



# ZEISS APOTOM FLORESAN MİKROSKOP İLE HÜCRE TESPİTİ

Ayşenur Şimşek  
aysenur.simsek1@ogr.ksbu.edu.tr

June 1, 2025

Kütahya Sağlık Bilimleri Üniversitesi, Mühendislik ve Doğa Bilimleri Fakültesi,  
Bilgisayar Mühendisliği Bölümü, Kütahya, Türkiye

## Abstract

Bu çalışmada, Zeiss Apotome floresan mikroskop kullanılarak hücre tespiti ve sayımı yapılması hedeflenmektedir. Projenin amacı, görüntü işleme ve yapay zeka tekniklerini kullanarak hücrelerin otomatik olarak tespit edilmesi ve sayılmasıdır. Hücrelerin floresan boyalarla işaretlenmesi sayesinde canlı ve cansız hücrelerin ayrimı yapılacak, elde edilen mikroskop görüntüleri çeşitli ön işleme ve segmentasyon algoritmalarıyla analiz edilecektir. Bu kapsamında OpenCV ve TensorFlow gibi kütüphaneler kullanılarak bir otomatik hücre tespit ve sayım sistemi geliştirilecektir. Geliştirilecek sistemin, manuel sayım yöntemlerine kıyasla daha hızlı ve daha doğru sonuçlar sağlama beklenmektedir. Çalışma sonucunda, biyomedikal araştırmalar ve tıbbi tanı süreçlerinde kullanılabilecek güvenilir ve otomatik bir hücre tespit aracı oluşturulması amaçlanmaktadır.

Anahtar Kelimeler: Hücre Tespiti, Floresan Mikroskop, Görüntü İşleme, Yapay Zeka, Otomatik Sayım

# İçindekiler Tablosu

<b>1 GİRİŞ</b>	<b>3</b>
<b>2 LİTERATÜR ARAŞTIRMASI</b>	<b>3</b>
2.1 Görüntü İşleme Teknikleri . . . . .	5
2.2 Segmentasyon Yöntemleri . . . . .	5
2.3 Makine Öğrenmesi ve Derin Öğrenme . . . . .	6
2.4 Ön İşleme Teknikleri . . . . .	6
<b>3 YÖNTEM</b>	<b>7</b>
3.1 Kullanılacak Mikroskop ile Floresan İşaretleme . . . . .	7
3.2 Görüntü İşleme Adımları . . . . .	8
3.3 Kullanılacak Kütüphaneler . . . . .	13
<b>4 BULGULAR VE TARTIŞMA</b>	<b>13</b>
4.1 Proje Takibi: Gannt Chart ve İş Akış Dyagramı . . . . .	13
<b>5 SONUÇ</b>	<b>16</b>

# 1 GİRİŞ

Hücre tespiti ve sayımı, biyomedikal araştırmalar ve tıbbi teşhisler açısından büyük önem taşımaktadır. Hücre sayımı, kanser teşhisini, bağıTRLik sistemi hastalıklarının analizi ve genel biyolojik araştırmalarda kritik bir adımdır. Geleneksel yöntemler genellikle manuel olarak gerçekleştirilirken, günümüzde dijital görüntüleme ve yapay zeka teknikleri sayesinde daha hassas ve hızlı analizler mümkün hale gelmiştir.

Bu çalışmada, Şekil 1’te gösterilen Zeiss Apotome floresanlı mikroskop kullanılarak canlı ve cansız hücrelerin tespiti ve sayımı amaçlanmaktadır. Hücrelerin floresan boyalar ile işaretlenmesi sayesinde, belirli hücre alt tipleri ve canlılık durumları ayırt edilebilecektir. Bu süreçte, görüntü işleme algoritmaları, derin öğrenme modelleri ve istatistiksel analiz yöntemlerinden yararlanılacaktır.



Şekil 1: ZEISS Axio Observer Mikroskop

# 2 LİTERATÜR ARAŞTIRMASI

Hücre tespiti ve sayımı üzerine yapılan araştırmalar, tıbbi teşhis süreçlerinin hızlandırılması ve insan hatasının azaltılması amacıyla gerçekleştirilmektedir. Geleneksel yöntemlerle yapılan manuel hücre sayımı, zaman alıcı ve yorucu olmanın yanı sıra subjektif hatalara açıktır. Bu nedenle, bilgisayar destekli görüntü işleme teknikleri ve yapay zeka algoritmaları geliştirilerek daha hassas ve hızlı analizler yapılabilmesi hedeflenmiştir. Günümüzde, biyomedikal mühendislik ve tıbbi görüntüleme alanlarında birçok araştırma, hücrelerin otomatik olarak tespit edilmesi, sayılması ve sınıflandırılması üzerine odaklanmaktadır. Bu çalışmaların temel amacı, klinik teşhis süreçlerinde güvenilirliği artırmak ve analiz süresini kısaltmaktır.

Meimban ve arkadaşları (2018) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, Python programlama dili ve OpenCV kütüphanesi kullanılarak beyaz kan hücresi (WBC), kırmızı kan hücresi (RBC) ve trombositlerin sayımı otomatikleştirilmiştir. Çalışmada, mikroskopla elde edilen kan örnekleri işlenerek hücrelerin doğru ve hızlı bir şekilde sayılması amaçlanmıştır. Bu yöntem, geleneksel manuel sayım ve flow-cytometer yöntemlerine kıyasla daha düşük maliyetli ve erişilebilir bir çözüm sunar. Araştırmada kullanılan yöntem beş temel aşamadan

olmaktadır: görüntü yükleme, renk filtreleme, görüntü segmentasyonu, blob algılama ve hücre sayımı[1].

Bu süreçte ilk adım olarak, mikroskopla elde edilen kan örnekleri Python tabanlı programda yüklenmiş ve OpenCV kütüphanesi kullanılarak analiz edilmiştir. Trombositler gibi küçük boyutlu hücreler için yüksek büyütme oranları (100x) tercih edilirken, RBC ve WBC için 40x büyütme oranı kullanılmıştır. İkinci adımda, hücrelerin birbirinden ayırt edilmesini kolaylaştırmak için renk filtreleme işlemi uygulanmıştır. RGB renk uzayından HSV (Hue, Saturation, Value) renk uzayına dönüşüm yapılarak, her bir hücre türü için belirli renk aralıkları tanımlanmıştır. Üçüncü adımda ise Otsu'nun ikili eşikleme yöntemi kullanılarak kan hücreleri arka plandan ayırtırılmıştır. Otsu yöntemi, bir görüntünün histogramında iki tepe noktası arasındaki en uygun eşik değerini otomatik olarak hesaplar ve hücrelerin arka plandan ayrılmasını sağlar. En yaygın ön işleme teknikleri arasında Otsu metodu, histogram eşitleme ve Parçalı Lineer Filtreleme (PLF) bulunmaktadır. PLF, farklı boyama kalitelerinden kaynaklanan dengesizlikleri minimize etmek için kullanılır[1].

