

# CLASIFICACIÓN DE PARASITOS DE LA MALARIA

Angelica Maria Rojas Tocora

[angelica.rojas-t@mail.escuelaing.edu.co](mailto:angelica.rojas-t@mail.escuelaing.edu.co)

**Abstract** - Malaria, a prevalent parasitic disease, has traditionally been diagnosed through microscopic blood examination, a method that requires considerable expertise and is subject to interpretative variability. This project proposes the use of advanced image processing techniques and machine learning to enhance the detection and classification of the four malaria parasites that infect humans: *Plasmodium falciparum*, *P. vivax*, *P. ovale*, and *P. malariae*.

**Index Terms** – Malaria, Image Processing, Machine Learning, Preprocessing, Segmentation, Deep Learning, Convolutional Neural Networks (CNN)

## I. INTRODUCCION

La malaria, una enfermedad parasitaria que afecta a millones de personas cada año, es causada por los parásitos del género *Plasmodium*, los más relevantes para los humanos son *P. falciparum*, *P. vivax*, *P. ovale* y *P. malariae*. Tradicionalmente, la detección y diagnóstico de la malaria se realiza a través de la observación microscópica de muestras de sangre, un proceso que puede ser laborioso y sujeto a errores debido a la necesidad de un examinador experimentado y a la variabilidad en la interpretación de los resultados.

Sin embargo, la tecnología actual presenta oportunidades significativas para mejorar este proceso. El procesamiento de imágenes y el aprendizaje automático han demostrado un potencial considerable en una variedad de aplicaciones de diagnóstico médico, y la malaria no es una excepción. A través de técnicas como la segmentación de imágenes, mejora del contraste y filtrado, las imágenes de las muestras de sangre pueden prepararse para la clasificación automatizada. Las redes neuronales convolucionales (CNN), que han demostrado ser efectivas en el reconocimiento de patrones en imágenes, podrían luego usarse para identificar y clasificar los parásitos de la malaria presentes en las muestras.

El proyecto de investigación propuesto se alinea con los objetivos del grupo de investigación de aplicar tecnologías emergentes para abordar problemas importantes de salud pública. Por lo cual, se propone desarrollar un algoritmo de clasificación en imágenes de microscopía los cuatro parásitos de la malaria que infectan a los seres humanos, los cuales son: *Plasmodium falciparum*, *P. vivax*, *P. ovale* y *P. malariae* usando técnicas de preprocesamiento de imágenes y de machine learning.

La idea de aplicar el procesamiento de imágenes y el aprendizaje automático al diagnóstico de la malaria no es

nueva. Rajaraman et al. (2018) emplearon técnicas de aprendizaje profundo para detectar la malaria en imágenes de frotis de sangre. En su estudio, utilizaron redes neuronales pre-entrenadas como extractores de características para mejorar la detección de parásitos de la malaria.[1]

Así mismo, el estudio "Image analysis and machine learning for detecting malaria" de Mahdiah Poostchi aborda el uso avanzado de técnicas de análisis de imágenes y aprendizaje automático para la detección de la malaria. Se exploran métodos de mejora de imagen, como las técnicas de "Stretching" y "Low-pass Filtering", y se implementan estrategias de normalización de color, como "Linear Model" y "Gray World Color Normalization". En el ámbito de la clasificación, se destacan enfoques como "Template Matching", "Ada-boost", "Genetic Algorithm" y "Support Vector Machine (SVM)". Además, se emplean redes neuronales y técnicas de aprendizaje profundo para una identificación más precisa. Específicamente para la malaria, se introducen técnicas probabilísticas basadas en características morfológicas y texturales, y se menciona la detección automática de la especie *P. falciparum*. Estas técnicas colectivamente buscan mejorar la precisión y eficiencia en la identificación de células infectadas con malaria.[2]

También, en el documento titulado "Deep Convolutional Networks for Point of Care Diagnostics" se centra en la aplicación de redes neuronales convolucionales profundas para diagnósticos basados en microscopía. Estas técnicas de aprendizaje profundo han revolucionado el campo de la visión por computadora, y en algunos casos, han superado el rendimiento humano en tareas de reconocimiento de objetos. En lugar de depender de características de imagen diseñadas manualmente, estas técnicas aprenden representaciones efectivas de las imágenes de entrada automáticamente. El estudio evaluó el rendimiento de estas redes en tres tareas de microscopía diferentes: diagnóstico de malaria en frotis de sangre gruesa, tuberculosis en muestras de esputo e identificación de huevos de parásitos intestinales en muestras de heces.[3]

