



Classificação automática de glóbulos brancos usando Deep Learning

Automatic Classification of White Blood Cells using Deep Learning

Renata Soares Ribeiro¹

 <https://orcid.org/0009-0009-8969-8700>  <http://lattes.cnpq.br/9372610248448808>

Brenda Lemos Silveira²

 <https://orcid.org/0009-0009-7169-607X>  <http://lattes.cnpq.br/2064226121197418>

Helena Cargnelutti Grimaldi³

 <https://orcid.org/0009-0002-2762-4094>  <http://lattes.cnpq.br/1993294242381265>

Sandro da Silva Camargo⁴

 <http://orcid.org/0000-0001-8871-3950>  <http://lattes.cnpq.br/8826344853104147>

RESUMO

A análise sanguínea oferece informação diagnóstica valiosa sobre as funções corporais normais e alterações patológicas. Os glóbulos brancos são um dos componentes do sangue e integram o sistema imunológico, sendo responsáveis por acionar a resposta inflamatória e celular para lesões ou patógenos. Técnicas tradicionais de contagem de células usadas em laboratórios são lentas e trabalhosas, podendo conduzir a resultados incorretos devido à necessidade de intervenção humana no processo. Neste trabalho, é proposta uma abordagem para classificação dos glóbulos brancos com métodos automatizados, usando deep learning, em uma base com mais de 12 mil imagens. Nos testes realizados, a abordagem proposta atingiu uma acurácia em torno de 87%, demonstrando potencial para aplicação em ambientes de diagnóstico auxiliado por computador.

Palavras-chave: Hematologia; Hemograma; Redes Neurais Convolucionais; Inteligência Artificial.

¹ Universidade Federal do Pampa (UNIPAMPA), Bagé/RS – Brasil. E-mail: renataribeiro.aluno@unipampa.edu.br

² Universidade Federal do Pampa (UNIPAMPA), Bagé/RS – Brasil. E-mail: brendasilveira.aluno@unipampa.edu.br

³ Clinipampa, Bagé/RS – Brasil. E-mail: hgrimaldi87@gmail.com

⁴ Universidade Federal do Pampa (UNIPAMPA), Bagé/RS – Brasil. E-mail: sandrocarmargo@unipampa.edu.br

**ABSTRACT**

Blood analysis provides valuable diagnostic information about normal bodily functions and pathological alterations. White blood cells are one of the components of blood and are part of the immune system, responsible for triggering inflammatory and cellular responses to injuries or pathogens. Traditional cell-counting techniques used in laboratories are slow and labor-intensive, which can lead to inaccurate results due to the need for human intervention in the process. In this work, an approach for classifying white blood cells using automated methods based on deep learning is proposed, employing a dataset with more than 12,000 images. In the conducted tests, the proposed approach achieved an accuracy of approximately 86%, demonstrating potential for application in computer-aided diagnostic environments.

Keywords: Hematology; Complete Blood Count; Convolutional Neural Networks; Artificial Intelligence.

1. INTRODUÇÃO

A análise sanguínea oferece informação diagnóstica valiosa sobre as funções corporais normais e alterações patológicas devido à sua composição bioquímica e fácil acesso (Kierszenbaum e Tres, 2019). O sangue é composto de: plasma, glóbulos brancos, plaquetas e glóbulos vermelhos (Dean, 2005). Os glóbulos brancos e plaquetas representam aproximadamente 1% do volume do sangue no corpo humano, os glóbulos vermelhos representam entre 42% e 47%, e o restante do volume é o plasma (Kierszenbaum e Tres, 2019). Os glóbulos brancos são parte do sistema imunológico, sendo componentes essenciais da resposta inflamatória e da imunidade celular para lesões ou patógenos. O aumento da quantidade de glóbulos brancos é comumente causado por infecções, por tumores ósseos ou leucemia. A redução da quantidade pode ocorrer quando a medula óssea não produz os glóbulos brancos ou quando eles são retirados da circulação por doenças no fígado ou baço hiperativo.

