



Ciencia Latina
Internacional

Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar, Ciudad de México, México.
ISSN 2707-2207 / ISSN 2707-2215 (en línea), marzo-abril 2024,
Volumen 8, Número 2.

https://doi.org/10.37811/cl_rcm.v8i2

DETECCIÓN DE Babesia sp. EN FROTIS SANGUÍNEO A TRAVÉS DEL USO DE LA INTELIGENCIA ARTIFICIAL

DETECTION OF Babesia sp. IN BLOOD SMEARS THROUGH THE USE OF ARTIFICIAL INTELLIGENCE

Mvz. Denisse del Cisne Leon Motoche
Universidad Técnica de Machala, Ecuador

Dra. Matilde Lorena Zapata Saavedra
Universidad Técnica de Machala, Ecuador

Mvz. Fernando L. Aguilar Gálvez Z
Universidad Técnica de Machala, Ecuador

Daniel Victor Perez Hernandez
Universidad Técnica de Machala, Ecuador

DOI: https://doi.org/10.37811/cl_rcm.v8i2.12045

Detección de Babesia sp. en Frotis Sanguíneo a través del Uso de la Inteligencia Artificial

Mvz. Denisse del Cisne Leon Motoche¹denisseleonmotoche@gmail.comUniversidad Técnica de Machala
Ecuador**Dra. Matilde Lorena Zapata Saavedra**mlzapata@utmachala.edu.ec<https://orcid.org/0000-0002-8046-4328>
Universidad Técnica de Machala
Ecuador**Mvz. Fernando L. Aguilar Gálvez Z**flaguilar@utmachala.edu.ecUniversidad Técnica de Machala
Ecuador**Daniel Victor Perez Hernandez**dperez8@utmachala.edu.ec<https://orcid.org/0009-0008-0275-5921>
Universidad Técnica de Machala
Ecuador

RESUMEN

Dentro del grupo de enfermedades hemoparasitarias tenemos a Babesia canis, que es un microorganismo unicelular que vive y se reproduce en los vasos sanguíneos, infectando los eritrocitos. La mayoría de las especies de Babesia se describieron basándose en la supuesta especificidad del huésped y las características morfológicas de las etapas intraeritrocíticas. Por tal motivo, el siguiente trabajo desarrolló un programa para detectar babesia en frotis de sangre mediante el uso de tecnología, implementando inteligencia artificial en el reconocimiento morfológico de Babesia canis en etapa intraeritrocítica, ayudando a mejorar el diagnóstico efectivo y seguro en nuestras mascotas. Para este trabajo de estudio se realizaron dos pasos: primero se obtuvieron 100 placas positivas a Babesia sp mediante el uso del microscopio en un periodo de 7 días, tiempo durante el cual se seleccionó cada día o merocita presente en cada placa, luego se crearon una base de datos de imágenes, con el uso del programa Superesly, se ingresaron alrededor de 630 imágenes de las diferentes días o merozoitos encontrados en las placas. Este proceso se realizó en un periodo de 4 días. El siguiente paso fue la creación del algoritmo mediante el uso del programa Roles Data el cual nos permite crear un algoritmo según el entrenamiento de selección de imágenes.

Palabras clave: Babesia spp, enfermedad hemoparasitaria, microorganismo, unicelular: inteligencia artificial

¹ Autor principal

Correspondencia: denisseleonmotoche@gmail.com

Detection of Babesia sp. in Blood Smears through the Use of Artificial Intelligence

ABSTRACT

Within the group of hemoparasitic diseases we have Babesia canis, which is a single-celled microorganism that lives and reproduces in blood vessels, infecting erythrocytes. Most Babesia species were described based on putative host specificity and morphological characteristics of intraerythrocytic stages. For this reason, the following work developed a program to detect babesia in blood smears through the use of technology, implementing artificial intelligence in the morphological recognition of Babesia canis in the intraerythrocytic stage, helping to improve effective and safe diagnosis in our pets. For this study work, two steps were carried out: first, 100 plates positive for Babesia sp were obtained through the use of the microscope in a period of 7 days, during which time each dyad or merozoite present in each plate was selected, then I created a database of images, with the use of the Superesly program, around 630 images of the different dyads or merozoites found in the plates were entered. This process was carried out in a period of 4 days. The next step was the creation of the algorithm using the use of the Roles Data program which allows us to create an algorithm according to image selection training.

Keywords: Babesia spp, hemoparasitic disease, unicellular microorganism, artificial intelligence

*Artículo recibido 28 marzo 2024
Aceptado para publicación: 30 abril 2024*



INTRODUCCIÓN

Ecuador es un País que se caracteriza por su diversidad geográfica, posee predomios de ambientes cálidos por encima de los 22°C (85% del territorio), lo que favorece la biología de artrópodos vectores y la transmisión de organismos patógenos (6), especialmente los que producen las conocidas fiebres por garrapatas. Además, es considerado como un Estado de clima tropical, por encontrarse ubicado dentro de la zona ecuatorial(7).

En nuestro medio se presentan una gran variedad de artrópodos, en consideración principalmente del género *Rhipicephalus sanguineus*, siendo este considerado como un vector capaz de originar un sinnúmero de patologías en diferentes vertebrados (8), estas patologías son determinadas como enfermedades hemotrópicas o hemoparasitarias, ya que finalizan su ciclo biológico en el torrente sanguíneo del huésped(9).

