

INSTITUTO FEDERAL DE SANTA CATARINA

ANTHONY CRUZ

APLICANDO DEEP LEARNING PARA DETECÇÃO DE CÉLULAS EM
AMOSTRAS DE SANGUE

Caçador - SC

17 de Outubro de 2021

ANTHONY CRUZ

APLICANDO DEEP LEARNING PARA DETECÇÃO DE CÉLULAS EM AMOSTRAS DE SANGUE

Monografia apresentada ao Curso de Sistemas de Informação do Câmpus Caçador do Instituto Federal de Santa Catarina para a obtenção do diploma de Bacharel em Sistemas de Informação.

Orientador: Prof. Dr. Samuel da Silva Feitosa

Coorientador: Prof. Me. Cristiano Mesquita Garcia

Caçador - SC

17 de Outubro de 2021

Anthony Cruz

APLICANDO DEEP LEARNING PARA DETECÇÃO DE CÉLULAS EM AMOSTRAS DE SANGUE/ Anthony Cruz. – Caçador - SC, 17 de Outubro de 2021-

45 p. : il. (algumas color.) ; 30 cm.

Orientador: Prof. Dr. Samuel da Silva Feitosa

Monografia (Graduação) – Instituto Federal de Santa Catarina – IFSC

Campus Caçador

Sistemas de Informação, 17 de Outubro de 2021.

1. Palavra-chave1. 2. Palavra-chave2. 2. Palavra-chave3. I. Orientador. II. Instituto Federal de Santa Catarina. III. Campus Caçador. IV. Título

ANTHONY CRUZ

APLICANDO DEEP LEARNING PARA DETECÇÃO DE CÉLULAS EM AMOSTRAS DE SANGUE

Este trabalho foi julgado adequado para obtenção do título de Bacharel em Sistemas de Informação, pelo Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Santa Catarina, e aprovado na sua forma final pela comissão avaliadora abaixo indicada.

Caçador - SC, 01 de dezembro de 2020:

Prof. Dr. Samuel da Silva Feitosa, Dr.
Orientador
Instituto Federal de Santa Catarina

Prof. Me. Cristiano Mesquita Garcia, Me.
Coorientador
Instituto Federal de Santa Catarina

Professor Vitor Sales Dias da Rosa, Dr.
Banca Avaliadora
Instituto Federal de Santa Catarina

Professor Fabrício Herpich, Dr.
Banca Avaliadora
Instituto Federal de Santa Catarina

Eu estou com a Força e a Força está comigo.

AGRADECIMENTOS

Obrigado.

“May the Force be with you.”
(Master Yoda, 1977)

RESUMO

Os exames laboratoriais de sangue, principalmente quando se trata de hemogramas, são um dos exames mais importantes e mais realizados no âmbito médico. Através dessa prática pode-se descobrir importantes alterações no organismo e é geralmente utilizado como primeiro passo na avaliação da saúde dos pacientes. Embora seja uma prática comum, a realização dos exames é dificultada nos laboratórios por utilizar um maquinário de alto custo de compra e manutenção. Como alternativa a isso, este projeto pretende desenvolver um modelo de *Deep Learning* para auxiliar na realização deste processo, através da detecção automática de células em imagens de amostras de sangue em placas de Petri, para assim, conseguir elaborar elementos do hemograma de forma automatizada. A partir da elaboração de um mapeamento sistemático da literatura foi possível identificar as principais abordagens de *Deep Learning* (*Convolutional Neural Network* e *Recurrent Neural Network*) que podem ser utilizadas para a resolução do problema abordado.

Palavras-chave: Hemograma. Exames de Sangue. *Deep Learning*. Redes Neurais.

ABSTRACT

Laboratory blood tests, especially when it comes to Complete Blood Count (CBC), are one of the most important types of tests performed in the medical field. Through this practice, important changes in the body can be discovered and it is generally used as a first step in the assessment of patients health. Although it is a common practice, the performance of exams is difficult in laboratories because of the high cost of purchase and maintenance machinery. As an alternative to that, this project intends to develop a *Deep Learning* model to carry out this process using fewer resources, through the automatic detection of cells in images of blood samples in Petri dishes, in order to be able to prepare elements of the blood count in an automated way. From the elaboration of a systematic literature mapping, it was possible to identify the main *Deep Learning* approaches (*Convolutional Neural Network* and *Recurrent Neural Network*) that can be used to solve the problem addressed.

Keywords: Complete Blood Count. Blood Test. Deep Learning. Neural Networks.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – Glóbulos Vermelhos (RBC)	19
Figura 2 – Glóbulos Brancos (WBC)	20
Figura 3 – Plaquetas (Platelets)	21
Figura 4 – Exemplo de Eritrograma e seus Atributos	22
Figura 5 – Exemplo de Leucograma e seus Atributos	22
Figura 6 – Matriz de Confusão	24
Figura 7 – <i>Perceptron</i>	25
Figura 8 – Artificial Neural Network	26
Figura 9 – Convolutional Neural Network	28
Figura 10 – Usos do <i>Object Detection</i>	34
Figura 11 – Protótipo Desenvolvido	38

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Palavras-Chave e Sinônimos	30
Tabela 2 – Bases de Dados e Número de Artigos Seleccionados	30
Tabela 3 – Critérios de Exclusão	31
Tabela 4 – Artigos Seleccionados	32
Tabela 5 – Parâmetros Definidos	36

LISTA DE CÓDIGOS

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

RBC Red Blood Cells

WBC White Blood Cells

CBC Complete Blood Count

VCM Volume Corpuscular Médio

HCM Hemoglobina Corpuscular Média

CHCM Concentração de Hemoglobina Corpuscular Média

RDW Red Cell Distribution Width

KNN K-Nearest Neighbors

ANN Artificial Neural Network

DNN Deep Neural Network

RNN Recurrent Neural Network

CNN Convolutional Neural Network

SVM Support Vector Machine

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	15
1.1	Problema de Pesquisa	16
1.2	Hipótese de Pesquisa	16
1.3	Objetivos	16
1.3.1	Objetivo Geral	16
1.3.2	Objetivos Específicos	16
1.4	Justificativa	16
1.5	Organização do texto	17
2	FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	18
2.1	Exames Laboratoriais de Sangue	18
2.1.1	Sangue	18
2.1.1.1	Glóbulos Vermelhos	18
2.1.1.2	Glóbulos Brancos	19
2.1.1.3	Plaquetas	20
2.1.2	Hemograma	21
2.1.2.1	Eritrograma	21
2.1.2.2	Leucograma	22
2.2	Inteligência Artificial: <i>Machine Learning e Deep Learning</i>	22
2.2.1	Machine Learning	23
2.2.1.1	Algoritmos Tradicionais	23
2.2.1.2	Redes Neurais	25
2.2.2	Deep Learning	26
2.2.2.1	<i>Recurrent Neural Networks (RNNs)</i>	27
2.2.2.2	<i>Convolutional Neural Networks (CNNs)</i>	27
2.2.2.3	Bibliotecas e Recursos	27
3	ESTADO DA ARTE DA ÁREA PESQUISADA	30
3.1	Mapeamento Sistemático da Literatura	30
3.1.1	Critérios de Exclusão	31
3.1.2	Critérios de Inclusão	31
3.2	Análise dos trabalhos selecionados	31
4	METODOLOGIA	33
4.1	<i>Dataset</i>	33
4.2	Detecção de Objetos	34
4.3	Modelo Computacional	35
4.4	Avaliação	36
4.5	Protótipo	37
5	RESULTADOS	39
6	CONCLUSÕES	40

REFERÊNCIAS	41
APÊNDICE A – MEU PRIMEIRO APÊNDICE	43
ANEXO A – MEU PRIMEIRO ASSUNTO DE ANEXO	44
ANEXO B – SEGUNDO ASSUNTO QUE PESQUISEI	45

1 INTRODUÇÃO

A saúde humana sempre foi uma área pilar de toda a sociedade e vem se tornando ainda mais vital para sustentar as demais. Considerando os problemas e situações advindos da pandemia de COVID-19, é necessário pensar em formas de automatizar para auxiliar os profissionais de saúde em suas tarefas, de forma a focar em problemas mais graves e urgentes. Também, com o avanço da tecnologia e dos meios de comunicação, a automação vem se fazendo presente na vida de todos, tornando-se indispensável nas mais diversas áreas. Para a área da saúde isso não difere, sendo preciso pensar em formas de, através da automatização, facilitar processos cotidianos para assim garantir um foco maior nos problemas mais críticos.

Também como efeito da pandemia, a demanda por exames laboratoriais vem crescendo, e conforme isso acontece, um maior número de profissionais da saúde são necessários para atender, analisar e produzir laudos desses exames. Porém, nem todo local possui uma equipe adequada para lidar com isso, e então acontece sobrecarga de funções para dar conta dessa demanda.

Este trabalho tem como principal objetivo buscar maneiras de automatizar a produção de hemogramas. Através de detecções automáticas, é possível criar uma ferramenta para auxiliar os profissionais da saúde nessa tarefa. Atualmente, os hemogramas são realizados por máquinas especializadas, portanto, demandam um alto custo financeiro e de manutenção para isso. Esse processo pode ser facilitado com o uso de algoritmos de *Deep Learning* para a automatização, como forma alternativa ao maquinário especializado.

Os algoritmos de *Deep Learning* (DL) vêm sendo utilizados nas mais diversas áreas, como na medicina (KRITTANAWONG et al., 2019), na economia (AKANBI et al., 2020), nas áreas da educação (OFFIR; LEV; BEZALEL, 2008), no comércio eletrônico (HA; PYO; KIM, 2016) e até em jogos virtuais (GREENGARD, 2017). Portanto, DL vem se tornando, cada vez mais, uma alternativa aos métodos tradicionais de realizar tarefas e automatizar processos. Podem ser encontrados alguns trabalhos também na área da saúde, que utilizam técnicas de *Deep Learning* como forma de auxiliar os profissionais em suas tomadas de decisão (RAVÌ et al., 2017; ZHAO et al., 2019).

As técnicas de *Deep Learning* buscam atingir resultados a partir de um grande conjunto de dados. Esses dados devem ser devidamente coletados e adaptados, ou seja, pré-processados adequadamente para que o processo de aprendizagem do *Deep Learning* possa ser desempenhado da melhor forma possível. O modelo de *Deep Learning* passa pela fase de treinamento e posteriormente por uma fase de realização de testes com outros dados para obtenção de resultados, que serão pós-processados para uma melhor visualização e apresentados ao profissional da saúde.