Dördüncü aşamada blob algılama algoritması kullanılarak tespit edilen hücrelerin boyut, şekil ve yoğunluk gibi özellikleri analiz edilmiştir. Bu adımda OpenCV'nin "Simple-BlobDetector" fonksiyonu kullanılmış ve dairesellik (circularity), konvekslik (convexity) ve atalet (inertia) gibi parametreler ayarlanarak hücrelerin doğru bir şekilde tanımlanması sağlanmıştır. Son aşamada ise tespit edilen hücreler sayilarak toplam hücre miktarı hesaplanmıştır. Bu çalışmada geliştirilen sistem, beyaz kan hücresi (WBC) sayımında %98.5, kırmızı kan hücresi (RBC) sayımında %96.32 ve trombosit sayımında %100 doğruluk oranına ulaşmıştır. Bu sonuçlar, geliştirilen sistemin geleneksel yöntemlere kıyasla yüksek doğruluk oranına sahip olduğunu ve laboratuvar ortamında güvenilir bir alternatif sunduğunu göstermektedir[1].

Atıcı ve arkadaşları (2020) tarafından gerçekleştirilen bu çalışmada, kan grubu tespiti için görüntü işleme teknikleri kullanılarak otomatik bir sistem geliştirilmiştir. Geleneksel kan grubu tespit yöntemleri, uzman gözlemi gerektirdiği ve hata payı taşıdığı için, bu otomatik sistemin doğruluk oranını artırmayı ve süreci hızlandırmayı hedeflediği belirtilmiştir. Çalışmada, Karapınar Devlet Hastanesi'nden alınan 52 gerçek hasta kan örneği üzerinde analiz yapılmıştır[2].

Öncelikle kan örneklerinden alınan dijital görüntüler, RGB renk uzayından gri tonlama ve ardından ikili (binary) formata dönüştürülmüştür. Bu işlem, kan hücrelerinin arka plandan ayrılmasını ve analiz edilmesini kolaylaştırmıştır. Morfolojik işlemler uygulanarak gürültü giderilmiş ve kan bölgesi net bir şekilde segmentlenmiştir. Segmentasyon işlemi, kan örneklerini üç bölgeye ayırarak Anti-A, Anti-B ve Anti-D serumları ile reaksiyonları incelemeye olanak tanımıştır[2].

Kan grubu tespitinde kullanılan temel özellikler, beyaz piksel yoğunluğu, nesne sayısı ve kenar piksel sayısıdır. Bu parametreler, kan grubu ve Rh faktörünün belirlenmesini sağlamıştır. Elde edilen sonuçlara göre sistem, %84.6 doğruluk oranına ulaşmış ve bu otomatik yöntem, manuel gözlem ve değerlendirme gerektiren geleneksel yöntemlere kıyasla daha hızlı ve güvenilir bir çözüm sunmuştur[2].

Novoselnik ve arkadaşları (2018) tarafından yürütülen bu çalışmada, beyaz kan hücrelerinin otomatik tespiti ve sınıflandırması yapılmıştır, 2560x1920 piksel çözünürlükte 412 adet kan örneği görüntüsü kullanılmış ve bu görüntüler uzmanlar tarafından beş farklı beyaz kan hücresi türü (nötrofil, lenfosit, monosit, eozinofil, bazofil) olarak etiketlenmiştir. Görüntüler üzerinde ön işleme adımı olarak RGB görüntülerden mavi kanal çıkarılarak WBC'ler be-

lirlenmiştir. Küçük ve kenar bölgelerinde bulunan pikseller temizlenmiş ve ardından segmentasyon işlemi uygulanmıştır[3].

Sınıflandırma aşamasında, LeNet-5 tabanlı bir Konvolüsyonel Sinir Ağısı (CNN) kullanılmış ve bu model üzerinde veri artırma (data augmentation) teknikleri uygulanarak modelin doğruluğu artırılmıştır. Test aşamasında model, beyaz kan hücrelerini %81.11 doğruluk oranı ile sınıflandırabilmiştir. Bu sonuçlar, özellikle kaynakları sınırlı olan küçük tıbbi merkezlerde düşük maliyetli ve güvenilir bir otomatik sistem geliştirme potansiyelini göstermektedir[3].

## 2.1 Görüntü İşleme Teknikleri

### 1. Gram-Schmidt Ortogonalizasyonu

Bu teknik, görüntülerin farklı bileşenlere ayrılmasını sağlayan bir doğrusal cebir yöntemidir. Hücre tespiti için, mikroskop görüntüsündeki farklı renk ve parlaklık bileşenleri ayırtılarak hücre sınırları daha net hale getirilebilir. Özellikle RGB ve HSI renk uzaylarında çalışarak, hücre çekirdeği ve sitoplazma gibi bölgelerin daha belirgin hale getirilmesine yardımcı olur[4].

### 2. Kontur Belirleme (Contour Detection)

Hücrelerin sınırlarını belirlemek için Canny Kenar Algılama, Sobel ve Laplacian filtreleri kullanılır. Konturlar, OpenCV'nin `findContours()` fonksiyonu ile çıkarılarak hücre şekilleri analiz edilir.

### 3. Bölütleme (Segmentation) Yöntemleri

Otsu Thresholding → Piksel yoğunluk dağılımına göre hücreleri arka plandan ayırrır. Watershed Algoritması → Hücre kümelerini ayırmak için mesafe dönüşümleriyle birlikte kullanılır.

Aktif Konturlar (Snakes Algorithm) → Hücre sınırlarını esnek bir şekilde belirleyerek doğru segmentasyon sağlar.

## 2.2 Segmentasyon Yöntemleri

Segmentasyon, hücre tespitinde en kritik aşamalardan biridir ve bölütleme teknikleri kullanılarak hücrelerin arka plandan ayrılması sağlanır. En yaygın yöntemler arasında Watershed algoritması, K-Ortalamlar (K-Means Clustering), Markov Rasgele Alanları ve Beklenti Enbüyükleme Metodu (BEM) bulunmaktadır. Watershed algoritması, bir görüntüyü suyun bir araziyi doldurması gibi değerlendirerek segmentasyon yaparken, K-Ortalamlar yöntemi benzer renk ve dokulara sahip pikselleri gruplayarak bölütleme yapar. Markov Rasgele Alanları, bölütleme işlemlerinde olasılık temelli bir yaklaşım sunar, BEM ise veri kümeleri üzerinde model uyarlama amaçlı kullanılmaktadır[5].

### 1. K-Means Kümeleme Algoritması

K-Means, görüntüdeki pikselleri belirli k sayıda kümeye ayırarak segmentasyon yapar. Bu süreç, her pikselin en yakın küme merkezine atanmasıyla başlar ve küme merkezleri tekrar tekrar güncellenerek devam eder[6].

## 2. Fuzzy C-Means (FCM) Kümeleme Algoritması

Fuzzy C-Means, K-Means'ten farklı olarak her pikselin yalnızca tek bir kümeye atanması yerine birden fazla kümeye belirli bir üyelik derecesi ile atanmasını sağlar[6].

## 3. Watershed Algoritması

Watershed, görüntüyü topografik bir harita gibi değerlendirerek segmentasyon yapar. Özellikle hücrelerin iç içe geçtiği yoğun bölgelerde başarılıdır[5].

## 2.3 Makine Öğrenmesi ve Derin Öğrenme

Makine öğrenmesi ve derin öğrenme, hücre sınıflandırması ve canlı-cansız hücre ayrımı gibi biyomedikal görüntü analizlerinde önemli bir rol oynamaktadır. Convolutional Neural Networks (CNN), hücre görüntülerinin işlenmesi ve sınıflandırılması için en yaygın kullanılan derin öğrenme modellerinden biridir.

