

INSTITUTO FEDERAL DE MINAS GERAIS - *CAMPUS* OURO PRETO
CURSO DE ESPECIALIZAÇÃO EM INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL

DIONÍZIO JÚNIO INÁCIO

**ANÁLISE COMPARATIVA DE TÉCNICAS DE APRENDIZADO DE
MÁQUINA PARA RECONHECIMENTO DE CÉLULAS SANGUÍNEAS**

Ouro Preto, 2025

Orientadora: Profa. Sílvia Grasiella Moreira Almeida, Dra.

Co-orientador: Prof. Agnaldo José da Rocha Reis, Dr.

Co-orientador: Prof. Jonathan Cristovão Ferreira da Silva, MSc.

DIONÍZIO JÚNIO INÁCIO

ANÁLISE COMPARATIVA DE TÉCNICAS DE APRENDIZADO DE MÁQUINA PARA RECONHECIMENTO DE CÉLULAS SANGUÍNEAS

Trabalho de conclusão do curso de Especialização em Inteligência Artificial do Instituto Federal de Minas Gerais - *Campus* Ouro Preto.

Orientadora: Profa. Sílvia Grasiella Moreira Almeida, Dra.

Ouro Preto
CURSO DE ESPECIALIZAÇÃO EM INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL – IFMG
2025

I35a

Inácio, Dionízio Júnio.

Análise Comparativa de Técnicas de Aprendizado de Máquina para Reconhecimento de Células Sanguíneas [manuscrito] / Dionízio Júnio Inácio. – 2025.

58 f. : il.

Orientadora: Sílvia Grasiella Moreira Almeida.

Coorientadores: Agnaldo José da Rocha Reis, Jonathan Cristovão Ferreira da Silva.

Trabalho de Conclusão de Curso (especialização) – Instituto Federal de Minas Gerais. *Campus* Ouro Preto, 2025.

1. Inteligência Artificial. 2. Aprendizado de máquina. 3. Classificação de Células Sanguíneas. I. Reis, Agnaldo José da Rocha. II. Silva, Jonathan Cristovão Ferreira da. III. Instituto Federal de Minas Gerais. *Campus* Ouro Preto. IV. Título.

CDU: 004.8

Catálogo: Kelly Cristiane Santos Morais - CRB-6/3217



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
SECRETARIA DE EDUCAÇÃO PROFISSIONAL E TECNOLÓGICA
INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E TECNOLOGIA DE MINAS GERAIS
Campus Ouro Preto
Diretoria de Pesquisa, Inovação e Pós-Graduação
Coordenação do Curso de Pós-graduação em Inteligência Artificial
Rua Pandiá Calógeras, 898 - Bairro Bauxita - CEP 35400-000 - Ouro Preto - MG
- www.ifmg.edu.br

FOLHA DE APROVAÇÃO

DIONÍZIO JÚNIO INÁCIO

**ANÁLISE COMPARATIVA DE TÉCNICAS DE APRENDIZADO DE MÁQUINA PARA
RECONHECIMENTO DE CÉLULAS SANGUÍNEAS**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao curso de ESPECIALIZAÇÃO EM INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL, ofertado pelo Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Minas Gerais - *Campus* Ouro Preto, como parte dos requisitos para a obtenção do título de ESPECIALISTA EM INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL.

Aprovado em 17 de julho de 2025, pela Banca Examinadora:

Profa. Dra. Sílvia Grasiella Moreira Almeida - IFMG *Campus* Ouro Preto - Orientadora
Prof. Dr. Agnaldo José da Rocha Reis - Universidade Federal de Ouro Preto - Co-orientador

Prof. Me. Jonathan Cristovão Ferreira da Silva - Co-orientador
Profa. Dra. Lara Toledo Cordeiro Ottoni - IFMG *Campus Ouro Preto*
Prof. Me. Guilherme de Oliveira Walter - IFMG *Campus Ouro Preto*

Ouro Preto, 18 de julho de 2025.

23213.001858/2025-58

2388971v1



Documento assinado digitalmente
SILVIA GRASIELLA MOREIRA ALMEIDA
Data: 18/07/2025 08:21:26-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>



Documento assinado digitalmente
AGNALDO JOSE DA ROCHA REIS
Data: 18/07/2025 09:14:07-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>



Documento assinado digitalmente
JONATHAN CRISTOVAO FERREIRA DA SILVA
Data: 18/07/2025 12:16:52-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>



Documento assinado digitalmente
LARA TOLEDO CORDEIRO OTTONI
Data: 22/07/2025 20:17:41-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>



Documento assinado digitalmente
GUILHERME DE OLIVEIRA WALTER
Data: 23/07/2025 23:23:36-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

*Dedico este trabalho à minha mãe.
Esta conquista é nossa, te amo!*

AGRADECIMENTOS

À minha orientadora, Sílvia, expresso minha gratidão pela paciência e sabedoria com que guiou este trabalho. Seus valiosos ensinamentos e direcionamentos foram fundamentais para a conclusão desta etapa acadêmica.

Aos meus coorientadores, Jonathan e Agnaldo, agradeço pelas discussões enriquecedoras e pela disponibilidade em compartilhar seus conhecimentos. Suas contribuições foram essenciais para o desenvolvimento e aprimoramento deste trabalho.

“1903

*A primeira vez que um homem branco observou um homem negro
Não como um animal agressivo ou força braçal desprovida de inteligência*

Desta vez, percebe-se o talento, a criatividade, a música

O mundo branco nunca havia sentido algo como o blues

Um negro, um violão e um canivete

Nasce na luta pela vida, nasce forte, nasce pungente

Pela real necessidade de existir

O que é ser Bluesman?

É ser o inverso do que os outros pensam

É ser contra a corrente Ser a própria força, a sua própria raiz

É saber que nunca fomos uma reprodução automática

Da imagem submissa que foi criada por eles

Dane-se a imagem que vocês criaram

Não sou legível, não sou entendível

Sou meu próprio Deus, meu próprio santo, meu próprio poeta

Me olhe como uma tela preta, de um único pintor

Só eu posso fazer minha arte

Só eu posso me descrever

Vocês não têm esse direito

Não sou obrigado a ser o que vocês esperam

Somos muito mais

Se você não se enquadra ao que esperam

Você é um Bluesman.”

(BB King, Baco Exu do Blues)

RESUMO

A inteligência artificial (IA) tem se consolidado como uma ferramenta essencial em diversos setores, incluindo a medicina, onde oferece soluções inovadoras e eficientes. No entanto, abordagens de aprendizado de máquina mais tradicionais ainda dispõem de um vasto potencial a ser explorado. Este trabalho se dedica à classificação automatizada de quatro subtipos de células sanguíneas (Linfócitos, Neutrófilos, Monócitos e Eosinófilos), uma tarefa crucial para diagnósticos médicos que, quando realizada manualmente, pode ser demorada e suscetível a variabilidades. O estudo apresenta uma avaliação comparativa de técnicas de aprendizado de máquina, utilizando uma abordagem multimodal que combina diferentes tipos de recursos extraídos manualmente de imagens por meio de técnicas não supervisionadas. Especificamente, foram empregados os Padrões Binários Locais (LBP), histogramas do espaço de cores Matiz, Saturação e Valor (HSV) e indicadores de análise de textura. Esses conjuntos de características alimentaram os classificadores Random Forest (RF), Máquina de Vetores de Suporte (SVM), K-Vizinhos Mais Próximos (KNN) e Perceptron de Múltiplas Camadas (MLP). Após a extração de características e o ajuste de hiperparâmetros por validação cruzada K-Fold, os modelos foram avaliados com base em sua acurácia no conjunto de validação. A partir disso, foram selecionadas as três melhores combinações de características para cada modelo, permitindo uma análise mais objetiva e focada no potencial de generalização dos classificadores. Os resultados demonstraram que os modelos KNN, Random Forest e, especialmente, o MLP alcançaram desempenhos satisfatórios. As combinações de características que integraram LBP e HSV – notadamente LBP+HSV e LBP+HSV+Textura – resultaram nas maiores acurácias de validação, frequentemente ultrapassando 99%. Como destaque, o modelo MLP obteve uma acurácia de validação de 99,0% ao utilizar a combinação de todas as características investigadas. Este estudo também sugere direcionamentos promissores para pesquisas futuras, visando ampliar as aplicações desta tecnologia no campo da saúde.

Palavras-chave: Inteligência Artificial, Aprendizado de Máquina, Classificação de Células Sanguíneas, Padrões Binários Locais, Espaço de Cores HSV, Análise de Textura.

ABSTRACT

Artificial intelligence (AI) has established itself as an essential tool in various sectors, including medicine, where it offers innovative and efficient solutions. However, more traditional machine learning approaches still possess vast unexplored potential. This study focuses on the automated classification of four blood cell subtypes (Lymphocytes, Neutrophils, Monocytes, and Eosinophils), a crucial task for medical diagnostics that, when performed manually, can be time-consuming and prone to variability. The study presents a comparative evaluation of machine learning techniques, employing a multimodal approach that combines different types of features manually extracted from images using unsupervised techniques. Specifically, Local Binary Patterns (LBP), histograms of the Hue, Saturation, and Value (HSV) color space, and texture analysis indicators were employed. These feature sets fed the Random Forest (RF), Support Vector Machine (SVM), K-Nearest Neighbors (KNN), and Multi-Layer Perceptron (MLP) classifiers. After feature extraction and hyperparameter tuning using K-Fold cross-validation, model performance was evaluated based on validation accuracy. From this, the three best-performing feature combinations were selected for each classifier, allowing for a more objective analysis focused on generalization potential. The results demonstrated that KNN, Random Forest, and especially the MLP model achieved high classification performance. Feature combinations integrating LBP and HSV – particularly LBP+HSV and LBP+HSV+Texture – led to the highest validation accuracies, often exceeding 99%. Notably, the MLP model achieved a validation accuracy of 99.0% when using the combination of all features investigated. This study also outlines promising directions for future research, aiming to broaden the application of this technology in the healthcare field.

Keywords: Artificial Intelligence, Machine Learning, Blood Cell Classification, Local Binary Patterns, HSV Color Space, Texture Analysis.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – Representação visual hierárquica entre os campos da Inteligência Artificial	19
Figura 2 – Comparação entre os paradigmas de Aprendizado de Máquina	21
Figura 3 – Hiperplano de separação de duas classes com vetores de suporte destacados nas cores azul e vermelho	22
Figura 4 – Transformação de dados não linearmente separáveis em um espaço de maior dimensão, onde um hiperplano de separação pode ser aplicado	23
Figura 5 – Diferentes hiperplanos orientados por diferentes penalizações para diferentes valores de C	24
Figura 6 – Classificação de uma nova amostra (ponto vermelho) utilizando o algoritmo KNN. Os pontos cinzas e verdes representam duas classes distintas do conjunto de dados.	25
Figura 7 – Influência do valor de k na classificação do KNN. O ponto vermelho representa uma nova amostra a ser classificada. Para $k = 1$, a classe prevista é "verde"(vizinho mais próximo); para $k = 3$, a maioria dos vizinhos é "cinza"; para $k = 4$, há empate entre classes.	25
Figura 8 – Processo de classificação para o modelo <i>Random Forest</i> a partir de múltiplas árvores de decisão	26
Figura 9 – Arquitetura do MLP contendo as camadas de entrada, oculta e de saída.	27
Figura 10 – Processo de <i>backpropagation</i> , mostrando como o erro é propagado de volta através das camadas para ajustar os pesos.	28
Figura 11 – Comportamento comparativo de algoritmos de classificação em três cenários distintos. linha 1, colunas 2 e 3 - SVM com kernel linear vs. RBF em dados linearmente separáveis. linha 2, colunas 4 e 5 - KNN e Random Forest em dados não lineares. linha 3, colunas 6 e 7 - MLP em dados com sobreposição.	29
Figura 12 – Espaço HSV: Sistema de Coordenadas e Componentes de Cores. Detalhes sobre matiz, saturação e valor são discutidos na Seção 2.2.1. Fonte: (Szeliski 2010).	30
Figura 13 – <i>pipeline</i> de execução dos modelos de classificação do projeto - Fonte: O autor	33
Figura 14 – Base de dados: A) Eosinófilos; B) Linfócitos; C); Monócitos; D) Neutrófilos.	38
Figura 15 – Ilustração do Comportamento das Técnicas de Extração de Características Propostas.	43
Figura 16 – Acurácia de treino dos modelos pelas melhores combinações.	45
Figura 17 – Matriz de confusão SVM para a combinação B.	47
Figura 18 – Matriz de confusão KNN para a combinação D.	48
Figura 19 – Matriz de confusão Random Forest para a combinação G.	49
Figura 20 – Matriz de confusão MLP para a combinação G.	50

Figura 21 – Acurácia de teste dos classificadores pelas melhores combinações. 51

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Distribuição balanceada das classes de células sanguíneas.	38
Tabela 2 – Combinações de técnicas de extração de características utilizadas nos experimentos.	43
Tabela 3 – Top-3 combinações de características para o SVM.	44
Tabela 4 – Top-3 combinações de características para o KNN.	44
Tabela 5 – Top-3 combinações de características para o Random Forest.	44
Tabela 6 – Top-3 combinações de características para o MLP.	45
Tabela 7 – Relatório de classificação do SVM - Validação (Combinação D)	56
Tabela 8 – Relatório de classificação do SVM - Validação (Combinação F)	56
Tabela 9 – Relatório de classificação do SVM - Validação (Combinação G)	56
Tabela 10 – Relatório de classificação do KNN - Validação (Combinação D)	57
Tabela 11 – Relatório de classificação do KNN - Validação (Combinação F)	57
Tabela 12 – Relatório de classificação do KNN - Validação (Combinação B)	57
Tabela 13 – Relatório de classificação do RandomForest - Validação (Combinação G)	58
Tabela 14 – Relatório de classificação do RandomForest - Validação (Combinação D)	58
Tabela 15 – Relatório de classificação do RandomForest - Validação (Combinação B)	58
Tabela 16 – Relatório de classificação do MLP - Validação (Combinação G)	59
Tabela 17 – Relatório de classificação do MLP - Validação (Combinação D)	59
Tabela 18 – Relatório de classificação do MLP - Validação (Combinação B)	59

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

AI	<i>Artificial Intelligence</i> (Inteligência Artificial)
CNN	Rede Neural Convolucional (<i>Convolutional Neural Network</i>)
FN	Falso Negativo
FP	Falso Positivo
GLCM	Matriz de Co-ocorrência de Níveis de Cinza (<i>Gray Level Co-occurrence Matrix</i>)
HOG	Histograma de Gradientes Orientados
HSV	Matiz, Saturação e Valor (<i>Hue, Saturation, Value</i>)
IA	Inteligência Artificial
IFMG	Instituto Federal de Minas Gerais
KNN	K-Vizinhos Mais Próximos (<i>K-Nearest Neighbors</i>)
LASSO	<i>Least Absolute Shrinkage and Selection Operator</i>
LBP	Padrões Binários Locais (<i>Local Binary Patterns</i>)
ML	Aprendizado de Máquina (<i>Machine Learning</i>)
MLP	Perceptron de Múltiplas Camadas (<i>Multi-Layer Perceptron</i>)
PCA	Análise de Componentes Principais (<i>Principal Component Analysis</i>)
RBF	Função de Base Radial (<i>Radial Basis Function</i>)
ReLU	Unidade Linear Retificada (<i>Rectified Linear Unit</i>)
RF	Random Forest (Floresta Aleatória)
RGB	Vermelho, Verde e Azul (<i>Red, Green, Blue</i>)
SVM	Máquina de Vetores de Suporte (<i>Support Vector Machine</i>)
TN	Verdadeiro Negativo
TP	Verdadeiro Positivo

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	16
1.1	Motivação	16
1.2	Objetivo Geral	17
1.3	Objetivos Especificos	17
1.4	Organização do Texto	18
2	REFERENCIAL TEÓRICO	19
2.1	Inteligência Artificial	19
2.1.1	<i>Aprendizado de Máquina</i>	20
2.1.2	<i>Máquina de Vetores de Suporte (SVM)</i>	22
2.1.3	<i>K-Nearest Neighbor (KNN)</i>	24
2.1.4	<i>Random Forest</i>	25
2.1.5	<i>Multi-Layer Perceptron (MLP)</i>	26
2.1.6	<i>Comportamento Ilustrativo de Algoritmos de Classificação em Cenários Distintos</i>	28
2.2	Visão Computacional	29
2.2.1	<i>Descritores de Imagens</i>	31
2.3	Aplicações com IA na Área Médica	31
3	METODOLOGIA	33
3.1	Estudo de caso: Classificação de Células Sanguíneas.	35
3.2	Base de dados	36
3.3	Seleção de Características de Imagens Aplicando Técnicas de Visão Computacional	40
3.3.1	<i>LBP (Local Binary Patterns):</i>	40
3.3.2	<i>Histogramas HSV</i>	40
3.3.3	<i>Análise de Texturas:</i>	41
3.4	Classificação com os Modelos de IA	41
3.4.1	<i>Métricas de Avaliação dos Algoritmos de IA</i>	42
4	RESULTADOS	43
4.1	Extração de Características	43
4.2	Treino e Validação dos Algoritmos	44
4.3	Testes dos Algoritmos	46
5	CONCLUSÃO E TRABALHOS FUTUROS	52
5.1	Trabalhos Futuros	52

	Referências	53
	APÊNDICE A – TREINO E TESTE DOS ALGORITMOS DE IA . . .	56
A.1	Resultados Detalhados dos Classificadores	56
A.1.1	<i>Validação do SVM por Combinação:</i>	56
A.1.2	<i>Validação do KNN por Combinação:</i>	57
A.1.3	<i>Validação do RandomForest por Combinação:</i>	58
A.1.4	<i>Validação do MLP por Combinação:</i>	59

1 INTRODUÇÃO

A inteligência artificial (IA) passou por diferentes fases desde sua origem, com avanços marcantes como a criação do primeiro modelo computacional baseado em redes neurais (McCulloch e Pitts 1943). Alan Turing teve um papel fundamental nesse desenvolvimento, contribuindo com o conceito de "inteligência artificial" e elaborando o teste de Turing (Turing 1950), amplamente referenciado na cultura popular e em discussões filosóficas sobre ética na IA. Antes da evolução recente da IA, ocorreram momentos cruciais, como a criação da linguagem LISP, o desenvolvimento das primeiras aplicações em jogos de xadrez e a formulação do perceptron, um dos avanços mais importantes da área entre os anos 1950 e 1960 (Rosenblatt 1958). Embora as primeiras pesquisas de Aprendizado de Máquina tenham se concentrado no meio acadêmico, suas aplicações rapidamente se expandiram para diversos setores, como na área da saúde (Dong et al. 2021), agricultura (Gomes 2012) e veículos autônomos (Janai Fatma Güney 2020), tornando-se fundamentais para a economia e a sociedade.

