

Desenvolvimento de um Aplicativo Mobile para Identificação de Triatomíneos Utilizando Redes Neurais Convolucionais

1st Isaías Da Silva Vilela

IF Sudeste MG - Campus Bom Sucesso

Bom Sucesso MG, Brasil

isaiasvilela35@gmail.com

2nd Heber Fernades de Amaral

IF Sudeste MG - Campus Bom Sucesso

Bom Sucesso MG, Brasil

heber.amaral@ifsudestemg.edu.br

3rd Dandara Lorrayne do Nascimento

IF Sudeste MG - Campus Bom Sucesso

Bom Sucesso MG, Brasil

dandara.nascimento@ifsudestemg.edu.br

resumo—A Doença de Chagas, causada pelo protozoário *Trypanosoma Cruzi*, é transmitida principalmente pelo contato com as fezes de triatomíneos infectados. A identificação precisa desses insetos é essencial para a Vigilância Epidemiológica e prevenção da doença. Este artigo apresenta o desenvolvimento de um aplicativo móvel baseado em *Convolutional Neural Networks (CNN)* para classificar imagens de triatomíneos, auxiliando profissionais de saúde e a população na identificação rápida e precisa do vetor. O modelo foi treinado com um conjunto de imagens previamente processadas e otimizadas, visando atingir no mínimo 90% de acurácia. A metodologia adotada incluiu a preparação dos dados, definição da arquitetura da *CNN*, treinamento e validação do modelo, bem como a integração do sistema ao aplicativo móvel. Os resultados obtidos demonstram a eficiência da abordagem proposta, evidenciando seu potencial para fortalecer as estratégias de controle do vetor.

Palavras-chave—Doença de Chagas, triatomíneos, redes neurais convolucionais, interface mobile.

I. INTRODUÇÃO

A Doença de Chagas é uma enfermidade infecciosa, popularmente conhecida como "doença do coração crescido", causada pelo protozoário flagelado *Trypanosoma Cruzi*. A transmissão ocorre principalmente pelo contato com as fezes de insetos vetores, conhecidos no Brasil como "barbeiros". Outras formas de transmissão incluem a via oral, por meio da ingestão de alimentos contaminados, a transmissão vertical (da mãe para o filho), a transmissão congênita, bem como por transplante de órgãos ou acidentes laboratoriais [1].

Mesmo após 113 anos de sua descoberta pelo médico sanitário Carlos Chagas, o *Trypanosoma Cruzi*, agente etiológico da doença, continua sendo um importante objeto de estudo em saúde pública. Na América Latina, segundo dados da Organização Pan-Americana da Saúde (OPAS), cerca de 8 milhões de pessoas convivem com a doença, sendo que aproximadamente 70% desconhecem sua condição devido à ausência de sintomas clínicos. Ainda de acordo com a OPAS, mais de 10 mil óbitos ocorrem anualmente em decorrência de complicações da doença, e cerca de 75 milhões de pessoas na região estão sob risco de infecção [2].

Diversos fatores contribuem para a manutenção da transmissão, incluindo migrações humanas não controladas,

degradação ambiental, alterações climáticas, urbanização desordenada e condições socioeconômicas precárias (habitação, educação, saneamento e renda). Esses elementos atuam como determinantes sociais que favorecem a disseminação da Doença de Chagas [3].

Em áreas rurais, a vulnerabilidade é ainda maior, pois a população frequentemente enfrenta limitações no acesso à informação, à educação e aos serviços de saúde. A falta de infraestrutura adequada nessas regiões dificulta o diagnóstico precoce e a implementação de medidas preventivas, ampliando o risco de infecção.

O controle eficaz do vetor é uma das estratégias mais importantes para reduzir a incidência da doença. A melhoria das condições habitacionais, aliada a programas educativos e ações de vigilância, desempenha papel fundamental na diminuição dos casos e na proteção das populações expostas.

No contexto da vigilância epidemiológica e ambiental, a identificação correta dos vetores é essencial para orientar medidas de controle e monitoramento. Entretanto, muitos profissionais da área não são especialistas em taxonomia e encontram dificuldades para realizar a identificação morfológica, devido à grande diversidade de espécies, à complexidade das chaves de identificação e à escassez de materiais ilustrativos [4].