Olasılıksal Yapay Sinir Ağları (OYSA), Destek Vektör Makineleri (SVM), Naive Bayes sınıflandırıcısı ve çok katmanlı algılayıcı (MLP) gibi modellerle, büyük verilerden anlamlı örüntüler çıkarılarak hücre sınıflandırması gerçekleştirilmektedir[7]. Son dönemde geliştirilen VGG-16 ve R-CNN gibi derin öğrenme modelleri, hücre tespitinde çok daha yüksek başarımlar elde edilmesini sağlamıştır[8].

Fully Automated Detection and Classification of White Blood Cells çalışmasına göre, K-Means kümeleme algoritması kullanılarak ham mikroskopik görüntülerde beyaz kan hücrelerinin tespit edilmesi ve lokalizasyonu sağlanmaktadır[8]. Bu sistemde, VGG-16 sınıflandırıcısı kullanılarak hücre türlerinin belirlenmesi hedeflenmiştir. Bu yaklaşım, manuel analiz süreçlerine kıyasla daha hızlı ve güvenilir sonuçlar elde edilmesine katkıda bulunmaktadır. Çalışmanın sonucunda, 95,89% doğruluk oranı ile hücrelerin başarılı bir şekilde sınıflandırıldığı rapor edilmiştir.

### 1. Özellik Çıkartma (Feature Extraction)

İlk katmanlar, kenarları, doku yapısını ve temel desenleri algılar. Daha derin katmanlar, hücre şekli, iç yapısı ve parlaklık farklarını analiz ederek hücre tiplerini belirlemek için kullanılır.

### 2. Özelliklerin Derinlemesine Analizi

Konvolüsyon katmanları, çekirdek boyutu, şekli ve sitoplazma yoğunluğu gibi özelliklerini analiz eder.

### 3. Sınıflandırma (Classification)

Fully Connected Layer (Tam Bağlantılı Katman), çıkarılan özelliklerini değerlendirerek hücreleri türlerine veya canlılık durumlarına göre sınıflandırır.

## 2.4 Ön İşleme Teknikleri

Histogram eşitleme, morfolojik filtreleme ve kontrast artırma işlemleri, görüntü kalitesini artırmak için kullanılmaktadır. Bu çalışmalarında, özellikle düşük kontrastlı görüntülerde hücrelerin belirginleştirilmesi amaçlanmıştır.

### 3 YÖNTEM

#### 3.1 Kullanılacak Mikroskop ile Floresan İşaretleme

Şekil 2'te Projemizde kullanılacak olan ZEISS marka Axio Observer, model ve seri numarası 1028542647 olan Apotome floresanlı mikroskop gösterilmiştir. Hücre görüntüleme ve biyolojik araştırmalar için tasarlanmış, yapay zeka destekli süper çözünürlüklü bir mikroskoptur. Esnek ve modüler yapısıyla, canlı veya sabit numunelerin zorlu ve çoklu modlu görüntülenmesi gibi çeşitli deney ihtiyaçlarına benzersiz rehberlik sağlar.



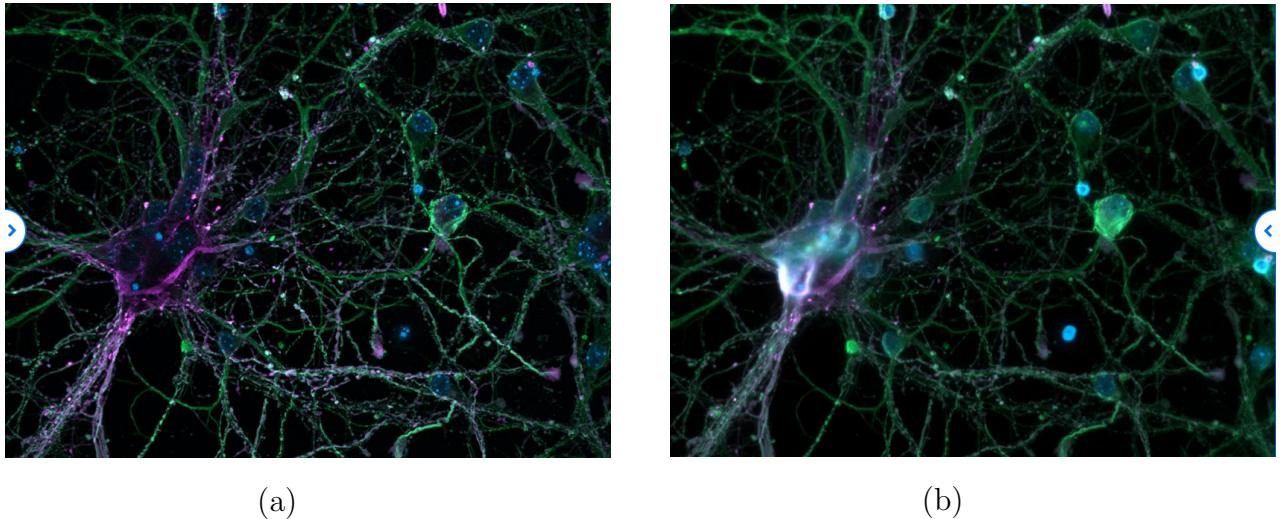
Şekil 2: Kullanılacak ZEISS Floresan Mikroskop gösterilmiştir.

##### 1. Canlılık Analizi

Propidium Iodide (PI) → Cansız hücrelerin çekirdeğine bağlanarak kırmızı fluoresans verir. Calcein-AM → Sadece canlı hücrelerde aktif hale gelerek yeşil fluoresans yayar.

##### 2. Hücre Sayımı

Şekil 3a ve 3b'da Floresan mikroskopu ile çekilen görüntülerde, belirli bir floresan filtresi kullanılarak hücrelerin net bir şekilde ayrıstırıldığı gösterilmiştir. Görüntü işleme algoritmaları (örneğin, eşikleme veya segmentasyon yöntemleri) ile bu fluoresan sinyallerine sahip hücreler otomatik olarak sayılabilir.



(a)

(b)

Şekil 3: (a) Normal yapılandırılmış Kortikal Nöron gösterilmiştir. (b) Odak ışığın giderilmesiyle Yüksek kontrastlı Kortikal Nöron gösterilmiştir[9].