Nesse trabalho, busca-se analisar imagens de exames de sangue, para uma detecção e contagem automatizada das células da amostra. Essa amostra é armazenada e registrada em placas de Petri, que são recipientes cilíndricos utilizados pelos profissionais para cultura de microrganismos e análise de materiais (WEI et al., 2021), de forma a elaborar hemogramas a partir dessas informações. Para isso será utilizado um *dataset* desse tipo de imagem, que são grandes conjuntos de dados, a fim de detectar e contar os diferentes tipos de células do sangue, de forma a auxiliar os profissionais a elaborarem hemogramas.

1.1 Problema de Pesquisa

Considerando as diferentes formas e aplicações dos algoritmos de *Deep Learning*, presentes nas mais diversas áreas, como se pode utilizar um modelo computacional, para a detecção de células do sangue em imagens de placas de Petri, a fim de gerar informações úteis na elaboração de elementos do hemograma e auxiliar os profissionais de laboratório e da saúde?

1.2 Hipótese de Pesquisa

A hipótese para o problema apresentado, é que modelos computacionais podem ser treinados para a detecção de células em imagens de placas de Petri, com grande eficiência em prover informações úteis na elaboração de elementos do hemograma, para auxiliar os profissionais de laboratório e da saúde.

1.3 Objetivos

1.3.1 Objetivo Geral

Como objetivo geral deste trabalho, deve-se buscar formas de treinamento de uma modelo computacional para detecção de células em imagens, voltado a prover informações úteis para elaborar elementos do hemograma e assim auxiliar os profissionais da área em suas tarefas.

1.3.2 Objetivos Específicos

- Realizar um mapeamento sistemático sobre o tema, a fim de reconhecer os melhores trabalhos na literatura sobre as técnicas de *Deep Learning* utilizadas na área da saúde.
- Buscar imagens de amostras de sangue em bases de dados disponíveis e voltadas para esta finalidade.
- Realizar o pré-processamento dos dados coletados a fim de preparar o conjunto para o treinamento do modelo computacional.
- Desenvolver e treinar modelos computacionais de *Deep Learning* a fim de encontrar informações na análise de amostras de sangue em placas de Petri;
- Desenvolver um protótipo funcional através do modelo computacional, para o uso pelos profissionais.

1.4 Justificativa

Este estudo busca demonstrar uma forma alternativa de análise das amostras de sangue para elaboração de elementos do hemograma, portanto seu principal foco é auxiliar os profissionais da saúde. A contribuição desse estudo poderá ajudar os profissionais a serem mais rápidos em suas decisões sem perder a assertividade, de forma a aumentar a eficiência da análise de exames laboratoriais. Principalmente em momentos de crise, onde a área da saúde é bastante afetada, é necessário ter formas alternativas e associativas em tarefas cotidianas e de extrema importância para a continuidade dos trabalhos. Com esse trabalho, estudiosos da área da computação e também da saúde, poderão ter uma noção desse contexto e de suas possibilidades, cultivando novas iniciativas de trabalho, de forma a auxiliar em novas pesquisas e aplicações.

Outra questão bastante relevante, é em relação aos custos associados, devido ao fato de que o maquinário utilizado hoje para a análise desses exames demanda um alto custo para a sua compra

e manutenção. Esse trabalho também possibilitará a realização da análise laboratorial reduzindo a necessidade de compra dessas máquinas, e consequentemente diminuindo também custos nesse aspecto.

Embora já existam estudos utilizando *Deep Learning* e também estudos utilizando esses conceitos na área da saúde, esse trabalho tem a ideia de associar a análise dos modelos de *Deep Learning* com a elaboração de elementos do hemogramas de uma forma automatizada. Logo, se faz necessária a investigação dos conceitos desse trabalho para essa e futuras pesquisas.

1.5 Organização do texto

O restante desse trabalho está organizado da seguinte maneira: No [Capítulo 2](#) são apresentados os principais conceitos relacionados a *Deep Learning*, bem como as técnicas estudadas. No [Capítulo 3](#) são apresentados os resultados do mapeamento sistemático da literatura. No [Capítulo 4](#) será detalhada toda a metodologia do trabalho, assim como no [Capítulo 5](#) os resultados da pesquisa. Por fim, no [Capítulo 6](#) são apresentadas as considerações finais acerca deste trabalho.

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

Neste capítulo serão abordados os principais conceitos de *Deep Learning*, assim como as técnicas e algoritmos aplicados para auxiliar os profissionais de laboratório a realizarem hemogramas de uma forma eficiente. Além disso, serão apresentados os dados coletados de uma análise de sangue que dão subsídio para a geração de hemogramas.

2.1 Exames Laboratoriais de Sangue

Os exames laboratoriais de sangue, principalmente se tratando de hemogramas, são um tipo de exame simples, porém de extrema importância para a saúde humana. Através desses exames pode-se descobrir diversas informações sobre o organismo da pessoa examinada, inclusive detectar doenças e problemas antecipadamente, por exemplo, para diagnosticar anemia, deficiências nutricionais, parasitas no sangue, doenças virais e autoimunes. Também é possível identificar infecções, doenças como leucemia, diagnosticar efeitos de medicamentos e também o efeito de vários tipos de estresses sobre o corpo (LOKWANI, 2013; LONGO, 2013).

Um exame pode ser solicitado por um médico, ou a partir do interesse do próprio paciente, e realizado em um laboratório de análises clínicas, que será responsável por realizar a coleta, encaminhar para a análise específica e retornar o resultado. Todo esse processo é custoso em tempo de espera e também financeiramente, pois o maquinário para esse tipo de atividade constitui preço expressivo para aquisição e manutenção.

2.1.1 Sangue

O sangue é um elemento do corpo humano, que circula em estado líquido através de todo o sistema circulatório do organismo, sendo de importância para o funcionamento correto das células através da entrada e saída de substâncias que podem modificar a sua composição (VIVAS, 2017).

Pode ser dividido em duas principais partes: o plasma (ou soro) e a parte celular. O plasma é a principal parte de transporte de substâncias pelo sistema, sendo este formado pela ingestão de água e alimentos. Também pode ser chamado de soro, sendo possível diferenciá-los pela presença ou não de anticoagulantes utilizados dependendo do tipo da análise buscada e da intenção da pesquisa (NAOUM, 2007).

A segunda parte do sangue, que será objeto de estudo para este trabalho, é a parte celular que contém todas as células presentes no sangue e se classificam como glóbulos vermelhos, glóbulos brancos e plaquetas. Geralmente observa-se a presença de eritrócitos, vários tipos e classes de leucócitos e as plaquetas como um todo, que serão abordados um a um posteriormente (LONGO, 2013).

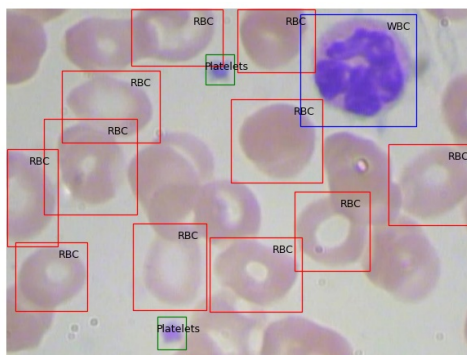
2.1.1.1 Glóbulos Vermelhos

Os glóbulos vermelhos, também conhecidos como *Red Blood Cells (RBC)*, são as hemácias presentes no sangue, também podem ser definidas em exames e registros médicos como eritrócitos. Essas células são pequenas e circulares, geralmente em formatos de discos e não possuem núcleo. Estão presentes em grande quantidade, possuindo uma vida útil de aproximadamente 120 dias até que o próprio sistema as elimine (LOKWANI, 2013).

É indispensável, ao falar sobre a parte vermelha do sangue, citar a hemoglobina que é uma proteína presente nas hemácias e de extrema importância para o funcionamento do sistema, pois através dela é possível realizar o transporte de oxigênio e gás carbônico pelo sistema sanguíneo, permitindo as trocas gasosas necessárias (VIVAS, 2017).

Percebe-se a presença dos glóbulos vermelhos na Figura 1, onde estão em grande quantidade em comparação com as outras células.

Figura 1 – Glóbulos Vermelhos (RBC)



Fonte: Shenggan (2019)

A Figura 1 faz parte de um *dataset*¹ específico de classificação de células sanguíneas, classificando em *RBC* (*Red Blood Cells*) para glóbulos vermelhos, *WBC* (*White Blood Cells*) para glóbulos brancos e *Platelets* para plaquetas.

2.1.1.2 Glóbulos Brancos

Os glóbulos brancos, também conhecidos como *White Blood Cells* (*WBC*), são as células brancas do sangue, sendo responsáveis pela defesa do organismo contra as principais ameaças do corpo humano presentes no sistema sanguíneo. Através da fagocitose, que é um processo de englobamento de partículas sólidas pelas células, são realizadas ações de defesa contra a invasão de fragmentos estranhos. Os glóbulos brancos são criados na medula óssea e estão presentes em todo o sangue, também em grande quantidade (LOKWANI, 2013).

Algumas células brancas podem ser encontradas na sua forma imatura, que ocorre quando o leucócito ainda não teve uma função definida pelo processo de maturação (promielócitos, mielócitos, metamielócitos). A maturação quando ocorre de forma adequada origina os seguintes tipos de leucócitos, cada qual com sua importância para o sistema de defesa do organismo (VIVAS, 2017):

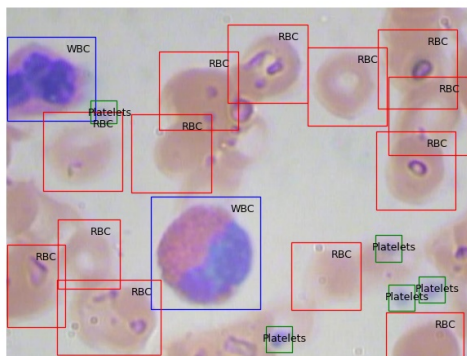
- **Neutrófilos:** células brancas mais abundantes, capazes de entrar nos tecidos, onde conseguem realizar a defesa do organismo, fagocitando partículas estranhas. Essas células são conhecidas como neutrófilos segmentados, pois existe uma célula precursora, que é o bastão, ou também chamado de neutrófilos bastonetes, que possuem essa nomenclatura pois seu núcleo não está amadurecido, ou seja ainda são jovens, e geralmente são identificados quando há infecções em fase aguda.
- **Eosinófilos:** células brancas responsáveis na defesa contra parasitas, geralmente estão presentes em grande quantidade no sangue durante reações alérgicas e infestações parasitárias.