Com o avanço das tecnologias digitais, as inteligências artificiais têm oferecido soluções inovadoras em diferentes áreas, incluindo a saúde pública. Tradicionalmente, a identificação de triatomíneos exige conhecimento especializado, sendo um processo demorado e suscetível a erros. O uso de técnicas de *machine learning* e *computer vision* permite automatizar e acelerar essa tarefa, aumentando sua precisão e acessibilidade. Nesse contexto, o desenvolvimento de aplicativos baseados nessas tecnologias representa um avanço significativo, auxiliando profissionais de saúde e órgãos de vigilância epidemiológica no combate à Doença de Chagas.

Diante desse cenário, o presente estudo propõe uma abordagem inovadora para apoiar o controle da Doença de Chagas, com foco na identificação do vetor *Triatoma infestans*.

O objetivo central consiste no desenvolvimento de um modelo automatizado para classificação de imagens do in-

seto, fundamentado em suas características morfológicas específicas. O modelo será baseado em *Convolutional Neural Networks (CNN)*, permitindo a identificação automática da espécie a partir de fotografias capturadas em campo. Espera-se atingir uma acurácia mínima de 90%, fortalecendo as ações de vigilância epidemiológica e oferecendo suporte eficiente à população na detecção rápida e precisa dos vetores em diferentes contextos ambientais.

Para alcançar este objetivo, foram definidos objetivos específicos: (i) realizar uma análise detalhada da literatura sobre triatomíneos e técnicas avançadas de *Deep Learning*; (ii) investigar o estado da arte em reconhecimento automatizado de vetores de doenças utilizando métodos de *Artificial Intelligence*; (iii) desenvolver e avaliar um modelo de classificação de barbeiros baseado em *Deep Learning*; e (iv) implementar uma interface móvel que possibilite o uso prático do sistema desenvolvido, ampliando sua aplicabilidade no campo e sua acessibilidade a profissionais não especializados.

II. A DOENÇA DE CHAGAS: SINTOMAS, TRANSMISSÃO E TRATAMENTO

A Doença de Chagas apresenta ampla distribuição no continente americano. No Brasil, já chegou a atingir aproximadamente 40% do território nacional, sendo os estados com maior número de casos: Minas Gerais, Goiás, Bahia, São Paulo, Acre, Amazonas e Amapá.

A principal via de transmissão é a vetorial, ocorrendo por meio do inseto triatomíneo, popularmente conhecido como barbeiro (*Fig. 1*). Essa forma de transmissão está associada a habitações rurais precárias, como casas de pau a pique e de taipa, caracterizadas por má iluminação e presença de rachaduras, que favorecem a proliferação desses insetos.

De acordo com o boletim epidemiológico do Ministério da Saúde, entre 2005 e 2013 foram registrados 112 surtos no território nacional, envolvendo 35 municípios da região amazônica [5]. Além disso, um estudo publicado em 2024 estimou que, entre 2015 e 2016, havia 3.706.043 portadores da doença distribuídos em 3.778 municípios brasileiros [19].



Fig. 1. Barbeiro, nome popular dado ao inseto triatomíneo. Fonte: [2]

Os triatomíneos se infectam ao se alimentarem do sangue de hospedeiros contaminados, como seres humanos, cães, gatos, roedores comensais e cobaias domesticadas. Diversas espécies

de mamíferos podem ser parasitadas pelo *Trypanosoma Cruzi* [6].

O parasito *Trypanosoma Cruzi* é transmitido aos hospedeiros vertebrados principalmente durante o repasto sanguíneo dos triatomíneos. Durante a alimentação, os vetores infectados eliminam, junto às fezes, formas tripomastigotas metacíclicas — as formas infectantes para os mamíferos. Essas formas podem penetrar no organismo humano por meio das mucosas, especialmente quando as mãos contaminadas entram em contato com os olhos ou nariz. A infecção também pode ocorrer através de pequenas lesões na pele, frequentemente provocadas pelo ato de coçar o local da picada, facilitando a entrada do parasito pelo orifício deixado pelo vetor [6].

Na fase aguda da doença, os sintomas incluem febre, mal-estar, perda de apetite, edemas localizados na pálpebra ou em outras regiões do corpo, aumento do baço e do fígado e alterações cardíacas. Em crianças, o quadro pode ser mais grave e levar ao óbito. Muitas vezes, nesta fase, a doença não apresenta manifestações evidentes, dificultando seu reconhecimento [7].