No contexto da IA, uma técnica essencial para o desenvolvimento de novas tecnologias é a visão computacional. Essa abordagem está cada vez mais integrada a sistemas de produção, transformando a gestão de qualidade na indústria (Javaid Abid Haleem 2022). Um setor de grande relevância global que pode se beneficiar amplamente dessas inovações é o da saúde, permitindo processos mais eficientes, econômicos e seguros. Nesse contexto, a visão computacional associada à IA surge como uma ferramenta poderosa para avanços tecnológicos, como o diagnóstico preciso de doenças em células sanguíneas.

Dentre essas possibilidades, destaca-se uma aplicação cada vez mais relevante: a classificação de imagens de hemogramas utilizando aprendizado de máquina. Essas técnicas possibilitam diagnósticos rápidos e contribuem significativamente para a pesquisa e o desenvolvimento de novos medicamentos. No entanto, a análise de células sanguíneas por métodos tradicionais pode ser um processo demorado, fator crítico para o início de um tratamento ou a criação de vacinas. Esse desafio foi evidente durante a pandemia da COVID-19, em 2021, quando a velocidade na detecção e resposta à doença se tornou essencial para a contenção da crise sanitária global (Asgar Sanjay Kumar 2023).

1.1 Motivação

A classificação manual de células sanguíneas, realizada por hematologistas, é uma etapa crítica para diagnósticos de condições como infecções, alergias e doenças hematológicas. Entretanto, esse processo enfrenta desafios significativos: demora na análise, variabilidade interobservador (dependência de expertise especializada) e susceptibilidade a erros humanos, especialmente em cenários de alta demanda, como pandemias ou surtos de doenças. Além disso,

métodos tradicionais de automação baseados em regras fixas frequentemente falham em capturar a complexidade morfológica das células, limitando sua precisão e escalabilidade.

Nesse contexto, surge a necessidade de se desenvolver sistemas de classificação automatizados, baseados em técnicas de IA, capazes de processar grandes volumes de imagens microscópicas com velocidade, consistência e precisão. O desafio central deste trabalho reside na integração eficiente de técnicas de extração de características multimodais como os Padrões Binários Locais (LBP), um eficiente descritor para análise de textura de imagens, em conjunto com outras métricas de análise de texturas e representação de cores no espaço HSV para alimentar modelos de Aprendizado de máquina clássicos, visando superar as limitações das abordagens convencionais e garantir uma classificação robusta e confiável dos quatro principais subtipos celulares utilizados neste estudo¹.

1.2 Objetivo Geral

Utilizar modelos clássicos de aprendizado de máquina para classificação e avaliação dos diferentes subtipos de células sanguíneas em imagens microscópicas, combinando técnicas de extração de características e algoritmos de aprendizado de máquina.

1.3 Objetivos Específicos

- Implementar e avaliar diferentes combinações de técnicas para a extração de características em imagens de células sanguíneas. Essas combinações incluem o uso de **Padrões Binários Locais (LBP)** para análise de microtexturas, histogramas do espaço de cores **Matiz, Saturação e Valor (HSV)** para obtenção de informações cromáticas relevantes, e métricas de **análise de texturas** para a identificação de padrões estruturais. A investigação desta combinação de abordagens de extração de características fundamenta-se na hipótese de que a união de descritores de diferentes naturezas (microtextura, cor e padrões estruturais) pode fornecer um conjunto de atributos mais robusto e discriminativo para a classificação dos subtipos celulares, potencialmente superando abordagens que utilizam esses extratores isoladamente (Liu et al. 2017)

¹ **Células sanguíneas:**

Linfócitos: Células do sistema imunológico responsáveis pela resposta adaptativa, incluindo produção de anticorpos e destruição de células infectadas (Abbas Andrew H. Lichtman 2020).

Neutrófilos: Leucócitos que atuam como primeira linha de defesa contra infecções bacterianas, via fagocitose (Hoffman Edward J. Benz 2018).

Monócitos: Células que migram para tecidos, diferenciando-se em macrófagos para eliminar patógenos e detritos celulares (Hoffman Edward J. Benz 2018).

Eosinófilos: Associados a respostas alérgicas e parasitoses, atuando na modulação da inflamação (Kumar 2020).

- Treinar os modelos de aprendizado de máquina, considerando quais características de extração manual foram mais relevantes para classificar corretamente as células sanguíneas.
- Avaliar o desempenho dos modelos treinados em conjuntos de dados independentes utilizando métricas de precisão, recall e f1-score para analisar a capacidade de generalização.

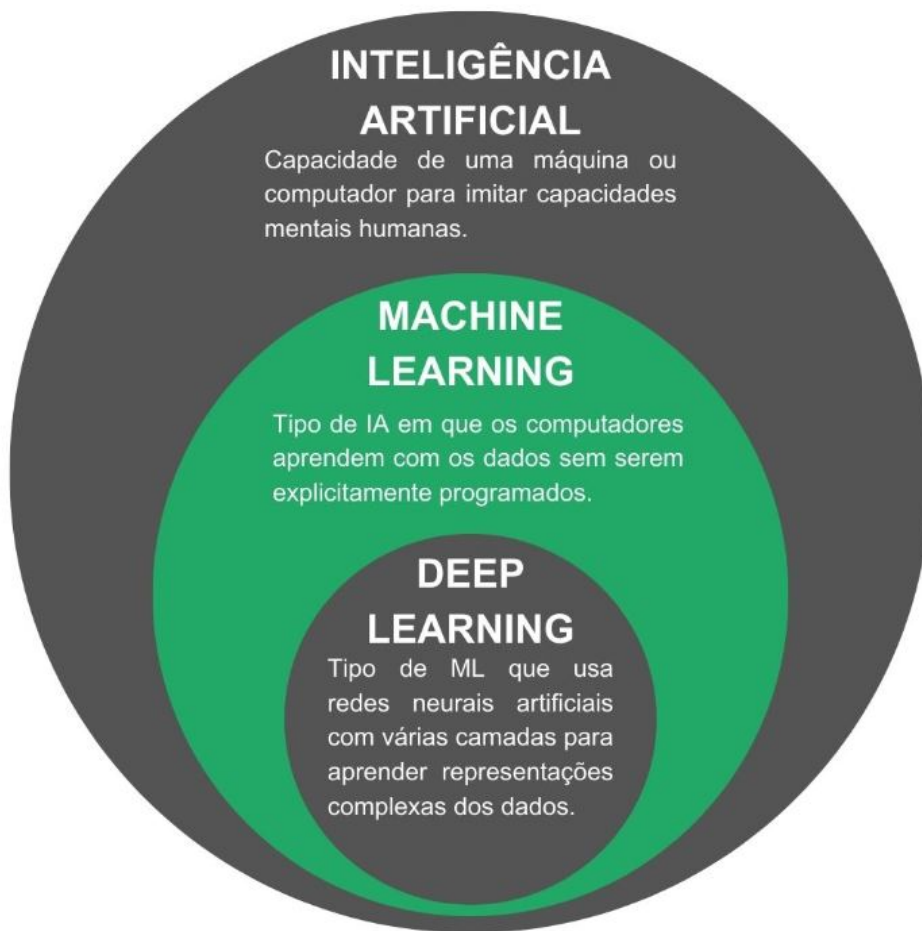
1.4 Organização do Texto

O trabalho investiga a aplicação de modelos para classificação de imagens, explorando diferentes técnicas de extração de características e sua combinação com algoritmos de aprendizado de máquina para maximizar a acurácia. O Capítulo 1 introduz o problema, seu contexto histórico e sua relevância. O Capítulo 2 apresenta uma revisão sobre métodos de extração de características, modelos de aprendizado de máquina e técnicas de pré-processamento. No Capítulo 3, detalha-se a lógica aplicada à resolução do problema, abordando adaptações necessárias. O Capítulo 4 exhibe os resultados obtidos, incluindo gráficos e métricas avaliativas. Por fim, o Capítulo 5 analisa os resultados, identifica as melhores combinações e sugere direções para trabalhos futuros.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

Neste capítulo, é realizada uma revisão da literatura sobre conceitos fundamentais de inteligência artificial, com foco em aprendizado de máquina, além de suas aplicações na classificação de imagens na área médica. Também são abordados os elementos essenciais para a compreensão e construção de um descritor de imagem, incluindo técnicas de extração de características, conforme os requisitos necessários para o desenvolvimento dos modelos de IA.

Figura 1 – Representação visual hierárquica entre os campos da Inteligência Artificial



Fonte: Adaptado de (Hossain 2024)

2.1 Inteligência Artificial

A inteligência artificial pode ser definida como um conjunto de métodos e técnicas voltados para o desenvolvimento de programas computacionais inteligentes (Russell 2016). De acordo com o mesmo autor, a inteligência computacional refere-se à capacidade dos computadores de aprender e resolver tarefas do mundo real de forma autônoma. Dentro do campo da IA, existem

diferentes abordagens de aprendizado, conforme ilustrado na Figura 13, que serão exploradas nas subseções a seguir.

2.1.1 Aprendizado de Máquina

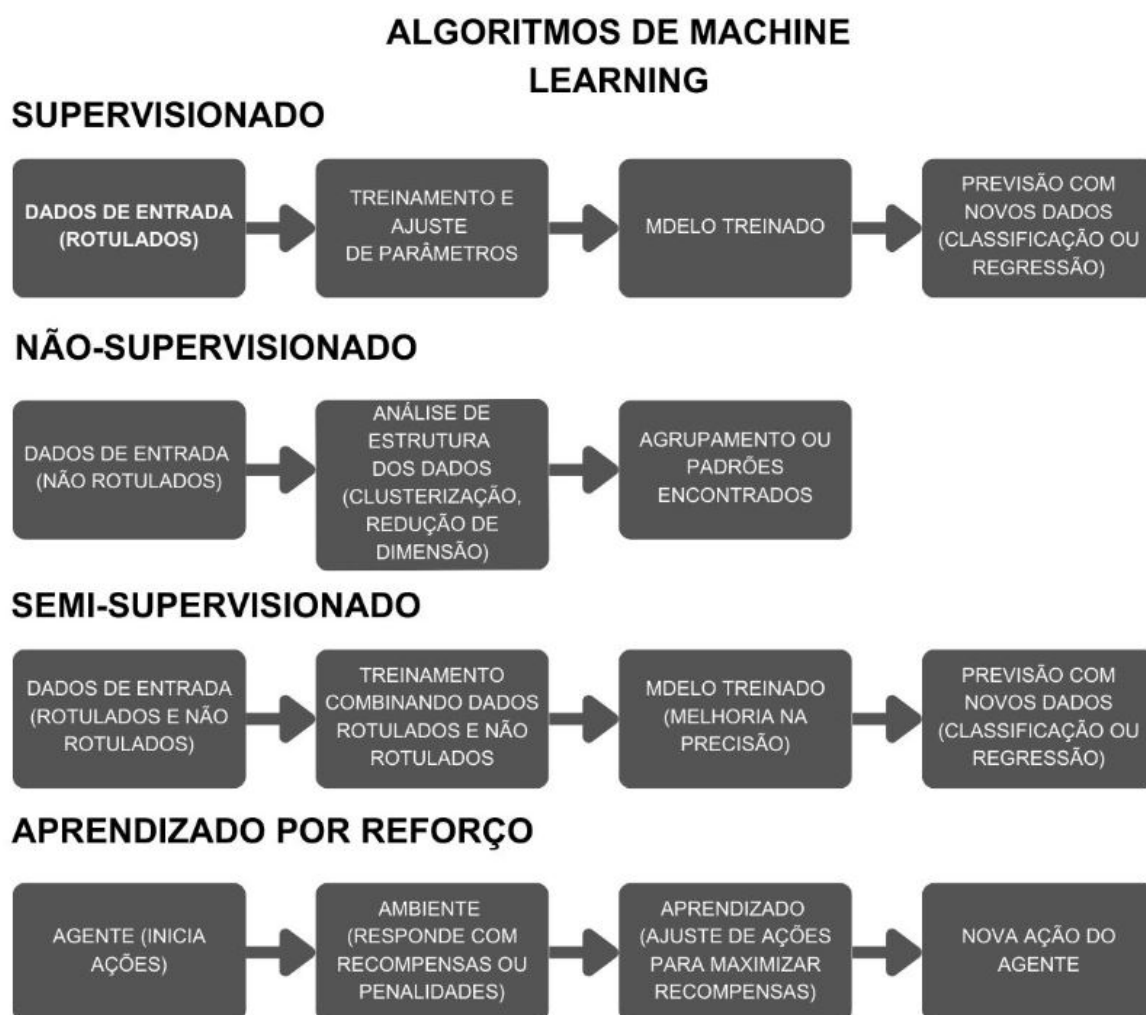
O aprendizado de máquina é um ramo da inteligência artificial focado no desenvolvimento de algoritmos e modelos inteligentes, sendo que essas técnicas permitem que as máquinas aprendam com experiências anteriores, aprimorando a execução de tarefas específicas sem a necessidade de reprogramação manual (Hossain 2024). Dessa forma, o aprendizado de máquina se torna essencial para a tomada de decisões e previsão de novos dados, pois, por meio de técnicas estatísticas e análise de dados, consegue identificar padrões e relações entre as informações. Como não existe um único modelo adequado para todas as situações, a escolha da melhor abordagem de aprendizado depende da natureza do problema. De modo geral, os algoritmos de aprendizado de máquina são classificados em quatro categorias:

- **Aprendizado supervisionado:** neste tipo de aprendizado, cada dado é rotulado com a resposta correta antes de ser usado para treinar o modelo, permitindo que ele aprenda a prever resultados para novos dados. Geralmente utilizado para problemas de regressão e classificação (Hossain 2024).
- **Aprendizado não-supervisionado:** para este tipo de aprendizado os dados não possuem nenhuma rotulação prévia, não havendo nenhum conhecimento sobre agrupamentos ou similaridades entre os dados. Porém, este tipo de algoritmo se beneficia da ausência da necessidade de rotulação manual da base de dados (Hossain 2024). Comumente utilizado em clusterização, redução de dimensionalidade e técnicas baseadas em aprendizado por associação.
- **Aprendizado semi-supervisionado:** modelos de aprendizado de máquina baseados em aprendizado semi-supervisionado combinam dados rotulados e dados não-rotulados para o treinamento. Esse paradigma busca melhorar a precisão da classificação ou regressão explorando a estrutura dos dados não-rotulados para complementar as informações fornecidas pelos exemplos rotulados (Braga-Neto 2024).
- **Aprendizado por reforço:** é um paradigma de aprendizado de máquina que se diferencia do aprendizado supervisionado e não-supervisionado. Ele trata do problema de tomada de decisão por um agente que interage continuamente com um ambiente, aprendendo a escolher ações que maximizam uma recompensa ou minimizam um custo ao longo do tempo (Braga-Neto 2024).

Para consolidar as distinções entre essas abordagens, a figura 3 apresenta um fluxograma comparativo que ilustra os quatro paradigmas de aprendizado de máquina. A figura detalha visualmente o processo de cada modelo, destacando as diferenças fundamentais, como a natureza

dos dados de entrada (rotulados, não rotulados ou uma combinação de ambos) e os objetivos específicos de cada um. Enquanto os aprendizados supervisionado e semi-supervisionado focam na construção de modelos para previsão, o não-supervisionado visa à descoberta de padrões e agrupamentos. Já o aprendizado por reforço se distingue pelo seu ciclo de interação, em que um agente aprende a tomar ações para maximizar recompensas em um ambiente.

Figura 2 – Comparação entre os paradigmas de Aprendizado de Máquina



Fonte: Autoria própria

Cada tipo de aprendizado possui suas próprias técnicas e aplicações, mas todos compartilham o princípio de que as máquinas podem aprender e aprimorar seu desempenho ao longo do tempo, tornando-se cada vez mais eficientes em tarefas específicas.