¹ Um dataset é um grande conjunto de dados coletados.

- **Basófilos:** células brancas atuantes em respostas alérgicas e na coagulação do sangue. São capazes de liberar histamina, contribuindo para respostas alérgicas ao dilatar e permeabilizar os vasos sanguíneos e também liberam heparina que é capaz de prevenir a coagulação do sangue.
- **Monócitos:** células brancas capazes de entrar no tecido conjuntivo frouxo, onde conseguem se desenvolver em grandes células, com grande efeito fagocítico denominadas macrófagos, de forma a ingerir partículas estranhas ao organismo.
- **Linfócitos:** segundo tipo de célula branca mais abundante, são responsáveis e de extrema importância nas respostas imunes específicas do corpo humano, inclusive na produção de anticorpos.

Percebe-se também na Figura 2, a presença dos glóbulos brancos entre os vermelhos, porém em menor quantidade.

Figura 2 – Glóbulos Brancos (WBC)



Fonte: Shenggan (2019)

Como visto na Figura 2, embora existam várias classificações de glóbulos brancos, no *dataset* onde foi coletada, não era objetivo de estudo realizar essa análise específica de cada célula.

2.1.1.3 Plaquetas

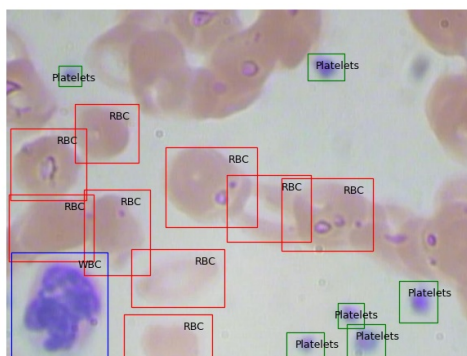
As plaquetas, também conhecidas e citadas como *Platelets*, são os menores componentes do sangue e possuem grande responsabilidade na hemostasia, que é uma resposta fisiológica para a prevenção e interrupção de sangramentos e hemorragias, ou seja, elas atuam na manutenção dos vasos sanguíneos. As plaquetas são fragmentos do citoplasma de megacariócitos, ou seja, elas são produzidas na medula óssea como parte dessas células especializadas que irão se dividir posteriormente e gerar um grande número de plaquetas. Aproximadamente, para cada 1 megacariócito, pode-se produzir cerca de 4000 plaquetas (LOKWANI, 2013).

Por serem fragmentos de uma célula, as plaquetas não possuem núcleo e são muito pequenas, com cerca de $1\text{--}3\ \mu\text{m}^1$ de diâmetro, com a coloração azul-acinzentado. A vida útil das plaquetas dura em média de 9 a 12 dias, e elas são removidas pelo baço quando estão velhas ou danificadas (LOKWANI, 2013).

Percebe-se também através da Figura 3, a presença do último elemento visível abordado por este trabalho no *dataset* utilizado como base. Nela é possível visualizar múltiplas plaquetas agrupadas em um dos cantos, além de outras no meio dos demais elementos do sangue.

¹ 1 micrômetro (μm) é equivalente à 0,001 milímetro.

Figura 3 – Plaquetas (Platelets)



Fonte: Shenggan (2019)

2.1.2 Hemograma

Um hemograma, também conhecido e citado como *Complete Blood Count (CBC)*, é um exame bastante comum e muito utilizado, onde se realiza uma análise de sangue que envolve a contagem das diferentes células sanguíneas. A partir dos números obtidos através dessa contagem e com a comparação desse valor com as faixas de normalidade, é possível chegar a diversas conclusões sobre a saúde do paciente e até mesmo já identificar alguma doença ou problema (VIVAS, 2017; LOKWANI, 2013).

Um hemograma é geralmente realizado em duas principais etapas, sendo a primeira relacionada ao eritrograma que se refere à análise das células vermelhas, de forma a revelar até mesmo alguns tipos essenciais de alterações patológicas do sistema eritropoético, sendo o sistema responsável pela produção do material vermelho do sangue, como aumento na produção de glóbulos vermelhos e anemias. A segunda parte está relacionada com o leucograma, que corresponde à contagem global e específica dos leucócitos, a parte branca do sangue (VIVAS, 2017; LOKWANI, 2013).

2.1.2.1 Eritrograma

O objetivo do eritrograma ao realizar a análise da parte vermelha do sangue, é analisar alguns atributos-chave. Primeiramente é realizada a contagem geral dos eritrócitos adotando uma escala de milhões/mm³. A hemoglobina também é calculada e registrada em uma escala de g/dl (NAOUM, 2007; VIVAS, 2017).

Depois dessa principal contagem são calculados alguns índices, que apresenta o primeiro deles o cálculo do volume corpuscular médio (VCM), sendo o volume médio das hemácias, calculado pelo quociente de um determinado volume de hemácias pelo número de células contidas no mesmo. Outro importante atributo é a hemoglobina corpuscular média (HCM), que semelhante ao VCM, apresenta o conteúdo médio da hemoglobina, calculado pelo quociente de conteúdo de hemoglobina em um determinado volume de hemácias pelo número de células contidas no mesmo volume (NAOUM, 2007; VIVAS, 2017).

Também temos outro índice que é a concentração de hemoglobina corpuscular média (CHCM), sendo a percentagem da hemoglobina em uma amostra de 100ml de hemácias. Por fim temos, a amplitude de distribuição dos glóbulos vermelhos, que em inglês significa *Red Cell Distribution Width (RDW)*, que será responsável por avaliar a variação de tamanho entre as hemácias (NAOUM, 2007; VIVAS, 2017).

É possível visualizar a forma que esses índices do eritrograma estão presentes e são abordados em um hemograma real através da Figura 4, assim como os seus respectivos valores de referência.

Figura 4 – Exemplo de Eritrograma e seus Atributos

Eritrograma		Valores de referência		
Eritrócitos.....	5,88	4,50 a	5,90	milhões/mm ³
Hemoglobina.....	16,6	13,5 a	17,5	g/dl
Volume Globular.....	49,4	41,0 a	53,0	%
VCM.....	84,0	80,0 a	100,0	fl
HCM.....	28,2	26,0 a	34,0	pg
CHCM.....	33,6	31,0 a	36,0	g/dl
RDW.....	13,7	11,5 a	15,0	%

Fonte: Elaborada pelo autor.

2.1.2.2 Leucograma

O objetivo do leucograma ao realizar a análise da parte branca do sangue, assim como no eritrograma, é analisar alguns atributos-chave, porém, diferente do processo anterior, essa etapa tem um foco muito maior na classificação e contagem de diferentes células brancas.

Primeiramente é feita uma contagem geral de leucócitos em mm³. Depois é realizada a contagem de forma a classificar cada tipo de leucócito presente, com neutrófilos, eosinófilos, basófilos, linfócitos, monócitos e também os granulócitos imaturos (promielócitos, mielócitos, metamielócitos). Por fim, também é calculado o número presente de plaquetas no sangue em mm³ (NAOUM, 2007; VIVAS, 2017).

É possível visualizar a maneira que os índices e classificações são abordados em um hemograma real através da Figura 5, assim como os seus respectivos valores de referência.

Figura 5 – Exemplo de Leucograma e seus Atributos

Leucograma		Valores de referência		
Leucócitos.....	7.520	/mm ³	3.500 a 10.000	/mm ³
Neutrófilos Bastonetes..	3 %	226 /mm ³	ate 840	/mm ³
Neutrófilos Segmentados..	43 %	3.234 /mm ³	1.700 a 8.000	/mm ³
Eosinófilos.....	8 %	602 /mm ³	50 a 500	/mm ³
Basófilos.....	1 %	75 /mm ³	até 100	/mm ³
Linfócitos.....	35 %	2.632 /mm ³	900 a 2.900	/mm ³
Linfócitos Atípicos.....	0 %	0 /mm ³		
Monócitos.....	10 %	752 /mm ³	300 a 900	/mm ³
Blastos.....	0 %	0 /mm ³		
Promielócitos.....	0 %	0 /mm ³		
Mielócitos.....	0 %	0 /mm ³		
Metamielócitos.....	0 %	0 /mm ³		
PLAQUETAS.....	282.000	/mm ³	150.000 a 450.000	/mm ³

Fonte: Elaborada pelo autor.

2.2 Inteligência Artificial: *Machine Learning* e *Deep Learning*

A abordagem de *Deep Learning*, que é objeto de estudo desse trabalho é uma das subáreas de *Machine Learning*, que, por sua vez, é subárea de Inteligência Artificial, portanto antes de abordar cada um desses conceitos, quais suas diferenças e aplicações, se faz necessário introduzir o conceito de Inteligência Artificial.

A Inteligência Artificial é uma abordagem para a resolução de problemas de diversas naturezas de forma automatizada, ou seja, é uma maneira de se resolver problemas sem a necessidade de um humano ou usuário específico para esse trabalho. Essa área está recebendo muita atenção atualmente, buscando, cada vez mais, novas maneiras de automatizar tarefas do cotidiano. Essa abordagem está presente em

diversos segmentos da indústria e atualmente também vem crescendo o uso nas residências para as mais diversas finalidades (LIMA CARLOS A. M. PINHEIRO, 2014).

O intuito dessa área é buscar formas de ensinar máquinas e computadores a serem capazes de ter uma inteligência cada vez mais semelhante aos seres humanos. Isso ocorre geralmente através do reconhecimento de padrões através de diversas técnicas, que permitem que os computadores sejam ensinados a analisar e interpretar dados, de forma semelhante ao que acontece para o aprendizado de seres humanos. Porém, diferente de nós, as máquinas geralmente precisam de um volume massivo de dados para que sejam capazes de aprender algo básico (FACELI et al., 2021).

2.2.1 Machine Learning

A resolução de problemas através de ferramentas da computação é bastante comum e para isso se faz uso de algoritmos programados para finalidades específicas, porém não é em todos os problemas que se pode aplicar essa abordagem tradicional, porque nem sempre se sabe um caminho único de etapas a serem seguidas para chegar a uma resolução. Nesses casos, quando se sabe a entrada de dados e o resultado desejado, mas não os meios para se chegar nesse resultado, é possível utilizar um modelo de *Machine Learning* para realizar a predição. É possível pensar da seguinte forma, na abordagem de algoritmos tradicionais de programação, possuímos os parâmetros necessários e conhecemos o método para assim chegar ao resultado, mas na aplicação de *Machine Learning*, conhecemos os parâmetros e o resultado, porém o método será aprendido e apresentado pela própria máquina (ETHEM, 2016).