### 3.2 Görüntü İşleme Adımları

#### 1. Görüntü Ön İşleme

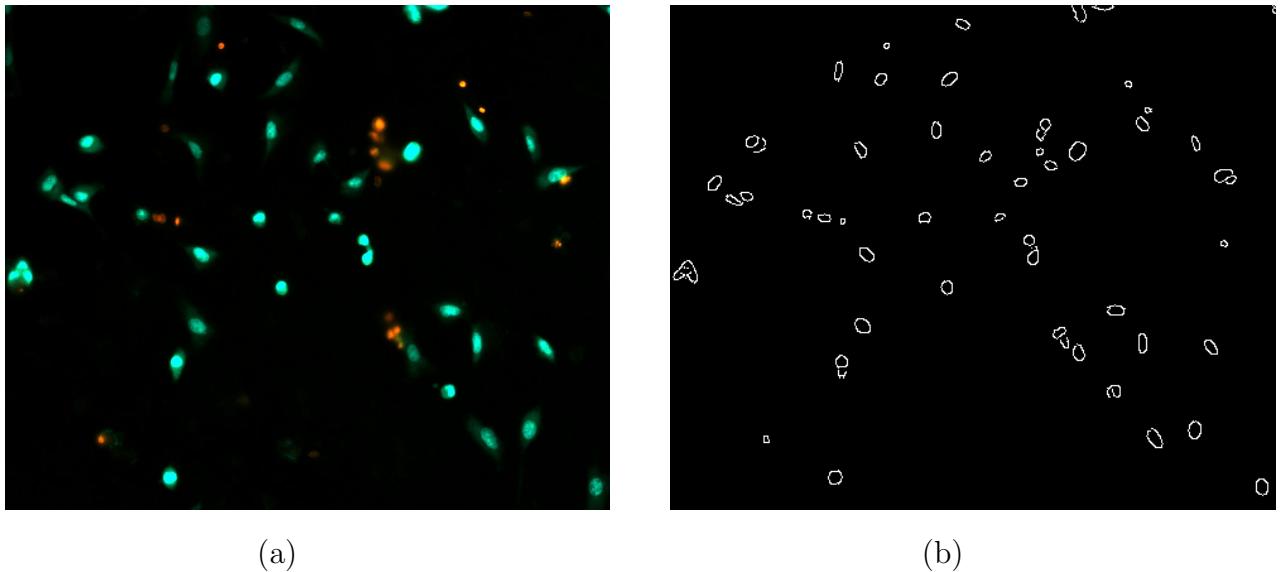
- Gürültü Giderme (Gaussian Blur, Median Filtering)
- Kontrast Artırma (CLAHE, Histogram Eşitleme)
- Kenar Tespiti (Canny, Sobel, Prewitt Filtreleri)
- Renk Düzeltme (RGB, HSV ve LAB dönüşümleri)

İlk olarak, işlenecek görüntüler belirlenen klasörden okunarak, işlem süresini optimize etmek ve daha verimli analiz yapabilmek için belirli bir ölçek faktörü ile yeniden boyutlandırılmıştır.

Ardından, Şekil 4a'daki gösterilen görüntünün bu şekilde daha net hale gelmesi için Kontrast işlemi ve gürültüsünün azaltılması için Gaussian Blurfiltresi uygulanmıştır. Bu filtre, görüntüdeki ani parlaklık değişimlerini yumuşatarak gürültüyü ortadan kaldırımıya yardımcı olur ve kenar tespitinin daha sağlaması sağlar.

Şekil 4b'de gürültüsü azaltılmış görüntünün üzerinde Canny Kenar Algılama yöntemi uygulanarak belirgin kenarlar tespit edilmiştir. Bu algoritma, belirli eşik değerleri kullanarak görüntüdeki keskin geçişleri algılar ve kenarları vurgular. Çalışmada alt eşik değeri 50, üst eşik değeri 150 olarak belirlenmiştir.

Son olarak, işlenen görüntüler yeni dosya adları ile kaydedilerek analiz edilmek üzere saklanmıştır. Uygulanan yöntemler sayesinde hücre yapılarının sınırları daha belirgin hale getirilmiş ve görüntü analizi için uygun bir format elde edilmiştir.



(a)

(b)

Şekil 4: (a) Kontrast uygulanmış hücre görüntüsü gösterilmiştir. (b) Kontrast uygulanan hücre görüntüsüne Canny algoritmasıyla kenar tespit edilmiştir.

## 2. Segmentasyon Yöntemleri

- Otsu Thresholding

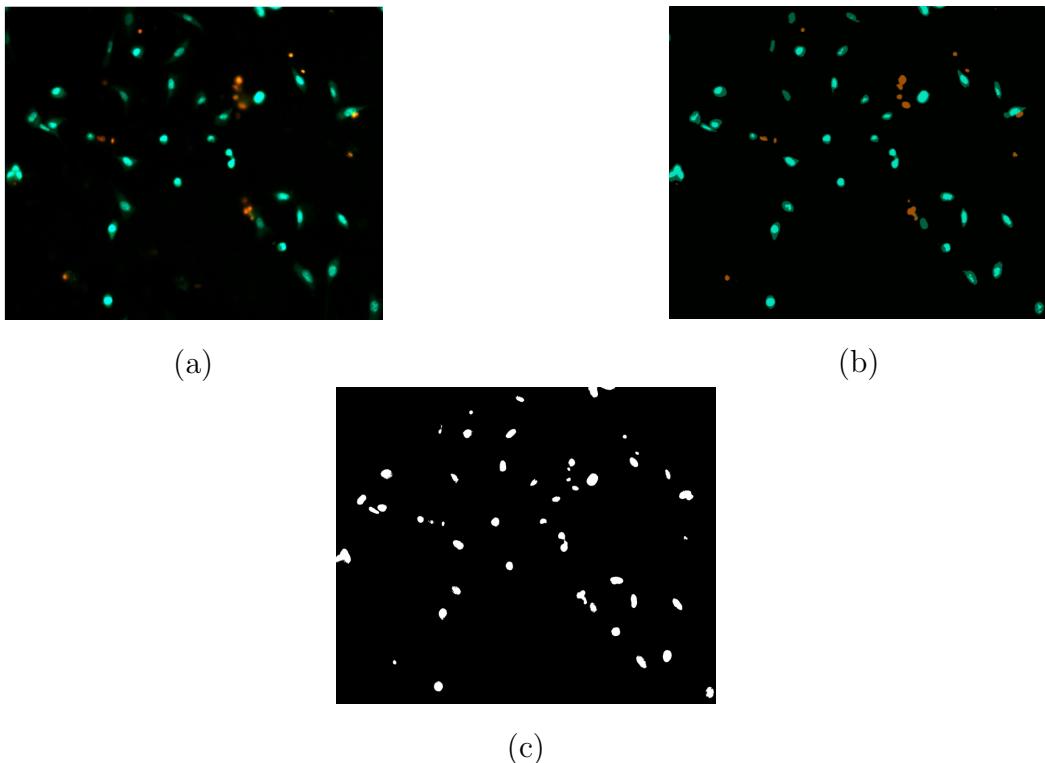
Hücre görüntülerini üzerinde daha detaylı segmentasyon yapabilmek amacıyla görüntüler alt parçalara bölünmüştür ve her parça ayrı ayrı işlenmiştir.” İlk olarak, Şekil 5(a)’da gösterilen görüntünün orijinal hali esas alınarak, kaynak klasördeki tüm gri seviye (grayscale) görüntüler okunmuştur.” Her bir görüntü, belirlenen satır ve sütun sayısına göre (örneğin  $2 \times 2$ ) eşit boyutlarda parçalara ayrılmıştır. Bu bölme işlemi sayesinde, büyük görüntülerdeki yerel kontrast farklılıklar göz önünde bulundurularak daha başarılı eşikleme (thresholding) yapılması hedeflenmiştir.

Şekil 5(b)’de her bir görüntü parçasına Otsu’nun otomatik eşikleme yöntemi uygulanarak ikili (binary) görüntüler elde edilmiştir. Eşiklenen tüm parçalar, önce satır bazında birleştirilmiş, ardından bu satırlar dikey olarak birleştirilerek görüntü yeniden tam hale getirilmiştir.