Dentro del grupo de enfermedades hemoparasitarias tenemos la *Babesia canis*, que es un microorganismo unicelular que se alberga y se reproduce a nivel de vasos sanguíneos infectando a los eritrocitos(3). En diversas partes del mundo existen varias especies del género *Babesia* spp, pero las que afectan a los caninos principalmente son *B. canis* transmitida por *Dermacentor reticulatus*, y se encuentra presente en Europa y la *B. canis gibsoni*, transmitida por *Rhipicephalus sanguineus*, presentes en zonas tropicales y sub tropicales(10).

Históricamente, la mayoría de las especies de *Babesia* se describieron basándose en la supuesta especificidad del huésped y las características morfológicas de las etapas intraeritrocíticas. En un estudio realizado en 1910 (11) se describió una especie distinta, *Babesia gibsoni*, en perros de la India. Dado que los trofozoitos y merontos intraeritrocíticos de *B. gibsoni* eran generalmente más pequeños que los de *B. canis*, esto se convirtió en una práctica común al referirse a los perros que infectaban a *Babesia* grande o pequeña (12).

La inteligencia artificial hoy en día promete una transformación significativa del cuidado de la salud en todas las áreas médicas incluida la veterinaria (13). El futuro de las especialidades médicas dependerá en gran medida de la interacción humana y la creatividad, obligando de esta manera a los médicos ir evolucionando y empleando la inteligencia artificial como una herramienta en la atención del enfermo(14). De esta manera se ofrecerá a los pacientes seguridad, autonomía y



posibilidad de atención médica oportuna en zonas de difícil acceso, y a los médicos les ayudará a disminuir la carga administrativa, el tiempo en pantallas y el agotamiento profesional (15).

Etiología

Estudios realizados por Levine 1973 y Soulbine 1987 el agente causal de babesiosis canina es la *Babesia canis* y *Babesia gibsoni* cuya longitud varía de 3 a 5 µm de longitud (16), presentan un polo agudo y el otro redondeado, se encuentran de 2 a 4 trofozoitos por hematíes en algunos casos, se pueden encontrar, también en los macrófagos debido a la eritrofagocitosis (17)

Taxonomía

Existen dos formas morfológicas de la *Babesia* dentro de la fase eritrocitaria del huésped canino, los primeros estudios nos dan dos formas la más grande con 3-5 µm determinada como *Babesia canis* y la más pequeña con 1-3 µm determinada como *Babesia gibsoni* (1,18), a pesar de los rangos de medida establecidos por estudios anteriores se obstaculiza la clasificación taxonómica, debido a que a simple vista sus características morfológicas no permitían una mayor determinación. (19)

Clasificación taxonómica

Tabla 1 Taxonomía

Género	<i>Babesia</i>
Subclase	Piroplasmata
Orden	Piroplasmida
Super familia	Babesioidea
Familia	Babesiidae

Fuente: El Autor

Especies de babesia

Se describen cerca de 8 especies o subespecies genéticamente distinguibles de *Babesia* que pueden infectar a perros, mientras en gatos se han descrito dos incluyendo; *Babesia canis canis*, *B. c. vogeli*, *B. c. rossi*, *B. gibsoni*, *B. conradae*, *Theileria annae*, *B. felis* (Feline), *B. canis presentii* (Feline) (20). Esto puede afectar la interpretación de los resultados, dado que la mayoría de los laboratorios identifican a solo 2 especies en caninos (21).



Morfología de babesia

Son parásitos intraeritrocitarios, que se suelen encontrar en la luz de los pequeños capilares. En el interior se multiplican por fisión binaria, de tal forma que aparecen formando parejas (diadas) o grupos de cuatro merozoítos (tetradas) en los eritrocitos parasitados(22). Para la identificación de las especies se observan parámetros en su forma ya que son pleomórficos y generalmente tienen forma de lágrima o coma, pero también pueden ser redondeados, ovalados, etc (23). Poseen un tamaño variable, de entre 1 y 5-6 micras. En general se diferencia entre babesias grandes (de un diámetro de más de tres micras) y babesias pequeñas (de un diámetro medio de menos de 2.5 micras)(24). La posición en el glóbulo rojo se suele presentar central o periférica, y la disposición de las parejas están en un ángulo cerrado o abierto(25).

Ciclo de vida

Las etapas del ciclo de la babesia dependerán de diferentes factores como la especie de babesia de la garrapata, la temperatura y el nivel de infección del huésped y las garrapatas, pero ciertos estudios describen un desarrollo de reproducción sexual para los vertebrados y una reproducción asexual para los invertebrados(26).

Reproducción asexual conocida como Esquizogonia o merogonia que se produce en las células rojas del hospedador vertebrado

Reproducción sexual conocida como Gametogonia, se produce la formación y fusión de los gametos en las células intestinales de una garrapata, hospedador invertebrado.

En el ciclo de la babesia el hospedador intermedio es el canino por ende su reproducción es en forma asexual (27). Al ser picado por las garrapatas infectadas, se comienza con una parasitemia transitoria que dura aproximadamente cuatro días. Luego se presenta una parasitemia más intensa alrededor del 15avo días (28).