As subseções 2.1.2 a 2.1.5 introduzem conceitos importantes para uma ampla compreensão dos modelos utilizados na classificação das imagens, bem como a evidenciação de aspectos importantes para inferir as particularidades que justificam o desempenho de cada modelo no

*pipeline*¹ apresentado.

2.1.2 Máquina de Vetores de Suporte (SVM)

SVMs são algoritmos de aprendizado supervisionado amplamente utilizados para tarefas de classificação e regressão. O objetivo principal de uma SVM é encontrar um hiperplano ótimo que separe as classes de dados com a maior margem possível. A margem é definida como a distância entre o hiperplano e os pontos de dados mais próximos de cada classe, conhecidos como vetores de suporte (Braga-Neto 2024). A Figura 3 ilustra esse princípio, demonstrando o hiperplano que divide duas classes e os vetores de suporte que delimitam a margem de separação.

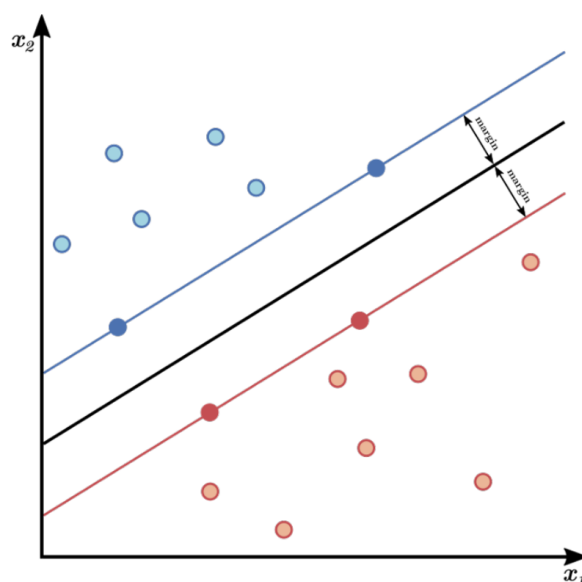
Classificação Linear

No caso de dados linearmente separáveis, a SVM busca um hiperplano que maximize a margem entre as classes. Matematicamente, o hiperplano é definido pela equação 2.1.

$$\mathbf{w} \cdot \mathbf{x} + b = 0 \quad (2.1)$$

onde \mathbf{w} é o vetor de pesos, \mathbf{x} é o vetor de características e b é o viés. A otimização envolve minimizar $\|\mathbf{w}\|^2$ sujeito às restrições de que todos os pontos de dados estejam corretamente classificados (Braga-Neto 2024).

Figura 3 – Hiperplano de separação de duas classes com vetores de suporte destacados nas cores azul e vermelho



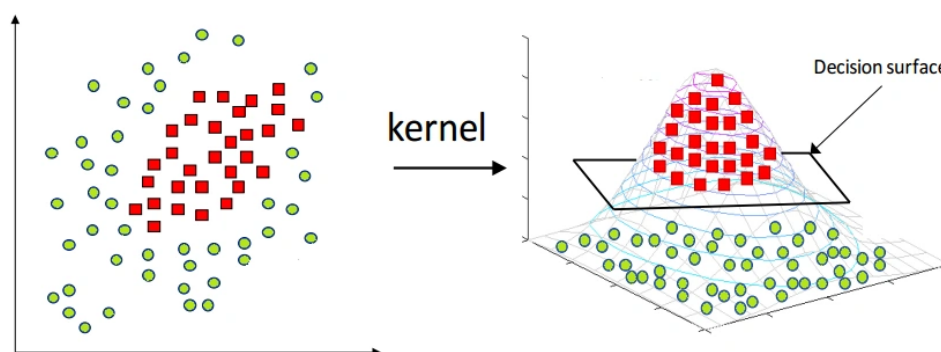
Fonte: (Braga-Neto 2024)

Classificação Não Linear

¹ Sequência estruturada de etapas computacionais para processamento de dados, envolvendo pré-processamento, extração de características, treinamento e validação de modelos.

Para dados não linearmente separáveis, as SVMs utilizam *kernels*² como o **kernel RBF (Radial Basis Function)**³, que permite capturar relações complexas nos dados. A escolha do kernel e seus parâmetros (ex: γ) é crítica para o desempenho do modelo (Szeliski 2010).

Figura 4 – Transformação de dados não linearmente separáveis em um espaço de maior dimensão, onde um hiperplano de separação pode ser aplicado



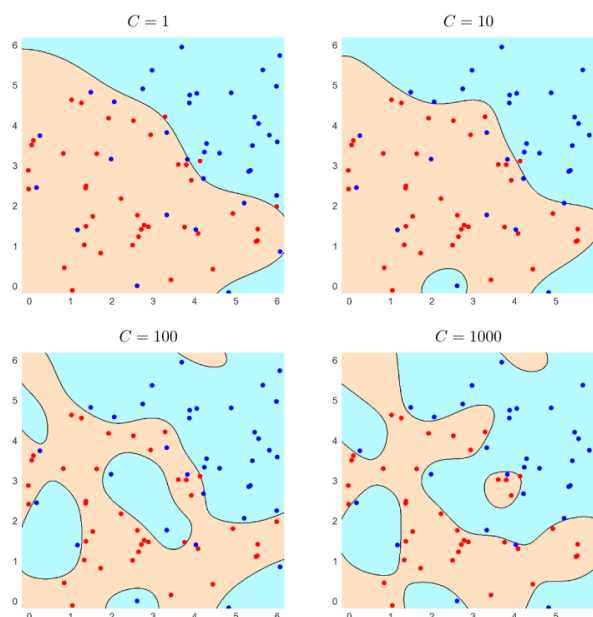
Fonte: (Braga-Neto 2024)

Em casos onde os dados não são perfeitamente separáveis, a SVM introduz variáveis de folga (*slack variables*) para permitir erros de classificação. O parâmetro de regularização C controla a penalização desses erros, equilibrando a maximização da margem e a minimização dos erros de classificação (Braga-Neto 2024).

² Funções matemáticas que mapeiam dados para um espaço de maior dimensão, onde se tornam linearmente separáveis.

³ Função de base radial, definida por $K(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) = \exp(-\gamma\|\mathbf{x}_i - \mathbf{x}_j\|^2)$, onde γ controla a sensibilidade à distância entre pontos.

Figura 5 – Diferentes hiperplanos orientados por diferentes penalizações para diferentes valores de C .



Fonte: (Braga-Neto 2024)

2.1.3 K-Nearest Neighbor (KNN)

O KNN é um método versátil e intuitivo de aprendizado supervisionado utilizado para tarefas de classificação e regressão. Ele é baseado no princípio de que objetos semelhantes tendem a pertencer à mesma classe ou ter valores semelhantes. O KNN é um algoritmo simples, mas poderoso, que não faz suposições sobre a distribuição dos dados, sendo considerado um método de aprendizado *lazy* (preguiçoso), pois não há uma fase de treinamento explícita (Braga-Neto 2024).

- **Funcionamento** O KNN utiliza o valor de k , número de vizinhos mais próximos no espaço de características⁴ para realizar a classificação dos dados. A escolha do valor de k é crucial: um valor pequeno de k pode levar a *overfitting*⁵, enquanto um valor grande pode suavizar demais as fronteiras de decisão⁶. O KNN é considerado um método de aprendizado *lazy*⁷. Técnicas como validação cruzada⁸ são frequentemente utilizadas para selecionar o valor ótimo de k (Braga-Neto 2024).

⁴ Espaço matemático onde cada dado é representado por um conjunto de atributos (features).

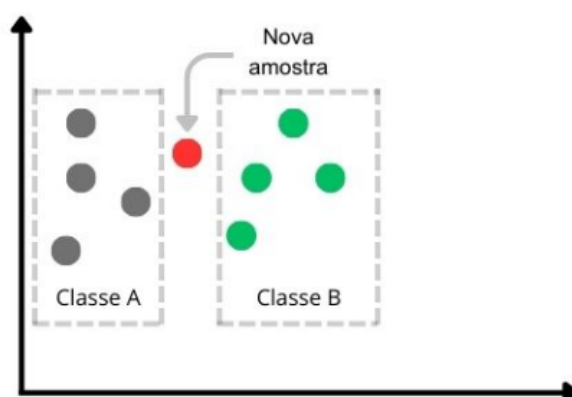
⁵ Erro de sobreajuste, quando o modelo memoriza os dados de treinamento e não generaliza bem para novos dados.

⁶ Superfícies ou limites que separam diferentes classes no espaço de características.

⁷ Algoritmo "preguiçoso" que não realiza treinamento prévio, armazenando apenas os dados de treinamento.

⁸ Técnica de avaliação que divide os dados em subconjuntos para treino e teste de forma iterativa.

Figura 6 – Classificação de uma nova amostra (ponto vermelho) utilizando o algoritmo KNN. Os pontos cinzas e verdes representam duas classes distintas do conjunto de dados.

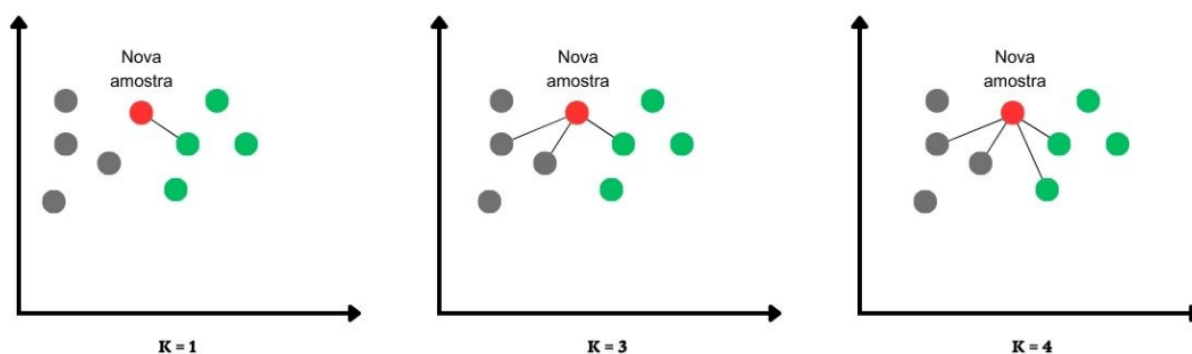


Fonte: Autoria própria

• Escolha do Valor de k

A escolha do valor de k afeta diretamente o desempenho do modelo. Um valor pequeno de k torna o modelo sensível a ruídos, enquanto um valor grande pode incluir pontos de outras classes, reduzindo a precisão. Técnicas como validação cruzada *cross-validation* são frequentemente utilizadas para selecionar o valor ótimo de k (Hastie Robert Tibshirani 2009).

Figura 7 – Influência do valor de k na classificação do KNN. O ponto vermelho representa uma **nova amostra** a ser classificada. Para $k = 1$, a classe prevista é "verde" (vizinho mais próximo); para $k = 3$, a maioria dos vizinhos é "cinza"; para $k = 4$, há empate entre classes.



Fonte: Autoria própria

2.1.4 Random Forest

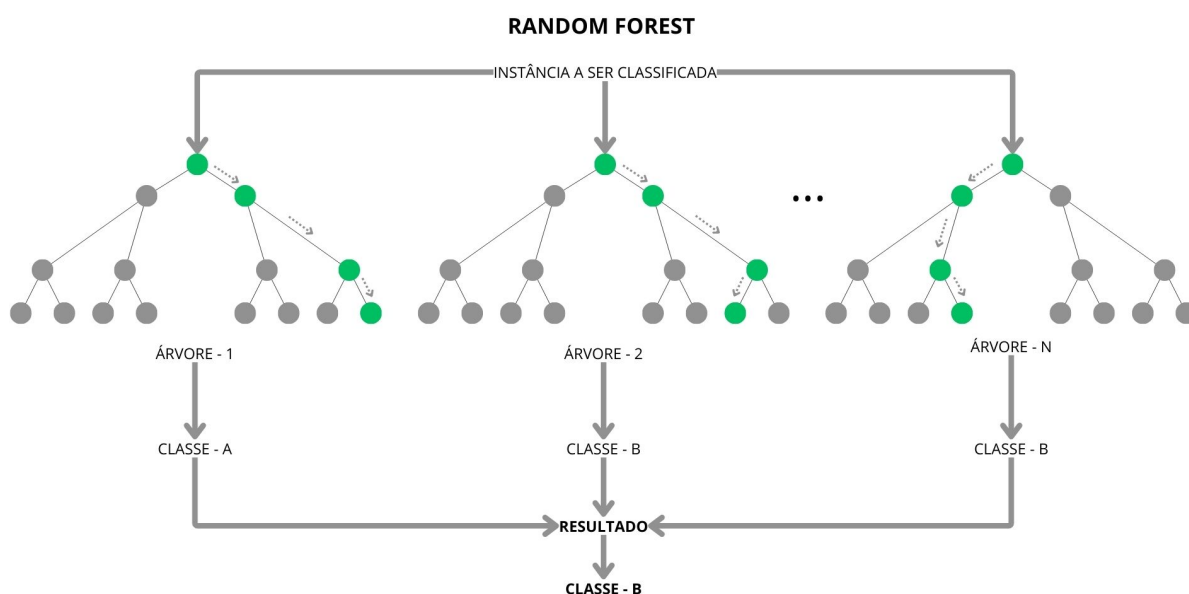
O *Random Forest* é um algoritmo de aprendizado de máquina supervisionado que pertence à família de métodos baseados em *ensembles*⁹. Ele combina múltiplas árvores de decisão para criar um modelo robusto e preciso, utilizado tanto para classificação quanto para

⁹ Grupos de modelos que combinam múltiplos algoritmos para melhorar a precisão e a robustez.

regressão. O *Random Forest* é conhecido por sua capacidade de lidar com *overfitting* e por sua alta performance em uma variedade de problemas (Breiman 2001).

- **Funcionamento:** O *Random Forest* opera construindo várias árvores de decisão durante o treinamento. Cada árvore é treinada em um subconjunto aleatório dos dados de treinamento (amostragem com reposição, conhecida como *bootstrap*¹⁰). Além disso, em cada divisão de um nó da árvore, apenas um subconjunto aleatório de *features*¹¹ é considerado. Essa abordagem aumenta a diversidade entre as árvores, melhorando a generalização do modelo (Breiman 2001).

Figura 8 – Processo de classificação para o modelo *Random Forest* a partir de múltiplas árvores de decisão



Fonte: Autoria própria

2.1.5 Multi-Layer Perceptron (MLP)

O *MLP* é um tipo de rede neural artificial utilizado para tarefas de classificação e regressão. Sua arquitetura consiste em:

- **Camada de entrada:** Recebe os dados brutos (ex: pixels de uma imagem).
- **Camadas ocultas:** Realizam transformações não lineares usando funções de ativação¹².

¹⁰ Técnica de amostragem estatística que seleciona subconjuntos dos dados com reposição, permitindo repetição de elementos.

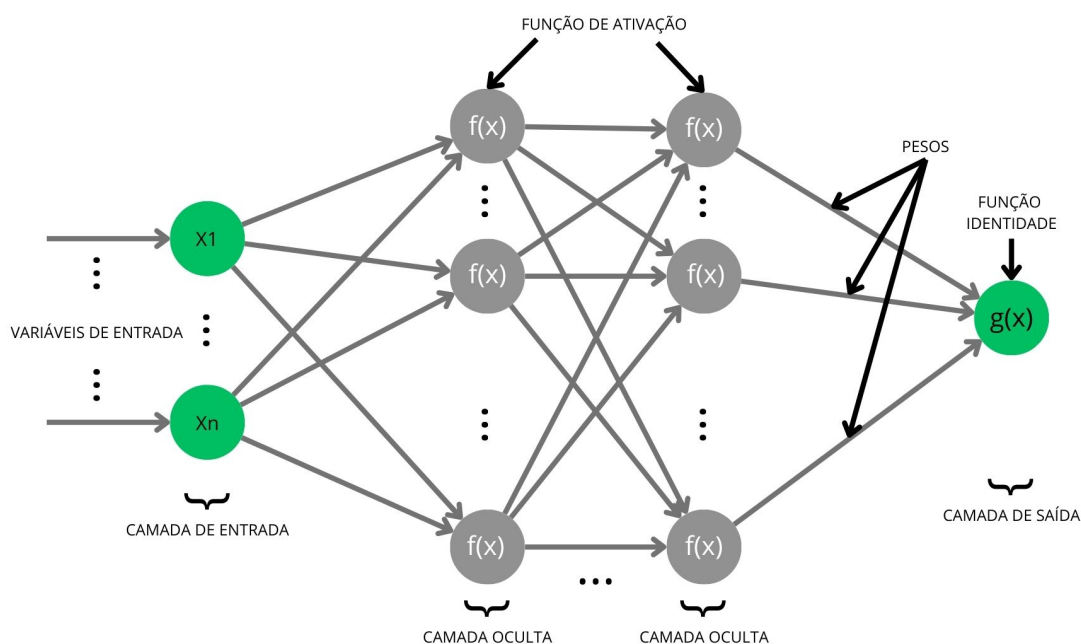
¹¹ Atributos ou variáveis utilizados para treinar o modelo.