- K-Means Kümeleme

Şekil 5(c)’de, hücre görüntülerinde benzer renkleri grupperlərə bölgelerini ayırt edebilmek amacıyla K-Means kümeleme algoritması kullanılmış; görüntüdeki her piksel, renk benzerliğine göre belirlenen dört farklı kümeye ayrılarak ( $k=4$ ) segmentasyon işlemi gerçekleştirilmiştir.

- Watershed Algoritması
- Aktif Kontur Algoritmaları



Şekil 5: (a) Kontrast uygulanmış hücre görüntüsü gösterilmiştir. (b) Kontrast uygulanan hücre görüntüsüne K-Means algoritması ile hücre renkleri detaylı olarak gösterilmiştir. (c) Otsu tresholding uygulanan görüntü gösterilmiştir.

### 3. Hücre Tespiti ve Sayımı

- Kontur Algılama
- Blob Algılama
- Hough Transform
- YOLO veya Faster R-CNN gibi nesne algılama yöntemleri

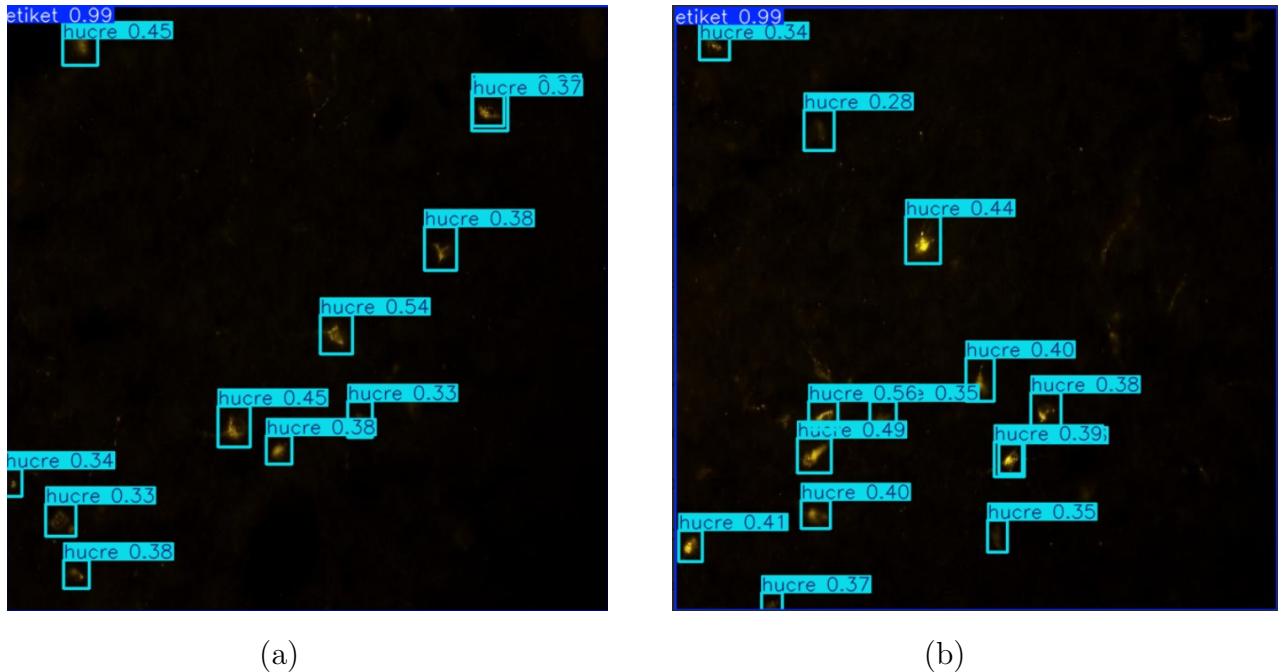
Bu çalışmada, mikroskopik hücre görüntülerindeki hücrelerin tespiti amacıyla, gerçek zamanlı nesne tespiti algoritmalarından biri olan YOLOv8 (You Only Look Once version 8) modeli kullanılmıştır. YOLO algoritması, nesne tespiti işlemlerini tek bir ileri yayılımda gerçekleştirebilmesi sayesinde hem yüksek doğruluk hem de hız sunan evrişimli sinir ağları (CNN) tabanlı bir yaklaşımındır. YOLOv8 modeli, Ultralytics tarafından PyTorch altyapısı ile geliştirilmiş olup, kullanıcı dostu arayüzü ve gelişmiş performansıyla önceki sürümlere kıyasla daha stabil bir eğitim süreci sunmaktadır[10].

Modelin eğitimi sırasında açık kaynaklı ultralytics kütüphanesi kullanılmıştır. Eğitim süreci boyunca aşağıdaki parametreler uygulanmıştır: eğitim için YOLOv8 ailesinin hızlı ve hafif sürümü olan yolov8n.pt modeli tercih edilmiş; her biri  $640 \times 640$  piksel boyutlarında olan görüntüler üzerinde 50 epoch boyunca eğitim gerçekleştirilmiştir. Eğitim sürecinde batch boyutu 16 olarak belirlenmiş ve veri kümesi, sınıf bilgileri ile birlikte data.yaml dosyası aracılığıyla tanımlanmıştır.

Table 1: YOLOv8 modelinin test verisi üzerindeki performans metrikleri

Sınıf	Görüntü Sayısı	Instance Sayısı	P	R	mAP@0.5	mAP@0.5:0.95
Tümü (all)	27	431	0.841	0.854	0.850	0.594
Etiket	27	27	0.973	1.000	0.995	0.995
Hücre	27	404	0.709	0.708	0.705	0.194

Tablo 1’de YOLOv8 modeli ile yapılan eğitim sonucunda genel sınıflandırma performansı oldukça başarılı bulunmuştur. Tüm sınıflar (all) için doğruluk (Precision) %84.1, duyarlılık (Recall) %85.4 ve mAP@0.5 değeri %85.0 olarak hesaplanmıştır. Özellikle “etiket” sınıfında %97.3 doğruluk, %100 duyarlılık, %99.5 mAP@0.5 ve %99.5 mAP@0.5:0.95 değerleri elde edilerek neredeyse kusursuz bir performans gösterilmiştir. “Hücre” sınıfında ise model %70.9 doğruluk, %70.8 duyarlılık, %70.5 mAP@0.5 ve %19.4 mAP@0.5:0.95 başarımı sağlamıştır. Bu sonuçlar, modelin “etiket” nesnesini oldukça yüksek bir isabetle tanımlayabildiğini, ancak “ hücre ” sınıfı için daha fazla iyileştirmeye ihtiyaç duyduğunu göstermektedir. Aşağıda Şekil6(a) ve Şekil 6(b) ’de, doğrulama işlemi sırasında test verisi üzerinde gerçekleştirilen nesne tespiti sonuçları gösterilmiştir.



Şekil 6: (a) Test verisi üzerinde yapılan nesne tespiti örneği verilmiştir. (b) Test verisi üzerinde yapılan nesne tespiti örneği verilmiştir.