METODOLOGÍA

El estudio utilizó el método empírico y científico el cual se basó en la observación de diferentes placas de frotis sanguíneo positivos a *Babesia sp* para la creación de una base de datos que se utilizaron para generar un algoritmo de identificación estructural.



Este estudio usó las muestras sanguíneas de perros positivos a *Babesia sp.* de casa se realizó en la ciudad de Huaquillas de la provincia de El Oro – Ecuador. Para este estudio se tomó muestras de sangre en perros que lleguen a consulta al Consultorio León de la ciudad de Huaquillas.

La consolidación de un conjunto de imágenes de frotis sanguíneos correctamente etiquetadas.

- Primero se empieza con la toma de imagen desde la placa portaobjeto con cámara del microscopio (nikon eclipse E200 y cámara Mshot MS60)
- Segundo se procedió a observar la placa con lente de 4x, 10x, y al llegar a 100x
- Tercero se realizó la toma de imágenes con la cámara (sistema de análisis de imagen Mshot)
- Cuarto se procedio a armar la base de imágenes donde se observan merozoitos correspondiente a 60 placas de frotis sanguíneos con tinción GIEMSA
- Quinto el etiquetado de imagen con la herramienta Supervisely

Para el siguiente estudio se procedió a crear una base de imágenes de frotis sanguíneos que posean los merozoitos de *Babesia sp.* las imágenes obtenidas fueron de 630 imágenes la calidad de la imagen fue de 6.29 mp, cuyo tamaño de cada foto fue de 3072x2048 en un microscopio Nikon E 200.

Para el etiquetado de las diadas o merozoitos de *Babesia sp.* se utilizó el programa de supervisley el cual etiqueto la estructura morfológica de cada díada o merozoito. Se debe mencionar que por cada placa observada se encontraron de 1 hasta 4 meorzoitos dando un total de 630 diadas o merozoitos.

Una vez creada la base de datos y la segmentación de las diadas o merozoito a través de supervisley , se procedió a utilizar la herramienta de anotación Roboflow para el proceso de Data Aumentation que consiste en producir permutaciones de imágenes existentes en un conjunto de datos con el fin de crear nuevas imágenes que ayudan a mejorar la capacidad del modelo para generalizar y así funcionar de manera más efectiva(27). Esta herramienta además ofrece la capacidad de preprocesar las imágenes, hacer chequeos de salud del conjunto de datos y realizar divisiones de entrenamiento y validación. Con todo ello se llegó a generar un total de 471 imágenes, divididas en 456 para entrenamiento y 15 imágenes para fines de validación.

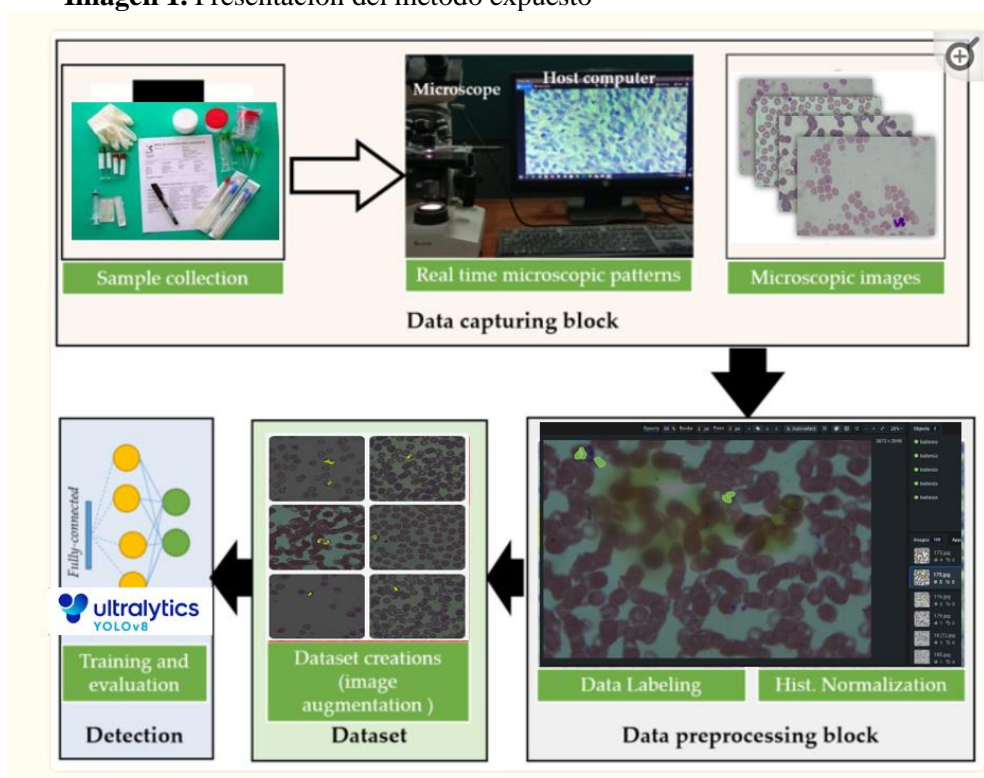
Partición de los datos en tres conjuntos de datos: entrenamiento, validación y test, mediante una técnica de validación cruzada. El modelo usado para el entrenamiento de la detección de babesia es YOLOv8l-seg al ser uno de los modelos con valores de precisión más alta y se ajusta al límite gratuito de recursos de hardware provistos por la plataforma Google Colab el cual provee infraestructuras informáticas en la nube como almacenamiento(29), memoria ram, capacidad de procesamiento y unidades de procesamiento gráfico (GPU) para entrenar modelos y trabajar con ciencia de datos, aprendizaje profundo, redes neuronales y aprendizaje automático