É possível fazer uma analogia entre um modelo de *Machine Learning* e uma criança que aprende algo novo, onde todo modelo passa por três principais etapas: o pré-processamento dos dados, a fase de treinamento, e por fim o teste. Na fase de pré-processamento, os dados são analisados e adaptados para um melhor entendimento do modelo, retirando informações inúteis, alterando o formato para um mais adequado, entre outras práticas (RASCHKA, 2015).

Logo após, o modelo de *Machine Learning* deve ser treinado conforme o método desejado, antes de realizar a predição de qualquer valor ou resultado, onde o responsável pelo treinamento deverá fornecer um grande volume de dados, assim como os resultados esperados em cada um deles, além dos parâmetros e configurações necessárias para o treinamento. Dessa forma o modelo aprende a entender e interpretar os dados, tornando-se ser capaz de reproduzir esse método para prever o resultado de futuros dados (RASCHKA, 2015).

Por fim, após o treinamento do modelo como um todo ocorre a fase de teste. Nesta fase, o modelo será testado e avaliado com base em algumas técnicas para medir o seu desempenho, calculando métricas como a acurácia, a precisão e a revocação. A acurácia indicará uma performance geral, ou seja, quantas classes o modelo classificou corretamente. A precisão dirá, dentre as classificações que o modelo classificou como positivo, quantas estão corretas. A revocação, também citada como *recall*, apontará dentre todas as classificações que possuem positivo como valor esperado, quantas estão corretas. Além dessas métricas, também existe o F1-Score que realiza uma média harmônica entre precisão e *recall* (NICK, 2018).

Para uma melhor visualização, e para realizar o cálculo das métricas citadas anteriormente, se utiliza uma matriz de confusão, que descreve o número de acertos e erros relacionados com os verdadeiros ou falsos positivos e os verdadeiros ou falsos negativos observa-se na Figura 6 (NICK, 2018).

2.2.1.1 Algoritmos Tradicionais

Existem várias abordagens de *Machine Learning*, que são divididas em duas metodologias diferentes: supervisionados ou não-supervisionados. No aprendizado supervisionado, sabe-se o resultado

Figura 6 – Matriz de Confusão

		Classe Predita	
		Positivo	Negativo
Classe Verdadeira	Positivo	Verdadeiro Positivo (VP)	Falso Negativo (FN)
	Negativo	Falso Positivo (FP)	Verdadeiro Negativo (VN)

Fonte: Elaborada pelo autor.

correto, ou seja, onde o modelo deverá chegar a partir dos dados obtidos, porém no aprendizado não-supervisionado, o modelo terá que lidar com dados não estruturados e sem um resultado claro (RASCHKA, 2015).

Dentro do aprendizado supervisionado, encontra-se duas abordagens mais utilizadas, a regressão e a classificação. Os modelos de regressão serão responsáveis pela predição de valores reais, enquanto que os modelos de classificação serão responsáveis pela rotulação dos dados em determinadas classes (RASCHKA, 2015).

Quando se trabalha com regressão de dados, é possível citar alguns exemplos de abordagens mais utilizadas (NICK, 2018).

- **Linear Regression:** método mais clássico e simples para abordar regressão, onde é traçado uma reta através dos dados e então realizado a predição com base nessa reta. Possui variações como na *Multiple Linear Regression* onde são usadas mais variáveis e também na *Polynomial Linear Regression* onde a reta se tornará uma curva, utilizando variáveis com exponenciação, tornando o resultado mais assertivo.
- **Decision Tree:** árvore de decisão é uma técnica utilizada para prever valores através de critérios aprendidos pelo modelo. Esses critérios serão aprendidos através da divisão dos dados conhecidos em grupos semelhantes de forma a encontrar padrões em cada um dos grupos de dados.
- **Random Forest:** floresta aleatória é uma técnica utilizada de forma a combinar o poder de processamento de várias árvores de decisão diferentes, de forma a ter um trabalho mais minucioso e geralmente chegar em um resultado mais preciso.

Quando se trabalha com classificação de dados, é possível citar alguns exemplos de algoritmos mais utilizados (RASCHKA, 2015).

- **K-Nearest Neighbors (KNN):** o KNN é uma abordagem de um algoritmo que realizará a classificação com base na comparação de um dado com dados semelhantes a ele. É considerado uma abordagem *lazy*, ou seja, preguiçosa, pois não apresenta um modelo inteligente, apenas armazena os dados e realiza comparações.

- **Decision Tree Classifier:** assim como na regressão, árvore de decisão é uma técnica utilizada para prever classes para dados específicos a partir de uma série de critérios aprendidos pelo modelo. Esses critérios serão aprendidos através da divisão dos dados conhecidos em grupos semelhantes de forma a encontrar padrões que nesse caso seriam as classes necessárias para a interpretação em cada um dos grupos divididos de dados.
- **Random Forest Classifier:** assim como na regressão, floresta aleatória é uma técnica utilizada de forma a combinar o poder de processamento de várias árvores de decisão voltadas à classificação, buscando ter um trabalho mais minucioso e geralmente chegar em um resultado mais preciso.

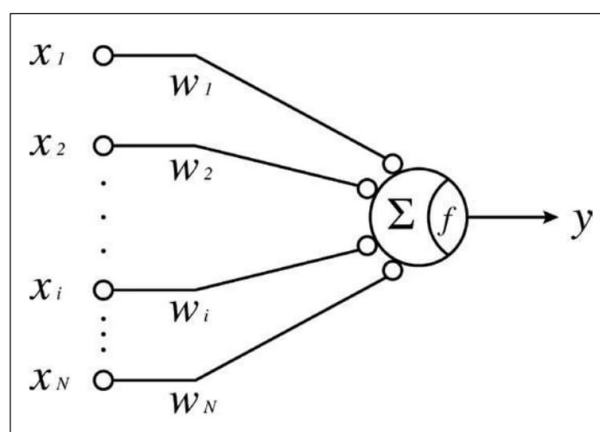
Além desses algoritmos, é importante ressaltar uma abordagem diferente da convencional que são as redes neurais, que podem ser utilizadas tanto para regressão quanto para classificação. Esse tipo de abordagem se difere dos algoritmos tradicionais e será objeto de estudo desse trabalho.

2.2.1.2 Redes Neurais

As redes neurais buscam uma abordagem bastante parecida com o cérebro humano, pois utilizam uma estrutura composta de *perceptrons*, que são uma versão computadorizada de algo parecido com um neurônio humano. O *perceptron* é capaz de receber *inputs* (os dados de entrada) e produzir uma saída. O desempenho do uso de *perceptrons* pode ser melhorado ao utilizar vários em conjunto formando uma rede, assim unindo o poder de processamento de cada um deles e chegando a um resultado mais assertivo em menor tempo. Para essa estrutura se dá o nome de rede neural artificial ou como é conhecida, *Artificial Neural Network* (ANN) (SUGOMORI et al., 2017; GIANCARLO; REZAUL, 2018).

A Figura 7 apresenta toda a estrutura de um *perceptron*, onde o x representa a informação repassada, o w representa os pesos de cada informação, a letra Σ o somatório, o f a função de ativação e por fim y representa a saída.

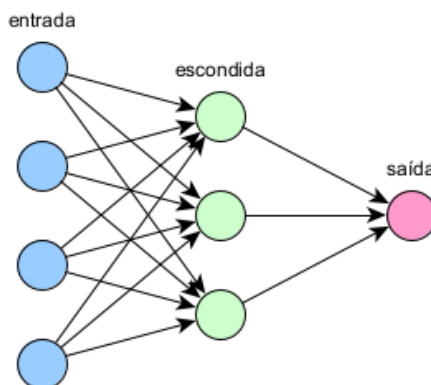
Figura 7 – Perceptron



Fonte: Sugomori et al. (2017)

Uma *Artificial Neural Network* é uma estrutura formada por diversos neurônios, conhecidos como *perceptrons*, organizados de forma a imitar o processamento de um cérebro humano. Sua estrutura é definida em diversas camadas, geralmente adotando uma camada de entrada, outra de saída e camadas intermediárias chamadas de ocultas que serão responsáveis pelo processamento na totalidade, onde cada uma delas pode conter um número variável de *perceptrons* (GIANCARLO; REZAUL, 2018). Pode-se visualizar esta estrutura na Figura 8, com a presença da camada de entrada, as camadas escondidas e por fim a camada de saída.

Figura 8 – Artificial Neural Network



Fonte: Elaborada pelo autor.

É importante ressaltar que além das informações repassadas de um *perceptron* para o outro, existe outro fator importantíssimo para o seu funcionamento, sendo os pesos adotados. Os pesos são valores definidos para cada informação recebida pelo *perceptron* e pode-se pensar no seu uso como um critério de prioridade entre uma informação e outra, que serão ajustados para alcançar o resultado desejado (GIANCARLO; REZAUL, 2018).

Dessa forma, uma ANN poderá aprender a realizar diversos tipos de tarefas, como classificação, por exemplo, através do uso de um algoritmo de *backpropagation* que significa propagação regressiva, responsável por gerir a taxa de aprendizado do modelo, seguindo alguns passos (GIANCARLO; REZAUL, 2018).

Primeiramente, o algoritmo inicia a rede artificial com pesos aleatórios, entrando em modo de treino para realizar o aprendizado. Durante o treinamento, o algoritmo é capaz de realizar previsões de resultados que serão comparados com os valores corretos, para saber se está obtendo sucesso ou não. O algoritmo de *backpropagation* então calcula a diferença do resultado obtido com o real, e essa informação do erro é repassada para todas as camadas anteriores de forma a realizar um ajuste nos pesos e minimizar o erro (GIANCARLO; REZAUL, 2018).

Todo esse processo é realizado muitas vezes durante o treinamento, e só encerra quando os ajustes levam ao aumento do erro novamente, indicando que os pesos foram ajustados até o limite. Essa etapa de otimização dos pesos utilizados pela rede é muito importante, sendo essencial para o funcionamento da rede neural, pois através dela que é possível para o modelo aprender com os seus erros (GIANCARLO; REZAUL, 2018).