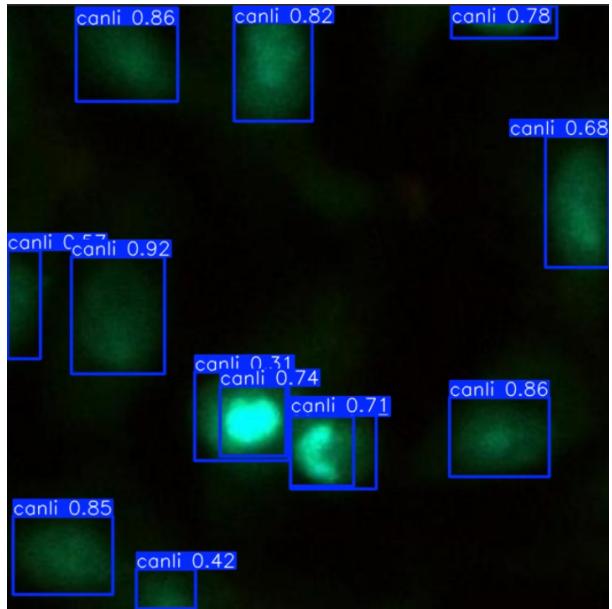
#### 4. Canlı-Cansız Hücre Ayrımı

- RGB ve HSV Renk Uzayı Dönüşümleri
- Derin Öğrenme (YOLOv8)
- Yoğunluk Analizi ve Bölge Tabanlı Segmentasyon

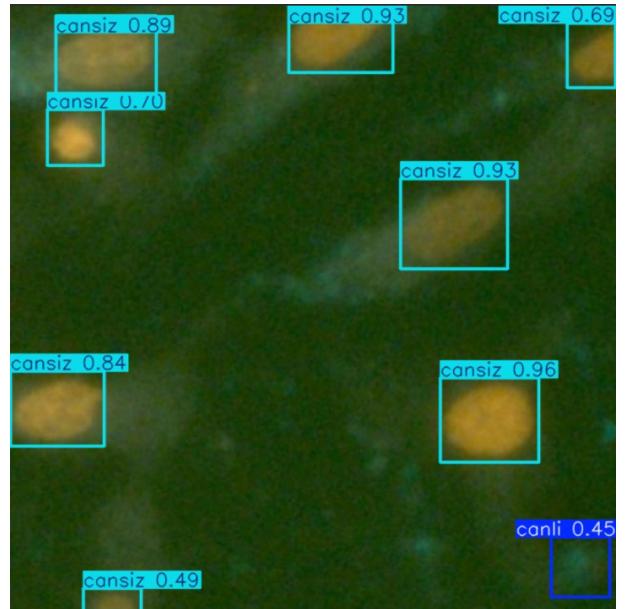
YOLOv8 nesne tanıma modeli kullanarak canlı ve cansız hücrelerin ayrimını yapabilen bir eğitim yapıldı. Modelin eğitimi için önceden etiketlenmiş görüntü verilerini kullanıldı ve bu veriler üzerinde 50 epoch süresince eğitim gerçekleştirildi. Eğitim sürecinin ardından elde edilen en iyi ağırlık dosyası (best.pt), test görüntüleri üzerinde tahmin yapmak üzere kullanıldı. Model, test klasöründeki her bir görüntüde bulunan "canlı" ve "cansız" hücreleri başarılı şekilde tespit ederek bu nesneleri sınıflandırdı. Her bir görüntü için canlı ve cansız nesneler ayrı ayrı sayilarak görselleştirme sonuçları da elde edildi. Bu işlem sonucunda, modelin hücreleri doğru şekilde ayırt edebildiği ve sayabildiği gözlemlendi. Sonuçlar Şekil 7(a)'da ve Şekil 7(b)'de görseller üzerine çizilen tahmin kutuları ile hem de istatistiksel olarak aşağıda Tablo 2'de gösterilmiştir.

Table 2: YOLOv8 Model Performans Değerleri (50 Epoch Sonrası)

Sınıf	Görüntü Sayısı	Nesne Sayısı	Box(P)	R	mAP@0.5	mAP@0.5:0
Tüm Sınıflar (all)	27	1946	0.810	0.691	0.722	0.267
Canlı (canlı)	21	908	0.792	0.707	0.740	0.265
Cansız (cansız)	23	1038	0.828	0.674	0.703	0.269



(a)



(b)

Şekil 7: (a) Test verisi üzerinde yapılan canlı hücre tespiti örneği verilmiştir. (b) Test verisi üzerinde yapılan cansız hücre tespiti örneği verilmiştir.

### 3.3 Kullanılacak Kütüphaneler

- OpenCV: Görüntü işleme ve segmentasyon işlemleri için
- TensorFlow/Keras: Hücre tespiti ve sınıflandırma modelleri için
- scikit-image: Histogram eşitleme ve morfolojik işlemler için
- NumPy ve Pandas: Veri analizi ve istatistiksel hesaplamalar için
- Matplotlib ve Seaborn: Görselleştirme ve analiz için
- PyTorch: Alternatif derin öğrenme modelleri eğitmek için

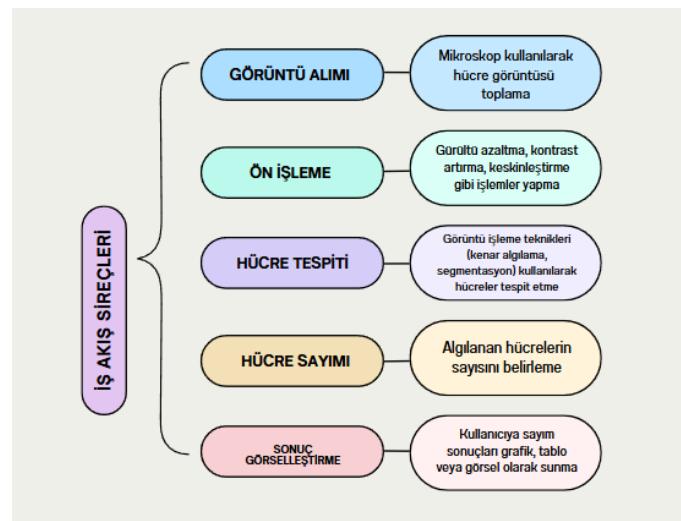
## 4 BULGULAR VE TARTIŞMA

### 4.1 Proje Takibi: Gantt Chart ve İş Akış Dyagramı

Hücre tespiti çalışmamız kapsamında, hücre tespiti ve sayımı sürecini düzenli bir şekilde ilerletmek ve proje aşamalarını takip etmek için bir Gantt şeması ve iş akışı oluşturulmuştur.

İş akışı; veri toplama, ön işleme, segmentasyon, hücre tespiti ve sayımı ile sonuçların değerlendirilmesi olmak üzere beş temel adımdan oluşmaktadır. İlk olarak Zeiss Apotome floresan mikroskop kullanılarak hücre görüntülerini elde edilecek, ardından bu görüntüler çeşitli görüntü işleme ve yapay zeka teknikleriyle analiz edilecektir. Elde edilen sonuçlar, manuel sayımlarla karşılaştırılarak doğruluk oranı değerlendirilecektir. Tüm bu süreç Şekil 8'de gösterilmiştir.

Gantt şeması, bu aşamaların zaman çizelgesini göstermekte olup, proje sürecinin planlanan süreler içinde tamamlanmasını ve her adının sistematik bir şekilde ilerlemesini sağlamaktadır. Bu yapı sayesinde, proje ilerleyişi takip edilecek ve gerektiğinde gerekli iyileştirmeler yapılacaktır. Projemizi takım olarak ilerlettigimiz için görev paylaşımı yapanık oluşturduğumuz Gantt şemaları Şekil 9 ve Şekil 10'de gösterilmiştir.