Los recursos y librerías provistos por Google Colab son:

GPU: Nvidia T4 - 16 GB, CPUs: 2, RAM: 12.7 GB, DISCO: 107.7 GB

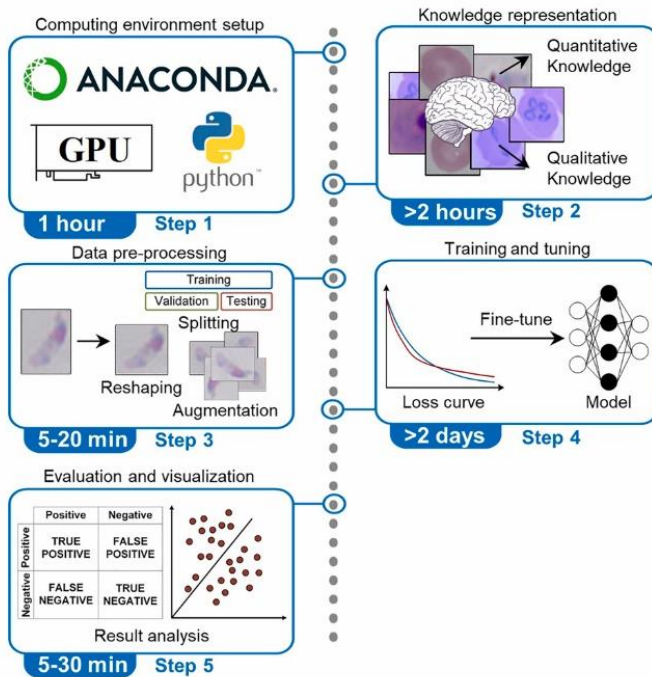
Python Version: 3.10.12, Torch: 2.0.1+cu118, Ultralytics Version: YOLOv8.0.180

Imagen 1. Presentación del método expuesto



Fuente: el autor

Imagen 2.



Fuente: el autor

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La métrica de evaluación principal en YOLOv8 es mAP50 y mAP50-95 (precisión promedio media) que se utilizó en tareas de segmentación de objetos, estas serán mostradas más adelante.

Existen otro tipo de métricas en tareas de visión por computadora estándar para la evaluación del desempeño, tales como precisión, recuperación y puntuación F1(30). Dado que nuestro objetivo fue diagnosticar mediante la búsqueda de babesias en una imagen microscópica y proporcionar una base para métodos futuros, se seleccionan las métricas de evaluación del desempeño siguientes:

- **N** = número de babesias detectadas
- **TP** (Verdadero Positivo) = número de Verdaderos Positivos, es decir, el número de babesias que son babesias reales entre las babesias D detectadas. Es decir, cuando nuestro modelo predice correctamente la babesia.
- **FP** (Falso Positivo) = número de falsos positivos, es decir, el número de babesias que no son babesias reales entre las babesias D detectadas. Es decir, cuando no hay babesias en la imagen de entrada y el algoritmo propuesto aún detecta la babesia.

- **FN** (Falso negativo) = número de falsos negativos, es decir, el número de babesias reales que no se han detectado. Es decir, cuando hay babesias en la imagen de entrada y el algoritmo propuesto no detecta la babesia.
- **Confidence** = la puntuación de confianza muestra qué tan seguro está el modelo YOLO con respecto a la presencia de la región de babesia.
- **R ó Recall** (sensibilidad) = $TP / (TP+FN)$
- **P ó Precision** (valor predictivo positivo) = $TP / (TP+FP)$

Muestra hasta qué punto la detección positiva de la babesia es realmente correcta

- **F-measure** (F1) = $2 * (Precision * Recall) / (Precision + Recall)$

Es la media armónica de precisión y recuperación. Cuanto mayor sea la puntuación F1, mejor será el algoritmo.

Imagen 3. Resultados de entrenamiento

```

/content/drive/MyDrive/BABESIA
Ultralytics YOLOv8.0.215 Python-3.10.12 torch-2.1.0+cu118 CUDA:0 (Tesla T4, 15102MiB)
YOLOv8l-seg summary (fused): 295 layers, 45912659 parameters, 0 gradients, 220.1 GFLOPs
Downloading https://ultralytics.com/assets/Arial.ttf to '/root/.config/Ultralytics/Arial.ttf'...
100% 755k/755k [00:00<00:00, 24.0MB/s]
val: Scanning /content/valid/labels... 15 images, 0 backgrounds, 0 corrupt: 100% 15/15 [00:00<00:00, 729.68it/s]
val: New cache created: /content/valid/labels.cache
      Class      Images  Instances  Box(P  R      mAP50  mAP50-95  Mask(P  R      mAP50  mAP50-95): 100% 15/15 [00:07<00:00, 2.00it/s]
           all         15         29      0.898  0.906  0.898   0.632   0.898  0.906  0.898   0.645
Speed: 1.6ms preprocess, 317.0ms inference, 0.0ms loss, 20.3ms postprocess per image
Results saved to runs/segment/val
Learn more at https://docs.ultralytics.com/modes/val