¹² Funções que introduzem não linearidade ao modelo, como *ReLU* (*Rectified Linear Unit*) ou *sigmoide*.

- **Camada de saída:** Produz a predição final (ex: classe de uma célula sanguínea).

O treinamento do MLP envolve o algoritmo de *backpropagation*¹³, que minimiza uma função de perda¹⁴ através de otimização por gradiente descendente (Goodfellow Yoshua Bengio 2016).

Figura 9 – Arquitetura do MLP contendo as camadas de entrada, oculta e de saída.



Fonte: Autoria própria

- **Treinamento do MLP:**

O treinamento de um MLP envolve o uso do algoritmo de *backpropagation* (retropropagação), que ajusta os pesos da rede para minimizar uma função de perda (como o erro quadrático médio). O processo inclui:

Propagação para frente: Calcula a saída da rede a partir dos dados de entrada.

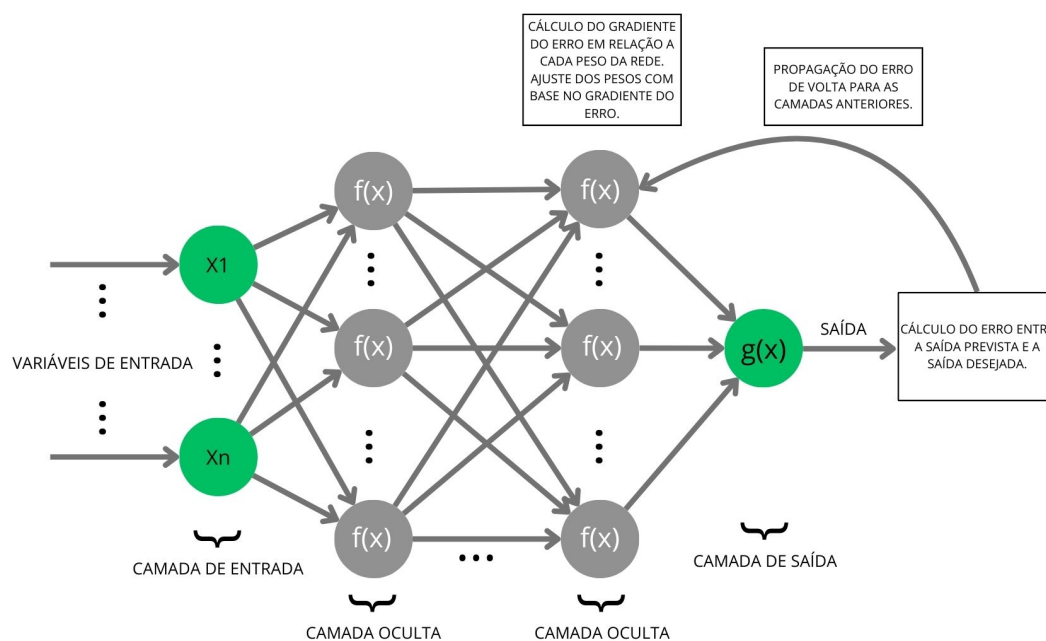
Cálculo do erro: Compara a saída prevista com o valor real.

Retropropagação (*Backpropagation*): Ajusta os pesos da rede usando o gradiente da função de perda em relação aos pesos (Braga-Neto 2024).

¹³ Método que ajusta os pesos da rede propagando o erro da saída para as camadas anteriores, usando derivadas parciais.

¹⁴ Medida do erro entre as predições e os valores reais (ex: erro quadrático médio).

Figura 10 – Processo de *backpropagation*, mostrando como o erro é propagado de volta através das camadas para ajustar os pesos.



Fonte: Autoria própria

Conforme detalhado nesta seção, o MLP utiliza *backpropagation* para ajustar seus pesos durante o treinamento. Essa abordagem, combinada com funções de ativação não lineares, permite ao modelo aprender relações complexas nos dados (Goodfellow Yoshua Bengio 2016).

2.1.6 Comportamento Ilustrativo de Algoritmos de Classificação em Cenários Distintos

Para ilustrar as características fundamentais e os comportamentos típicos dos algoritmos de classificação abordados (SVM, KNN, Random Forest e MLP), a figura 11 demonstra sua aplicação em três cenários de dados distintos. Esta análise não tem como objetivo classificar o 'desempenho' de forma absoluta, mas sim evidenciar como as diferentes abordagens intrinsecamente lidam com variações na separabilidade dos dados, não linearidades e sobreposição entre classes, o que decorre diretamente de seus respectivos mecanismos de funcionamento descritos anteriormente. O SVM com *kernel RBF* (subseção 2.1.2) demonstra maior eficiência na separação de dados não lineares (figura 11, linha 2), enquanto sua versão com kernel linear enfrenta dificuldades em cenários complexos. Essa diferença evidencia a importância da seleção adequada de *kernels* para diferentes tipos de dados. O KNN, por sua vez, se adapta bem às três entradas de dados, pois sua abordagem baseia-se na comparação entre os vizinhos mais próximos. O Random Forest também se destaca pela precisão na classificação, conseguindo segmentar cada classe de maneira detalhada. Já no caso do classificador MLP, a variação do parâmetro de regularização alfa desempenha um papel crucial na mitigação do sobreajuste, limitando o crescimento dos pesos. Um valor mais alto de alfa ajuda a reduzir a variância, resultando em

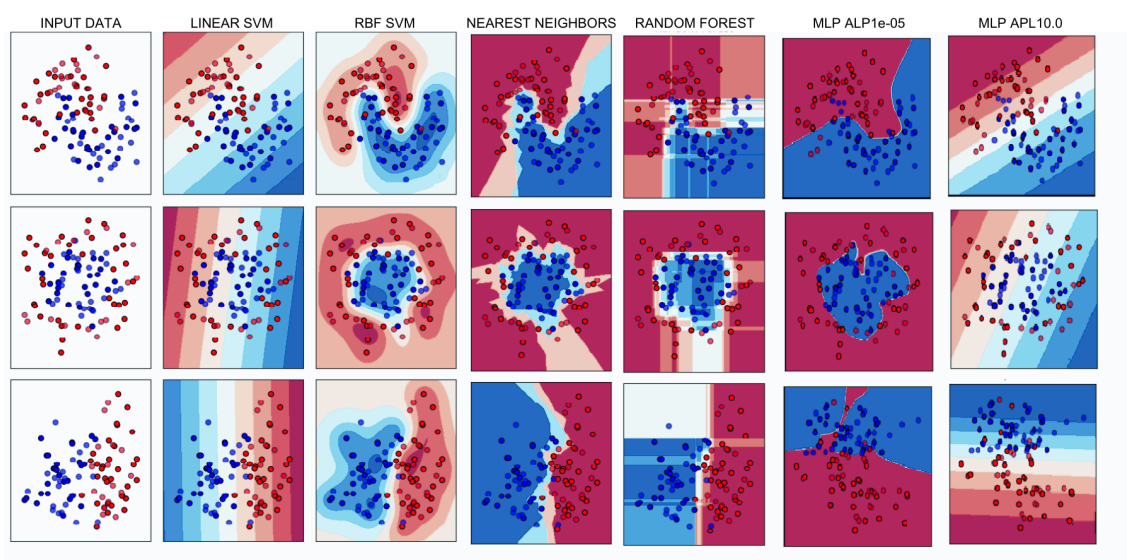
limites de decisão com menos curvaturas, enquanto valores menores podem levar a um limite de decisão mais complexo e detalhado.

A Figura 11 compara o desempenho de quatro algoritmos (SVM, KNN, Random Forest e MLP) em três cenários distintos de classificação:

- Primeira linha: Dados linearmente separáveis com ruído moderado.
- Segunda linha: Dados não linearmente separáveis (formato circular).
- Terceira linha: Dados com alta sobreposição entre classes.

As regiões coloridas representam as fronteiras de decisão, e os pontos são as amostras de treinamento.

Figura 11 – Comportamento comparativo de algoritmos de classificação em três cenários distintos. **linha 1, colunas 2 e 3** - SVM com kernel linear vs. RBF em dados linearmente separáveis. **linha 2, colunas 4 e 5** - KNN e Random Forest em dados não lineares. **linha 3, colunas 6 e 7** - MLP em dados com sobreposição.



Fonte: Adaptado de (Pedregosa G. Varoquaux 2011)

2.2 Visão Computacional

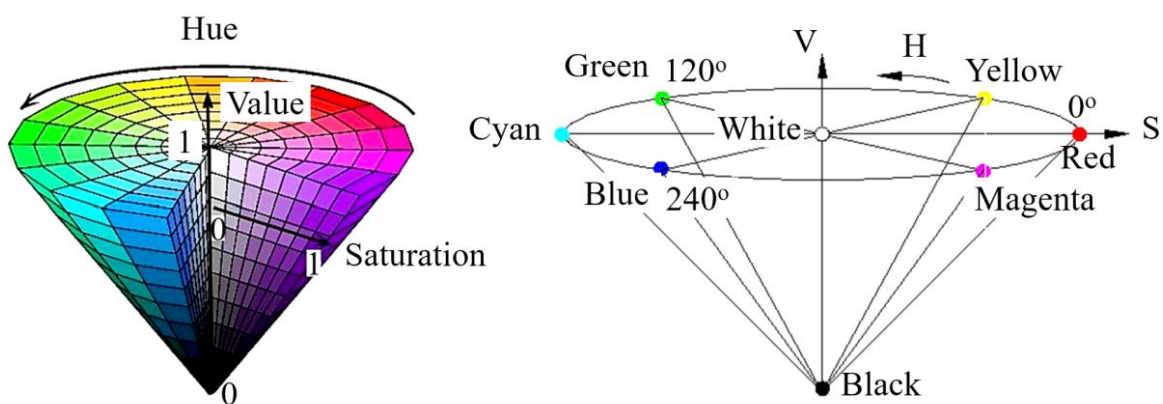
A visão computacional envolve a criação de algoritmos e técnicas matemáticas para recuperar a forma, a estrutura e as propriedades dos objetos a partir de imagens digitais. Diferente da computação gráfica, que gera imagens a partir de modelos, a visão computacional segue o caminho inverso, tentando reconstruir modelos do mundo real a partir de imagens (Szeliski 2010). Destacando que um dos maiores desafios da visão computacional é sua natureza

como um problema inverso, pois os dados visuais disponíveis (pixels em imagens) são limitados e frequentemente ambíguos. Para resolver isso, utiliza-se de abordagens baseadas em modelos físicos, estatísticos e probabilísticos para inferir a estrutura do mundo a partir dos dados visuais. Algumas das principais aplicações com visão computacional envolve a reconstrução 3D de modelos, o rastreamento de movimentos, o reconhecimento facial, a visão robótica, segmentação de imagens e reconhecimento de objetos (Szeliski 2010).

Para os computadores, as imagens são formadas por uma matriz de pequenos elementos chamados pixels, onde cada pixel armazena informações de intensidade representadas por um valor numérico, geralmente entre 0 e 255. Esse intervalo se deve ao fato de que cada cor em um pixel pode ser codificada com 8 bits (1 byte). Em imagens coloridas, cada pixel contém três valores correspondentes às cores vermelho, verde e azul (RGB). Por meio da combinação desses canais em diferentes intensidades, é possível reproduzir um amplo espectro cromático; por exemplo, quando os três valores são iguais, a imagem exibe tons de cinza, e se todos forem 255, o pixel aparece branco. Essa flexibilidade também permite selecionar e manipular individualmente cada canal de cor.

Outro sistema de representação bastante utilizado é o HSV, no qual as cores são definidas por três componentes: matiz (*Hue*), saturação (*Saturation*) e valor (*Value*). Conforme ilustrado na Figura 12, a matiz define a tonalidade da cor (representada angularmente de 0° a 360°), a saturação controla a pureza da cor (0 = tons de cinza, 1 = cores intensas) e o valor regula o brilho (0 = preto, 1 = branco). A separação entre informação cromática e intensidade luminosa torna este espaço especialmente útil para tarefas como segmentação e análise de imagens sob condições variáveis de iluminação (Szeliski 2010).

Figura 12 – Espaço HSV: Sistema de Coordenadas e Componentes de Cores. Detalhes sobre matiz, saturação e valor são discutidos na Seção 2.2.1. Fonte: (Szeliski 2010).



Fonte:(An Muhammad Riaz 2010)

Conforme detalhado na figura 12, o espaço HSV é amplamente utilizado em processa-

mento de imagens devido à sua capacidade de isolar a informação de cor (matiz) das variações de brilho, facilitando tarefas como segmentação e reconhecimento de padrões (Szeliski 2010).

2.2.1 Descritores de Imagens

Os descritores de imagens são técnicas que transformam uma imagem em um conjunto de características (ou features) que capturam informações importantes sobre a estrutura, textura, cor e forma dos objetos presentes na imagem (Szeliski 2010). A aplicação de descritores de imagem necessita de um amplo conhecimento do contexto do problema e das técnicas em si, pois a sua utilização pode ser dificultada pela presença de variabilidade de iluminação, oclusão causada pela ausência de partes da imagem original e diferenças na escala e na orientação das imagens presentes na base de dados. Os descritores podem ser baseados em diferentes aspectos da imagem, como:

- **Textura:** Essa característica descreve a distribuição de intensidades de pixels em uma determinada região da imagem;
- **Cor:** Informações sobre a distribuição de cores na imagem, como histogramas de cores ou espaços de cores (ex: RGB, HSV).
- **Forma:** Características que descrevem a geometria dos objetos, como contornos, bordas e momentos invariantes.
- **Gradientes:** Informações sobre a direção e magnitude das mudanças de intensidade na imagem.

Alguns exemplos de técnicas de extração baseada em descritores mais comumente utilizadas são o LBP, HOG (Histograma de Gradientes Orientados), espaços de cores (HSV, RGB Lab), análise de texturas e descritores baseados em forma.

2.3 Aplicações com IA na Área Médica

A IA na medicina tem revolucionado práticas clínicas, diagnósticos e pesquisas biomédicas, oferecendo soluções inovadoras para desafios históricos. Sua capacidade de processar grandes volumes de dados, identificar padrões complexos e automatizar tarefas repetitivas a torna uma ferramenta indispensável em diversas áreas da saúde. A seguir, destacam-se aplicações relevantes, com ênfase em contextos alinhados ao tema deste trabalho:

Diagnóstico por Imagem e Análise Morfológica

A IA tem se destacado na análise de imagens médicas, como radiografias, tomografias e imagens microscópicas. Algoritmos de aprendizado de máquina são amplamente utilizados para detectar anomalias em tecidos, células e órgãos. Por exemplo:

- **Detecção de câncer:** Sistemas como o *IBM Watson Health* auxiliam na identificação de tumores em mamografias e biópsias, com precisão comparável a patologistas experientes (Esteva et al. 2017).
- **Hematologia Automatizada:** Plataformas como a *Sysmex DI-60* utilizam IA para classificar células sanguíneas em hemogramas, reduzindo o tempo de análise manual e minimizando erros humanos (Sysmex 2023).
- **Oftalmologia:** O *Google DeepMind* desenvolveu um modelo para diagnosticar retinopatia diabética a partir de imagens da retina, alcançando acurácia de 94% (Gulshan et al. 2016).
- **Detecção de câncer:** Sistemas como o *IBM Watson Health* auxiliam na identificação de tumores em mamografias e biópsias, com precisão comparável a patologistas experientes (Esteva et al. 2017).

Medicina personalizada e prognóstico:

A IA permite a customização de tratamentos com base em dados genômicos, históricos clínicos e respostas terapêuticas. Por exemplo:

- **Oncologia de precisão:** Algoritmos como o *Watson for Oncology* analisam mutações genéticas para recomendar terapias direcionadas, melhorando a eficácia do tratamento (14).
- **Predição de doenças:** Modelos preditivos identificam riscos de condições como sepse ou insuficiência cardíaca, utilizando dados de prontuários eletrônicos e sinais vitais (Rajula et al. 2020).