Na fase crônica, o paciente pode permanecer assintomático por longos períodos, ou até mesmo durante toda a vida, embora continue portador do *Trypanosoma Cruzi*. Em outros casos, a doença evolui após a fase inicial, comprometendo órgãos vitais, especialmente o coração e o aparelho digestivo [7].

As estratégias de prevenção da Doença de Chagas envolvem diversos fatores, com destaque para as condições de vida. Moradias inadequadas favorecem a presença do barbeiro, aumentando o risco de transmissão. Outros aspectos relevantes incluem a prevenção da transmissão oral, a identificação de casos congênitos, a prevenção de acidentes laboratoriais e o controle rigoroso em bancos de sangue. O *Triatoma infestans*, por exemplo, aloja-se em casas e ambientes peridomiciliares; portanto, a melhoria das habitações é uma das medidas mais eficazes na prevenção, pois dificulta a colonização do inseto no ambiente domiciliar. Essa ação deve ser complementada por campanhas públicas e educativas que envolvam toda a comunidade [8].

Atualmente, não existe vacina específica para a Doença de Chagas, tornando o controle dos focos e a prevenção os principais meios de combate à enfermidade.

O tratamento baseia-se no uso de medicamentos antiparasitários, que podem apresentar efeitos colaterais, como neutropenia, erupções cutâneas e distúrbios gastrointestinais. Pesquisas realizadas pela Fundação Oswaldo Cruz (Fiocruz) têm explorado a combinação de diferentes fármacos, considerando que a cardiomiopatia chagásica provoca alterações nas fibras cardíacas, levando a hipertrofia e fibrose. Nesse contexto, terapias regenerativas, como as baseadas em células-tronco, surgem como uma alternativa promissora para o tratamento da Doença de Chagas [9].

III. ESTRUTURA MORFOLÓGICA E ANÁLISE COMPUTACIONAL

A Taxonomia tem como objetivo reconhecer, classificar, nomear e identificar organismos. O processo de identificação

estabelece uma relação de correspondência entre o espécime analisado e outro previamente classificado [10].

A taxonomia morfológica baseia-se nas características externas das diferentes fases de desenvolvimento (ovo, ninfas e adultos) e nos padrões cromáticos, exigindo conhecimento prévio das estruturas para utilização de chaves dicotômicas. Os barbeiros apresentam desenvolvimento hemimetabólico, no qual as formas jovens (ninfas) são semelhantes aos adultos. São insetos de baixa mobilidade, podendo habitar tanto ambientes silvestres quanto domicílios e áreas peridomiciliares [11].

Os triatomíneos possuem o corpo dividido em cabeça, tórax e abdômen, conforme ilustrado na Fig. 2.

A descrição anatômica detalhada desses insetos pode ser utilizada para treinar algoritmos de *Computer Vision*, como as *Convolutional Neural Networks (CNNs)*, voltados à identificação automatizada a partir de imagens [11].

As *CNNs* são modelos de redes neurais multicamadas inspirados no sistema visual biológico, amplamente empregadas no processamento de imagens. Operam aplicando filtros, ou *kernels*, que extraem características visuais preservando a relação espacial dos *pixels* [12]. Esses filtros correspondem aos pesos de conexão entre neurônios das camadas convolucionais, responsáveis pela geração de mapas de características (*feature maps*).

A arquitetura típica de uma *CNN* inclui camadas convolucionais, funções de ativação, camadas de *pooling* e, ao final, camadas totalmente conectadas, conforme mostrado na Fig. 3 [13].

As camadas convolucionais extraem padrões visuais em diferentes níveis de abstração. Inicialmente, identificam características básicas, como bordas e texturas simples, evoluindo para padrões mais complexos nas camadas subsequentes. A Fig. 4 mostra o resultado da aplicação de um filtro convolucional em uma imagem de triatomíneo, destacando a identificação progressiva de características.