Además, El estudio dirigido por Barkha Kakkar explora el uso de la inteligencia artificial para detectar y clasificar parásitos de la malaria a través de imágenes microscópicas. Se recopilaron datos de tres fuentes distintas, segmentándolos en cuatro clases de parásitos: *Falciparum*, *Malariae*, *Ovale* y *Vivax*. Tras un meticuloso preprocesamiento de las imágenes, se aplicaron técnicas avanzadas de extracción de características para identificar áreas clave en las imágenes. Se emplearon varios modelos de aprendizaje profundo, entre ellos DenseNet121,

DenseNet201, ResNet152V2, NasNetLarge, MobileNetV2 y un modelo híbrido de DenseNet201 y ResNet152V2. En términos de métricas, MobileNetV2 alcanzó la mayor precisión, mientras que ResNet152V2 registró la mejor pérdida con un valor de 0.005. Además, DenseNet121 logró un puntaje perfecto en precisión, recall y puntaje F1, todos con un valor de 1.00. Estos resultados destacan la capacidad de los modelos de inteligencia artificial para identificar con precisión parásitos de la malaria en imágenes microscópicas.[4]

Y para concluir, en el documento "Deep learning for microscopic examination of protozoan parasites" de Chi Zhang explora el uso de aprendizaje profundo en la detección de parásitos protozoarios mediante imágenes microscópicas. Se empleó la red MCellNet para identificar Giardia y Cryptosporidium en agua, procesando hasta 346 fotogramas por segundo. Se abordaron tareas como detección, clasificación, segmentación y seguimiento de parásitos usando modelos como YOLO, CNN y U-Net. Técnicas como el aprendizaje transferido y modelos GAN se usaron para reducir la necesidad de anotaciones detalladas. Los smartphones también desempeñaron un papel crucial en el diagnóstico. En cuanto a métricas, un modelo alcanzó una precisión del 97.47% en la clasificación de glóbulos rojos infectados, y otro basado en GCN tuvo una precisión del 95.4% en la identificación de parásitos de la malaria.[5]

## II. METODOLOGÍA

Se propone la metodología descrita en la figura 1 para alcanzar el objetivo propuesto:

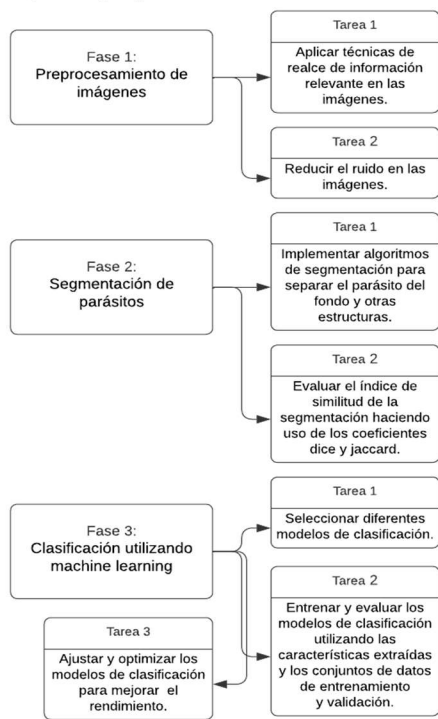


Figura 1: Diagrama de bloques metodología

### A. Dataset

El conjunto de datos consiste en 229 imágenes de frotis de sangre obtenidas del Chittagong Medical College Hospital en Bangladesh. Estas imágenes han sido segmentadas para resaltar la región visual de los eritrocitos. Las imágenes están clasificadas en cuatro categorías, basadas en las especies de Plasmodium que causan malaria: Plasmodium falciparum, Plasmodium vivax, Plasmodium malariae y Plasmodium ovale. La distribución de las imágenes por especie es la siguiente: 122 imágenes corresponden a Plasmodium falciparum, 37 a Plasmodium malariae, 29 a Plasmodium ovale y 46 Plasmodium vivax.

Este dataset no contaba con anotaciones específicas para la segmentación de parásitos por especie, sino; para la segmentación por fase de vida, en consecuencia, a esto, se realizó una segmentación manual haciendo uso de la herramienta de MATLAB Image Labeler.

### B. Segmentación

Se segmentó el color morado; considerando que todos los parásitos están pintados con este color en las imágenes. Se utiliza MATLAB para este proceso, el cual, implica varios pasos, desde la conversión de la imagen a un espacio de color adecuado hasta la creación de una máscara binaria que identifica las áreas de interés.

#### 1) Definición del Rango de Color:

Primero, definimos el rango del color morado en el espacio de color HSV (Hue, Saturation, Value), que es más efectivo para la segmentación de colores que el espacio de color RGB (Red, Green, Blue). El rango se ajusta según las necesidades específicas y el tono deseado de morado:

```
rango_color_morado = [0.7, 0.2, 0.2; 0.9, 1.0, 1.0];
```

#### 2) Conversión de RGB a HSV:

Convertimos la imagen del espacio de color RGB al espacio HSV. Esto facilita la identificación de colores específicos en la imagen.