Automação em laboratórios:

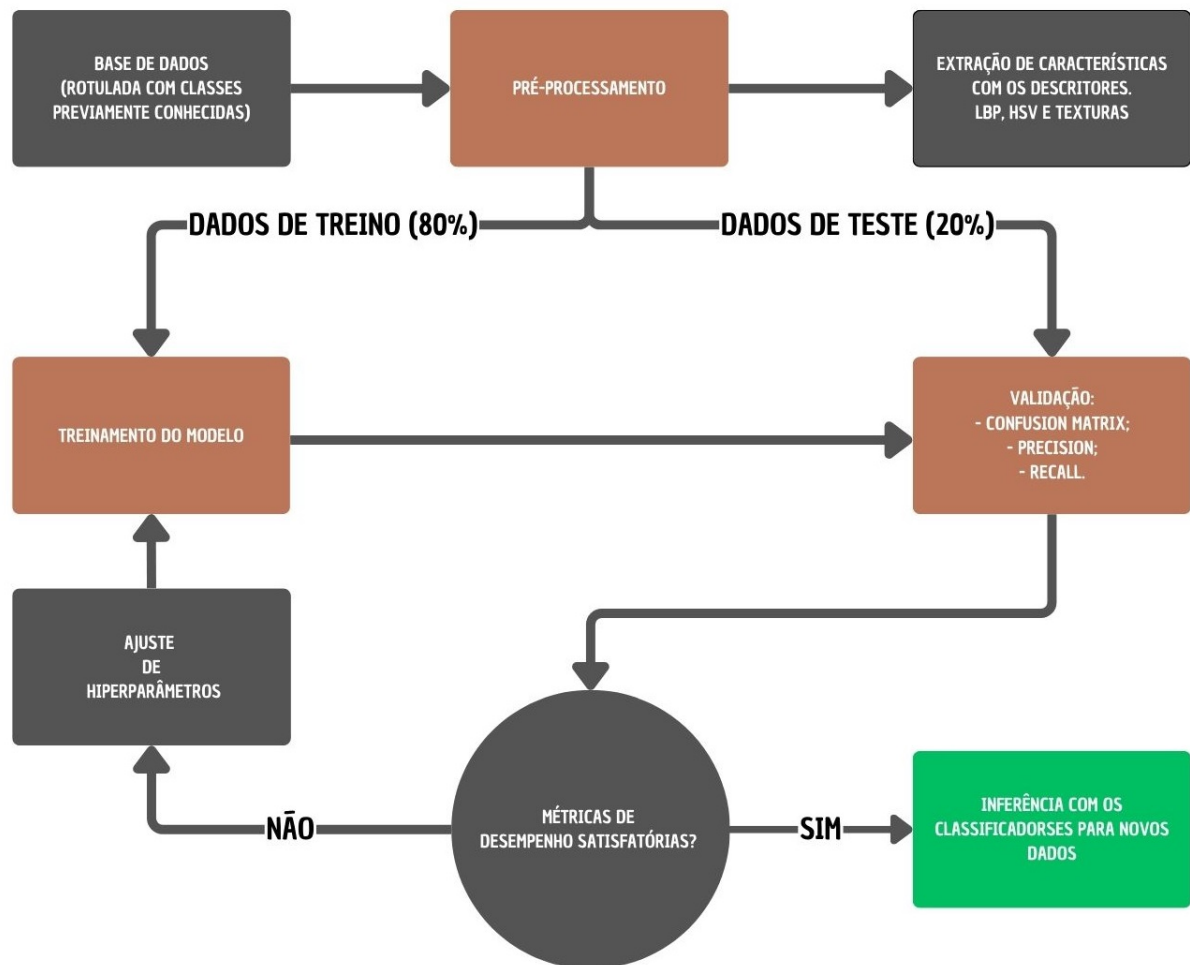
Na análise laboratorial, a IA otimiza processos como a contagem e classificação de células, tema central deste trabalho. Sistemas baseados em aprendizado de máquina são capazes de:

- **Classificar células sanguíneas:** Como demonstrado neste estudo, técnicas como LBP e HSV combinadas a algoritmos (e.g., Random Forest) permitem distinguir subtipos celulares (linfócitos, neutrófilos) com acurácia superior a 99% (Tabela 26).
- **Detectar parasitas em sangue:** Modelos como o *Automatic Malaria Detection* identificam plasmódios em esfregaços sanguíneos, acelerando diagnósticos em regiões endêmicas (Dong 2021).

3 METODOLOGIA

No Capítulo 2, foram apresentados os conceitos fundamentais para a construção de um descritor de imagem, bem como os algoritmos de inteligência artificial utilizados na classificação de quatro subtipos de células sanguíneas. Nas próximas seções deste capítulo, são detalhados os requisitos e os algoritmos de IA necessários para a construção dos classificadores.

Figura 13 – *pipeline* de execução dos modelos de classificação do projeto - Fonte: O autor



A Figura 13 ilustra o pipeline metodológico completo desenvolvido neste trabalho para a classificação dos subtipos de células sanguíneas, abrangendo desde o carregamento e preparação dos dados até a inferência com os modelos de aprendizado de máquina treinados. A definição das etapas de pré-processamento e extração de características, que são cruciais para o subsequente desempenho dos classificadores, foi estabelecida com base nos seguintes fundamentos, visando capturar de forma eficaz as distintas propriedades morfológicas e cromáticas das células:

A primeira etapa do pré-processamento consiste na conversão das imagens do formato

RGB (Vermelho, Verde e Azul) para o espaço de cores HSV (Matiz, Saturação e Valor). Esta transformação é preferível em muitas tarefas de análise de imagem porque o espaço HSV desacopla a informação de cromaticidade (Matiz e Saturação) da informação de intensidade luminosa (Valor). Tal característica torna os descritores de cor mais robustos a variações de iluminação, um desafio comum em imagens microscópicas, e facilita a análise das nuances de cor introduzidas pelos corantes celulares. Para a extração de características de cor, foram empregados histogramas dos três canais (H, S e V) do espaço HSV.

Posteriormente, para a construção do vetor de características de cada imagem, optou-se por uma abordagem multimodal que combina três tipos de descritores:

- **Padrões Binários Locais (LBP):** Selecionados devido à sua alta capacidade de discriminação de microtexturas e padrões locais detalhados, como os encontrados no núcleo e no citoplasma das células, além de sua invariância a alterações monotônicas na iluminação.
- **Características do espaço de cores HSV:** Como mencionado, histogramas baseados nos componentes HSV foram utilizados para quantificar a distribuição das cores, que é uma informação fundamental para a distinção entre os tipos celulares, dada a sua resposta diferencial aos processos de coloração.
- **Análise de Textura (baseada em GLCM):** Métricas de textura mais globais, como contraste, energia, homogeneidade e correlação, derivadas da Matriz de Co-ocorrência de Níveis de Cinza (GLCM), foram incorporadas para caracterizar as propriedades estruturais e as relações espaciais entre os pixels em regiões celulares, complementando assim a análise de microtextura fornecida pelo LBP.

A hipótese que norteia a escolha por esta combinação é que a fusão de características de diferentes naturezas – cor, microtextura e macrotextura – provê um conjunto de atributos mais completo, robusto e discriminativo. Espera-se que esta riqueza de informações permita aos modelos de aprendizado de máquina uma melhor capacidade de generalização e uma classificação mais precisa dos subtipos celulares.

Para a implementação dos classificadores (Random Forest, SVM, KNN e MLP) e dos processos de treinamento e validação, foi utilizada a biblioteca *scikit-learn* do Python, operando sob o paradigma de aprendizado supervisionado, conforme será detalhado nas seções subsequentes. Para a presente análise comparativa, foram selecionados os seguintes modelos de aprendizado de máquina: Máquina de Vetores de Suporte (SVM), K-Vizinhos Mais Próximos (KNN), Random Forest (RF) e Perceptron de Múltiplas Camadas (MLP). A escolha destes algoritmos específicos foi fundamentada em uma combinação de fatores, incluindo:

- **Diversidade de Paradigmas de Aprendizagem:** Os modelos representam um espectro variado de abordagens de classificação. O SVM é um classificador linear que busca uma

hiperplano ótimo de separação, podendo ser estendido para casos não lineares através de funções de kernel (como o RBF, Função de Base Radial). O KNN é um algoritmo baseado em instâncias, não paramétrico, que classifica novos dados com base na maioria dos seus vizinhos mais próximos no espaço de características. O Random Forest é um método de conjunto (*ensemble*) que constrói múltiplas árvores de decisão para melhorar a precisão e controlar o sobreajuste (*overfitting*). Finalmente, o MLP é uma arquitetura de rede neural artificial capaz de aprender relações não lineares complexas entre as entradas e saídas por meio de camadas de neurônios interconectados e treinamento via retropropagação (*backpropagation*). Esta diversidade permite uma avaliação mais abrangente sobre qual tipo de modelo se adequa melhor ao problema da classificação de células sanguíneas utilizando o conjunto de características proposto.

- **Consolidação e Desempenho na Literatura:** Trata-se de algoritmos bem estabelecidos e amplamente utilizados em tarefas de classificação em diversas áreas do conhecimento, incluindo a análise de imagens biomédicas e, especificamente, a classificação de células. Muitos estudos reportam o uso bem-sucedido dessas técnicas ou de técnicas correlatas para problemas similares, o que os qualifica como candidatos robustos para este trabalho comparativo.
- **Disponibilidade e Reprodutibilidade:** Todos os modelos selecionados são implementados de forma eficiente e estão disponíveis na biblioteca *scikit-learn* para Python, o que facilita a implementação, o ajuste de hiperparâmetros de forma padronizada e a comparabilidade dos resultados obtidos.
- **Capacidade de Modelar Diferentes Complexidades:** Dada a natureza das características extraídas (cor, texturas locais e globais) e a possível complexidade na separação das classes de células sanguíneas, os modelos foram escolhidos também por suas diferentes capacidades de modelar fronteiras de decisão lineares e não lineares, bem como sua sensibilidade a diferentes aspectos dos dados.

3.1 Estudo de caso: Classificação de Células Sanguíneas.

A classificação manual de células sanguíneas é um processo realizado por especialistas, como hematologistas, que analisam imagens microscópicas e identificam os diferentes tipos celulares com base em suas características morfológicas. O procedimento padrão para a classificação manual de células sanguíneas, amplamente adotado em laboratórios de hematologia (Hoffman et al. 2018), geralmente compreende as seguintes etapas:

Classificação Manual de Células Sanguíneas

- **Preparação da amostra:** A amostra de sangue é coletada e preparada em uma lâmina para observação ao microscópio.

- **Coloração:** A amostra é tingida com corantes específicos, como Wright-Giemsa, para destacar as estruturas celulares.
- **Observação microscópica:** O especialista examina a lâmina em diferentes ampliações para visualizar os detalhes das células. **Identificação de características:** São analisadas propriedades como tamanho, forma, coloração do citoplasma e núcleo, presença de grânulos e outras características morfológicas.
- **Classificação celular:** Com base nas características observadas, as células são categorizadas nos respectivos subtipos.
- **Registro e análise dos dados:** Os resultados da classificação são anotados e podem ser usados para diagnóstico clínico.

Embora a classificação manual seja altamente precisa quando realizada por especialistas experientes, ela apresenta desvantagens, como o alto tempo de processamento, variabilidade interobservador e dependência de conhecimento especializado.

Importância do Algoritmo Classificador

A utilização de algoritmos de inteligência artificial para a classificação de células sanguíneas traz diversas vantagens:

- **Redução de erro humano:** Minimiza a subjetividade e a variabilidade na classificação.
- **Velocidade e escalabilidade:** Processa grandes quantidades de imagens rapidamente.
- **Automação do diagnóstico:** Auxilia profissionais de saúde, tornando o processo mais eficiente.
- **Reprodutibilidade:** Garante resultados consistentes e padronizados.

No contexto da classificação de células, os classificadores de IA desempenham um papel fundamental, permitindo uma classificação precisa e eficiente ([Sysmex 2023](#)).

3.2 Base de dados

A base de dados utilizada neste trabalho é voltada para a classificação de imagens de células sanguíneas, disponível publicamente na plataforma online Kaggle ([Mooney 2018](#)). Ela contém imagens de quatro subtipos de células sanguíneas (eosinófilos, linfócitos, monócitos e neutrófilos).

A Figura 14 (página 38) exhibe exemplos visuais de cada um destes quatro subtipos celulares: Eosinófilos (A), Linfócitos (B), Monócitos (C) e Neutrófilos (D), tal como se apresentam no conjunto de dados utilizado, permitindo uma observação inicial de suas características morfológicas distintas.

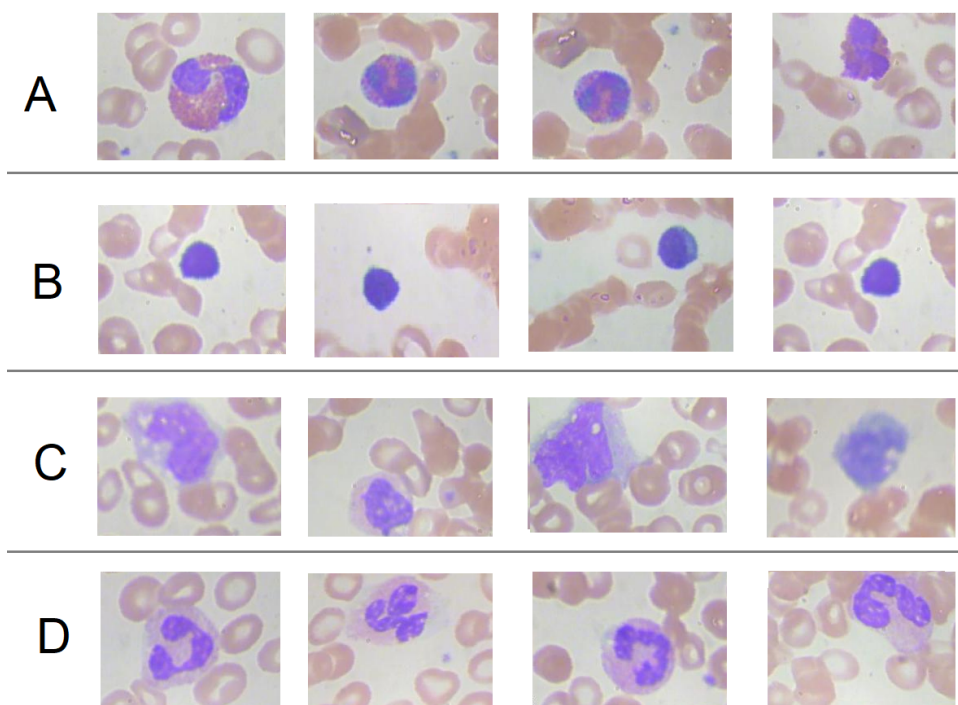
Essas células são componentes críticos do sistema imunológico, e sua identificação precisa é essencial para o diagnóstico de diversas condições médicas, como infecções, alergias e doenças autoimunes (Thakur 2023).

Originalmente a base tem 410 imagens, todas em formato "JPEG" com os devidos rótulos de identificação do tipo de célula, essas amostras foram obtidas de sangue periférico e são amplamente utilizadas para treinar modelos de classificação em hematologia (Thakur 2023).

Para ampliar a robustez dos modelos de classificação, a base foi significativamente expandida para 12515 imagens por meio de técnicas de aumento de dados (*data augmentation*). Este processo envolveu a aplicação de transformações como rotações, espelhamento, zoom e variações de brilho e contraste nas imagens originais. Ao gerar versões modificadas das amostras existentes, foi possível aumentar a diversidade do conjunto de dados, permitindo que os modelos aprendam a reconhecer as células sanguíneas em diferentes condições e variações. Essa estratégia é crucial para evitar o sobreajuste (*overfitting*) e melhorar a capacidade de generalização dos modelos, garantindo que eles possam classificar com precisão novas imagens de células sanguíneas não vistas durante o treinamento.

As transformações específicas (rotações, espelhamento, zoom, variações de brilho e contraste) e seus respectivos parâmetros foram escolhidos por representarem variações plausíveis encontradas na aquisição de imagens microscópicas e por preservarem as características morfológicas essenciais para a distinção dos tipos celulares. A eficácia do aumento de dados para otimizar o treinamento de modelos em cenários com dados limitados, como na classificação de imagens de células sanguíneas, é uma prática amplamente validada na literatura especializada (Asghar Sanjay Kumar 2023).

Figura 14 – Base de dados: A) Eosinófilos; B) Linfócitos; C) Monócitos; D) Neutrófilos.



Estrutura da base de dados

A base de dados é balanceada, garantindo que cada classe tenha a mesma representatividade, o que é fundamental para evitar viés no treinamento dos modelos. A distribuição é detalhada na tabela 1.

Tabela 1 – Distribuição balanceada das classes de células sanguíneas.

Subtipo de Célula	Quantidade
Eosinófilos	3133
Linfócitos	3109
Monócitos	3102
Neutrófilos	3171

Fonte: Autoria própria.

Divisão dos dados: A base foi dividida em três conjuntos principais para garantir a validação robusta dos modelos:

- Treinamento: 80% das imagens de cada classe.
- Validação: 10% das imagens de cada classe.
- Teste: 10% das imagens de cada classe.

Esta proporção de 80% para treinamento, 10% para validação e 10% para teste é uma prática comum em projetos de aprendizado de máquina e foi adotada neste trabalho por diversos motivos. Primeiramente, destinar 80% dos dados para o treinamento visa fornecer aos modelos uma quantidade substancial de exemplos para um aprendizado eficaz dos padrões complexos inerentes às diferentes classes de células sanguíneas. Os conjuntos de validação e teste, cada um com 10% dos dados, foram dimensionados para serem suficientemente representativos para, respectivamente, permitir um ajuste confiável de hiperparâmetros e uma avaliação final da capacidade de generalização dos modelos em dados completamente novos e não vistos durante o treinamento. Considerou-se que esta divisão proporciona um equilíbrio adequado entre as necessidades de dados para treinamento robusto e para uma avaliação fidedigna do desempenho, sendo apropriada para o tamanho total do conjunto de dados disponível (12.515 imagens após aumento de dados), garantindo que cada subconjunto contenha um número significativo de amostras de cada uma das quatro classes celulares.

Pré-processamento e aumento de dados (*Data augmentation*):

A de expansão do conjunto de dados original de 410 imagens para aproximadamente 12.500 imagens por meio de aumento de dados (*Data Augmentation*) é uma estratégia que visa enriquecer significativamente a diversidade dos dados de treinamento. Esta prática expõe os modelos a uma gama maior de variações, o que é fundamental para melhorar a sua capacidade de generalização e reduzir o sobreajuste, especialmente considerando a limitada quantidade de amostras originais. A extensão do aumento busca um equilíbrio entre um volume de dados enriquecido e a manutenção da representatividade das características celulares originais.