2.2.2 Deep Learning

Existem alguns casos que o *Machine Learning* não é suficiente para o aprendizado a partir dos dados, pois o aprendizado acontece através de reconhecimento de padrões com base nos dados que não podem ser utilizados de qualquer forma, devem ser preparados e adaptados para cada modelo, ou seja, a máquina não é capaz de aprender por conta própria, pois precisa sempre de intervenção humana para o processamento dos dados. Logo, é preciso uma abordagem muito mais parecida com a forma de pensar dos seres humanos, como o *Deep Learning* (ZOCCA et al., 2017; GIANCARLO; REZAUL, 2018).

O *Deep Learning* busca formas de aprofundar o conceito das redes neurais abordado na seção 2.2.1.2, utilizando *Deep Neural Networks* (DNNs). As *Deep Neural Networks* (DNNs), ou Redes Neurais

Profundas, são uma arquitetura de rede neural orientada ao *Deep Learning*, ou seja, são muito mais complexas em seus modelos, com um número maior de neurônios, camadas ocultas em configurações mais complexas e conexões específicas entre os neurônios (GIANCARLO; REZAUL, 2018).

Com as possibilidades que as redes neurais profundas trouxeram, surgiram algumas variantes interessantes e focadas em um nicho específico, buscando se assemelhar ainda mais a natureza humana para realizar tarefas e criar inteligência. Algumas dessas variantes se aplicam a processamento de linguagem natural, como é o caso das RNNs abordadas na seção 2.2.2.1, ou também abordam o reconhecimento e interpretação de imagens como é o caso das CNNs abordadas na seção 2.2.2.2 e é assunto de interesse para a continuidade deste trabalho.

2.2.2.1 Recurrent Neural Networks (RNNs)

As *Recurrent Neural Networks*, ou Redes Neurais Recorrentes, são uma arquitetura de rede neural desenvolvida para a interpretação de dados temporais em sequência, ou seja, podem realizar previsões de variáveis em relação ao tempo. Sua estrutura é desenvolvida para permitir conexões de feedback das informações repassadas, ou seja, possui *loops* que permitem que as informações persistam, como se a rede fosse executada várias vezes. As RNNs são desenvolvidas para utilizar informações que possuem uma sequência fixa, como é o caso de informações que são atualizadas em decorrência do tempo (GIANCARLO; REZAUL, 2018).

2.2.2.2 Convolutional Neural Networks (CNNs)

As *Convolutional Neural Networks*, ou Redes Neurais Convolucionais, são uma arquitetura de rede neural desenvolvida especificamente para o reconhecimento de imagens, com a capacidade de interpretar imagens dividindo-as em partes importantes. Essa rede trabalha inicialmente com 3 informações base, interpretando imagens como matrizes de 3 dimensões, sendo a altura, a largura e a cor (GIANCARLO; REZAUL, 2018).

As DNNs tradicionais funcionam bem para imagens pequenas, porém com um grande volume de dados, que nesse caso será cada pixel da imagem, o modelo teria muita dificuldade para aprender, logo nasceu a necessidade das CNNs. Para resolver esse problema, as CNNs foram desenvolvidas para usar camadas parcialmente conectadas e com grande reutilização dos pesos, dessa forma tem muito menos parâmetros à interpretar e passar adiante e consequentemente são mais rápidas para treinar, tendo menor risco de sobre-ajuste e necessitando de um volume menor de dados de treinamento (GIANCARLO; REZAUL, 2018).

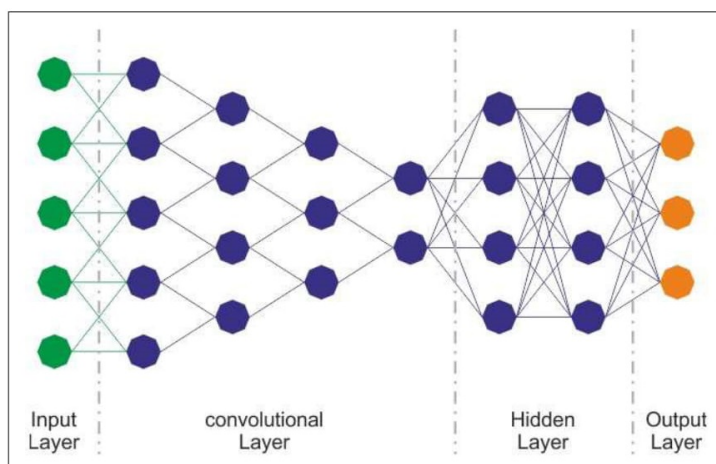
Essa eficiência se deve também ao fato de que uma CNN, quando aprender a interpretar algum recurso ou elemento específico na imagem, se torna capaz de identificar aquele elemento em qualquer lugar da imagem, diferentemente das DNNs que só aprendem a reconhecer um recurso em um local fixo. Isso mostra a capacidade das CNNs de serem mais generalistas em comparação com as DNNs (GIANCARLO; REZAUL, 2018).

Esse recurso pode ser encontrado dentro da camada convolucional, que está presente no início do processo e pode ser observada na Figura 9.

2.2.2.3 Bibliotecas e Recursos

Para se trabalhar com *Deep Learning* e suas principais arquiteturas e recursos, existem algumas bibliotecas disponíveis no mercado gratuitamente, as quais tendem a facilitar e orientar esse trabalho. Dessa forma, pode-se encontrar o Tensorflow e o Keras, sendo duas bibliotecas desenvolvidas em Python

Figura 9 – Convolutional Neural Network



Fonte: [Giancarlo e Rezaul \(2018\)](#)

e C++, com a possibilidade de se trabalhar em conjunto e muito utilizadas pela comunidade de *Deep Learning* em geral ([GIANCARLO; REZAUL, 2018](#)).

O Tensorflow é uma plataforma completa de código aberto para *Machine Learning*, a qual considera uma grande variedade de tarefas com um foco nas redes neurais, porém suas funcionalidades também se estendem ao *Deep Learning*. As APIs disponibilizadas do Tensorflow utilizam como base o próprio Keras para definir e treinar as redes neurais. Desenvolvido pelo Google desde 2011, em 2018 a equipe decidiu integrar o Keras na biblioteca principal do Tensorflow ([TENSORFLOW, 2021](#)).

O Keras foi desenvolvido para permitir uma experimentação e prototipação rápida, com um principal foco nas redes neurais profundas. Promete ser fácil de utilizar, modular e ainda ser extensível. Possui vários recursos próprios, como a utilização de camadas, funções de perda, funções de ativação, entre outros. Além do foco em redes neurais profundas, possui módulos voltados a redes neurais convolucionais e recorrentes ([KERAS, 2021](#)).

O conjunto dessas duas bibliotecas para o trabalho com *Machine Learning* e *Deep Learning*, torna-se uma ferramenta extramente útil para este fim, possibilitando trabalhar com vários tipos de dados, como número, texto, áudio e também imagens.

Através da documentação do Tensorflow, é possível encontrar informações para desenvolver uma rede neural convolucional, por exemplo, onde existe toda a parte teórica e também a demonstração de um exemplo prático voltado a esse fim. Também é possível através dessa biblioteca e da sua documentação estar realizando a classificação de imagens com base em um *dataset* de imagens ([TENSORFLOW, 2021](#)).

Dentro do Tensorflow, também é possível estar trabalhando com diferentes módulos da biblioteca, nesse trabalho foi escolhido para uso o *Object Detection*. Esse módulo é utilizado dentro dessa área para um objetivo bastante específico, que é a detecção de objetos contidos em uma imagem. Pode ser configurado para diversos usos, incluindo no caso desse trabalho, para ao invés de detectar objetos físicos do dia a dia, é treinado para o reconhecimento de células em uma imagem e também para diferenciar uma célula das outras.

Com o *Object Detection*, o tratamento das imagens e todo o processamento do modelo computacional se tornam tarefas mais fáceis de se trabalhar e também conta com outros vários recursos interessantes e úteis na hora do treinamento. Todo o algoritmo codificado para a realização do treinamento do modelo,

contou com o apoio e funções do módulo do Tensorflow, *Object Detection*.

3 ESTADO DA ARTE DA ÁREA PESQUISADA

O processo de pesquisa e seleção dos trabalhos relacionados, foi realizado com base em um mapeamento sistemático sobre as pesquisas com propostas para agilizar a identificação e interpretação de hemogramas. Este mapeamento resultou na identificação e seleção dos principais trabalhos de pesquisa no tema deste Projeto de Trabalho de Conclusão de Curso. Outro objetivo deste mapeamento sistemático foi verificar os métodos utilizados para a aplicação de *Deep Learning* em imagens de sangue em placas de Petri de maneira que possam ser obtidas informações para a geração automatizada de hemogramas.

3.1 Mapeamento Sistemático da Literatura

O mapeamento sistemático da literatura foi realizado com base na busca e levantamento de artigos, utilizando uma string de busca¹ nas principais bibliotecas e repositórios de artigos. Esses artigos foram analisados e selecionados conforme a sua área de pesquisa e a sua temática, para inclusão nesse estudo. Para gerenciar o mapeamento sistemático foi utilizado a ferramenta Parsifal², a qual auxilia na definição da string de busca, e permite salvar os artigos necessários e realizar a seleção.

As questões de pesquisas levantadas para isso foram, “Como os algoritmos de *Deep Learning* podem ser utilizados para a interpretação de exames?” e “Como realizar o tratamento de imagens para reconhecimento por modelos de *Deep Learning*?”. A partir dessas questões foram extraídas palavras e termos para o direcionamento da pesquisa. É possível visualizar estas palavras com seus sinônimos na Tabela 1.

Tabela 1 – Palavras-Chave e Sinônimos

Palavra-Chave	Sinônimos
Blood Analysis	Blood Sample
Classification	Interpretation, Recognition
Deep Learning	Artificial Intelligence, Computer Vision, Machine Learning

Fonte: Elaborada pelo autor.

Na Tabela 2, são listadas as bases de dados onde os artigos foram coletados, a quantidade de cada um deles e a string de busca utilizada na seleção. A mesma string de busca foi utilizada nas três bases de dados, e os artigos encontrados foram dos últimos 5 anos (2016-2021).

Tabela 2 – Bases de Dados e Número de Artigos Selecionados

Base de Dados	Artigos	String de Busca
ACM Digital Library	37	(“classification” OR “interpretation” OR “recognition”) AND (“deep learning” OR “artificial intelligence” OR “computer vision” OR “machine learning”) AND (“blood analysis” OR “blood sample”)
IEEE Digital Library	13	
Scopus	114	

Fonte: Elaborada pelo autor.