As funções de ativação introduzem não linearidades necessárias à modelagem de padrões complexos [15]. A ca-

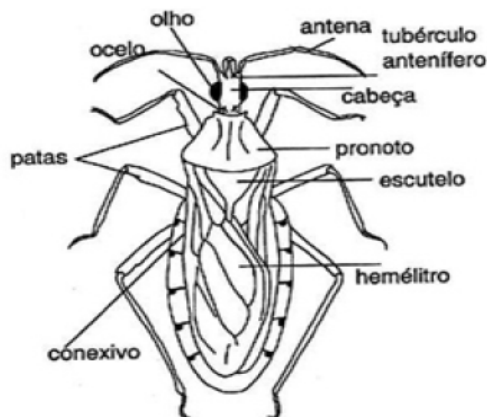


Fig. 2. Estrutura geral de um barbeiro. Fonte: [11]

mada de *pooling* reduz a dimensionalidade dos mapas de características, retendo as informações mais relevantes e aumentando a robustez contra ruídos [16].

As *CNNs* são aplicadas em tarefas de classificação de imagens, reconhecimento de objetos e sistemas automatizados de *Computer Vision*.

Entre os trabalhos existentes na área, destaca-se o *TriatoKey*, plataforma desenvolvida pela *Fiocruz* para identificação de triatomíneos, vetores da Doença de Chagas, por meio de uma chave dicotômica interativa. A ferramenta utiliza perguntas sequenciais e imagens morfológicas para auxiliar na determinação da espécie, sendo destinada a profissionais de saúde, entomologistas e pesquisadores [18].

O aplicativo proposto neste estudo emprega técnicas de *machine learning*, utilizando *Convolutional Neural Networks* para identificação automática de triatomíneos a partir de fotografias.

Adicionalmente, o trabalho apresentado em [17] descreve o reconhecimento automático de gênero de triatomíneos vetores da Doença de Chagas na região do baixo Tocantins, utilizando Redes Neurais Artificiais. Nesse estudo, imagens foram processadas para gerar um vetor de entrada simplificado, permitindo o treinamento da rede no ambiente *MATLAB* com 140 imagens.

A proposta do presente estudo diferencia-se daquela apresentada em [17] pelo uso de *Convolutional Neural Networks* e pela implementação em um aplicativo móvel, visando ampliar sua aplicabilidade em campo e facilitar o uso por profissionais não especializados.

IV. METODOLOGIA

A metodologia adotada contempla as etapas de preparação dos dados, definição e treinamento da rede neural convolucional (CNN), avaliação do modelo e desenvolvimento do aplicativo móvel.

O modelo foi implementado e treinado em Python utilizando a plataforma Google Colab, com edição de código no Visual Studio Code 1.95. O aplicativo móvel foi desenvolvido no Android Studio 2024.1.1 Patch 2, sendo os testes realizados em um dispositivo Samsung A53 5G.

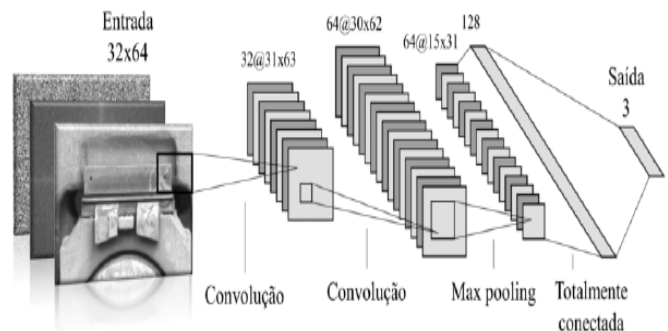


Fig. 3. Estrutura geral de uma Rede Neural Convolucional. Fonte: [14]

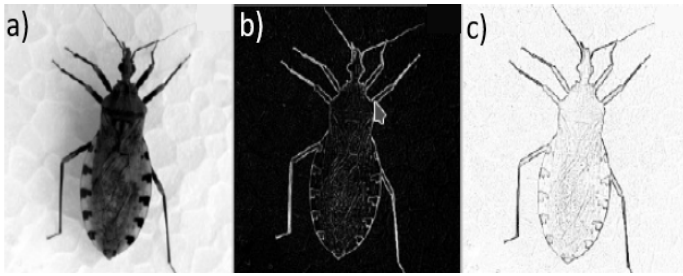


Fig. 4. Exemplo de aplicação de *feature map*. a) Imagem em tons de cinza. b) Imagem após ajuste de contraste com expansão de histograma. c) Imagem com cores invertidas, destacando estruturas do tórax e abdômen do triatomíneo. Fonte: [17]

A. Preparação dos dados

Foram utilizadas 186 imagens, quantidade superior à relatada por [17], embora ainda limitada. As imagens foram validadas por agentes comunitários de saúde da Secretaria Municipal de Saúde de Bom Sucesso-MG, processadas e armazenadas no formato JPEG, que oferece bom equilíbrio entre compressão e qualidade visual, além de compatibilidade com diversas ferramentas.