Para melhorar a generalização do modelo, as seguintes técnicas de aumento de dados foram aplicadas ao conjunto de treinamento. Os parâmetros específicos para cada transformação foram definidos com o intuito de introduzir variações realistas, que podem ocorrer durante a aquisição e preparação de imagens microscópicas, sem, contudo, descaracterizar os atributos morfológicos essenciais para a identificação de cada tipo celular. Os critérios para a escolha dos limites de cada parâmetro buscaram um equilíbrio entre gerar diversidade e manter a fidelidade biológica das amostras, conforme detalhado:

- **Rotação aleatória:** Ângulos limitados a ± 20 graus , pois rotações maiores poderiam dificultar a identificação de características dependentes da orientação usual da célula na lâmina, embora esta faixa ainda simule variações comuns de posicionamento.
- **Inversão horizontal e vertical:** Aplicadas por serem transformações que frequentemente preservam as características de interesse em objetos biológicos e podem ajudar o modelo a aprender invariâncias .
- **Zoom aleatório:** Variações de até 15% foram utilizadas para simular pequenas diferenças na magnificação ou na distância focal, mantendo a célula centralizada e suas principais estruturas visíveis.

- **Ajustes de brilho e contraste:** Alterações de até $\pm 10\%$ foram introduzidas para que o modelo se tornasse mais robusto a pequenas variações de iluminação ou de intensidade de coloração, comuns entre diferentes amostras ou capturas.
- **Deslocamento (shift):** Pequenos deslocamentos de até 10% da dimensão da imagem foram aplicados para que o modelo não dependesse excessivamente da centralização perfeita do objeto de interesse.

Essas transformações foram implementadas anteriormente à disponibilização da base usando bibliotecas como TensorFlow/Keras ImageDataGenerator, gerando imagens sintéticas que preservam as características biológicas das células .

3.3 Seleção de Características de Imagens Aplicando Técnicas de Visão Computacional

Nas subseções a seguir, serão apresentados os métodos de seleção de características das imagens para a construção de descritores, que posteriormente foram utilizados no desenvolvimento do modelo classificador.

3.3.1 LBP (Local Binary Patterns):

O LBP é uma técnica simples e eficiente para descrever a textura local de uma imagem. O LBP funciona comparando a intensidade de cada pixel com a de seus vizinhos, gerando um código binário que representa o padrão local de textura (Ojala Matti Pietikäinen 2002). O processo básico do LBP envolve os seguintes passos:

1. Para cada pixel da imagem, compara-se sua intensidade com a de seus oito vizinhos.
2. Se a intensidade do vizinho for maior ou igual ao pixel central, atribui-se o valor 1; caso contrário, atribui-se 0.
3. O código binário resultante é convertido para um valor decimal, que representa o padrão de textura local.

O LBP é amplamente utilizado em aplicações de reconhecimento facial, classificação de texturas e análises médicas, como a classificação de células sanguíneas (Ojala Matti Pietikäinen 2002).

3.3.2 Histogramas HSV

O espaço de cores HSV é uma representação alternativa ao espaço de cores RGB, que descreve as cores em termos de matiz (Hue), saturação (Saturation) e valor (Value). Essa representação é particularmente útil em tarefas de visão computacional, pois separa a informação de cor (matiz) da intensidade luminosa (valor), o que facilita a análise de imagens em condições de iluminação variável (Szeliski 2010).

1. **Matiz (H):** Representa a cor propriamente dita, variando de 0° a 360° , onde cada ângulo corresponde a uma cor diferente;
2. **Saturação (S):** Indica a pureza da cor, variando de 0 (tons de cinza) a 1 (cores totalmente saturadas);
3. **Valor (V):** Representa o brilho da cor, variando de 0 (preto) a 1 (branco).

3.3.3 Análise de Texturas:

A análise de texturas é uma técnica que descreve a distribuição espacial de intensidades de pixels em uma imagem. Uma das abordagens mais comuns para análise de textura é a Matriz de Co-ocorrência de Níveis de Cinza (GLCM), que mede a frequência com que pares de pixels com valores específicos aparecem em uma determinada orientação e distância (Haralick K. Shanmugam 1973). A partir da GLCM, é possível extrair métricas como:

1. **Contraste:** Representa a cor propriamente dita, variando de 0° a 360° , onde cada ângulo corresponde a uma cor diferente.
2. **Energia:** Indica a uniformidade da textura.
3. **Homogeneidade:** Mede a proximidade da distribuição de elementos na GLCM em relação à diagonal.
4. **Correlação:** Avalia a dependência linear entre os pixels.

Essas métricas são utilizadas em aplicações de classificação de imagens, como a identificação de tecidos biológicos ou a análise de superfícies (Haralick K. Shanmugam 1973).

3.4 Classificação com os Modelos de IA

Nesta seção, são apresentados os primeiros passos para a construção do modelo de inteligência artificial voltado à classificação de células sanguíneas. Inicialmente, descreve-se o processo de extração dos descritores de imagem. Em seguida, esses vetores alimentam os algoritmos de aprendizado de máquina, incluindo modelos que são treinados e validados para identificar e diferenciar os subtipos celulares. Por fim, são estabelecidas as métricas de avaliação (Precisão, Recall e F1-Score) para mensurar o desempenho dos classificadores, garantindo uma análise comparativa entre os métodos adotados. Essa abordagem permite a criação de um *pipeline* integrado, desde o pré-processamento e extração de características até a classificação final e a validação dos resultados.

3.4.1 Métricas de Avaliação dos Algoritmos de IA

O procedimento é composto por três etapas principais: (i) carregar a imagem na memória; (ii) extrair o vetor de características da imagem; e (iii) classificar a imagem. Essas etapas são executadas repetidamente ao longo do processo. Para comparar o desempenho dos classificadores dos modelos de aprendizado de máquina, foram utilizadas três métricas padrão de avaliação: Precisão, *Recall* e *F1-Score*. Esses parâmetros analisam os seguintes aspectos do algoritmo:

- A Precisão indica a proporção de amostras classificadas como positivas que realmente pertencem à classe positiva. Em outras palavras, mede o desempenho do modelo na identificação correta dos verdadeiros positivos TP . Sua formulação matemática é dada pela seguinte equação: 3.1

$$Precisão = \frac{TP}{TP + FP} \quad (3.1)$$

- O *Recall*: mede a capacidade do sistema de identificar corretamente todas as amostras positivas dentro do conjunto de dados. É representado pela equação 3.2, onde FN corresponde ao número de falsos negativos.

$$Recall = \frac{TP}{TP + FN} \quad (3.2)$$

- *F1-score*: é calculado como a média harmônica ponderada entre a Precisão e o Recall, sendo representado pela equação 3.3.

$$F1 - Score = 2 \times \frac{Precisão \times Recall}{Precisão + Recall} \quad (3.3)$$

- A *Acurácia*: representa a proporção geral de previsões corretas (Verdadeiros Positivos e Verdadeiros Negativos) em relação ao total de amostras. É a métrica mais direta para avaliar o desempenho global do classificador, conforme a equação 3.4.

$$Acurácia = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN} \quad (3.4)$$

A métrica de avaliação final para o conjunto de teste é a matriz de confusão, que fornece uma visão detalhada do desempenho do modelo ao exibir a distribuição de acertos e erros após o treinamento. Essa matriz é uma tabela que compara os valores previstos pelo modelo com os valores reais, permitindo identificar a quantidade de verdadeiros positivos (TP), falsos positivos (FP), verdadeiros negativos (TN) e falsos negativos (FN).

A matriz de confusão é especialmente útil para avaliar modelos de classificação, pois ajuda a entender não apenas a acurácia global, mas também a taxa de erros em cada classe. Com base nesses valores, métricas como Precisão, Recall e F1-Score, Acurácia podem ser calculadas para fornecer uma análise mais completa do desempenho do classificador.

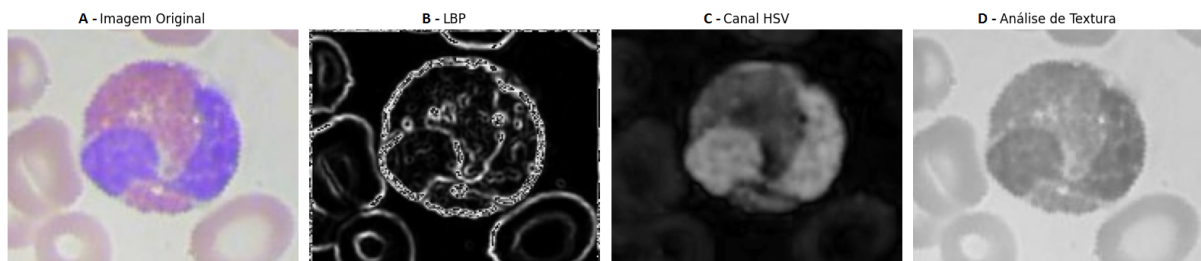
4 RESULTADOS

Este capítulo apresenta os resultados obtidos a partir da aplicação dos métodos propostos ao longo do trabalho. Além disso, descreve o conjunto experimental utilizado para a avaliação, demonstrando o desempenho do algoritmo desenvolvido para a classificação.

4.1 Extração de Características

A Figura 15 apresenta diferentes técnicas de extração de características aplicadas a uma célula. A imagem 15A exibe a célula em seu formato original. A imagem 15B demonstra o resultado da aplicação do LBP, que realça os padrões locais de intensidade. A imagem 15C mostra um canal da imagem no espaço de cores HSV, que facilita a segmentação. Por fim, a imagem 15D representa a análise de textura em tons de cinza, usada para identificar padrões estruturais relevantes. Essas transformações foram fundamentais para aprimorar a detecção e classificação da célula, podendo ser amplamente utilizadas em análises biomédicas e visão computacional.

Figura 15 – Ilustração do Comportamento das Técnicas de Extração de Características Propostas.



Fonte: Autoria própria

Tabela 2 – Combinações de técnicas de extração de características utilizadas nos experimentos.

Combinação	LBP	HSV	Textura
A	✓	✗	✗
B	✗	✓	✗
C	✗	✗	✓
D	✓	✓	✗
E	✓	✗	✓
F	✗	✓	✓
G	✓	✓	✓

Fonte: Autoria própria.

Nota: Embora todas as combinações listadas tenham sido geradas, apenas as três melhores por modelo, conforme a acurácia de validação, foram selecionadas para análise detalhada nas seções de resultados e testes.

As combinações de técnicas de extração manual de características foram testadas para avaliar seu impacto no desempenho dos modelos. Cada linha da tabela 2 representa uma configuração distinta quanto a utilização ou não utilização dessas características. Por exemplo, a **Combinação A** usa apenas LBP, enquanto a **Combinação G** integra todas as técnicas.

Nas próximas seções, são apresentados os resultados dos classificadores treinados com base nas combinações de extração manual de características listadas na tabela 2.

4.2 Treino e Validação dos Algoritmos

Nesta seção, são detalhados os resultados obtidos durante as fases de treinamento e validação dos modelos de aprendizado de máquina propostos. Conforme a estratégia de divisão de dados em 80/10/10 explicitada na Seção 3.2 (página 38), o conjunto de treinamento (80% das imagens de cada classe) foi utilizado para o aprendizado dos modelos, enquanto o conjunto de validação (10% das imagens de cada classe) serviu para a avaliação do desempenho.

Para fins de análise mais objetiva e focada, foram selecionadas apenas as três melhores combinações de técnicas de extração de características para cada modelo, com base na acurácia de validação. As tabelas a seguir apresentam esses resultados para os classificadores SVM, KNN, Random Forest e MLP.

Tabela 3 – Top-3 combinações de características para o SVM.

Combinação	Acurácia Treino (%)	Acurácia Validação (%)
A	100.0	77.1
F	100.0	56.9
B	100.0	56.7

Fonte: Autoria própria.

Tabela 4 – Top-3 combinações de características para o KNN.

Combinação	Acurácia Treino (%)	Acurácia Validação (%)
D	99.9	99.4
G	99.9	99.0
B	99.9	97.3

Fonte: Autoria própria.

Tabela 5 – Top-3 combinações de características para o Random Forest.

Combinação	Acurácia Treino (%)	Acurácia Validação (%)
G	99.9	99.4
D	99.9	99.3
B	99.9	98.8

Fonte: Autoria própria.

Tabela 6 – Top-3 combinações de características para o MLP.

Combinação	Acurácia Treino (%)	Acurácia Validação (%)
G	99.9	99.0
D	99.9	99.4
B	99.9	98.7

Fonte: Autoria própria.

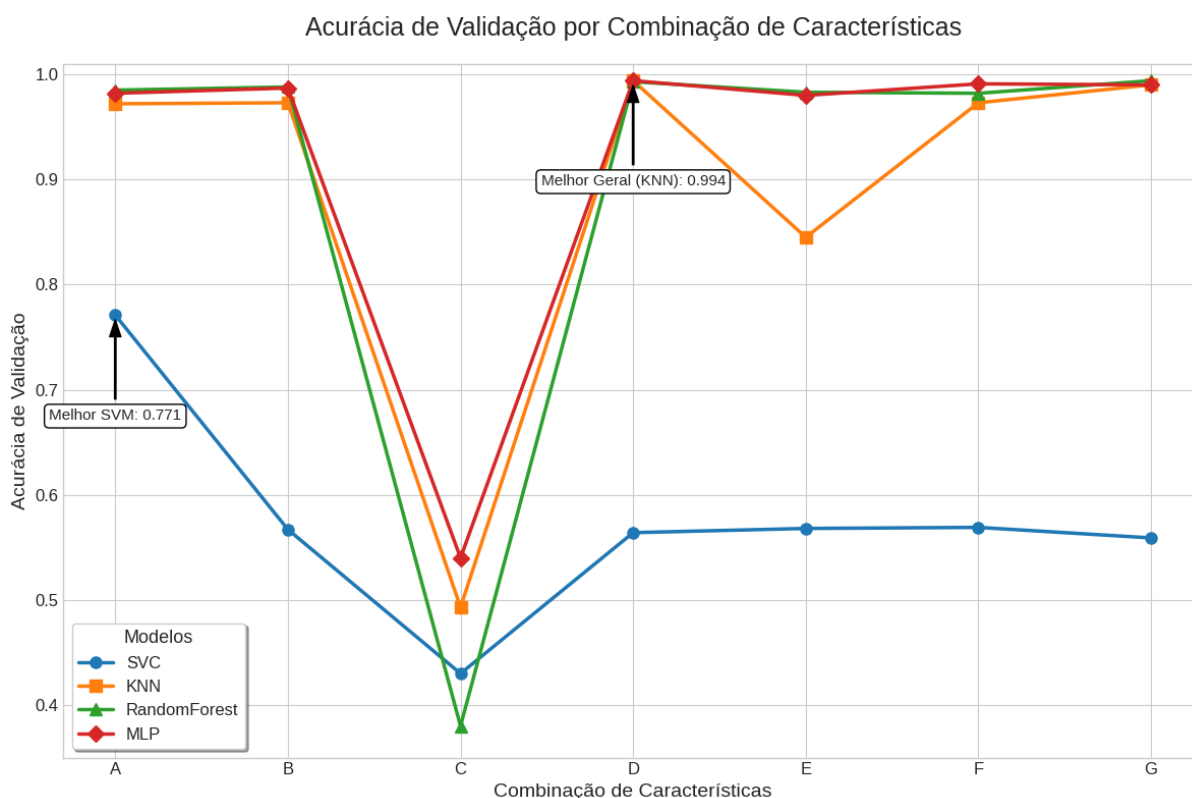


Figura 16 – Acurácia de treino dos modelos pelas melhores combinações.

A análise conjunta das tabelas 3 a 6 e da figura 16 revela:

- Desempenho geral:** Para os modelos KNN, Random Forest e MLP, as combinações D, G e B consistentemente figuraram entre as de melhor desempenho. No entanto, o SVM apresentou um comportamento distinto: a **Combinação A (apenas LBP)** alcançou uma performance de validação notavelmente superior (77,1%) às demais, que ficaram na faixa de 56%. Isso indica que, para o SVM, o descritor de microtextura LBP, isoladamente, foi mais eficaz.
- Análise de sobreajuste (overfitting):** Todos os modelos apresentaram acurácias de treino muito elevadas (99.9% ou 100%), o que requer atenção ao comparar com os valores de

validação. As combinações com menor disparidade entre treino e validação, como G e D, indicam maior capacidade de generalização.

- **MLP como destaque:** O MLP apresentou a maior acurácia de validação (99.0%) na combinação G, sugerindo que redes neurais profundas extraem melhor desempenho quando alimentadas com conjuntos de características ricos e variados.

Nota sobre a metodologia de validação: Conforme detalhado na Metodologia (Seção 3.2), a validação cruzada K-Fold foi empregada sobre o conjunto de treinamento (80%) para ajuste de hiperparâmetros. Os resultados apresentados aqui referem-se à avaliação final dos modelos, já otimizados, no subconjunto de validação (10%) mantido separado. Esse procedimento garante uma estimativa confiável do desempenho antes do teste final.