#### 3) Creación de la Máscara Binaria:

Creamos una máscara binaria que identifica el color morado en la imagen. Esta máscara compara cada píxel con el rango definido, resultando en una imagen binaria donde los píxeles morados son marcados.

### C. Clasificación

Se usó transfer learning. El cual es una técnica avanzada en el campo del aprendizaje automático, que consiste en aplicar conocimientos adquiridos en una tarea para mejorar el aprendizaje en otra tarea relacionada. Esta estrategia es especialmente útil cuando se cuenta con un conjunto de datos

limitado para una tarea específica, ya que permite aprovechar modelos previamente entrenados en conjuntos de datos más grandes y generalizados. Entre sus ventajas, se destacan la eficiencia en tiempo y recursos, al reducir la necesidad de entrenar un modelo desde cero, y la capacidad de lograr un rendimiento significativamente mejorado en tareas especializadas.

ConvNet	Hiperparametros	Accuracy
GoogleNet	Epoch: 30 Iteration: 870 Learning Rate: 0.0001 Batch size: 5	98.41%
GoogleNet	Epoch: 30 Iteration: 30 Learning Rate: 0.0001 Batch size: 100	80.95%
Squeezenet	Epoch: 11 Iteration: 33 Learning Rate: 0.0001 Batch size: 100	73.02%

Tabla 1: Comparación rendimiento entre modelos entrenados.

Se probaron distintas arquitecturas como se compara en la tabla 1, de las cuales la red preentrenada tipo GoogleNet fue la de mejor desempeño, una arquitectura de red neuronal profunda conocida por su eficacia en tareas de clasificación de imágenes. Se configura para analizar las imágenes de frotis de sangre en la investigación de la malaria. Consta de 144 capas y 170 conexiones. El proceso comienza cargando parámetros de entrenamiento desde un archivo específico, seguido de la importación de datos de entrenamiento para los cuales se utilizó el 70% de la base de datos y validación para lo que se utilizó el 30%. Se emplea una arquitectura de red tipo Inception, con capas como convolución, ReLU, max pooling, normalización de canal cruzado y concatenación de profundidad. Además, se incluyen capas de agrupamiento global promedio, dropout y una capa totalmente conectada para la clasificación. El entrenamiento se realiza con opciones específicas, como una tasa de aprendizaje inicial del 0.001 y tamaño de min-batchsize 5, utilizando el algoritmo SGD con momento, y teniendo 30 épocas.

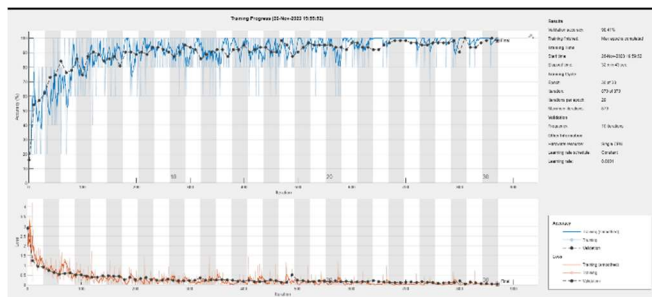


Figura 3: Curva de entrenamiento GoogleNet Modelo final.

### III. RESULTADOS

#### A. Segmentación

Se utilizó el índice DICE para el 30% de cada muestra; es decir, 36 para Falciparum, 11 para Malariae, 9 para Ovale y 14 para Vivax. El promedio de los índices fue, de 0,86 para Falciparum, 0,81 para Malariae, 0,85 para Vivax y 0,79 para Ovale.

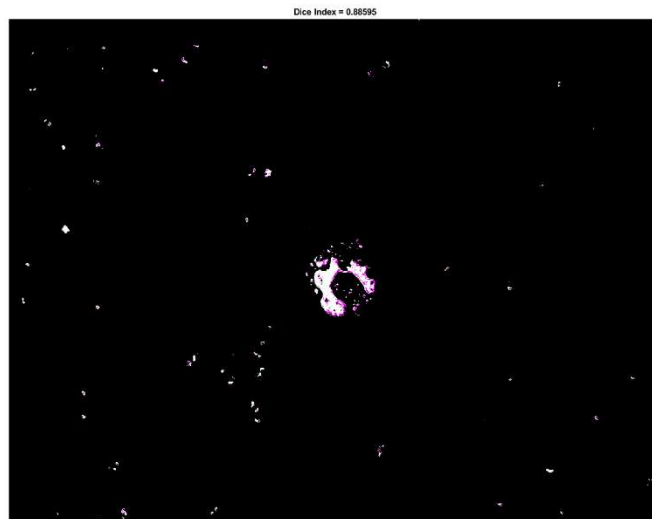


Figura 2: Cuantificación de la segmentación imagen referencia (Parasito Falciparum).