B. Estrutura da rede neural

A rede neural convolucional foi implementada com a biblioteca TensorFlow/Keras. O pré-processamento e aumento de dados (*data augmentation*) foram realizados com o *ImageDataGenerator*. As imagens foram redimensionadas para 150x150 pixels e normalizadas para valores entre 0 e 1.

1) *Arquitetura*: O conjunto de dados foi dividido em 70% para treinamento e 30% para validação, permitindo o monitoramento do desempenho ao longo do processo de treinamento. As imagens foram carregadas em lotes de 10 amostras, otimizando o uso de memória.

A arquitetura da CNN foi projetada para extrair características relevantes e classificar as imagens em duas categorias: barbeiro e percevejo. O modelo inclui:

- Três camadas convolucionais (Conv2D), com 32, 64 e 128 filtros e função de ativação ReLU, responsáveis pela extração de padrões em diferentes níveis.
- Camadas de pooling (MaxPooling2D), para redução da dimensionalidade e controle do sobreajuste.
- Camada Flatten, que transforma os mapas de características em um vetor unidimensional.
- Duas camadas densas (Dense), sendo a primeira com 512 neurônios e a última com 2 neurônios, utilizando função de ativação sigmoide para a classificação binária.
- Camada Dropout (50%), aplicada à camada densa intermediária, para reduzir sobreajuste.

O fluxo metodológico contemplou desde o processamento inicial das imagens até a implementação da arquitetura da CNN. O modelo foi posteriormente integrado ao aplicativo móvel, que foi submetido a testes em ambiente real, avaliando sua funcionalidade na classificação automática de imagens.

V. RESULTADOS

O aplicativo desenvolvido tem como objetivo auxiliar na identificação de insetos do gênero Triatomíneo, por meio de imagens capturadas pela câmera ou selecionadas da galeria do dispositivo móvel. A interface foi projetada para permitir uso simples, de modo que possa ser operada por usuários sem conhecimento técnico específico.

O modelo foi compilado com o otimizador Adam, que ajusta dinamicamente a taxa de aprendizado, e a função de perda *binary_crossentropy*, adequada para classificação binária. O treinamento foi realizado em 40 épocas, monitorando a evolução da perda e da acurácia nos conjuntos de treinamento e validação. O modelo final foi salvo no formato HDF5 (.h5), possibilitando sua integração ao aplicativo móvel.

A Fig. 8 apresenta a evolução da acurácia ao longo das 40 épocas. Observa-se aumento progressivo da acurácia nos conjuntos de treinamento e validação, indicando bom desempenho na classificação das imagens.

Quanto ao fluxo de funcionamento, ao abrir o aplicativo, o usuário é direcionado para a tela inicial, onde pode escolher entre capturar uma nova imagem com a câmera ou selecionar uma imagem existente na galeria (Fig. 6a). Após a escolha, a imagem é exibida e, ao acionar o botão VERIFICAR (Fig. 6b), o modelo realiza a classificação, retornando se o inseto pertence ou não à categoria de barbeiros.

A classificação é apresentada com base nas probabilidades calculadas pelo modelo:

- Caso a probabilidade de ser um barbeiro seja predominante, o aplicativo exibe a mensagem: "*Barbeiro detectado com X% de certeza*" (Fig. 7a).
- Quando a probabilidade de não ser um barbeiro é maior, é exibida a mensagem: "*Não é um barbeiro com X% de certeza*" (Fig. 7b).
- Quando a diferença entre as probabilidades é inferior a 20%, o aplicativo informa: "*A imagem não é suficiente para determinar se o inseto é um barbeiro*", sugerindo que o usuário capture uma nova foto com melhor qualidade ou iluminação (Fig. 7c).