Há três tipos de glóbulos brancos: linfócitos, monócitos e granulócitos, os quais se dividem em três subtipos: neutrófilos, eosinófilos e basófilos (Dean, 2005). A contagem de células sanguíneas e a contagem diferencial de leucócitos estão entre os testes clínicos de laboratório mais solicitados (Buttarelli e Plebani, 2008). Ainda há desafios a serem resolvidos como a qualidade da contagem de monócitos e a contagem de basófilos, sendo a última a de contagem mais difícil, sendo necessário recorrer à contagem manual. Assim, as técnicas tradicionais de contagem de células usadas em laboratórios demandam tempo e esforço consideráveis, podendo conduzir a resultados incorretos devido à necessidade de intervenção humana no processo (Dhieb et al., 2019). O problema da classificação de células sanguíneas tem sido foco de vários trabalhos recentes (Dhieb et al., 2019; Lippeveld et al., 2020; Bagido et al., 2021; Çinar e Tuncer, 2021; Cheuque et al. 2022; Sharma et al., 2022).

Diante desse problema, este trabalho propõe e avalia uma abordagem automatizada para a classificação de glóbulos brancos, com o objetivo de reduzir a necessidade de intervenção humana no processo.

Este artigo está organizado da seguinte forma: Na Seção 2, é detalhada a metodologia utilizada neste trabalho. Na Seção 3, são abordados os Resultados e Discussões. O trabalho será finalizado na Seção 4, com as conclusões e propostas de trabalhos futuros.



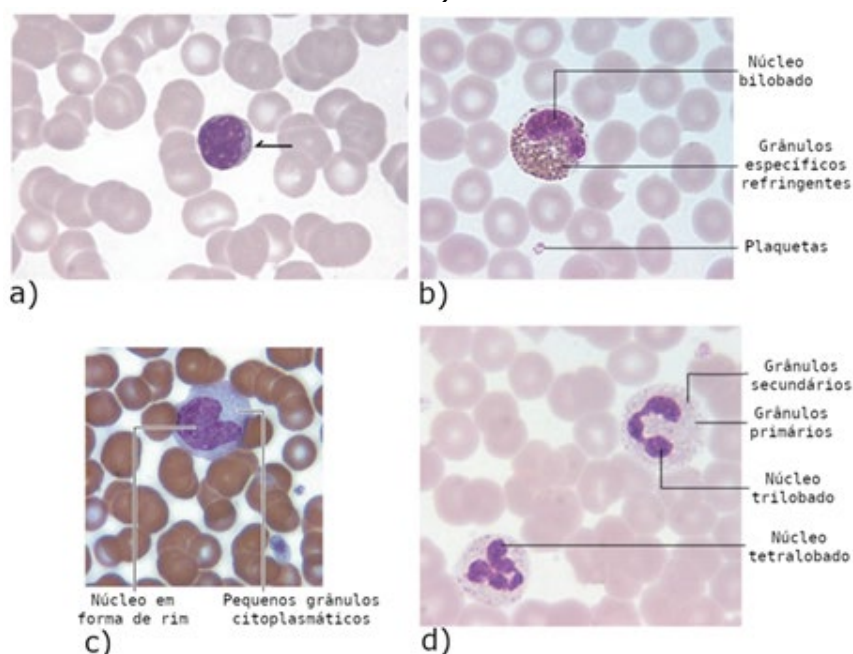
2. MATERIAL E MÉTODOS

O presente trabalho é de natureza aplicada e utiliza uma abordagem quantitativa, sendo descritivo em relação a seus objetivos e baseando-se em procedimentos experimentais.

2.1 O PROBLEMA

A Figura 1 apresenta as classes que são consideradas neste trabalho, e cujas características são apresentadas a seguir (Kierszenbaum e Tres, 2019). Os linfócitos, mostrados na Figura 1a), representam de 20% a 40% do total de leucócitos, e podem ser pequenos ou grandes. O núcleo de um linfócito pequeno é densamente corado, na forma de um círculo ou círculo com um lado ligeiramente recuado. O núcleo ocupa a maior parte da célula, reduzindo o citoplasma a uma fina borda basofílica. Linfócitos grandes têm um núcleo redondo, ligeiramente recortado, circundado por um citoplasma pálido. Ocasionalmente, alguns grânulos primários (lisossomos) podem estar presentes. Os eosinófilos, mostrados na Figura 1b), representam de 1% a 5% dos leucócitos circulantes. Seu citoplasma contém grandes grânulos que parecem vermelho brilhante e são claramente discerníveis e seu núcleo tipicamente contém dois lóbulos. Os monócitos, apresentados na Figura 1c), representam de 2% a 8% dos leucócitos totais. O núcleo tipicamente tem uma forma similar a um rim, contendo fios de cromatina. As abundantes manchas citoplasmáticas são em tom cinza-azulado pálido e são preenchidas com pequenos lisossomos que dão uma aparência granular fina. Já os neutrófilos, mostrados na Figura 1d), representam entre 50% e 70% dos leucócitos circulantes. Eles possuem um citoplasma rosa pálido, contêm grânulos primários que dificilmente podem ser discernidos, e grânulos secundários menores. O núcleo, corado em azul escuro, é geralmente composto por entre três e cinco lóbulos recortados.