Şekil 8: İş akış diyagramı

		İŞ TANIMI	BAŞLAMA TARİHİ	BİTİŞ TARİHİ	İŞ SÜRESİ	12.03.2025	19.03.2025	26.03.2025	2.04.2025	9.04.2025	16.04.2025	23.04.2025	30.04.2025	7.05.2025	14.05.2025	21.05.2025	
1	Kişi1	Veri ön işleme(Gürültü giderme,Kenar tespiti)	12.03.2025	19.03.2025	7 Gün												
	Kişi2	Veri ön işleme(Kontrast,Histogram eşitleme)	12.03.2025	19.03.2025	7 Gün												
2	Kişi1	Segmentasyon (Otsu Thresholding)	19.03.2025	26.03.2025	7 Gün												
	Kişi2	Segmentasyon(Watershed Algoritması)	19.03.2025	26.03.2025	7 Gün												
3	Kişi1	Segmentasyon (K-Means Kümeleme)	26.03.2025	2.04.2025	7 Gün												
	Kişi2	Segmentasyon (Aktif Kontur algoritmaları)	26.03.2025	2.04.2025	7 Gün												
4	Kişi1	Hücre tespiti ve sayımı	2.04.2025	9.04.2025	7 Gün												
	Kişi2	Canlı canlısız hücre sınıflandırması	2.04.2025	9.04.2025	7 Gün												
5	Kişi1	Hücre tespiti ve sayımı	9.04.2025	16.04.2025	7 Gün												
	Kişi2	Canlı canlısız hücre sınıflandırması	9.04.2025	16.04.2025	7 Gün												
6	Kişi1	Bitki ve hayvan hücresi ayırımı	16.04.2025	23.04.2025	7 Gün												
	Kişi2	Hücre dışı madde tespiti ve analizi	16.04.2025	23.04.2025	7 Gün												
7	Kişi1	CNN model geliştirme ve eğitim	23.04.2025	30.04.2025	7 Gün												
	Kişi2	U-NET model geliştirme ve eğitim	23.04.2025	30.04.2025	7 Gün												
8	Kişi1	CNN model geliştirme ve eğitim	30.04.2025	7.05.2025	7 Gün												
	Kişi2	U-NET model geliştirme ve eğitim	30.04.2025	7.05.2025	7 Gün												
9	Kişi1	Model doğrulama ve performans değerlendirme	7.05.2025	14.05.2025	7 Gün												
	Kişi2	Model doğrulama ve performans değerlendirme	7.05.2025	14.05.2025	7 Gün												
10	Kişi1	Sonuç ve rapor hazırlama	14.05.2025	21.05.2025	7 Gün												
	Kişi2	Sonuç ve rapor hazırlama	14.05.2025	21.05.2025	7 Gün												

Şekil 9: Takım Gantt Chartı

	İŞ TANIMI	BAŞLAMA TARİHİ	BİTİŞ TARİHİ	İŞ SÜRESİ	12.03.2025	19.03.2025	26.03.2025	2.04.2025	9.04.2025	16.04.2025	23.04.2025	30.04.2025	7.05.2025	14.05.2025	21.05.2025	
1	Veri ön işleme(Gürültü giderme,Kenar tespiti)	12.03.2025	19.03.2025	7 Gün												
2	Segmentasyon (Otsu Thresholding)	19.03.2025	26.03.2025	7 Gün												
3	Segmentasyon (K-Means Kümeleme)	26.03.2025	2.04.2025	7 Gün												
4	Hücre tespiti ve sayımı	2.04.2025	9.04.2025	7 Gün												
5	Hücre tespiti ve sayımı	9.04.2025	16.04.2025	7 Gün												
6	Bitki ve hayvan hücresi ayırımı	16.04.2025	23.04.2025	7 Gün												
7	CNN model geliştirme ve eğitim	23.04.2025	30.04.2025	7 Gün												
8	CNN model geliştirme ve eğitim	30.04.2025	7.05.2025	7 Gün												
9	Model doğrulama ve performans değerlendirme	7.05.2025	14.05.2025	7 Gün												
10	Sonuç ve rapor hazırlama	14.05.2025	21.05.2025	7 Gün												

Şekil 10: Gannt Chart

Zeiss Apotome floresan mikroskop kullanılarak hücre tespiti ve sayımının otomatikleştirilmesi hedeflenmektedir. Proje henüz başlangıç aşamasında olduğundan, elde edilen somut sonuçlar bulunmamakla birlikte, literatür taramaları ve yöntem tasarımları doğrultusunda bazı ön bulgular ve bekłentiler öne çıkmaktadır.

Öncelikle, floresan işaretleme yöntemiyle hücrelerin canlılık durumlarının belirlenmesi ve bu hücrelerin görüntü işleme algoritmaları ile otomatik olarak sayılması amaçlanmaktadır. Görüntü işleme adımları kapsamında Otsu eşikleme, Watershed segmentasyonu ve Blob algılama gibi yöntemler kullanılacak ve bu algoritmaların doğruluk ve hız performansları değerlendirilecektir. Yapay zeka tabanlı yaklaşımlar arasında yer alan Convolutional Neural Network (CNN) modellerinin, hücre sınıflandırması ve canlı-cansız hücre ayrimı gibi karmaşık görevlerde yüksek doğruluk oranları sunduğu literatürde belirtilmektedir. Bu doğrultuda, TensorFlow ve OpenCV kütüphaneleri kullanılarak geliştirilecek sistemin, manuel sayım yöntemlerine kıyasla daha hızlı ve daha hassas sonuçlar vermesi beklenmektedir.

Ayrıca, hücre tespiti sürecinde karşılaşabilecek temel zorluklar arasında, floresan işaretlemenin homojen olmaması, düşük kontrastlı görüntülerin segmentasyon performansını olumsuz etkilemesi ve küçük boyutlu hücrelerin doğru şekilde algılanmasında hata payının bulunması yer almaktadır. Bu sorunların üstesinden gelmek için, görüntü ön işleme aşamasında gürültü giderme (Gaussian Blur, Median Filter) ve kontrast artırma (CLAHE) yöntemleri uygulanacaktır.

Projenin ilerleyen aşamalarında, geliştirilen sistemin doğruluğu ve performansı çeşitli hücre türlerinde test edilerek değerlendirilmesi planlanmaktadır. Bu değerlendirme sürecinde, manuel sayımlarla karşılaştırma yapılarak sistemin güvenilirliği ölçülecek ve performans iyileştirmeleri için derin öğrenme modellerine ağırlık verilecektir.

Bu bulgular ışığında, hücre tespiti ve sayımında yapay zeka destekli otomasyonun biyomedikal araştırmalarda insan hatasını azaltma, analiz süresini kısaltma ve tekrarlanabilir sonuçlar elde etme açısından önemli bir katkı sunacağı öngörmektedir.

Otsu yöntemiyle, görüntüyü otomatik bir eşik değeriyle iki sınıfa ayırır. Kontrastı yüksek görüntülerde başarılı sonuçlar verirken, aydınlatma farklılıklarının olduğu görüntülerde yeterli performans göstermemiştir. Bu durumu iyileştirmek için görüntüler bölgelere ayrılarak her bölgeye ayrı Otsu uygulanmış ve segmentasyon kalitesi artırılmıştır.