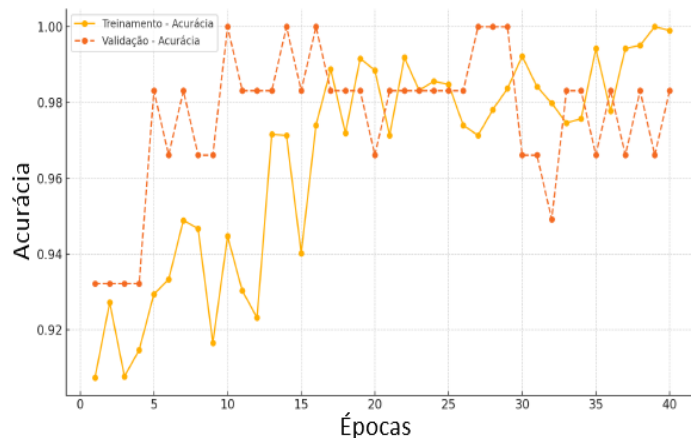


Fig. 5. Evolução da acurácia durante o treinamento e validação

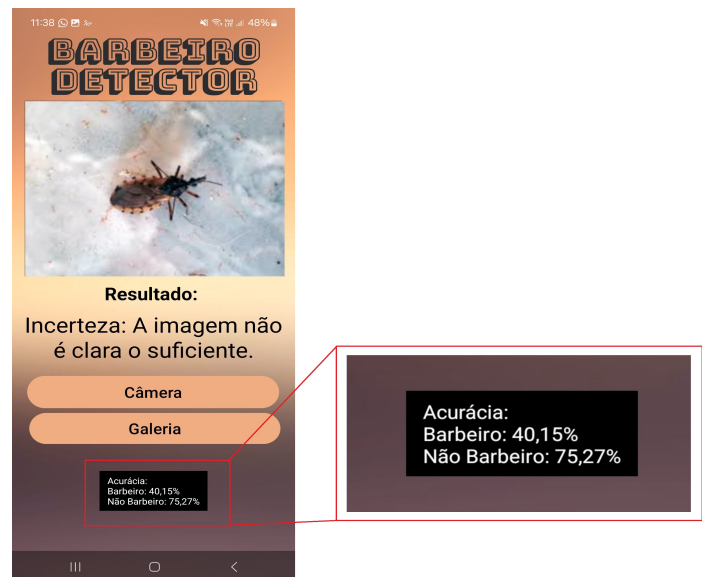
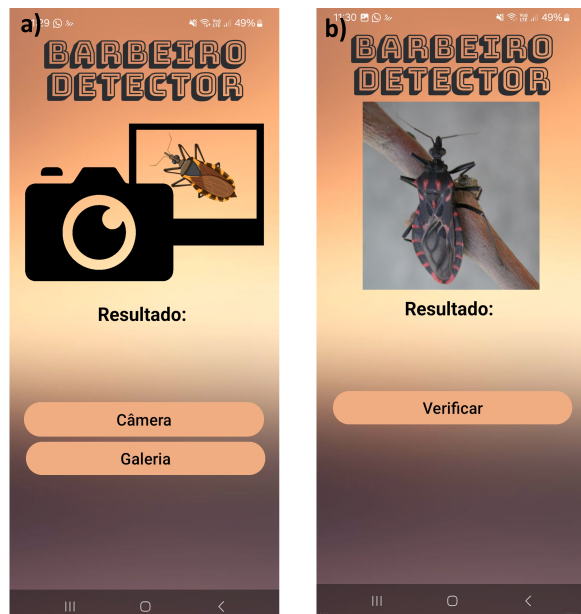


Fig. 6. a) Tela inicial do aplicativo. b) Tela de verificação da imagem selecionada.



Fig. 7. Exemplos de processamento: a) resultado positivo, b) resultado negativo, c) resultado incerto.

Após cada processamento, é exibido um *Toast* contendo a acurácia da classificação. Este aviso temporário fornece ao usuário a informação sobre a confiabilidade da predição realizada pelo modelo. Na mesma tela, os botões CÂMERA e GALERIA permanecem ativos, permitindo realizar uma nova classificação sem retornar à tela inicial (Fig. 8).

VI. DISCUSSÕES

Os resultados obtidos indicam que o uso de redes neurais convolucionais (CNNs) representa uma abordagem adequada para o reconhecimento de imagens de barbeiros.

A aplicação de técnicas de *data augmentation* permitiu mitigar a limitação do conjunto de dados, aumentando a variabilidade das amostras e favorecendo a capacidade do modelo de lidar com diferentes condições de entrada.