Figura 1 – Morfologia das diferentes classes de glóbulos brancos: a) Linfócito, b) Eosinófilo, c) Monócito e d) Neutrófilo.



Fonte: Adaptada de Kierszenbaum e Tres (2019).



2.2 BASE DE IMAGENS

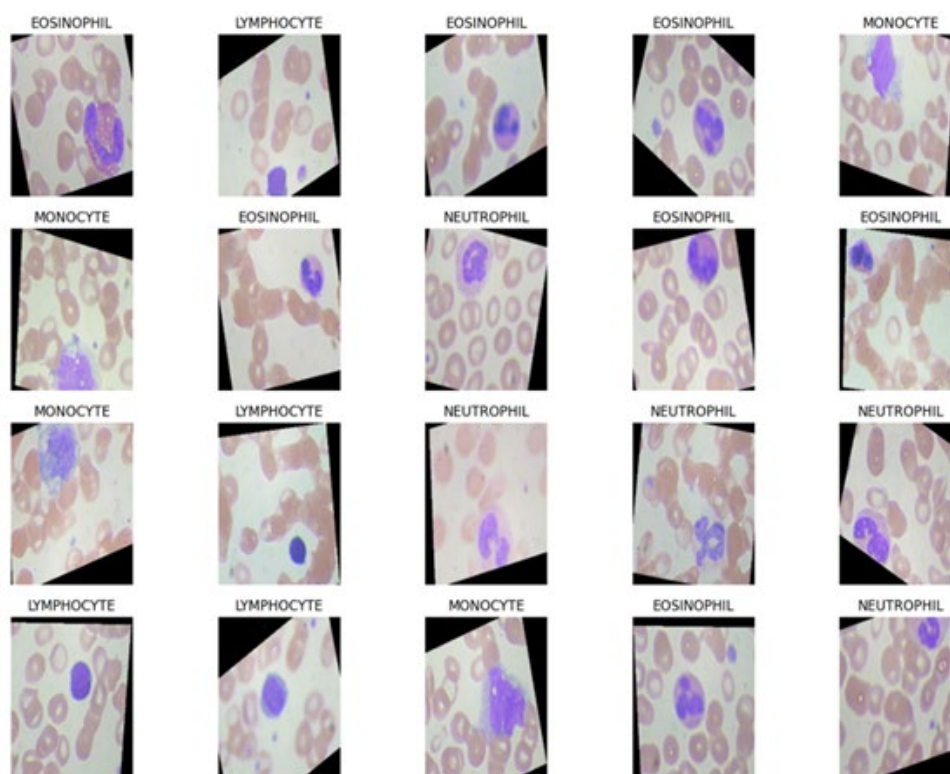
Para o desenvolvimento deste trabalho foi utilizada uma base de imagens pública. A base contém 12.444 imagens em formato JPEG (*Joint Photographic Experts Group*), no tamanho de 640 x 480 pixels, com amostras representando os quatro diferentes grupos de células: linfócitos, eosinófilos, monócitos e neutrófilos. As imagens foram estratificada e aleatoriamente divididas em dois grupos: conjunto de teste, com 2.487 imagens, e conjunto de treino, com 9.957 imagens. As classes dos conjuntos de imagens estão distribuídas conforme apresentado na Tabela 1. A Figura 2 mostra algumas imagens da base utilizada com as respectivas classes, as quais foram definidas por especialistas.

Tabela 1 – Distribuição da quantidade de amostras por classe e por conjunto.

Classe	Conjunto de Treino	Conjunto de Teste
Eosinófilos	2.497	623
Linfócitos	2.483	620
Monócitos	2.478	620
Neutrófilos	2.499	624
Total	9.957	2.487

Fonte: Elaborada pelos autores.

Figura 2 – Exemplos da base de imagens com suas respectivas classes.



Fonte: Elaborada pelos autores.



2.3 ABORDAGEM UTILIZADA (DEEP LEARNING)

Soluções baseadas em Inteligência Artificial (IA) têm sido amplamente utilizadas na área da saúde, e os avanços recentes em *deep learning* têm contribuído de forma significativa para o progresso no processamento de imagens médicas (Mall et al, 2023; Zhang, Qie, 2023).