```

Fuente: el autor

Imagen 4. Tiempos aproximados de Inferencia en una imagen

```

image 1/1 /content/valid/images/2023-11-11-22_46_33-351_282_jpg.rf.774384501855e338bc979566c4d4daac.jpg: 1376x2048 2 babesias, 361.9ms
Speed: 24.5ms preprocess, 361.9ms inference, 9.5ms postprocess per image at shape (1, 3, 1376, 2048)

```

A partir de las métricas generadas del entrenamiento se calcula la métrica F1:

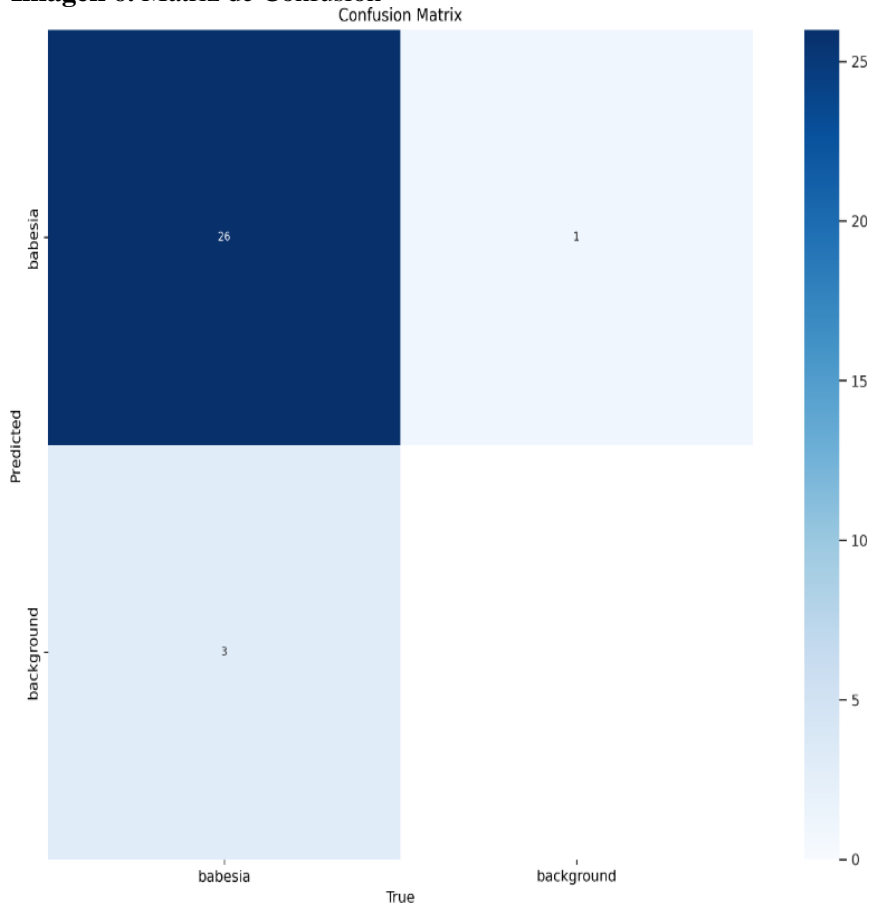
Imagen 5. cálculo de la métrica para calcular el nivel de confianza

$$F1 = \frac{2 \times Precision \times Recall}{Precision + Recall} = \frac{2 \times 0.898 \times 0.906}{0.898 + 0.906}$$

$$F1 = 0.9019$$

Fuente: el autor

Imagen 6. Matriz de Confusión



Fuente: El Autor

En el conjunto de datos propuesto, el conjunto de validación tiene un total de 15 imágenes de histopatología con 29 objetos de babesia etiquetados o anotados. El modelo YOLOv8 entrenado se aplica al conjunto de validación y se evalúa su rendimiento.

Entre el total de 29 objetos de babesia, 26 objetos se detectan correctamente ($TP = 26$), se pasan por alto 3 babesias ($FN = 3$) y 1 objeto adicional se detectan como babesia ($FP = 1$). La precisión, la recuperación y la puntuación F1 del método de referencia en el conjunto de prueba son 0,898, 0,906 y 0,9019 respectivamente.

Tabla 2 Resumen del rendimiento del modelo de referencia (YOLOv8) en el conjunto de validación

Parameter	Value
Precision (Box)	0.898
Recall (Box)	0.906
mAP50 (Box)	0.898
mAP50-95 (Box)	0.632
Precision (Mask)	0.898
Recall (Mask)	0.906
mAP50 (Mask)	0.898
mAP50-95 (Mask)	0.645
F1-Score	0.7808
True Positive (TP)	26
False Positive (FP)	1
False Negative (FN)	3

En resumen, la tarea de una sola clase se mantiene con los parámetros con defecto, se modifican el **batch=1**, la época o tamaño de entrada se configuró en mantener una detección de considera una clasificación de objeto a detectar y entrenamiento se mayor parte de sus valores por únicamente se tamaño del lote o cantidad de **epochs=70**, el de la red o **imgsz 2048 × 2048** para resolución similar a la imagen original y evitar perder información al redimensionar a valores inferiores. Estas configuraciones permiten entrenar el modelo y no superar el consumo máximo de hardware permitido por la plataforma *Google Colab*, de no ser así la plataforma detendrá el entrenamiento.