Uma análise crítica do erro é essencial para avaliar o sobreajuste (overfitting). Conforme observado, os modelos apresentaram acurácias de treino próximas a 100%, um indicador de que eles se ajustaram com alta fidelidade ao conjunto de treinamento. As acurácias de validação, especialmente para KNN, Random Forest e MLP, também se mantiveram muito altas, frequentemente ultrapassando 99%. Contudo, a verdadeira medida da capacidade de generalização de um modelo é seu desempenho em um conjunto de dados completamente inédito. A queda acentuada de performance observada no conjunto de teste, detalhada na próxima seção, onde a melhor acurácia alcançada foi de aproximadamente 54%, evidencia um claro caso de sobreajuste. Isso indica que, embora os modelos tenham sido eficazes em aprender os padrões do conjunto de dados aumentado (treino e validação), eles não conseguiram generalizar esse conhecimento de forma robusta para amostras com variações não vistas durante o treinamento.

4.3 Testes dos Algoritmos

Nesta seção, são apresentados os resultados finais dos modelos de classificação, obtidos através da avaliação no **conjunto de teste** (10% dos dados), que não foi utilizado em nenhuma etapa anterior. As matrizes de confusão, geradas a partir das previsões neste conjunto, são ferramentas visuais que permitem uma análise detalhada do desempenho dos classificadores em cada classe.

Para cada modelo, a matriz de confusão apresentada corresponde à combinação de características que obteve a maior acurácia final nesta fase de teste, conforme ilustrado no gráfico da Figura 21. Esta abordagem garante que a análise de erros seja feita sobre o cenário de melhor desempenho real de cada algoritmo. Os índices das matrizes correspondem às seguintes classes: Eosinófilos (0), Linfócitos (1), Monócitos (2) e Neutrófilos (3).

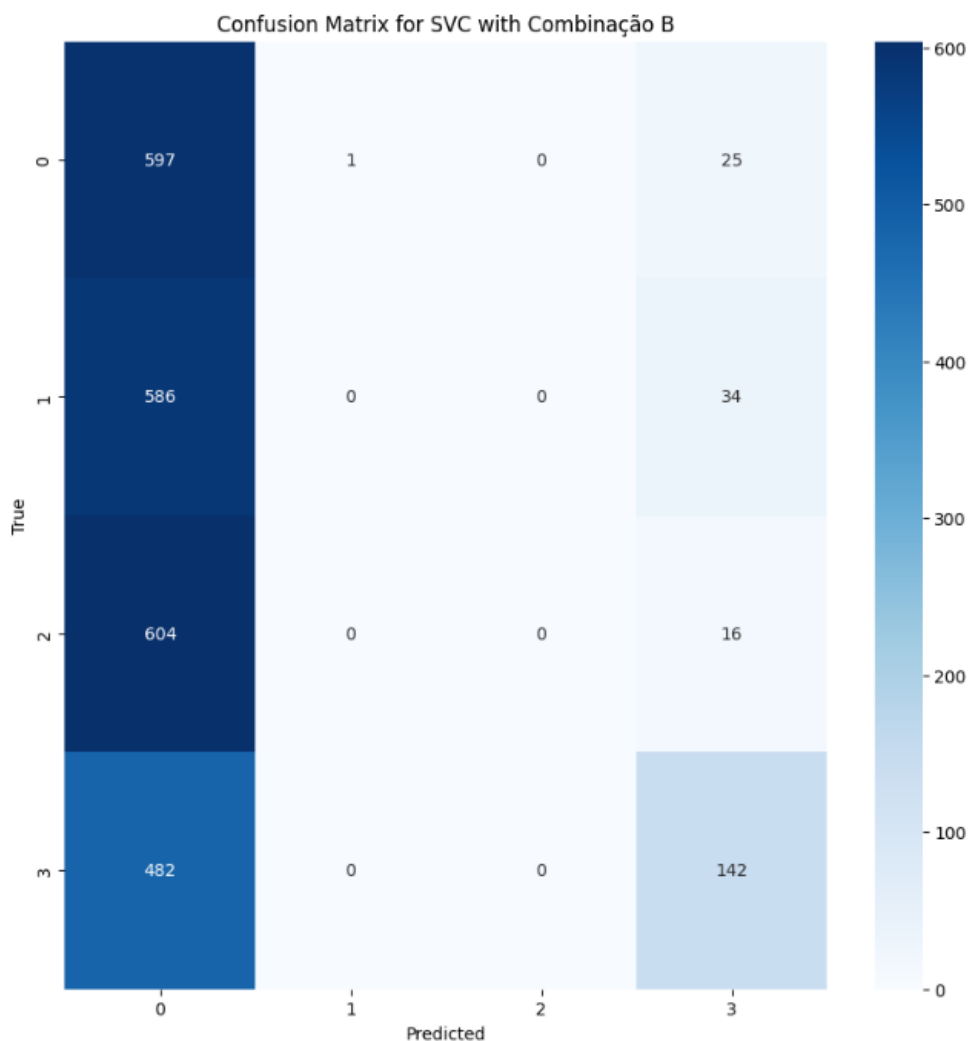


Figura 17 – Matriz de confusão SVM para a combinação B.

A Figura 17 exibe a matriz de confusão do SVM com a **Combinação B**, que utiliza apenas características do espaço de cores **HSV**. Conforme os resultados finais de teste (Figura 21), esta foi a combinação mais eficaz para o classificador SVM. O desempenho moderado, com acurácia de aproximadamente 52%, sugere que, para este algoritmo, as características de cor (matiz, saturação e valor) foram as mais discriminativas, superando combinações mais complexas que incluíam descritores de textura. A matriz demonstra erros de classificação distribuídos, indicando que, embora as cores tenham sido úteis, elas sozinhas não foram suficientes para que o SVM separasse perfeitamente as classes com morfologia similar.

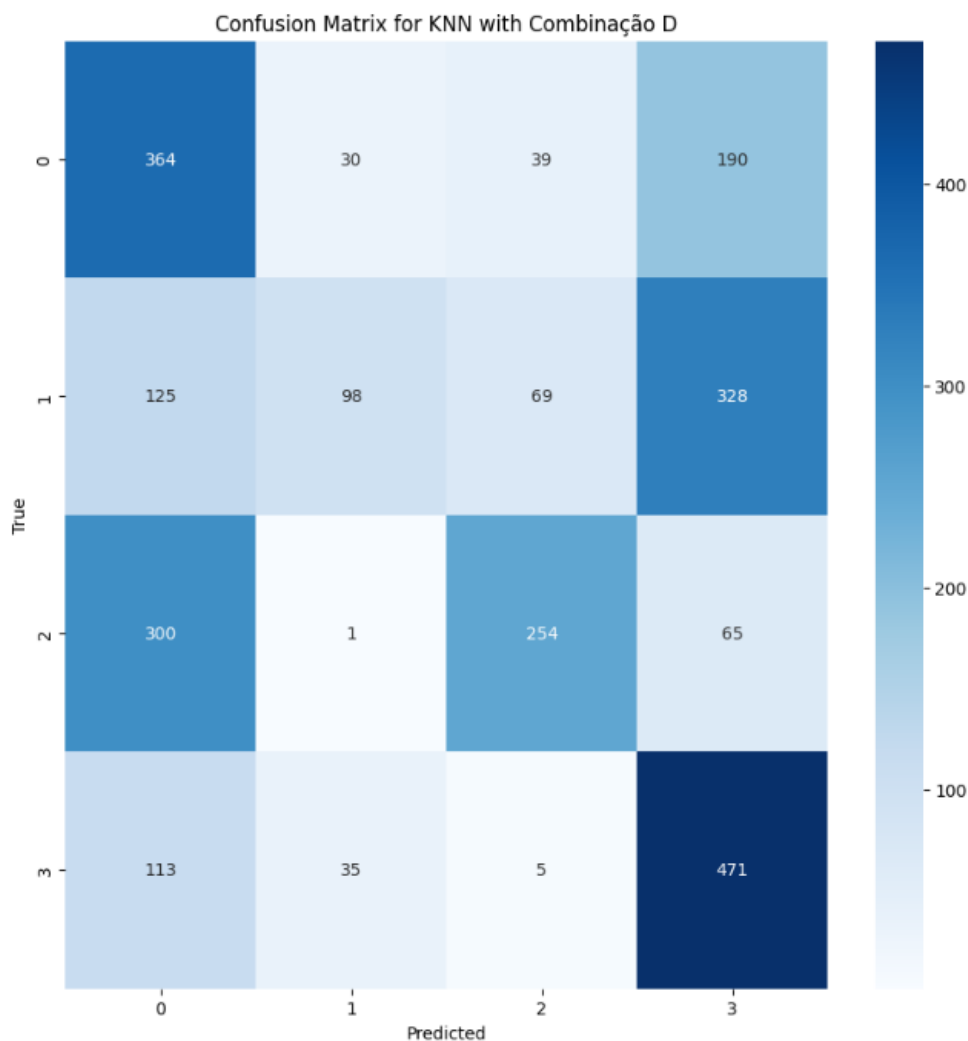


Figura 18 – Matriz de confusão KNN para a combinação D.

A Figura 18 detalha o desempenho do KNN com a **Combinação D** (LBP + HSV), que, apesar de ter sido uma das melhores na validação, resultou na menor acurácia de teste entre os modelos analisados, cerca de 47%. A matriz evidencia uma confusão generalizada entre as classes, indicando que a proximidade no espaço de características definido por LBP e HSV não foi suficiente para que a lógica dos vizinhos mais próximos funcionasse de maneira eficaz. O alto número de classificações incorretas em todas as categorias demonstra a dificuldade do modelo em generalizar para o conjunto de teste.

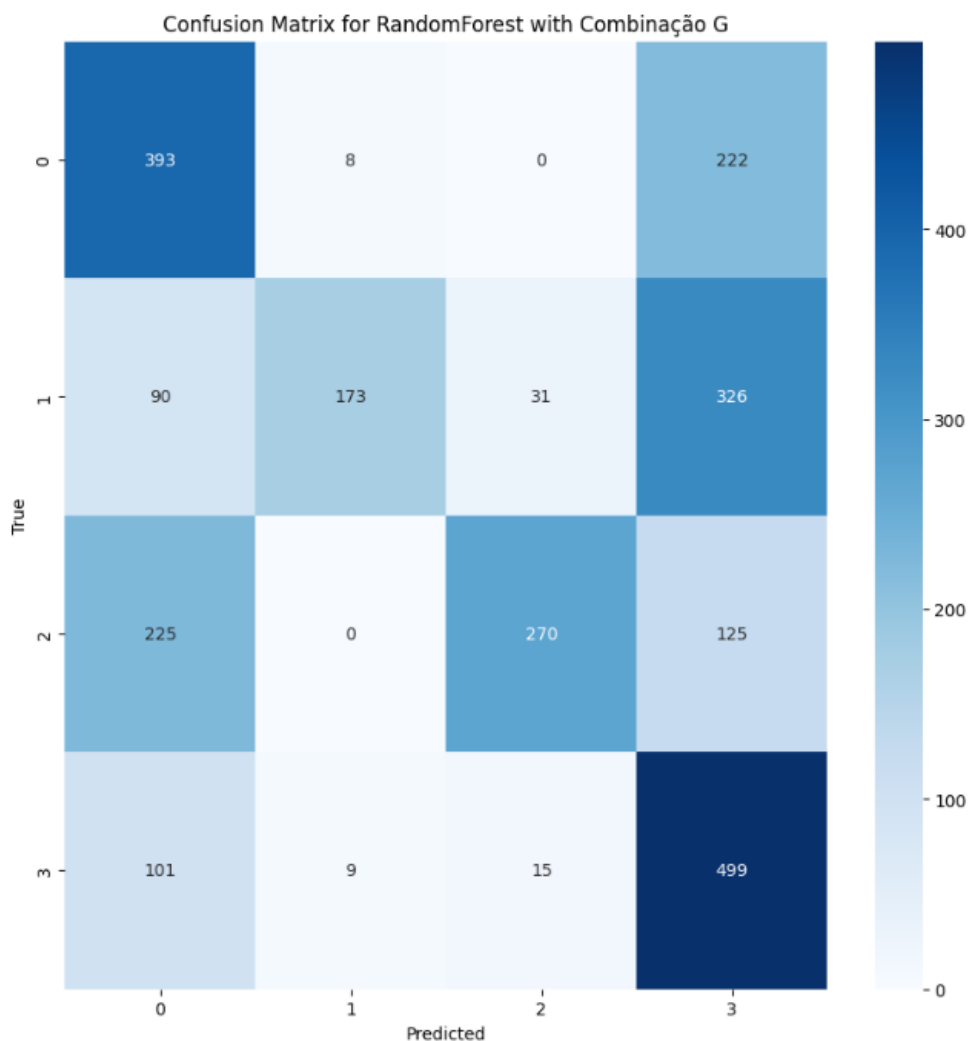


Figura 19 – Matriz de confusão Random Forest para a combinação G.

A Figura 19 apresenta o resultado do Random Forest com a **Combinação G** (LBP + HSV + Textura), um dos dois melhores modelos na fase de teste, com acurácia de aproximadamente 54%. O modelo demonstra uma capacidade superior de classificação correta, especialmente para a classe Neutrófilos (3). Ainda assim, persistem erros notáveis, como a confusão entre Monócitos (2) e outras classes, o que sugere uma sobreposição de características que nem mesmo o método de ensemble conseguiu resolver por completo. A robustez do Random Forest, contudo, é evidente quando comparado aos modelos SVM e KNN.

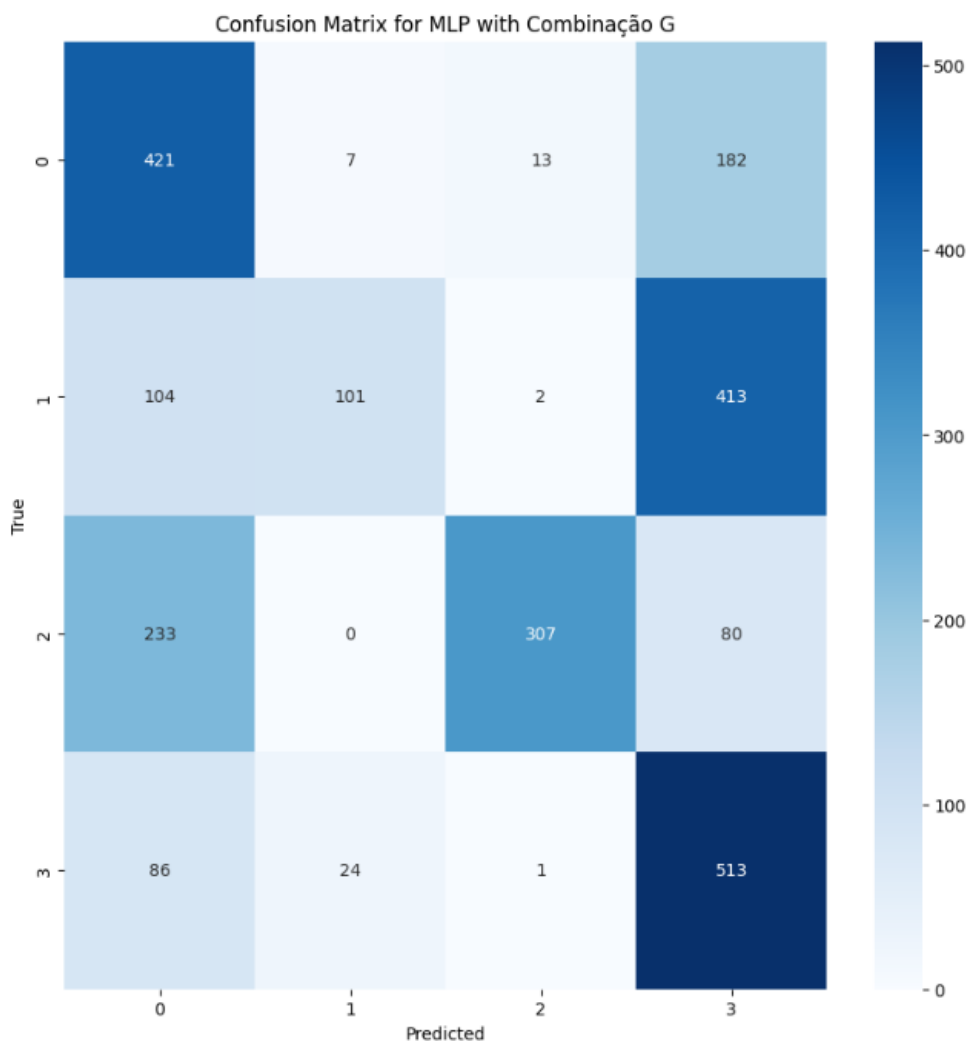


Figura 20 – Matriz de confusão MLP para a combinação G.

A Figura 20 mostra a matriz de confusão do MLP, também utilizando a **Combinação G**, que alcançou a maior acurácia de teste, em torno de 54%. O desempenho é comparável ao do Random Forest, confirmando a eficácia da combinação completa de características para modelos complexos. A rede neural foi capaz de aprender padrões não lineares que levaram a uma boa taxa de acerto, embora a dificuldade em separar perfeitamente os Monócitos (2) também seja visível aqui. Este resultado indica que, mesmo com um rico conjunto de descritores, a complexidade intrínseca do problema impõe um desafio para a generalização.