O *deep learning* (aprendizado profundo) constitui um subcampo do aprendizado de máquina que emprega redes neurais artificiais compostas por múltiplas camadas para extrair representações hierárquicas dos dados. Nessas arquiteturas, cada camada sucessiva aprende características de maior nível de abstração, o que torna o método particularmente eficaz para o reconhecimento de padrões complexos em imagens (LeCun; Bengio; Hinton, 2015). Entre os modelos mais utilizados, destacam-se as redes neurais convolucionais (CNNs), capazes de capturar automaticamente características espaciais locais por meio de operações de convolução e pooling, reduzindo a necessidade de extração manual de atributos (Goodfellow; Bengio; Courville, 2016).

A definição da arquitetura de uma rede neural profunda constitui uma etapa fundamental no desenvolvimento de modelos de *deep learning*. O processo de escolha envolve a determinação do número de camadas, do tipo de cada camada (convolucional, totalmente conectada, de normalização, *dropout*, entre outras) e da quantidade de neurônios ou filtros em cada uma delas.

A seleção da arquitetura ideal é um processo exploratório e depende do tamanho e diversidade do conjunto de dados, da complexidade das classes a serem discriminadas, e dos recursos computacionais disponíveis.

2.4 AMBIENTE EXPERIMENTAL

Para desenvolvimento do trabalho, foi utilizado o ambiente Google Colab. O ambiente dispunha de 12.7Gb de RAM, GPU Tesla T4 com 15Gb de RAM e 78Gb de armazenamento. Foi utilizada a linguagem Python, versão 3.10.0. Foram utilizadas também as seguintes bibliotecas: Pandas, versão 1.5.3, Numpy, versão 1.22.4, Matplotlib, versão 3.7.1, Tensorflow, versão 2.12.0, Sklearn, versão 1.2.2 e Keras, versão 2.12.0.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

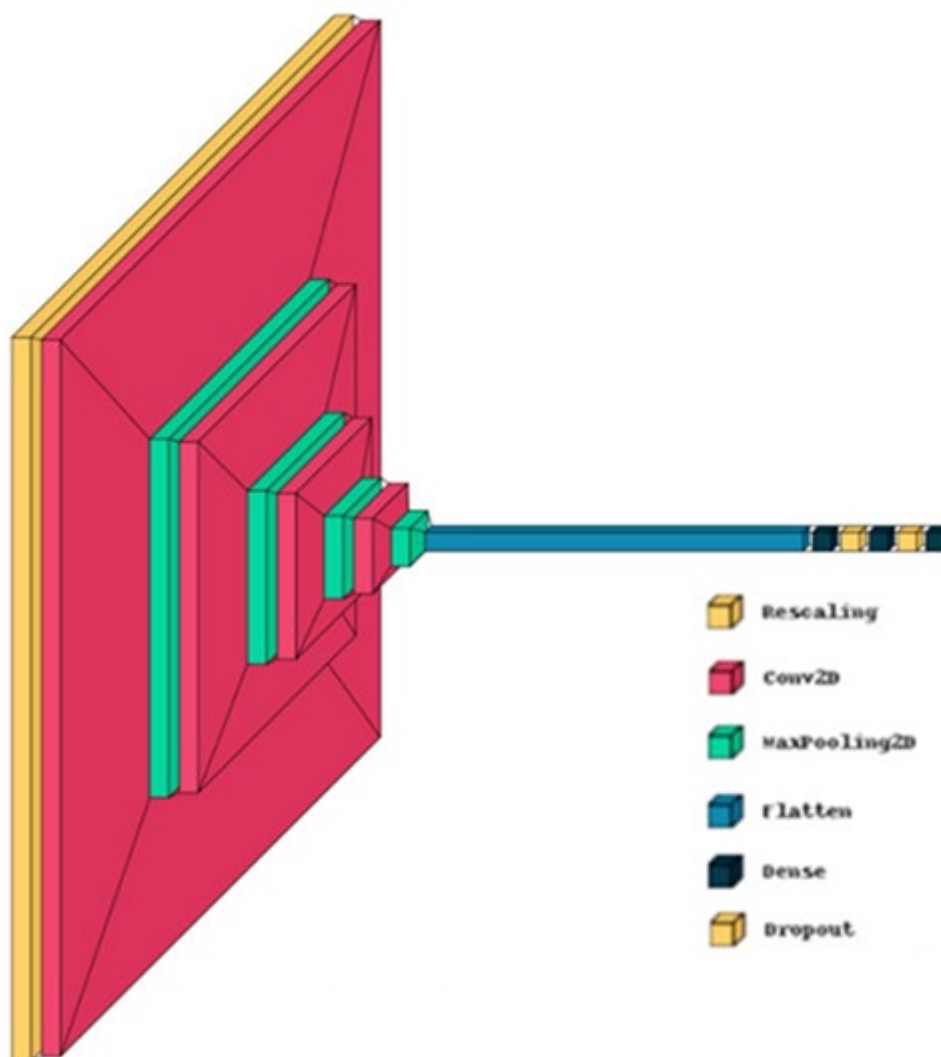
O processo de treinamento de modelos de deep learning é altamente demandante de recursos computacionais, sendo o tempo de treinamento um fator de relevância significativa. Nos experimentos iniciais, o uso das imagens em sua resolução original (640 × 480 pixels) resultou em um tempo de treinamento aproximado de duas horas. Com o objetivo de otimizar os recursos computacionais, as imagens foram progressivamente redimensionadas, avaliando-se o impacto dessa redução tanto na acurácia quanto no tempo de treinamento. Observou-se que a diminuição de até 50% na resolução das imagens não ocasionou perda significativa de desempenho, mas conduziu a uma redução de tempo de treinamento para em torno de 30 minutos. Assim, padronizou-se a experimentação com imagens de 320 × 240 pixels.