Imagen 7. Validación en comparación a la base de datos formada



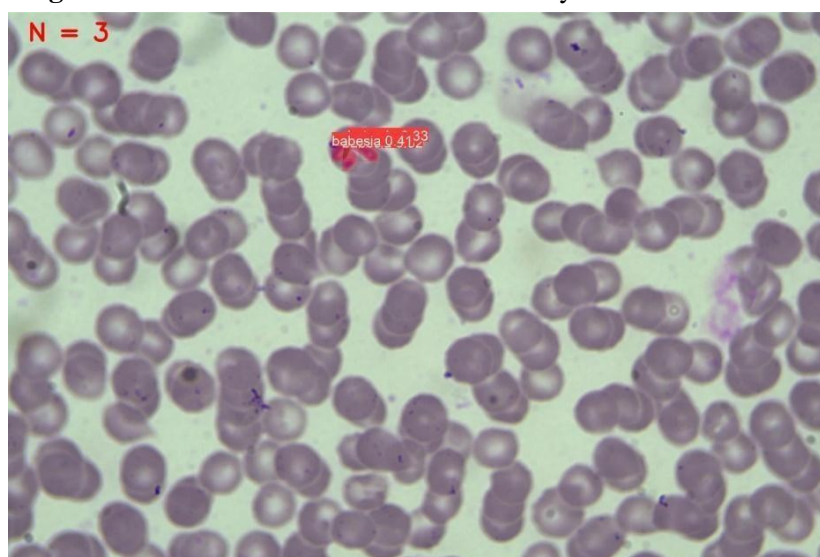
Fuente: El autor

Imagen 8. Visualización de Resultados con 0.81 de validación



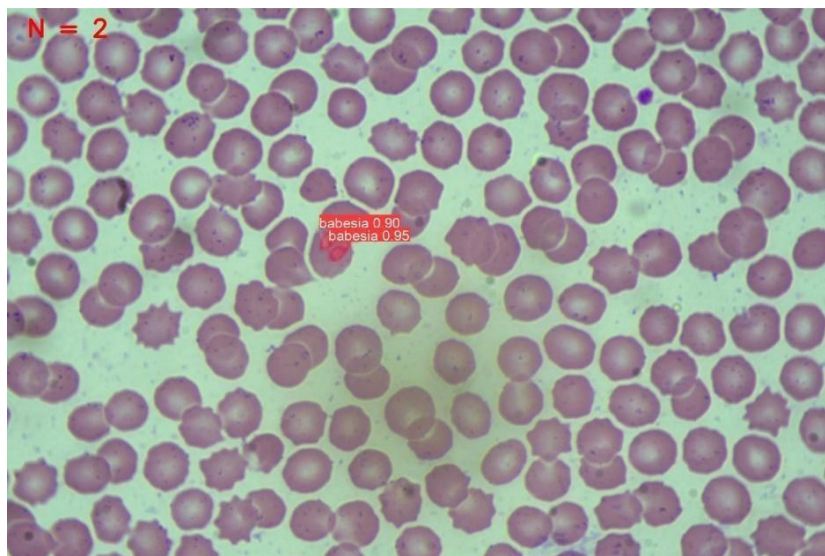
Fuente: el autor

Imagen 9 Visualización de resultados con 0.41 y 0.33 de validación



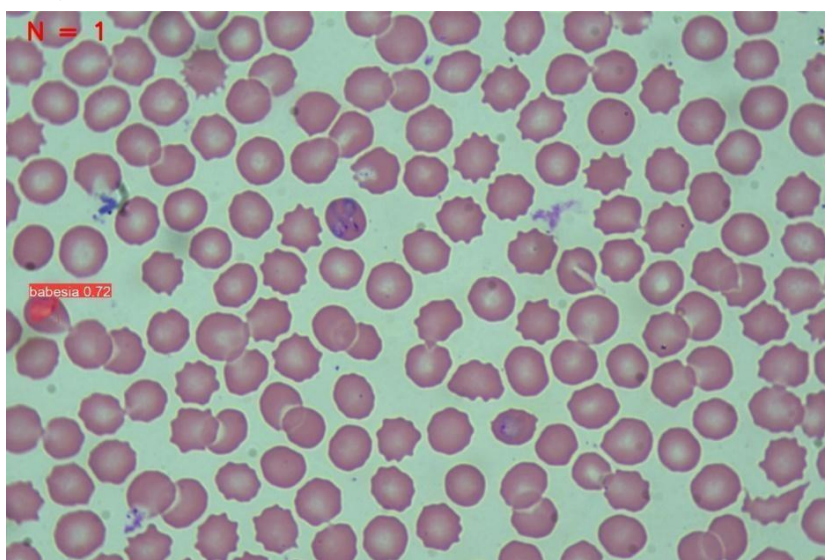
Fuente: el autor

Imagen 10. Visualización de resultados con 0.90 y 0.95 de validación



Fuente: el autor

Imagen 11. Visualización de resultados con 0.72 de validación



Fuente: el autor

Imagen 14. Visualización de resultados con 0.86 y 0.79 de validación



Fuente: El autor

CONCLUSIONES

En el presente trabajo se creó una data o base de datos con un numero de 630 imágenes de las cuales 476 fueron escogidas para el entrenamiento del programa y 15 imágenes para validación. La creación de una base de datos basados en imágenes se utiliza en la visión por computadora, van desde cambiar el brillo hasta agregar ruido aleatorio a las imágenes. Éstos son algunos de los más comunes: rotación, recorte aleatorio, exposición, desenfoque, voltear, saturación, ruido aleatorio, aumento de mosaico. La inteligencia artificial ha mejorado en la eficiencia y precisión de los enfoques diagnósticos médicos sobre todo en el campo de la citología debido a que los programas se basan en secuencias de imágenes los cuales se segmentan según su estructura o forma celular, esto a permitido que los diagnostico sean más precisos y a tiempo (14,22).

Las imágenes que se obtuvieron ingresaron al programa supervaesy, en el cual se realizó el recorte o etiquetado de cada estructura de merozoito encontrados en los frontis sanguíneos positivos a babesia. El programa supervaesy nos da muchas opciones para recortar en diferentes tamaños y formas de acuerdo a la necesidad de cada imagen, este proceso de etiquetado no tomo de mucho tiempo y su realización es sencilla debido a que el programa puede realizar muchas operaciones tanto de recorte o etiquetado y de dar forma a las imágenes de acuerdo a la necesidad del autor.

La detección de babesia se considera una tarea de clasificación de una sola clase u objeto a detectar y para su entrenamiento se mantienen la mayor parte de parámetros con sus valores por defecto,

únicamente se modifican el tamaño por ello Roles Data, nos indica que si hay imágenes a las que les faltan anotaciones, puede profundizar más para agregar las anotaciones necesarias, es decir que si la imagen no tiene anotaciones nulas, puede considerar agregar algunas según el proyecto en el que esté trabajando.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Enrique c, roa m. ciencia unisalle evaluación molecular , de ehrlichia canis y babesia canis en caninos militares de la fuerza aérea colombiana. 2019;