K-Means algoritmasında ise görüntüdeki pikselleri renk benzerliğine göre kümelere ayırarak daha esnek bir segmentasyon sağlamıştır. Hücre ve arka plan ayrimı net bir şekilde yapılmıştır. Ancak, yöntem küme sayısının önceden belirlenmesini gerektirdiği için her görüntüde aynı başarıyı gösterememiştir.

Çalışmamızda nesne tespiti amacıyla kullanılan YOLOv8 modeli, biyomedikal hücre görüntülerinde “canlı” ve “cansız” hücrelerin tespitinde genel olarak tatmin edici bir performans sergilemiştir. Eğitim süreci sonucunda model, büyük boyuttaki hücreleri yüksek doğruluk orANIyla tanıyalı, ancak küçük boyutlu hücrelerde tespit başarısı belirgin şekilde azalmıştır. Bu durum, modelin özellikle küçük ve birbirine yakın objeleri ayırt etme konusunda sınırlı kaldığını göstermektedir. mAP@0.5 değerlerinin canlı hücreler için %74, cansız hücreler için %70.3 olarak hesaplanması, genel anlamda başarılı bir sonuç olmakla birlikte, bazı test görsellerinde hücrelerin eksik tespit edilmesi gibi sorunlar gözlemlenmiştir. Bu eksiklikler, veri kümesindeki çözünürlük farklıları, hücrelerin biçimsel benzerliği ve modelin mimarisel sınırlarından kaynaklanmış olabilir. Tüm bu bulgular, YOLOv8 modelinin biyomedikal görüntülerde temel düzeyde kullanılabilir olduğunu ancak daha hassas sonuçlar için ileri seviye optimizasyon veya farklı model yaklaşımının da değerlendirilmesi gerektiğini ortaya koymaktadır.

## 5 SONUÇ

Bu çalışma, Zeiss Apotome floresanlı mikroskop kullanılarak hücre tespiti ve sayımının otomatik olarak gerçekleştirilmesine odaklanmaktadır.

Bu çalışmada, mikroskopik hücre görüntülerinin analizi amacıyla floresan mikroskopi ile elde edilen görüntüler üzerinde görüntü işleme ve derin öğrenme tabanlı yöntemler uygulanmıştır. İlk aşamada, görüntüler üzerinde gürültü giderme, kontrast artırma ve kenar tespiti gibi çeşitli ön işleme teknikleri kullanılarak daha kaliteli ve analiz edilebilir görüntüler elde edilmiştir. Bu işlemler, hücre yapılarını belirginleştirerek segmentasyon ve sayım işlemlerinin doğruluğunu artırmıştır.

Hücrelerin ayırtılabilmesi için Otsu thresholding, K-Means kümeleme ve diğer segmentasyon yöntemlerinden yararlanılmıştır. Bu yöntemler sayesinde hücre sınırları net bir şekilde belirlenmiş, farklı hücresel yapılar sınıflandırılmış ve analiz için uygun hale getirilmiştir.

Son aşamada, YOLOv8 algoritması kullanılarak hücrelerin tespiti ve sayımı gerçekleştirilmiştir. YOLOv8'in hızlı ve yüksek doğrulukla çalışabilme özelliği sayesinde, büyük miktarda hücre görüntüsü kısa sürede analiz edilmiş ve başarılı sonuçlar elde edilmiştir. Modelin eğitiminde etiketli veri seti ve uygun hiperparametre ayarları kullanılarak model performansı optimize edilmiştir.

Yapılan testler sonucunda modelin hücreleri büyük ölçüde doğru şekilde tespit ettiği gözlemlenmiştir. Ancak bazı küçük boyutlu hücrelerin algılanmasında eksiklikler yaşanmıştır. Bu durumun, mevcut veri setinin sınırlı boyutta olmasından kaynaklandığı değerlendirilmiştir. Daha geniş ve çeşitli bir veri seti ile modelin genelleme yeteneğinin artacağı ve tespit doğruluğunun iyileşeceği öngörülmektedir.

Bu çalışma sonucunda, biyolojik araştırmalarda ve özellikle canlılık analizleri gibi kritik süreçlerde kullanılabilecek, otomatik ve güvenilir bir hücre tespit ve sayım sistemi ortaya konmuştur. Geliştirilen sistem, laboratuvar çalışmalarının dijitalleşmesine katkı sağlamaktır, zaman ve insan gücünden tasarruf imkânı sunmaktadır. Veri setinin genişletilmesiyle birlikte sistemin doğruluğu ve etkinliği daha da artırılabilecektir.

## Kaynakça

- [1] R. J. Meimban, A. R. Fernando, A. Monsura, J. Rañada, and J. Apduhan, “Blood cells counting using python opencv,” in *2018 14th IEEE International Conference on Signal Processing (ICSP)*, pp. 50–53, IEEE, 2018.
- [2] H. Atıcı, H. E. Koçer, and S. Kader, “Dijital görüntüler kullanılarak kan grubunun görüntü işleme tabanlı tespiti,” *BŞEÜ Fen Bilimleri Dergisi*, vol. 7, no. 2, pp. 649–659, 2020.
- [3] F. Novoselnik, R. Grbić, I. Galić, and F. Dorić, “Automatic white blood cell detection and identification using convolutional neural network,” in *2018 international conference on smart systems and technologies (SST)*, pp. 163–167, IEEE, 2018.
- [4] S. H. Rezatofighi and H. Soltanian-Zadeh, “Automatic recognition of five types of white blood cells in peripheral blood,” *Computerized Medical Imaging and Graphics*, vol. 35, no. 4, pp. 333–343, 2011.
- [5] Ö. Kasım and A. Kuzucuoğlu, “Lökosit hücrelerinin preparat görüntüsünden tespiti ve sınıflandırılması,” *Gazi Üniversitesi Mühendislik Mimarlık Fakültesi Dergisi*, vol. 30, no. 1, pp. 95–109, 2015.
- [6] M. Saraswat and K. Arya, “Automated microscopic image analysis for leukocytes identification: A survey,” *Micron*, vol. 65, pp. 20–33, 2014.
- [7] F. Çam and A. Güven, “Dijital mikroskop altında alınan kan hücresi görüntülerinden beyaz kan hücrelerinin algılanması ve sınıflandırılması,” *Electronic Letters on Science and Engineering*, vol. 15, no. 3, pp. 23–43, 2019.
- [8] C. B. Wijesinghe, D. N. Wickramarachchi, I. N. Kalupahana, R. Lokesha, I. D. Silva, and N. D. Nanayakkara, “Fully automated detection and classification of white blood cells,” in *2020 42nd Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine & Biology Society (EMBC)*, pp. 1816–1819, IEEE, 2020.
- [9] Z. Mikroskopi, “Ürüne genel bakış.” <https://www.zeiss.com.tr/microscopy/uereune-genel-bakis.html>, 2024. Erişim tarihi: 2024-03-12.
- [10] Ultralytics, “Yolov8 - ultralytics docs.” <https://docs.ultralytics.com/tr/models/yolov8/#supported-tasks-and-modes>, 2023. Erişim tarihi: 6 Mayıs 2025.

...