A definição da arquitetura do modelo preditivo é outro ponto crítico do projeto. Quanto mais complexo o problema a ser tratado, mais complexa deverá ser a arquitetura do modelo, em relação



à quantidade de camadas e de *kernels* em cada camada. Porém, não há uma regra definitiva ou heurística estabelecida para avaliar a complexidade do problema a fim de definir a arquitetura do modelo. Assim, a partir de um modelo inicial, mais simples, com uma camada convolucional, foram sendo iterativamente acrescentadas camadas, com o devido monitoramento da convergência do erro (*loss*) e do impacto na sua acurácia preditiva, ao longo das épocas de treinamento. O modelo que obteve melhor acurácia foi composto por quatro pares de camadas convolucionais 2D + camadas *maxpooling*. As camadas convolucionais eram compostas por 32 *kernels*. Posteriormente, foi utilizada uma camada *flatten* para transformar a imagem em um vetor, a fim de permitir a entrada em uma camada densa. Na sequência, foi incluída uma camada densa de 80 neurônios, uma camada densa de 40 neurônios e uma camada de saída com 4 neurônios, os quais indicam a probabilidade de pertencimento a cada uma das quatro classes: Eosinófilo, Linfócito, Monócito e Neutrófilo. Após cada camada densa, foi incluída uma camada de *dropout* de 10%. A Figura 3 apresenta graficamente a melhor arquitetura encontrada. A arquitetura do modelo final, com as camadas especificadas, totalizou 390,524 parâmetros treináveis.

Figura 3 – Arquitetura do modelo criado.

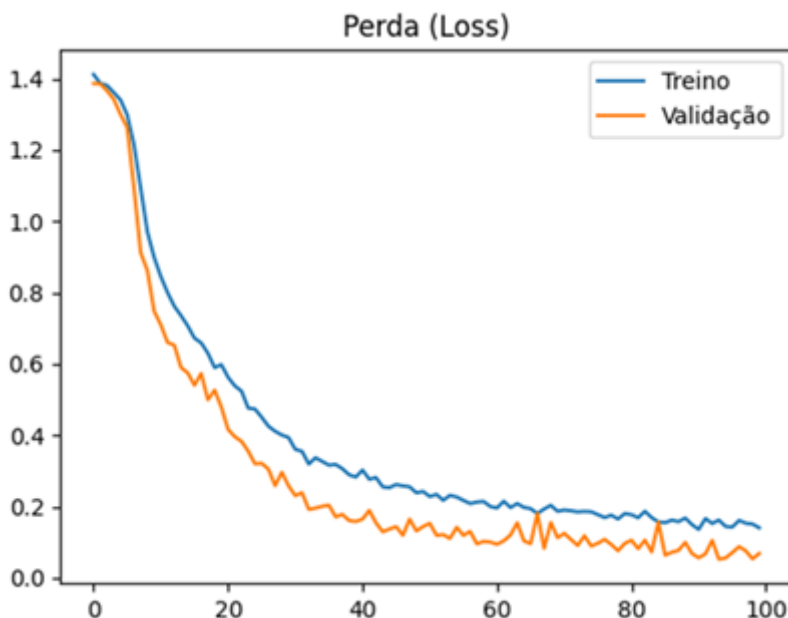


Fonte: Elaborada pelos autores.



