-dos-dados/>.
- Coulouris, G., Dollimore, J., Kindberg, T., and Blair, G. (2013). *Sistemas Distribuídos: Conceitos e Projetos*. Bookman, 5th edition.
- Debelee, T., Schwenker, F., and Ibenhal, A. (2020). Survey of deep learning in breast cancer image analysis. volume 11, 143–163. *Evolving Systems*.
- Diyasa, I.G.S.M., Fauzi, A., Setiawan, A., Idhom, M., Wahid, R.R., and Alhajir, A.D. (2021). Pre-trained deep convolutional neural network for detecting malaria on the human blood smear images. In *2021 International Conference on Artificial Intelligence in Information and Communication (ICAIIIC)*, 235–240. doi:10.1109/ICAIIIC51459.2021.9415183.
- Dong, Y., Jiang, Z., Shen, H., David Pan, W., Williams, L.A., Reddy, V.V.B., Benjamin, W.H., and Bryan, A.W. (2017). Evaluations of deep convolutional neural networks for automatic identification of malaria infected cells. In *2017 IEEE EMBS International Conference on Biomedical Health Informatics (BHI)*, 101–104. doi:10.1109/BHI.2017.7897215.
- Fauna (2021). Client-Serverless: Next-Gen Application Architecture. Disponível em: <https://fauna.com/client-serverless>.
- Lima, J.P.O., Silva, L.C.A., Silva, F.S., and Figueiredo, C.M.S. (2019). Pigmented dermatological lesions classification using convolutional neural networks ensemble mediated by multilayer perceptron network. *IEEE Latin America Transactions*.
- Medeiros, A.C. and Cruz, L.M. (2020). Malária 2020. Ministério da Saúde - Governo Federal do Brasil.
- MinistérioDaSaúde (2019). Malária: o que é, causas, sintomas, tratamento, diagnóstico e prevenção. Ministério da Saúde - Governo Federal do Brasil. Disponível em: <http://saude.gov.br/saude-de-a-z/malaria>.
- Nakasi, R., Tusubira, J.F., Zawedde, A., Mansourian, A., and Mwebaze, E. (2020). A web-based intelligence platform for diagnosis of malaria in thick blood smear images: a case for a developing country. In *2020 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition Workshops (CVPRW)*, 4238–4244. doi:10.1109/CVPRW50498.2020.00500.
- Rajaraman, S., Antani, S.K., Poostchi, M., Silamut, K., Hossain, M.A., Maude, R.J., Jaeger, S., and Thoma, G.R. (2018). Pre-trained convolutional neural networks as feature extractors toward improved malaria parasite detection in thin blood smear images. *PeerJ - Life Environment*.
- Strickland, E. (2019). Ibm watson, heal thyself: How ibm overpromised and underdelivered on ai health care. *IEEE Spectrum*, 56(4), 24–31. doi:10.1109/MSPEC.2019.8678513.
- Tanenbaum, A. and Steen, M. (2007). *Sistemas Distribuídos: Princípios e Paradigmas*. Pearson Universidades, 2nd edition.
- Vatche Ishakian, Vinod Muthusamy, A.S. (2018). Serving deep learning models in a serverless platform. doi:10.1109/IC2E.2018.00052.