O modelo alcançou acurácia superior a 90% no conjunto de validação. A análise das métricas de desempenho, incluindo *precision*, *recall* e *f1-score*, reforça a consistência da abordagem. Essas métricas são relevantes em aplicações de saúde pública, nas quais falsos negativos podem resultar em falhas na identificação de vetores, impactando as ações de controle da Doença de Chagas.

Apesar do desempenho satisfatório, algumas limitações foram identificadas. A diversidade restrita do conjunto de dados pode ter influenciado o desempenho em cenários mais complexos, como imagens obtidas sob diferentes condições de iluminação, ambientes variados ou ângulos de captura distintos. Um conjunto de dados mais abrangente, contendo amostras de várias espécies de barbeiros, poderia melhorar a capacidade de generalização do modelo.

A comparação com arquiteturas mais avançadas, como ResNet e Inception, indica potencial para ganhos adicionais. Essas redes mais profundas apresentam capacidade aprimorada de extração de características e podem reduzir problemas de sobreajuste, contribuindo para melhor desempenho em dados não vistos. Testes preliminares com a arquitetura ResNet sugerem melhora na generalização do modelo.

Como perspectivas de evolução, destaca-se a possibilidade de incorporar um banco de dados que armazene imagens enviadas pelos usuários, o que permitiria ampliar continuamente o conjunto de dados e monitorar o desempenho do modelo em condições reais. Essa abordagem favoreceria a atualização contínua do sistema.

Outras melhorias incluem a disponibilização do aplicativo para diferentes plataformas, como iOS, e ajustes na interface

gráfica visando maior usabilidade. Funcionalidades adicionais, como a detecção de múltiplos insetos em uma mesma imagem e a integração com sistemas de notificação de saúde pública, podem aumentar a aplicabilidade prática da ferramenta.

Essas estratégias têm potencial para aprimorar o desempenho técnico do modelo e ampliar sua utilidade no apoio às ações de vigilância epidemiológica.

VII. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Este trabalho apresentou o desenvolvimento e a avaliação de um modelo de *deep learning* para a classificação de imagens de barbeiros (triatomíneos), com foco na identificação de vetores da Doença de Chagas a partir de características morfológicas. Utilizando redes neurais convolucionais (CNNs), o modelo demonstrou desempenho satisfatório na classificação das imagens, validando sua aplicabilidade em um cenário prático.

O modelo foi convertido para o formato TensorFlow Lite (TFLite), possibilitando sua integração em dispositivos Android e permitindo seu uso em campo. Essa implementação favorece a análise em tempo real, ampliando o acesso à ferramenta por profissionais de saúde, pesquisadores e usuários em áreas com infraestrutura limitada.

Embora os resultados obtidos sejam promissores, o estudo apresentou limitações, como a necessidade de ampliação do conjunto de dados, incluindo imagens de diferentes espécies e condições ambientais, o que pode contribuir para maior robustez e capacidade de generalização do modelo.

Entende-se que o presente trabalho constitui um estudo preliminar e que seus resultados precisam ser validados utilizando um banco de imagens mais extenso. Apesar dessas limitações, os achados demonstram o potencial da tecnologia proposta para aplicação em saúde pública.

O potencial de aplicação da abordagem proposta não se restringe à Doença de Chagas, podendo ser adaptado para identificação de outras espécies e para o monitoramento de vetores em diferentes contextos.

Em síntese, o modelo desenvolvido representa um avanço no uso de tecnologias de inteligência artificial aplicadas à saúde pública. A solução proposta apresenta potencial para apoiar estratégias de vigilância epidemiológica e pode ser expandida para outras áreas que envolvem a identificação e o controle de vetores.