¹ Uma string de busca é um conjunto de palavras-chave organizadas para auxiliar na pesquisa.

² <https://parsif.al/>

3.1.1 Critérios de Exclusão

Os artigos coletados na pesquisa através da string de busca, passaram por critérios de exclusão por não se adequarem a esta pesquisa, esses critérios podem ser observados na Tabela 3.

Tabela 3 – Critérios de Exclusão

Critério de Exclusão	Nº de Artigos Recusados
O estudo não faz parte da área de pesquisa	101
O estudo apresenta resultados fora da computação	29
O estudo não é um estudo primário	6
O estudo é duplicado	16

Fonte: Elaborada pelo autor.

A seleção iniciou com 164 artigos no total das três bases de dados pesquisadas. Com a aplicação dos critérios de exclusão, observa-se um resultante de apenas 12 artigos. Isso ocorreu, pois, 101 artigos foram eliminados no critério “O estudo não faz parte da área de pesquisa”, que significa que esses artigos tinham alguma relação, porém eram voltados a outras áreas. Outros 29 artigos foram eliminados no critério “O estudo apresenta resultados fora da computação”, que significa serem da área de pesquisa, porém com resultados e métodos sem conexão com a computação. Foram também encontrados 6 artigos, que foram eliminados no critério “O estudo não é um estudo primário”, o que indica que o artigo pode ser uma revisão sistemática da literatura ou semelhante. Por fim, foram eliminados outros 16 artigos por serem duplicados.

3.1.2 Critérios de Inclusão

Os seguintes critérios de inclusão foram definidos:

- Nova tecnologia para análise de hemogramas;
- Processo, método ou técnica para contagem de células sanguíneas;
- Sistema para elaboração de hemogramas utilizando Deep Learning;

Na Tabela 4, é possível visualizar todos os 12 artigos selecionados com base nos critérios de inclusão, uma vez que todos eles se enquadram em pelo menos um deles.

Todos os artigos selecionados estão relacionados à recursos para auxiliar na interpretação de exames de sangue utilizando conceitos de *Deep Learning* e *Machine Learning*.

3.2 Análise dos trabalhos selecionados

Por fim, com os artigos selecionados e classificados, foi realizada a extração dos dados desses trabalhos, sendo essa a última etapa desse mapeamento sistemático da literatura. É possível perceber que os algoritmos e abordagens mais utilizados são técnicas de *Deep Learning*, como, por exemplo, o uso de *Convolutional Neural Network (CNN)* (A1, A2, A3, A4, A5, A6, A8, A9, A10, A11) e de *Recurrent Neural Network (RNN)* (A6, A11), sendo abordagens de redes neurais para a classificação das células sanguíneas.

Outros trabalhos utilizam de algoritmos de *Machine Learning* tradicionais para a classificação, como por exemplo, o uso de *Random Forest* ou *Decision Trees* (A2, A4, A7), sendo estruturas de árvores de decisão. Também foram encontrados estudos recorrendo a *Support Vector Machine (SVM)* (A7) que

Tabela 4 – Artigos Seleccionados

ID	Título do Artigo	Autores
A1	Analyzing microscopic images of peripheral blood smear using deep learning	Mundhra, D. and Cheluvvaraju, B. and Rampure, J. and Rai Dastidar, T.
A2	Automatic detection and classification of leukocytes using convolutional neural networks	Zhao, J. and Zhang, M. and Zhou, Z. and Chu, J. and Cao, F.
A3	Automatic white blood cell classification using pre-trained deep learning models: ResNet and Inception	Habibzadeh, M. and Jannesari, M. and Rezaei, Z. and Baharvand, H. and Totonchi, M.
A4	Classification of Human White Blood Cells Using Machine Learning for Stain-Free Imaging Flow Cytometry	Lippeveld, M. and Knill, C. and Ladlow, E. and Fuller, A. and Michaelis, L.J. and Saeys, Y. and Filby, A. and Peralta, D.
A5	Blood cell classification using the hough transform and convolutional neural networks	Molina-Cabello, M.A. and López-Rubio, E. and Luque-Baena, R.M. and Rodríguez-Espinosa, M.J. and Thurnhofer-Hemsi, K.
A6	White Blood Cells Image Classification Using Deep Learning with Canonical Correlation Analysis	Patil, A.M. and Patil, M.D. and Birajdar, G.K.
A7	Image processing and machine learning in the morphological analysis of blood cells	Rodellar, J. and Alférez, S. and Acevedo, A. and Molina, A. and Merino, A.
A8	Improving blood cells classification in peripheral blood smears using enhanced incremental training	Al-qudah, R. and Suen, C.Y.
A9	Corruption-Robust Enhancement of Deep Neural Networks for Classification of Peripheral Blood Smear Images	Zhang, S. and Ni, Q. and Li, B. and Jiang, S. and Cai, W. and Chen, H. and Luo, L.
A10	Convolutional neural network and decision support in medical imaging: Case study of the recognition of blood cell subtypes	Diouf, D. and Seck, D. and Diop, M. and Ba, A.
A11	Combining Convolutional Neural Network With Recursive Neural Network for Blood Cell Image Classification	Liang, G. and Hong, H. and Xie, W. and Zheng, L.
A12	Blood diseases detection using classical machine learning algorithms	Alsheref, F.K. and Gomaa, W.H.

Fonte: Elaborada pelo autor.

utilizam vetores de suporte e por fim *K-Means* e *K-Nearest Neighbors (KNN)* (A12), que faz a classificação considerando os vizinhos mais próximos.

4 METODOLOGIA

Para a realização deste trabalho, muitos passos foram seguidos e desenvolvidos. Desde o estudo com o *dataset* escolhido, a preparação dos recursos necessários com as bibliotecas e o ambiente até o treinamento do modelo e por fim o desenvolvimento do protótipo final. Neste capítulo, todas as etapas realizadas do projeto serão descritas com detalhes para o alcançar dos resultados nos tópicos seguintes.

4.1 Dataset

Para a realização de trabalhos na área de inteligência artificial, a escolha do *dataset* é uma tarefa de extrema importância e deve ser feita com bastante estudo, pois impacta em todo o andamento dos processos seguintes. Durante a busca pelo *dataset*, alguns candidatos interessantes surgiram, mas a escolha mais assertiva foi em utilizar o BCCD Dataset. (SHENGGAN, 2019)

A escolha por esse *dataset* se iniciou primeiramente, pois chamou a atenção pelo maior número de trabalhos já utilizando essa fonte. Também se observou que em comparação com os outros datasets disponíveis na literatura, este é o mais completo e aprofundado nesse sentido. Outro fator decisivo, foi a sua quantidade de imagens, que além de estarem em uma quantidade bastante interessante para o uso, também apresentam uma qualidade boa para a leitura e treinamento do modelo.

O *dataset* apresenta três categorias de detecção WBC (*White Blood Cell*) para as células brancas, RBC (*Red Blood Cell*) para as células vermelhas e também as *Platelets*, para as plaquetas. Os arquivos estão separados em diretórios diferentes, onde em uma das pastas temos todo o conjunto de imagens, e em outra pasta temos as coordenadas de cada uma das células nas imagens, em formato XML.

Com o *dataset* em mãos, é iniciado o estudo e aprofundamento de seu conteúdo, considerando os seus recursos e também suas limitações. Inicialmente é possível perceber que uma das limitações do *dataset*, é que nem todas as células nas imagens possuem coordenadas mapeadas. Grande parte apresenta o mapeamento correto, porém existem células que não apresentam nenhuma coordenada, e isso é uma falha do *dataset* nesse sentido que pode afetar o treinamento do modelo.

Outra limitação também observada nesse *dataset*, é a falta de classificação das células brancas. O *dataset* se preocupa apenas em localizar as células na imagem e categorizar em brancas, vermelhas e plaquetas. Porém, para se elaborar um hemograma completo, isso não é suficiente. Para a elaboração do hemograma, é necessário além de realizar a contagem das células brancas, também realizar a sua classificação (Neutrófilos, Basófilos, Eosinófilos, Linfócitos, Monócitos, entre outros), para através disso se ter um diagnóstico mais concreto a respeito do paciente.

Com a obtenção do *dataset*, se inicia a fase de adaptação do conjunto de imagens para a detecção pelo modelo. No repositório, além das imagens, alguns programas *Python* também são anexados, para o tratamento dos dados. Porém, como este trabalho envolve a aplicação de um modelo computacional, o tratamento dos dados será feito conforme as necessidades do modelo. Todos os arquivos *Python* serão descartados, mantendo apenas o diretório das imagens e também o diretório dos arquivos XML contendo as coordenadas das imagens.

4.2 Detecção de Objetos

Para o desenvolvimento do modelo computacional, assim como dos treinamentos e da configuração dos seus recursos, a biblioteca Tensorflow havia sido escolhida para atender a essa demanda. O Tensorflow possui um grande acervo de funções e utilitários dos mais diversos tipos para se trabalhar com *Machine Learning* e também *Deep Learning*, sendo necessário selecionar quais são os mais adequados a este trabalho. Um dos módulos mais interessantes e que se alinham com o intuito desse trabalho é o *Object Detection*, ou seja, o módulo de detecção de objetos. (OBJECT..., 2021)

O módulo de detecção de objetos do Tensorflow é utilizado para encontrar em porções de imagens, elementos que foram pré-treinados para serem reconhecidos. Geralmente é utilizado para detectar pessoas e objetos do dia a dia em imagens. Também pode ser utilizado em vídeos, processando *frame a frame*, possibilitando sua aplicação em câmeras de segurança, reconhecendo em tempo real pessoas, veículos, animais e outros elementos que aparecem com bastante frequência. Como é possível observar na imagem 10.

Figura 10 – Usos do *Object Detection*



Fonte: Object... (2021)

Este trabalho consistem em criar uma visão computacional capaz de detectar células em uma imagem, para assim realizar a contagem e posteriormente criar os elementos do hemograma. Logo, o módulo de detecção de objetos se alinha com esse conceito. Embora seja normalmente utilizado para detecção de pessoas e objetos, possui grande capacidade de personalização, o que permite um aprendizado voltado ao sangue. Ou seja, ao realizar o treinamento do modelo com base em um grande volume de imagens de sangue, é possível aprender com os dados para depois realizar as predições.