Espinoza r. universidad agraria del ecuador | ambiental. universidad agraria del ecuador facultad de ciencias agrarias [internet]. 2020; disponible en:

https://www.uagraria.edu.ec/carrera_ambiental.php

Fernández C., F. (2024). Determinación De Erodabilidad En Áreas De Influencia Cuenca Poopo Región Andina De Bolivia. Horizonte Académico, 4(4), 63–78. Recuperado a partir de

<https://horizonteacademico.org/index.php/horizonte/article/view/19>

Vargas-cuy, d. h., torres-caycedo, m. i., & pulido-medellín mo. anaplasmosis y babesiosis estado actual. universidad de boyacá [internet]. (<https://orcid.org/0000-0003-0690-3182>):26. disponible en:

https://revistas.uptc.edu.co/index.php/pensamiento_accion/article/view/9723/8243#info

Zhang c, jiang h, jiang h, xi h, chen b, liu y, et al. deep learning for microscopic examination of protozoan parasites. vol. 20, computational and structural biotechnology journal. elsevier b.v.; 2022. p. 1036-43.

Dioselina lanzagorta-ortega1 diego l. carrillo- p rez1 2 * ra l carrillo-esper3. inteligencia artificial en medicina: presente y futuro.

https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=s0016-38132022001100017. 20 de enero de 2022;

Ruiz D az Ben tez , J. R. (2023). Design of a reference architecture in intelligent warehouse supply logistics through the use of Industry 4.0 technologies. Case of retail Warehouses in the city of Pilar. Revista Veritas De Difus o Cient fica, 4(2), 120–136.

<https://doi.org/10.61616/rvdc.v4i2.50>

Da Silva Santos , F., & L pez Vargas , R. (2020). Efecto del Estr s en la Funci n Inmune en



Pacientes con Enfermedades Autoinmunes: una Revisión de Estudios Latinoamericanos. Revista Científica De Salud Y Desarrollo Humano, 1(1), 46–59.

<https://doi.org/10.61368/r.s.d.h.v1i1.9>

Merchán Arianna, L “Análisis de la prevalencia de babesia canis mediante frotis sanguíneo en perros del litoral Ecuatoriano” Universidad técnica de babahoyo. 2012

<https://rraae.cedia.edu.ec/Author/Home?author=Merch%C3%A1n&type=Author&page=64>

Rojas a. patógenos transmitidos por vectores en perros de costa rica: primera descripción molecular de infecciones por babesia vogeli y hepatozoon canis con alta prevalencia de ehrlichiosis monocítica y las manifestaciones de coinfección. 2018;(46234799):15. disponible en:

<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S030440171300589x?via%3Dihub>

Universidad de Guayaquil facultad de medicina veterinaria y zootecnia trabajo de titulación previo a la obtención del título de : médico (a) veterinario (a) zootecnista tema : prevalencia de babesia spp en sangre venosa decaninos (canis lupus famili. 2017;