#### B. Clasificación

Se obtuvo un accuracy de 98.41 Además, de un MCC ((Matthews Correlation Coefficient) de 97.91% indicando una predicción muy alta de calidad. Por último, las siguientes métricas por clase como además se observa en la figura 4:

- 1) Para Falciparum:
  - Precisión: 96.75%
  - Recall (Sensibilidad): 100.00%
  - Especificidad: 96.95%
  - Puntuación F1: 98.35%
- 2) Para Malariae:
  - Precisión: 100.00%
  - Recall (Sensibilidad): 91.62%
  - Especificidad: 100.00%
  - Puntuación F1: 95.63%
- 3) Para la Ovale:
  - Precisión: 100.00%
  - Recall (Sensibilidad): 100.00%
  - Especificidad: 100.00%
  - Puntuación F1: 100.00%
- 4) Para la Vivax:
  - Precisión: 100.00%
  - Recall (Sensibilidad): 100.00%
  - Especificidad: 100.00%
  - Puntuación F1: 100.00%

Output Class	Falciparum	Malariae	Ovale	Vivax	
Falciparum	30 47.6%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	100% 0.0%
Malariae	1 1.6%	11 17.5%	0 0.0%	0 0.0%	91.7% 8.3%
Ovale	0 0.0%	0 0.0%	0 14.3%	0 0.0%	100% 0.0%
Vivax	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	12 19.0%	100% 0.0%
	96.9% 3.2%	100% 0.0%	100% 0.0%	100% 0.0%	98.4% 1.6%
	Falciparum	Malariae	Ovale	Vivax	

Figura 4: Matriz de confusión GoogleNet Modelo final.

#### IV. CONCLUSIONES

- Estudios anteriores han utilizado técnicas similares con éxito para detectar la malaria en imágenes de frotis de sangre. Se han explorado diferentes métodos de mejora de imagen y se han implementado estrategias de normalización de color, así como el uso de redes neuronales y técnicas de aprendizaje profundo.
- Modelos como DenseNet121, DenseNet201, ResNet152V2, NasNetLarge, MobileNetV2 y un modelo híbrido han mostrado resultados prometedores en la identificación precisa de parásitos de la malaria en imágenes microscópicas.
- Se destaca la alta precisión y eficiencia en la clasificación y diagnóstico de la malaria mediante el uso de Deep learning, En especial de la red Preentrenada GoogleNet en la cual se consiguió en accuracy más alto, el cual fue el resultado presentado.
- Se realizó una segmentación previa, sin embargo, esta no fue necesaria al utilizar el modelo. Con lo que podemos concluir que gracias a la arquitectura del modelo de las redes convolucionales no es necesario realizar una segmentación previa.
- Se tuvieron que probar varias arquitecturas para conseguir un modelo de alta calidad. Uno de los cambios más significativos fue el tamaño de min-batchsize. Ya que, en los modelos donde se obtuvo un accuracy de 80% se tenía este parámetro con 100 datos. Pero, al reducirlo drásticamente a 5 el modelo

mejoro radicalmente. Lo que nos lleva a concluir que para este caso lo mejor es ponerle un min-batchsize pequeño al modelo para mejorar su curva de aprendizaje.

#### REFERENCES

- [1] S. Rajaraman et al., "Pre-trained convolutional neural networks as feature extractors toward improved malaria parasite detection in thin blood smear images", PeerJ, vol. 6, p. e4568, abr. 2018, doi: 10.7717/peerj.4568.
- [2] M. Poostchi, K. Silamut, R. J. Maude, S. Jaeger, y G. Thoma, "Image analysis and machine learning for detecting malaria", Translational Research, vol. 194, pp. 36–55, abr. 2018, doi: 10.1016/j.trsl.2017.12.004.
- [3] J. A. Quinn, R. Nakasi, P. K. B. Mugagga, P. Byanyima, W. Lubega, y A. Andama, "Deep Convolutional Neural Networks for Microscopy-Based Point of Care Diagnostics", ago. 2016, [En línea]. Disponible en: <http://arxiv.org/abs/1608.02989>
- [4] B. Kakkar, M. goyal, P. Johri, y Y. Kumar, "Artificial Intelligence-Based Approaches for Detection and Classification of Different Classes of Malaria Parasites Using Microscopic Images: A Systematic Review", Archives of Computational Methods in Engineering. Springer Science and Business Media B.V., 2023. doi: 10.1007/s11831-023-09959-0.
- [5] C. Zhang et al., "Deep learning for microscopic examination of protozoan parasites", Comput Struct Biotechnol J, vol. 20, pp. 1036–1043, 2022, doi: 10.1016/j.csbj.2022.02.005.