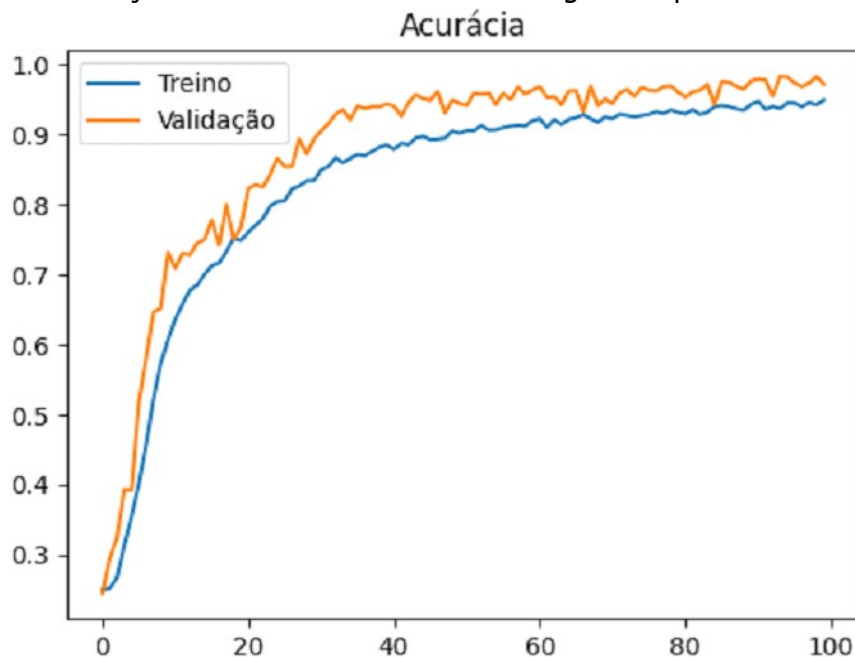
As Figuras 4 e 5 mostram respectivamente a evolução da acurácia e do erro ao longo das épocas de treinamento, sendo possível evidenciar a convergência do aprendizado do modelo.

Figura 4 – Convergência do aprendizado através da redução da função de perda ao longo das épocas de treinamento.



Fonte: Elaborada pelos autores.

Figura 5 – Evolução da acurácia do modelo ao longo das épocas de treinamento.