Loayza romero m de los á. determinación de babesia canis en caninos de la ciudad de machala provincia de el oro. 2014;89. disponible en:

http://repositorio.utmachala.edu.ec/bitstream/48000/1464/7/cd531_tesis.pdf

Morilla González, Ruiz Navarrete Muñoz, Maria Angela. (1987). "Inmunología de la babesiosis" Universidad Nacional Autónoma de México, México. Recuperado de

<https://repositorio.unam.mx/contenidos/92033>

Sanabria I. babesiosis en caninos: hallazgos semiológicos y pruebas complementarias de laboratorio para su diagnóstico. universidad de ciencias aplicadas y ambientales [internet]. 2020;1-58. disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1877959X19302304>

Li S, yang q, jiang h, cortés-vecino ja, zhang y. parasitologist-level classification of apicomplexan parasites and host cell with deep cycle transfer learning (dctl). bioinformatics. 15 de agosto de 2020;36(16):4498-505.

Zehra t, anjum s, mahmood t, shams m, sultan ba, ahmad z, et al. a novel deep learning-based mitosis recognition approach and dataset for uterine leiomyosarcoma histopathology. cancers (basel). 3 de agosto de 2022;



Edgardo Muñoz Rodríguez, Jorge Alberto Moreno Espinosa E., Sergio Arboleda U. Uso de la ciencia de datos y herramientas tecnológicas para el mejoramiento en la prestación del cuidado de la salud autor (es): Diana María Torres Garzón.

Lanzagorta-Ortega D, Carrillo-Pérez DL, Carrillo-Esper R. Artificial intelligence in medicine: present and future. *Gac Med Mex.* 1 de diciembre de 2022;158:55-9.

Lomas Tapia, K. R., Trujillo, C. A., Guzman, X., & Paz Alcívar, M. Y. (2024). Relación entre la alimentación saludable y el aprendizaje de los niños y niñas de educación Inicial del CEI Martín González del cantón Cayambe-Ecuador. *Emergentes - Revista Científica*, 4(1), 391–410. <https://doi.org/10.60112/erc.v4i1.120>

Tama Sánchez, M. A., Quiroz Mendoza, I. U., Medina Paredes, E., Paredes Romero, J. E., & Haro Baque, C. V. (2024). Síndrome de C.R.E.S.T. Presentación de un caso. Descripción breve de la Patología. *Revista Científica De Salud Y Desarrollo Humano*, 5(1), 01–13. <https://doi.org/10.61368/r.s.d.h.v5i1.69>

Naranjo M, Lisette V, Bello R, María A, Román R, Washington J, et al. Las técnicas de ELISA by ELISA and PCR techniques in three livestock farms of Pastaza Province, Ecuador. 2017;

Eduardo Vallejo Esquerre. Tinción Babesia. Universidad Autónoma de Querétaro. 2021;156.

Oswaldo Lugo-Reyes S, Maldonado-Colín G, Murata C, Oswaldo Lugo Reyes S. Correspondencia [internet]. disponible en: www.nietoeditores.com.mx/26.smith

Chi Zhang, Hao Jiang, Hanlin Jiang, Hui Xi, Baodong Chen, Yubing Liu, Mario Juhas, Junyi Li, Yang Zhang, Deep learning for microscopic examination of protozoan parasites, *Computational and Structural Biotechnology Journal*, Volume 20, 2022, Pages 1036-1043, ISSN 2001-0370, <https://doi.org/10.1016/j.csbj.2022.02.005>. (<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2001037022000423>)

Amalia Yuni, Jeisury Nataly Castro Valenci, Laura Camila Ibarra Buitrón “Identificación y frecuencia de garrapatas sp en caninos de tres fundaciones animales del municipio de Popayán” 2022 Universidad Antonio Mariño http://186.28.225.13:8080/handle/123456789/1735/browse?type=title&sort_by=1&order=ASC&rpp=20&etal=3&null=&offset=2808



Castellón ps, palacios mv. determinación de la prevalencia de babesiosis en caninos de la ciudad de león en el periodo de noviembre-diciembre 2014, utilizando la técnica de tinción. 2015; disponible en: <http://riul.unanleon.edu.ni:8080/jspui/bitstream/123456789/3302/1/228207.pdf>

Mukilan krishnakumar. a gentle introduction to yolov8. weigths and biases. 8 de julio de 2023;

Meléndez Zambrano, J. (2024). Enseñanza de Sel desde un Análisis Semiótico en Estudiantes de Noveno Grado de Educación Básica Secundaria en Colombia. Estudios Y Perspectivas Revista Científica Y Académica , 4(2), 31–47. <https://doi.org/10.61384/r.c.a.v4i2.191>

Medina Nolasco, E. K., Mendoza Buleje, E. R., Vilca Apaza, G. R., Mamani Fernández, N. N., & Alfaro Campos, K. (2024). Tamizaje de cáncer de cuello uterino en mujeres de una región Andina del Perú. Arandu UTIC, 11(1), 50–63.

<https://doi.org/10.69639/arandu.v11i1.177>

Jiangh, LiS, LiuW., Zhengh, Liuj, ZhangY.2020. Detección de células con reconocimiento de geometría con aprendizaje profundo. mSystems 5:10.1128/msystems.00840-19.

<https://doi.org/10.1128/msystems.00840-19> Roles data. health check. 2023.