Como base para a utilização dessa biblioteca, a documentação foi de extrema importância para o entendimento dos seus recursos e limitações. No módulo de detecção de objetos, a documentação foi mais escassa, porém auxiliou em muitas questões do projeto, principalmente nos códigos base. Os primeiros códigos foram desenvolvidos com base nos exemplos de teste presentes na documentação, que permitiram ter uma grande noção das configurações possíveis de serem realizadas no modelo computacional e também de como é o funcionamento geral.

Para a execução dos códigos, porém, foi constatado que uma preparação do ambiente é necessária para atingir o melhor desempenho possível. Para configurar corretamente a conexão do algoritmo com a placa de vídeo (GPU), ao invés de executar no processador (CPU) como é o padrão. Como o foco é

trabalhar com processamento de imagens, ainda mais com um grande volume, as GPU's possuem um desempenho muito mais eficaz, entregando resultados melhores em menor tempo.

Para a preparação do ambiente, foi necessário primeiramente realizar a instalação do CUDA. O CUDA é uma plataforma da NVIDIA para realização de computação paralela, para fornecer aos desenvolvedores o melhor aproveitamento do processamento das placas de vídeo e acelerar drasticamente os aplicativos de computação. Adicional ao CUBA, também é interessante o uso de uma biblioteca conhecida por cuDNN. O cuDNN é uma biblioteca com foco em *Deep Neural Network*, ou seja, redes neurais profundas, que permite utilizar estruturas de redes neurais no trabalho com algoritmos de aprendizagem de máquina, sendo perfeitamente alinhado com o propósito desse trabalho. O uso do CUDA associado ao cuDNN, acabou por aumentar a eficiência e também a qualidade do resultado em níveis muito maiores. (CUDA, 2021; CUDNN, 2021)

Com a preparação do ambiente finalizada, o algoritmo já pode ser executado sem maiores problemas. Nessa etapa alguns testes foram realizados, executando os exemplos base presentes na documentação, para ter uma ideia de como o algoritmo se comporta na máquina e quais seriam os resultados do processamento de exemplo e em quanto tempo seriam entregues. Essa etapa foi importante para o continuar dos trabalhos, por foi possível ter uma noção de tempo necessário para execução dos códigos, permitindo um planejamento muito melhor para o projeto.

4.3 Modelo Computacional

Com todos os recursos, bibliotecas e ambiente funcionando em harmonia, se iniciou o processo para inserir o *dataset* aos moldes do modelo para o reconhecimento e treinamento. O conjunto de imagens estava adequadamente formatado para o uso pelo algoritmo, onde as imagens estavam em um tamanho suficientemente bom, além de possuírem todas o mesmo tamanho e a mesma escala de ampliação.

Para o reconhecimento das coordenadas das imagens, primeiro, foi necessário a importação e tratamento dos arquivos XML em variáveis capazes de serem lidas pelo modelo. Contudo, apenas essa importação não foi o suficiente, visto que os dados contidos nos arquivos e os aceitados pelo modelo estavam em escalas e proporções diferentes. Ou seja, o algoritmo não estava conseguindo encontrar as células nas imagens durante a importação. Para se adequar esse processo, foi necessário criar uma função capaz de converter as coordenadas do XML em números na escala do modelo, permitindo assim, conseguir importar com sucesso no modelo, tanto as coordenadas, quanto as imagens.

Dessa forma, foi possível realizar um teste primário, sem alterar as características do modelo, para um dos tipos de células primeiramente, que retornou resultados satisfatórios para essa condição. Porém para se obter um ganho total dos conceitos do modelo, é necessário realizar a configuração adequadas dos seguintes atributos.

- *Batch Size*: Significa o tamanho do lote utilizado no treinamento. Geralmente quanto maior o lote, melhor o aprendizado, porém também é necessário mais processamento da máquina.
- *Learning Rate*: Significa a taxa de aprendizado do modelo. Quanto maior, mais rápido os passos de aprendizado serão realizados. Caso seja muito grande, o modelo começa a reconhecer células onde não existem. Caso seja muito pequeno, o modelo não encontra nenhuma célula nas imagens.
- Número de *Batches*: Significa o número de passadas do algoritmo, também pode ser descrito como épocas. Define o intervalo de execuções que o algoritmo terá até parar o treinamento.
- Porcentagem de Acerto: Significa o número base para ser considerado um acerto de fato, por exemplo, se o algoritmo tem mais de 50% de certeza para uma célula, é considerado acerto.

Esses parâmetros foram configurados com base em testes realizados, onde a cada execução do código, foi verificado e ajustando conforme o necessário. Esse processo foi realizado até encontrar os valores mais adequados que retornam os melhores resultados. Os valores finais utilizados podem ser conferidos na Tabela 5.

Tabela 5 – Parâmetros Definidos

	WBC	RBC	Platelets
Batch Size	24	24	24
Learning Rate	0.02	0.05	0.05
Número de Batches	500	500	500
Porcentagem de Acerto	0.5	0.1	0.5

Fonte: Elaborada pelo autor.

Além da configuração desses parâmetros, também existe outro ponto bastante importante e necessário para este trabalho, selecionar uma rede neural pré-treinada adequada para o uso. Através do uso de uma rede pré-treinada, muito tempo pode ser ganho ao ter uma boa base e não precisar treinar do zero. Além de também impactar nos resultados, pois se foi devidamente treinada com conceitos básicos, como contornos e figuras básicas, os resultados ao treinar com elementos mais complexos serão melhores.

Para este trabalho, foi selecionada a “resnet50”, embora existam muitas outras incluídas na lista da documentação aceitas pelo módulo de detecção de objetos. Essa escolha foi definida pelo tamanho da imagem utilizada e também ao realizar testes de desempenho comparando uma com as outras. (OBJECT..., 2021)

Com o treinamento de um tipo de célula realizado com sucesso, é necessário expandir para treinar as demais. Primeiramente, foi testado treinando todas as células de uma só vez, porém essa abordagem estava consumindo muitos recursos da máquina e produzindo resultados muito insatisfatórios.

Nesse caso, a abordagem precisou ser alterada. Ao invés de treinar todas as células juntas, foi criado um modelo único para cada uma delas, no caso um modelo para células brancas, outro para as vermelhas e um para as plaquetas. Isso permitiu que o treinamento fosse mais eficiente e com resultados mais assertivos e direcionados para cada tipo.

Como são utilizados 3 modelos, ao inserir uma imagem para verificação na predição de resultados, ela terá 3 respostas diferentes, sendo uma imagem de resultado para cada tipo de célula presente. Essa abordagem também permitiu utilizar valores de parâmetros diferentes para cada tipo, o que também auxiliou na melhora dos resultados para os diferentes tipos.

4.4 Avaliação

Para a realização da avaliação, foram utilizadas métricas para medir o desempenho do modelo computacional e também para avaliar a qualidade dos resultados obtidos com cada um dos modelos treinados. As métricas foram utilizadas em cada uma das opções de modelos, utilizando configurações diferentes, para ter um comparativo entre uma opção e outra.

Dessa forma, foi possível avaliar e escolher com propriedade, qual algoritmo era o mais adequado para o uso no protótipo, assim como as melhores configurações possíveis para extrair o máximo desempenho da alternativa escolhida.

As métricas utilizadas para a avaliação, foram inicialmente a acurácia padrão para os primeiros testes. Posteriormente também foram medidas, utilizando o MSE (*Mean Squared Error*), que significa

erro quadrático médio e também foi estendido para o rMSE. o rMSE (*Root Mean Squared Error*), sendo uma variação do MSE, onde é retirada a raiz.

A acurácia padrão foi a primeira métrica utilizada, foi calculada considerando o número de células reais para serem encontradas pelo modelo e o número de células que o modelo realmente conseguiu encontrar. Com base na relação desses números também foi calculado uma porcentagem geral de acurácia final.

O MSE, foi calculado com base na fórmula, conforme abaixo. Primeiramente, foi calculado a diferença entre o valor encontrado pelo modelo e o valor real de cada uma das imagens e eleva-se ao quadrado. Por fim, faz-se a média desses valores de cada uma das imagens, gerando o valor final.

$$MSE = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (\hat{y}_i - y_i)^2$$

O valor ideal desse número é perto de 0, pois quanto maior o número, maior o erro do modelo. Como o resultado é sempre elevado ao quadrado, predições distantes do real são facilmente perceptíveis, o que torna essa métrica interessante para problemas onde grandes erros não são tolerados.

O rMSE, foi calculado com base na fórmula, conforme abaixo. Como já foi calculado o MSE, foi possível retirar a raiz dessa resultante para encontrar o rMSE final.

$$rMSE = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (\hat{y}_i - y_i)^2}$$

Essa métrica é um complemento do MSE normal, pois através dessa métrica, é possível mensurar de uma forma melhor a resultante final. Pois, enquanto o MSE está elevado o quadrado, o rMSE não tem esse problema, pois é retirado a raiz no processo final.

4.5 Protótipo

Após a definição da melhor instância do modelo computacional possível, seguindo as métricas definidas, é necessário realizar a exportação desse modelo, para depois utilizá-lo na criação de um protótipo funcional.

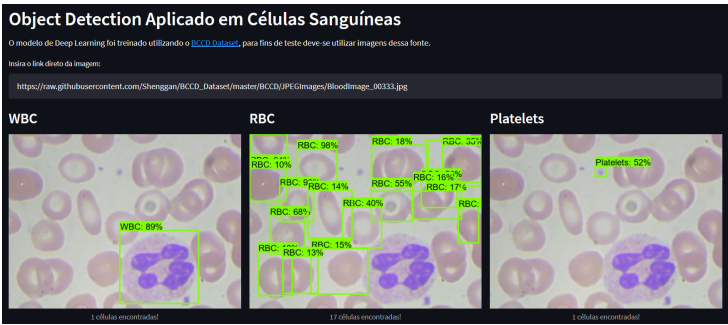
Para realizar a exportação do modelo, a biblioteca do Tensorflow precisou ser revista novamente para a criação de *checkpoints*. Os *checkpoints* são uma estrutura presente no Tensorflow que permite salvar o estado atual de um modelo treinado para ser utilizado posteriormente. Dessa forma, é possível utilizar um modelo pronto, sem precisar passar pelo processamento do treinamento novamente e sim, somente utilizá-lo para predições, com base em uma imagem de entrada. Sendo assim, o modelo pode ser usado em vários locais diferentes, apenas importando um arquivo. ([TENSORFLOW, 2021](#))

Para a criação do protótipo, foi utilizada uma biblioteca com foco em prototipação de algoritmos de inteligência artificial, o Streamlit. O Streamlit é um framework para o uso em Python, que permite criar protótipos de uma forma fácil e rápida. É possível ter uma aplicação web com poucos comandos, permitindo focar no mais importante que é o código. Logo, não é necessário se preocupar com a parte da interface gráfica. ([STREAMLIT, 2021](#))

Ainda assim é de fácil personalização, mostrando na tela todos os recursos do algoritmo, permitindo ao usuário enviar os dados de entrada (*input*) e também conseguir visualizar o resultado recebido do algoritmo (*output*). Dessa forma, é possível ter uma interação com o usuário em tempo real.