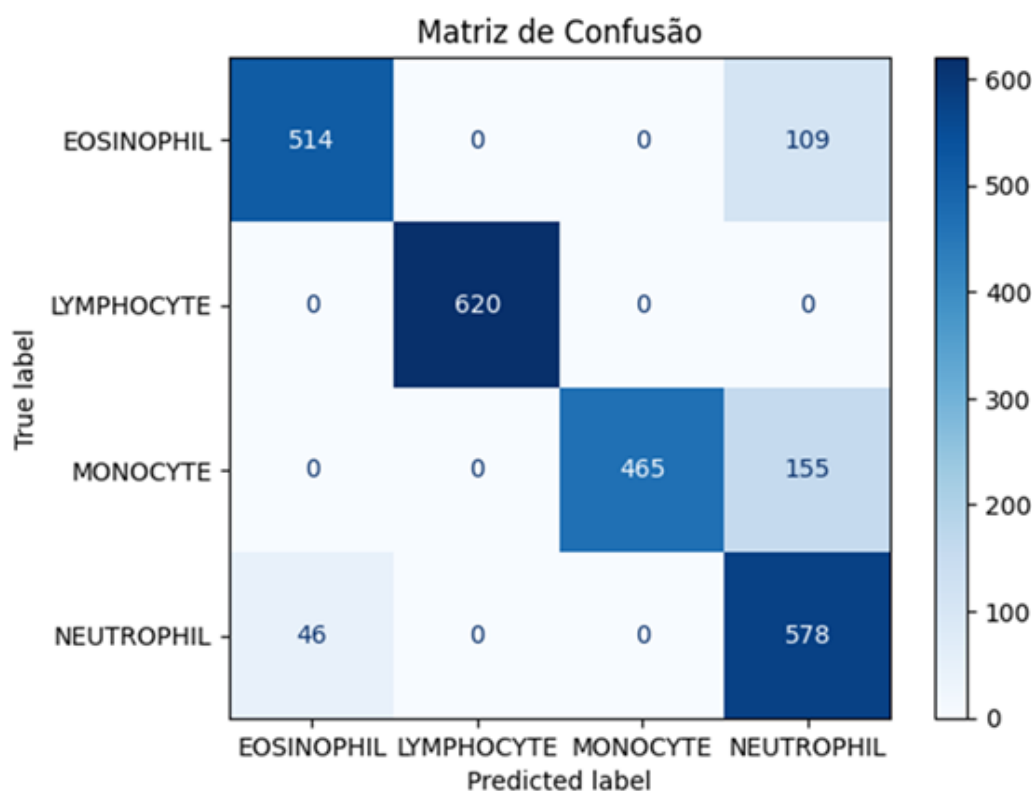


Fonte: Elaborada pelos autores.



A matriz de confusão apresentada na Figura 6 mostra o desempenho de classificação do modelo em relação às diferentes classes, relacionando as classes previstas pelo modelo, representadas na vertical, e as classes reais das amostras, representadas na horizontal. Esta figura mostra que o modelo conseguiu aprender a classificar corretamente todas as 620 amostras de linfócitos. Em relação aos neutrófilos, foram corretamente classificadas 578 amostras que representam um acerto em torno 92,6%, sendo os 7,4% de erros, em sua maioria, classificados incorretamente como eosinófilos. Já os eosinófilos, foram corretamente classificadas 514 amostras representando pouco mais de 82,5% de acerto, sendo as classificações incorretas confundidas com neutrófilos. No entanto, a maior dificuldade foi encontrada na classificação dos monócitos, onde apenas 465 amostras foram corretamente classificadas, o que representa 75% de acerto, tendo sido os erros resultantes de uma classificação indevida como neutrófilos.

Figura 6 – Matriz de confusão com os resultados das classificações das amostras do conjunto de teste.



Fonte: Elaborada pelos autores.

As métricas de classificação para cada uma das classes são detalhadas na Tabela 2. A Precisão (Precision) indica a proporção de predições positivas que foram corretamente classificadas, sendo, portanto, uma medida da confiabilidade das predições positivas do modelo. Valores mais elevados (próximos de 1) indicam maior taxa de verdadeiros positivos, quanto valores menores (próximos de 0) indicam maior taxa de falsos positivos. O Recall representa a proporção de amostras positivas corretamente identificadas em relação ao total de amostras positivas existentes, refletindo a capacidade do modelo em detectar verdadeiros positivos; valores próximos a 1 indicam maior sensibilidade do classificador. O Escore F1, por sua vez, é a média harmônica entre Precisão e Recall,



proporcionando uma medida equilibrada entre ambas, sendo desejável que seu valor também se aproxime de 1 (Cechinel e Camargo, 2019). Já o Suporte corresponde ao número de amostras pertencentes a cada classe no conjunto de teste, permitindo contextualizar o peso relativo de cada métrica.

Em termos de tempo de execução, a classificação de toda a base de teste, composta por 2.487 imagens, foi realizada em 7 segundos, demonstrando a eficiência temporal da abordagem proposta para aplicação prática em diagnósticos automatizados.

Tabela 2 – Métricas da classificação realizada pelo modelo nos dados de teste.

Classe	Precisão	Recall	Escore F1	Suporte
Eosinófilos	0,92	0,83	0,87	623
Linfócitos	1,00	1,00	1,00	620
Monócitos	1,00	0,75	0,86	620
Neutrófilos	0,69	0,93	0,79	624

Fonte: Elaborada pelos autores.

4. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os processos de contagem de células sanguíneas usados em laboratórios são lentos e trabalhosos, podendo conduzir a resultados incorretos devido à necessidade de intervenção humana. Este trabalho utiliza uma abordagem automática para fazer a classificação e contagem de glóbulos brancos. Foi utilizada uma base de dados pública com mais de 12 mil imagens, previamente classificadas em eosinófilos, linfócitos, monócitos e neutrófilos. Foram criados diferentes modelos baseados em redes neurais convolucionais. A principal contribuição deste trabalho é a criação de um modelo que conseguiu classificar as amostras de teste com 87% de acurácia, mostrando ser uma solução potencialmente aplicável no problema relatado. Alguns aprimoramentos ainda se fazem necessários, principalmente em relação à melhoria da acurácia de classificação de eosinófilos e neutrófilos. Para estes aprimoramentos, podem ser testados novos modelos de classificação em recursos mais poderosos de hardware em que não seja necessário reduzir o tamanho das imagens. Outra alternativa é, ao invés da redução das dimensões, realizar o recorte da imagem isolando a área da célula a ser classificada, o que não implicaria em redução de qualidade das imagens. Como principal limitação deste trabalho está o uso de uma única base de imagens, podendo serem utilizadas novas bases para treinamento e teste em trabalhos futuros.