REFERENCES

- [1] M. Costa, V. Tavares, M. V. Aquino, and D. Moreira, "Doença de chagas: uma revisão bibliográfica". Revista Eletrônica da Faculdade Evangélica de Ceres, vol. 2, 2013.
- [2] Butantan, "Até 8 milhões de pessoas na América Latina convivem com a Doença de Chagas, mas 70% desconhecem infecção, 2022" [Online]. Disponível em: <https://butantan.gov.br/noticias/ate-8-milhoes-de-pessoas-na-america-latina-convivem-com-a-doenca-de-chagas-mas-70-desconhecem-infeccao>.
- [3] J. C. P. Dias, Jr. A. N. Ramos, E. D. Gontijo, A. Luquetti, M. A. Shikanai-Yasuda, J. R. Coura, ..., and R. V. Alves, "II Consenso brasileiro em Doença de Chagas, 2015". Epidemiologia e Serviços de Saúde, SciELO Public Health, v. 25, pp. 7–86, 2016.
- [4] G. K. V. de Oliveira Bomtempo, "Desenvolvimento de aplicativo móvel para identificação de carrapatos que ocorrem no Brasil: um estudo piloto". 2017.
- [5] R. S. Lima, "Doença de Chagas: uma atualização bibliográfica". RBAC, vol. 51, pp. 103–06, 2019.
- [6] B. A. M. Silva, F. S. dos Santos, V. B. N. Costa, R. R. Ferreira, and S. de Oliveira, "Perfil de transmissão da Doença de Chagas no Brasil: 2008 a 2020". Revista Presença, vol. 7, pp. 22–42, 2021.
- [7] Ministério da Saúde, "Doença de Chagas". Controle de Endemias do Estado de São Paulo, 2005 [Online]. Disponível em: <https://bvsm.s.saude.gov.br/doenca-de-chagas-10/>.
- [8] M. Costa, V. Tavares, M. V. Aquino, and D. Moreira, "Doença de chagas: uma revisão bibliográfica". Revista Eletrônica da Faculdade Evangélica de Ceres, vol. 2, 2013.
- [9] P. U. Simioni, G. B. de Lima, M. A. R. Amaral, E. C. Berro, and R. C. F. de Oliveira, "Métodos de prevenção e tratamento para a Doença de Chagas". Ciência & Inovação, vol. 4, 2019.
- [10] L. Diotaiuti (Org.) "Triatomíneos". Belo Horizonte: CPqRR, Fiocruz, 2008.
- [11] T. C. M. Gonçalves, "Morfologia – Portal da Doença de Chagas". 2017 [Online]. Disponível em: <https://chagas.fiocruz.br/vetor/morfologia/>.
- [12] A. C. G. Vargas, A. Paes, C. N. Vasconcelos, "Um estudo sobre redes neurais convolucionais e sua aplicação em detecção de pedestres". In Proceedings of the XXIX conference on graphics, patterns and images, vol. 1, 2016.
- [13] F. Chollet, "Deep learning with Python". Simon and Schuster, 2021.
- [14] R. L. Rocha, C. D. Silva, A. C. S. Gomes, B. V. Ferreira, E. C. Carvalho, A. C. Q. Siravenha, and S. R. Carvalho, "Image inspection of railcar structural components: An approach through deep learning and discrete fourier transform". In: SBC. Symposium on Knowledge Discovery, Mining and Learning (KDMiLe). [S.l.], pp. 33–40, 2019.
- [15] S. Gharat, "What, why and which?? activation functions", Medium [Online]. Disponível em: <https://medium.com/@snaily16/what-why-and-which-activation-functions-b2bf748c0441>.
- [16] A. M. Ribeiro, "Um estudo comparativo entre cinco métodos de otimização aplicados em uma rnc voltada ao diagnóstico do glaucoma". Revista de Sistemas e Computação-RSC. Vol. 10, 2020.
- [17] J. M. P. Neto, and O. N. Teixeira, "Reconhecimento de padrões em imagens de triatomíneos usando redes neurais artificiais com algoritmo backpropagation". Anais do Computer on the Beach, vol. 11, pp. 455–460, 2020.
- [18] L. M. d. Oliveira, R. N. d. Brito, P. A. S. Guimarães, P., R. V. M. A. d. Santos, L. G. Diotaiuti, R. d. C. M. Souza, J. C. Ruiz, "Triatotokey: a web and mobile tool for biodiversity identification of Brazilian triatomine species". Database, 2017.
- [19] LAPORTA, Gabriel Zorello; LIMA, Mayara Maia; MAIA DA COSTA, Veruska; LIMA NETO, Milton Martins de; PALMEIRA, Swamy Lima; RODOVALHO, Sheila Rodrigues; ARAGÓN LÓPEZ, Miguel Angel. Estimativa de prevalência de doença de Chagas crônica nos municípios brasileiros. Revista Panamericana de Salud Pública, v. 48, p. e28, 2024. SciELO Public Health.