Para o desenvolvimento do protótipo para esse trabalho, foi criado um campo de entrada, onde é possível digitar um *link* de uma imagem da internet, no caso é recomendado utilizar imagens do *dataset* onde o modelo foi treinado. E logo em seguida é possível visualizar em tempo de execução, as imagens de respostas repassadas pelo algoritmo, como é possível visualizar na imagem 11.

Figura 11 – Protótipo Desenvolvido



Fonte: Elaborado pelo autor.

5 RESULTADOS

6 CONCLUSÕES

Este projeto teve início através de um mapeamento sistemático da literatura, o qual considerou a área de *Deep Learning* relacionada com abordagens voltadas a análise de imagens na área da saúde. Através dessa análise foi possível conhecer os principais algoritmos utilizados para este fim, possibilitando conhecer diversas abordagens úteis e necessárias para a realização dos objetivos deste projeto.

Todo o conhecimento adquirido e devidamente documentado será aplicado em um trabalho subsequente para o desenvolvimento dos modelos de aprendizado de *Deep Learning*. A partir dessa pesquisa inicial, foram selecionadas abordagens e *datasets* de imagens para o uso, voltados a métodos para classificar as células sanguíneas, e também posteriormente para elaborar os devidos resultados de um hemograma.

REFERÊNCIAS

- AKANBI, L. A. et al. Deep learning model for demolition waste prediction in a circular economy. *Journal of Cleaner Production*, v. 274, p. 122843, 2020. ISSN 0959-6526. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0959652620328882>>. Citado na página 15.
- CUDA. 2021. <<https://developer.nvidia.com/cuda-zone>>. Accessed: 2021-10-31. Citado na página 35.
- CUDNN. 2021. <<https://developer.nvidia.com/cudnn>>. Accessed: 2021-10-31. Citado na página 35.
- ETHEM, A. *Machine Learning : The New AI*. The MIT Press, 2016. (MIT Press Essential Knowledge Series). ISBN 9780262529518. Disponível em: <<http://search.ebscohost.com/login.aspx?direct=true&db=nlebk&AN=1369420&lang=pt-br&site=ehost-live>>. Citado na página 23.
- FACELI, K. et al. *Inteligência Artificial: Uma Abordagem de Aprendizado de Máquina*. Rio de Janeiro: Livros Técnicos e Científicos Editora Ltda, 2021. Citado na página 23.
- GIANCARLO, Z.; REZAUL, K. M. *Deep Learning with TensorFlow : Explore Neural Networks and Build Intelligent Systems with Python, 2nd Edition*. Packt Publishing, 2018. v. 2nd ed. ISBN 9781788831109. Disponível em: <<http://search.ebscohost.com/login.aspx?direct=true&db=nlebk&AN=1789473&lang=pt-br&site=ehost-live>>. Citado 4 vezes nas páginas 25, 26, 27 e 28.
- GREENGARD, S. Gaming machine learning. *Commun. ACM*, Association for Computing Machinery, New York, NY, USA, v. 60, n. 12, p. 14–16, nov. 2017. ISSN 0001-0782. Disponível em: <<https://doi.org/10.1145/3148817>>. Citado na página 15.
- HA, J.-W.; PYO, H.; KIM, J. Large-scale item categorization in e-commerce using multiple recurrent neural networks. In: *Proceedings of the 22nd ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining*. New York, NY, USA: Association for Computing Machinery, 2016. (KDD '16), p. 107–115. ISBN 9781450342322. Disponível em: <<https://doi.org/10.1145/2939672.2939678>>. Citado na página 15.
- KERAS. 2021. <<https://keras.io/>>. Accessed: 2021-06-04. Citado na página 28.
- KRITTANAWONG, C. et al. Deep learning for cardiovascular medicine: a practical primer. *European Heart Journal*, v. 40, n. 25, p. 2058–2073, 02 2019. ISSN 0195-668X. Disponível em: <<https://doi.org/10.1093/eurheartj/ehz056>>. Citado na página 15.
- LIMA CARLOS A. M. PINHEIRO, F. A. O. S. I. *Inteligência Artificial*. Rio de Janeiro: Elsevier Editora Ltda, 2014. Citado na página 23.
- LOKWANI, D. *The ABC of CBC: Interpretation of complete blood count and histograms*. [S.l.]: Jaypee, 2013. Citado 4 vezes nas páginas 18, 19, 20 e 21.
- LONGO, D. L. *Atlas de Hematologia e Análise de Esfregaços do Sangue Periférico*. [S.l.: s.n.], 2013. Citado na página 18.
- NAOUM, F. A. N. P. C. Interpretação laboratorial do hemograma. 2007. Citado 3 vezes nas páginas 18, 21 e 22.
- NICK, M. *TensorFlow Machine Learning Cookbook : Over 60 Recipes to Build Intelligent Machine Learning Systems with the Power of Python, 2nd Edition*. Packt Publishing, 2018. Second edition. ISBN 9781789131680. Disponível em: <<http://search.ebscohost.com/login.aspx?direct=true&db=nlebk&AN=1883903&lang=pt-br&site=ehost-live>>. Citado 2 vezes nas páginas 23 e 24.
- OBJECT Detection. 2021. <https://github.com/tensorflow/models/tree/master/research/object_detection>. Accessed: 2021-10-31. Citado 2 vezes nas páginas 34 e 36.
- OFFIR, B.; LEV, Y.; BEZALEL, R. Surface and deep learning processes in distance education: Synchronous versus asynchronous systems. *Computers and Education*, v. 51, n. 3, p. 1172–1183, 2008. ISSN 0360-1315. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0360131507001406>>. Citado na página 15.

- RASCHKA, S. *Python Machine Learning*. Packt Publishing, 2015. (Community Experience Distilled). ISBN 9781783555130. Disponível em: <<http://search.ebscohost.com/login.aspx?direct=true&db=nlebk&AN=1071004&lang=pt-br&site=ehost-live>>. Citado 2 vezes nas páginas 23 e 24.
- RAVÌ, D. et al. Deep learning for health informatics. *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics*, v. 21, n. 1, p. 4–21, 2017. Citado na página 15.
- SHENGGAN. *BCCD Dataset*. 2019. Citado 4 vezes nas páginas 19, 20, 21 e 33.
- STREAMLIT. 2021. <<https://streamlit.io/>>. Accessed: 2021-10-31. Citado na página 37.
- SUGOMORI, Y. et al. *Deep Learning: Practical Neural Networks with Java*. Packt Publishing, 2017. ISBN 9781788470315. Disponível em: <<http://search.ebscohost.com/login.aspx?direct=true&db=nlebk&AN=1532297&lang=pt-br&site=ehost-live>>. Citado na página 25.
- TENSORFLOW. 2021. <<https://www.tensorflow.org/>>. Accessed: 2021-06-04. Citado 2 vezes nas páginas 28 e 37.
- VIVAS, W. L. P. *Manual Prático de Hematologia*. [S.l.: s.n.], 2017. Citado 4 vezes nas páginas 18, 19, 21 e 22.
- WEI, J. et al. *A Petri Dish for Histopathology Image Analysis*. 2021. Citado na página 15.
- ZHAO, R. et al. Deep learning and its applications to machine health monitoring. *Mechanical Systems and Signal Processing*, v. 115, p. 213–237, 2019. ISSN 0888-3270. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0888327018303108>>. Citado na página 15.
- ZOCCA, V. et al. *Python Deep Learning*. Packt Publishing, 2017. ISBN 9781786464453. Disponível em: <<http://search.ebscohost.com/login.aspx?direct=true&db=nlebk&AN=1513367&lang=pt-br&site=ehost-live>>. Citado na página 26.

APÊNDICE A – MEU PRIMEIRO APÊNDICE

Quisque facilisis auctor sapien. Pellentesque gravida hendrerit lectus. Mauris rutrum sodales sapien. Fusce hendrerit sem vel lorem. Integer pellentesque massa vel augue. Integer elit tortor, feugiat quis, sagittis et, ornare non, lacus. Vestibulum posuere pellentesque eros. Quisque venenatis ipsum dictum nulla. Aliquam quis quam non metus eleifend interdum. Nam eget sapien ac mauris malesuada adipiscing. Etiam eleifend neque sed quam. Nulla facilisi. Proin a ligula. Sed id dui eu nibh egestas tincidunt. Suspendisse arcu.

ANEXO A – MEU PRIMEIRO ASSUNTO DE ANEXO

Sed mattis, erat sit amet gravida malesuada, elit augue egestas diam, tempus scelerisque nunc nisl vitae libero. Sed consequat feugiat massa. Nunc porta, eros in eleifend varius, erat leo rutrum dui, non convallis lectus orci ut nibh. Sed lorem massa, nonummy quis, egestas id, condimentum at, nisl. Maecenas at nibh. Aliquam et augue at nunc pellentesque ullamcorper. Duis nisl nibh, laoreet suscipit, convallis ut, rutrum id, enim. Phasellus odio. Nulla nulla elit, molestie non, scelerisque at, vestibulum eu, nulla. Ut odio nisl, facilisis id, mollis et, scelerisque nec, enim. Aenean sem leo, pellentesque sit amet, scelerisque sit amet, vehicula pellentesque, sapien.

ANEXO B – SEGUNDO ASSUNTO QUE PESQUISEI

Sed consequat tellus et tortor. Ut tempor laoreet quam. Nullam id wisi a libero tristique semper. Nullam nisl massa, rutrum ut, egestas semper, mollis id, leo. Nulla ac massa eu risus blandit mattis. Mauris ut nunc. In hac habitasse platea dictumst. Aliquam eget tortor. Quisque dapibus pede in erat. Nunc enim. In dui nulla, commodo at, consectetur nec, malesuada nec, elit. Aliquam ornare tellus eu urna. Sed nec metus. Cum sociis natoque penatibus et magnis dis parturient montes, nascetur ridiculus mus. Pellentesque habitant morbi tristique senectus et netus et malesuada fames ac turpis egestas.