

Desarrollo de modelos de inteligencia artificial para clasificación de eritrocitos infectados con *Plasmodium spp.* aplicado al diagnóstico de Malaria

Eduardo Rojas-Maturana¹, Irene Cartas-Espinel¹, Priscila Alvarez-Jaramillo¹, Matias Moris-Tapia¹, Manuel Salazar-Valles¹, Rodrigo Boguen¹, Pablo Letelier¹, Lucia San Martin-Zarate¹, Valeria San Martin-Zarate¹, Camilo Morales¹, Neftalí Guzmán-Oyarzo¹

1. Laboratorio de Investigación en Salud de Precisión, Departamento de Procesos Diagnósticos y Evaluación, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Católica de Temuco 4780000, Chile.

Introducción La malaria constituye un problema de salud en diversas regiones geográficas del mundo, con 243 millones de casos y 608 mil muertes en el mundo al 2023. Su diagnóstico se basa en el uso de la microscopía óptica, pero su precisión depende en gran medida de la experiencia del observador. La integración de la inteligencia artificial (IA) ofrece una oportunidad para mejorar la capacidad diagnóstica, por lo que el objetivo de este estudio fue establecer un modelo de visión por computadora para la identificación de eritrocitos parasitados con *Plasmodium spp.* para el diagnóstico de malaria por microscopía óptica. **Metodología** Un total de 27.558 imágenes de frotis sanguíneos fueron obtenidas de un dataset público (Malaria Project of the National Library of Medicine), divididas en eritrocitos parasitados ($n=13.779$) y no parasitados ($n=13.779$). Se establecieron cinco algoritmos de aprendizaje automático (Support Vector Machine, Random Forest, Decision Tree, K-Nearest Neighbors, GaussianNB) y dos redes neuronales convolucionales (CNN) pre-entrenadas, VGG-19 y EfficientNet. Los modelos de aprendizaje automático se sometieron a validación cruzada 5-fold, mientras que las redes neuronales fueron entrenadas y evaluadas sobre el conjunto de datos completo. Se emplearon métricas de rendimiento como precisión (P), recall (R), F1-score y el área bajo la curva (AUC). Finalmente, se aplicó la técnica LIME para analizar la interpretabilidad de los modelos de redes neuronales, identificando las características visuales más influyentes en la clasificación. **Resultados** El modelo que presentó mejor rendimiento correspondió a la red neuronal convolucional EfficientNet, con un AUC del 99%, precisión 96%, recall 97% y F1-score 96%. La interpretabilidad mediante LIME confirmó que los modelos de redes neuronales se enfocan en características morfológicas relevantes para la detección de eritrocitos parasitados. **Conclusión** Los resultados permiten proponer un modelo de red neuronal convolucional para diagnóstico de malaria que puede ser aplicado a laboratorios de baja complejidad debido a su fácil implementación y elevado rendimiento en entornos con recursos limitados.

FINANCIAMIENTO:

Vicerrectoría de Investigación y Postgrado, Universidad Católica de Temuco (Proyecto 2024GI-AH-03 y 2023FEQUIP-RB-01)