Também é importante mencionar que o código desenvolvido neste trabalho está disponível em <https://github.com/Sandrocamargo/publications/tree/main/revistathema2023> para que possa servir como base a aprimoramentos e trabalhos futuros.



5. REFERÊNCIAS

- BAGIDO, R. A.; ALZHRANI, M.; ARIF, M. White blood cell types classification using deep learning models. In: International Journal of Computer Science and Network Security (IJCSNS), 9, 2021, Bangalore, Índia. **Proceedings...**, 2021, p. 223–229.
- BUTTARELLO, M.; PLEBANI, M. Automated Blood Cell Counts: State of the Art. **American Journal of Clinical Pathology**. v. 130, n. 1, p. 104–116, 2008. Disponível em: <https://doi.org/10.1309/EK3C7CTDKNVPXVTN>. Acesso em 23 Set 2022.
- CECHINEL, C.; CAMARGO, S. S. Mineração de dados educacionais: avaliação e interpretação de modelos de classificação. In: Patricia A. Jaques Maillard; Sean Siqueira; Mariano Pimentel; Edson Pimentel; Ig Bittencourt. (Org.). **Metodologia de Pesquisa Científica em Informática na Educação: Abordagem Quantitativa (Volume 2)**. 1ed. Porto Alegre: Sociedade Brasileira de Computação, 2020, v. 2, p. 1-30.
- CHEUQUE, C. *et al.* An efficient multilevel convolutional neural network approach for white blood cells classification. **Diagnostics**. v. 12, n. 2, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/diagnostics12020248>. Acesso em 23 Set 2022.
- ÇINAR, A.; TUNCER, S.A. Classification of lymphocytes, monocytes, eosinophils, and neutrophils on white blood cells using hybrid alexnet-googlenet-svm. **SN Applied Sciences**, v. 503, n. 3, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s42452-021-04485-9>. Acesso em: 23 Set 2022.
- DEAN, L., National Center for Biotechnology Information (U.S.) and Flying Publisher and National Library of Medicine: **Blood Groups and Red Cell Antigens**. NCBI Bookshelf, NCBI, 2005, <https://books.google.com.br/books?id=vIUoYAAACAAJ>
- DHIEB, N. *et al.* An automated blood cells counting and classification framework using mask R-CNN deep learning model. In: International Conference on Microelectronics (ICM), 31, 2019, Cairo, Egito. **Proceedings....** 2019. p. 300–303.
- GOODFELLOW, I.; BENGIO, Y.; COURVILLE, A. **Deep Learning**. MIT Press, Cambridge, 2016. Disponível em: <http://www.deeplearningbook.org>. Acesso em 23 Set 2022.
- KIERSZENBAUM, A.; TRES, L. **Histology and Cell Biology: An Introduction to Pathology**. 5 ed. Elsevier, 2019.
- LECUN, Y.; BENGIO, Y.; HINTON, G. Deep learning. **Nature**, v. 521, p. 436–444, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/nature14539>. Acesso em 23 Set 2022.
- LIPPEVELD, M. *et al.* Classification of human white blood cells using machine learning for stain-free imaging flow cytometry. **Cytometry Part A**, v. 97, n. 3, p. 308–319, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1002/cyto.a.23920>. Acesso em 23 Set 2022.
- MALL, P. k. *et al.* A comprehensive review of deep neural networks for medical image processing: Recent developments and future opportunities. **Healthcare Analytics**, v. 4, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.health.2023.100216>. Acesso em 02 Dez 2023.



SHARMA, S. *et al.* Deep learning model for the automatic classification of white blood cells.

Computational Intelligence and Neuroscience, 2022. Disponível em:

<https://doi.org/10.1155/2022/7384131>. Acesso em 23 Set 2022.

ZHANG, H.; QIE, Y. Applying Deep Learning to Medical Imaging: A Review. **Applied Sciences**, v.

13, n. 18, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/app131810521>. Acesso em 02 Dez 2023.

Submissão: 02/10/2023

Aceito: 20/10/2025