A Figura 21 apresenta um comparativo da acurácia final de todos os modelos no conjunto de teste para cada uma das sete combinações de características. Fica evidente que os modelos **MLP e Random Forest, utilizando a Combinação G** (LBP + HSV + Textura), alcançaram o melhor desempenho geral, superando os 50% de acurácia. O SVM, embora com performance inferior, teve seu melhor resultado com a Combinação B. Estes resultados de teste reforçam que a escolha do modelo e a combinação de características ricas e multimodais são determinantes para o sucesso da classificação, sendo que a fusão de descritores de textura, cor e microtextura

(Combinações B e G) se mostrou a mais eficaz para a generalização em dados não vistos.

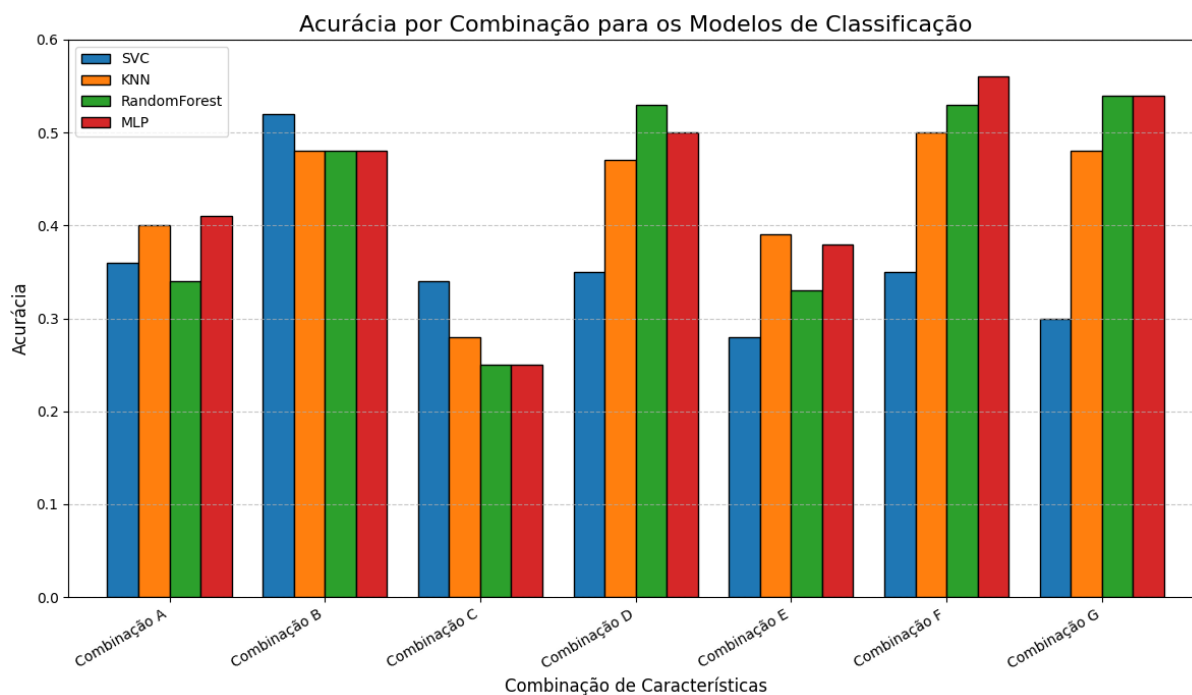


Figura 21 – Acurácia de teste dos classificadores pelas melhores combinações.

A Figura 21 apresenta um comparativo da acurácia final de todos os modelos no conjunto de teste para cada uma das sete combinações de características. Fica evidente que os modelos MLP e Random Forest, utilizando a Combinação G (LBP + HSV + Textura), alcançaram o melhor desempenho geral, com acurácias em torno de 54%. O SVM, embora com performance inferior, teve seu melhor resultado com a Combinação B (aproximadamente 52%). Estes resultados de teste reforçam que a escolha do modelo e a combinação de características ricas são determinantes para o sucesso da classificação, mas também expõem a dificuldade de generalização dos modelos, uma vez que as acurácias de teste foram significativamente mais modestas que as de validação.

5 CONCLUSÃO E TRABALHOS FUTUROS

Este trabalho apresentou uma análise comparativa de diferentes técnicas de aprendizado de máquina para a classificação de células sanguíneas, explorando a aplicação de descritores de imagem como LBP, espaço de cores HSV e análise de texturas. Os modelos testados — SVM, KNN, Random Forest e MLP — demonstraram desempenhos distintos dependendo das combinações de características *handcrafted* utilizadas.

Com o objetivo de focar nos melhores desempenhos, foram selecionadas as três melhores combinações de técnicas de extração de características para cada modelo, com base na acurácia obtida durante a etapa de validação. Essa abordagem permitiu uma análise mais direcionada do potencial de generalização dos modelos, reduzindo o ruído estatístico associado a configurações menos eficazes.

De maneira geral, a maior dificuldade observada foi a separação da classe Monócitos, sugerindo uma sobreposição de padrões com outras classes. Por outro lado, modelos como *Random Forest* e MLP demonstraram desempenho superior, evidenciando que abordagens baseadas em *ensembles* e redes neurais profundas são mais eficazes na captura de padrões complexos em conjuntos de dados biomédicos. As melhores combinações incluíram, majoritariamente, o uso conjunto de LBP e HSV, ou sua fusão com textura, indicando que um conjunto de características rico e complementar é essencial para a acurácia da classificação.

5.1 Trabalhos Futuros

A partir dos resultados obtidos, diversas direções para trabalhos futuros podem ser exploradas. Recomenda-se investigar o uso de Redes Neurais Convolucionais (CNNs) para capturar melhor as estruturas celulares e testar o aprendizado por transferência com modelos pré-treinados em grandes bases médicas. De forma complementar, pode-se empregar técnicas de seleção de atributos como PCA ou LASSO para identificar as características mais discriminativas dentre as extraídas manualmente. Sugere-se também uma investigação aprofundada sobre o impacto de diferentes estratégias de aumento de dados (*data augmentation*), pois a otimização deste processo pode ser crucial para aprimorar a generalização do modelo, reduzindo a disparidade de desempenho observada entre a validação e o teste. Por fim, a incorporação de abordagens como o aprendizado semi-supervisionado e o aprendizado ativo poderia otimizar a necessidade de dados rotulados e melhorar ainda mais a robustez dos classificadores. Essas direções futuras podem contribuir significativamente para o aprimoramento da classificação automatizada de células sanguíneas, potencializando aplicações clínicas e diagnósticas.

REFERÊNCIAS

- ABBAS ANDREW H. LICHTMAN, S. P. A. K. *Imunologia Celular e Molecular*. Rio de Janeiro, Brasil: Elsevier, 2020. ISBN 978-8535287501. Citado na página 17.
- AN MUHAMMAD RIAZ, J.-A. P. Y. Cbir based on adaptive segmentation of hsv color space. 2010. 2010. Disponível em: <<https://www.semanticscholar.org/paper/CBIR-Based-on-Adaptive-Segmentation-of-HSV-Color-An-Riaz/fe28a4806300452304be95b02b02235012949faa>>. Citado na página 30.
- ASGHAR SANJAY KUMAR, P. H. A. M. R. Classification of all blood cell images using ml and dl models. *arXiv preprint arXiv:2308.06300*, 2023. 2023. Citado 2 vezes nas páginas 16 e 37.
- BRAGA-NETO, U. *Fundamentals of Pattern Recognition and Machine Learning*. Cham, Switzerland: Springer, 2024. ISBN 978-3-031-60950-3. Citado 5 vezes nas páginas 20, 22, 23, 24 e 27.
- BREIMAN, L. Random forests. *Machine Learning*, 2001. v. 45, n. 1, p. 5–32, 2001. Citado na página 26.
- DONG, F. N. C. C.-Z. A review of computer vision–based structural health monitoring at local and global levels. *Structural Health Monitoring*, 2021. SAGE Publications Sage UK: London, England, v. 20, n. 2, p. 692–743, 2021. Citado na página 32.
- DONG, Y. et al. Applications of ensemble learning in cancer diagnosis and healthcare: A review. *Current Bioinformatics*, 2021. v. 16, n. 5, p. 646–660, 2021. Citado na página 16.
- ESTEVA, A. et al. Dermatologist-level classification of skin cancer with deep neural networks. *Nature*, 2017. v. 542, p. 115–118, 2017. Citado na página 32.
- GOMES, F. R. L. J. F. S. Applications of computer vision techniques in the agriculture and food industry: a review. *European Food Research and Technology*, 2012. Springer, v. 235, n. 6, p. 989–1000, 2012. Citado na página 16.
- GOODFELLOW YOSHUA BENGIO, A. C. I. *Deep Learning*. Cambridge, MA, USA: MIT Press, 2016. ISBN 978-0262035613. Citado 2 vezes nas páginas 27 e 28.
- GULSHAN, V. et al. Development and validation of a deep learning algorithm for detection of diabetic retinopathy in retinal fundus photographs. *JAMA*, 2016. v. 316, n. 22, p. 2402–2410, 2016. Citado na página 32.
- HARALICK K. SHANMUGAM, I. D. R. M. Textural features for image classification. *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics*, 1973. SMC-3, n. 6, p. 610–621, 1973. Citado na página 41.
- HASTIE ROBERT TIBSHIRANI, J. F. T. *The Elements of Statistical Learning: Data Mining, Inference, and Prediction*. New York, NY, USA: Springer, 2009. ISBN 978-0387848570. Citado na página 25.
- HENSON, B.; HOLLINGSHEAD, A.; DIPOLA, R. S. Artificial intelligence in precision oncology. *Cancer Research*, 2019. v. 79, n. 22, p. 5841–5844, 2019. Citado na página 32.

HOFFMAN EDWARD J. BENZ, L. E. S. R. *Hematology: Basic Principles and Practice*. Philadelphia, PA, USA: Elsevier, 2018. ISBN 978-0323357623. Citado na página 17.

HOFFMAN, R. et al. *Hematology: Basic Principles and Practice*. 7th. ed. [S.l.: s.n.], 2018. Citado na página 35.

HOSSAIN, E. *Machine Learning Crash Course for Engineers*. Cham, Switzerland: Springer, 2024. Citado 2 vezes nas páginas 19 e 20.

JANAI FATMA GÜNEY, A. B. A. G. J. Computer vision for autonomous vehicles: Problems, datasets and state of the art. *Foundations and trends® in computer graphics and vision*, 2020. Now Publishers, Inc., v. 12, n. 1–3, p. 1–308, 2020. Citado na página 16.

JAVAID ABID HALEEM, R. P. S. S. R. S. M. Exploring impact and features of machine vision for progressive industry 4.0 culture. *Sensors International*, 2022. Elsevier, v. 3, p. 100132, 2022. Citado na página 16.

KUMAR, M. C. P. *Clinical Medicine*. Edinburgh, UK: Elsevier, 2020. ISBN 978-0702070280. Citado na página 17.

LIU, P. et al. Fusion of color histogram and lbp-based features for texture image retrieval and classification. *Information Sciences*, 2017. Elsevier, v. 390, p. 31–45, 2017. Citado na página 17.

MCCULLOCH, W. S.; PITTS, W. A logical calculus of the ideas immanent in nervous activity. *Bulletin of Mathematical Biology*, 1943. v. 52, p. 99–115, 1943. Citado na página 16.

MOONEY, P. *Blood Cell Images*. 2018. Kaggle. Acessado em: 01 de outubro de 2024. Disponível em: <<https://www.kaggle.com/datasets/paultimothymooney/blood-cells>>. Citado na página 36.

OJALA MATTI PIETIKÄINEN, T. M. T. Multiresolution gray-scale and rotation invariant texture classification with local binary patterns. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 2002. v. 24, n. 7, p. 971–987, 2002. Citado na página 40.

PEDREGOSA G. VAROQUAUX, A. G. V. M. B. T. O. G. M. B. P. P. R. W. V. D. J. V. A. P. D. C. M. B. M. P. E. D. F. Scikit-learn: Machine learning in Python. *Journal of Machine Learning Research*, 2011. v. 12, p. 2825–2830, 2011. Citado na página 29.

RAJULA, H. R. et al. Predictive models for sepsis detection in intensive care units. *Journal of Clinical Medicine*, 2020. v. 9, n. 3, p. 692, 2020. Citado na página 32.

ROSENBLATT, F. The perceptron: A probabilistic model for information storage and organization in the brain. *Psychological Review*, 1958. v. 65, 1958. Citado na página 16.

RUSSELL, P. N. S. J. *Artificial Intelligence: A Modern Approach*. Upper Saddle River, NJ, USA: Pearson, 2016. ISBN 978-0136042594. Citado na página 19.

SYSMEX. *Análise de imagem celular*. 2023. Disponível em: <<https://www.sysmex.com/pt-br/lab-solutions/hematology/cell-image-analysis>>. Citado 2 vezes nas páginas 32 e 36.

SZELISKI, R. *Computer Vision: Algorithms and Applications*. New York, NY, USA: Springer, 2010. ISBN 978-1848829343. Citado 6 vezes nas páginas 10, 23, 29, 30, 31 e 40.

THAKUR, T. *Blood Cell Image Classification - Deep Learning*. 2023. <https://www.kaggle.com/code/tanishkathakur/bloodcellimageclassification-deeplearning>. Citado na página 37.

TURING, A. M. Computing machinery and intelligence. *Mind*, 1950. v. 49, p. 433–460, 1950. Citado na página 16.

APÊNDICE A – TREINO E TESTE DOS ALGORITMOS DE IA

A.1 Resultados Detalhados dos Classificadores

A.1.1 Validação do SVM por Combinação:

Classe	Precision	Recall	F1-score
EOSINOPHIL	0.3653	1.0000	0.5351
LYMPHOCYTE	1.0000	0.3702	0.5404
MONOCYTE	1.0000	0.3561	0.5252
NEUTROPHIL	0.9962	0.5300	0.6919
Accuracy		0.5645	
Macro Avg	0.8404	0.5641	0.5732
Weighted Avg	0.8401	0.5645	0.5733

Tabela 7 – Relatório de classificação do SVM - Validação (Combinação D)

Classe	Precision	Recall	F1-score
EOSINOPHIL	0.3673	0.9960	0.5367
LYMPHOCYTE	1.0000	0.4044	0.5759
MONOCYTE	0.9897	0.3863	0.5557
NEUTROPHIL	0.9918	0.4860	0.6523
Accuracy		0.5685	
Macro Avg	0.8372	0.5682	0.5802
Weighted Avg	0.8370	0.5685	0.5802

Tabela 8 – Relatório de classificação do SVM - Validação (Combinação F)

Classe	Precision	Recall	F1-score
EOSINOPHIL	0.3624	1.0000	0.5320
LYMPHOCYTE	1.0000	0.3581	0.5274
MONOCYTE	1.0000	0.3501	0.5186
NEUTROPHIL	0.9962	0.5260	0.6885
Accuracy		0.5590	
Macro Avg	0.8396	0.5586	0.5666
Weighted Avg	0.8394	0.5590	0.5668

Tabela 9 – Relatório de classificação do SVM - Validação (Combinação G)

A.1.2 Validação do KNN por Combinação:

Classe	Precision	Recall	F1-score
EOSINOPHIL	0.9920	1.0000	0.9960
LYMPHOCYTE	1.0000	0.9980	0.9990
MONOCYTE	0.9861	0.9960	0.9910
NEUTROPHIL	0.9959	0.9800	0.9879
Accuracy		0.9935	
Macro Avg	0.9935	0.9935	0.9935
Weighted Avg	0.9935	0.9935	0.9935

Tabela 10 – Relatório de classificação do KNN - Validação (Combinação D)

Classe	Precision	Recall	F1-score
EOSINOPHIL	0.9681	0.9719	0.9700
LYMPHOCYTE	0.9840	0.9919	0.9880
MONOCYTE	0.9647	0.9899	0.9772
NEUTROPHIL	0.9771	0.9400	0.9582
Accuracy		0.9734	
Macro Avg	0.9735	0.9735	0.9733
Weighted Avg	0.9735	0.9734	0.9733

Tabela 11 – Relatório de classificação do KNN - Validação (Combinação F)

Classe	Precision	Recall	F1-score
EOSINOPHIL	0.9719	0.9699	0.9709
LYMPHOCYTE	0.9840	0.9919	0.9880
MONOCYTE	0.9572	0.9899	0.9733
NEUTROPHIL	0.9792	0.9400	0.9592
Accuracy		0.9729	
Macro Avg	0.9731	0.9730	0.9728
Weighted Avg	0.9731	0.9729	0.9728

Tabela 12 – Relatório de classificação do KNN - Validação (Combinação B)

A.1.3 Validação do RandomForest por Combinação:

Classe	Precision	Recall	F1-score
EOSINOPHIL	0.9900	0.9900	0.9900
LYMPHOCYTE	0.9960	1.0000	0.9980
MONOCYTE	1.0000	1.0000	1.0000
NEUTROPHIL	0.9900	0.9860	0.9880
Accuracy		0.9940	
Macro Avg	0.9940	0.9940	0.9940
Weighted Avg	0.9940	0.9940	0.9940

Tabela 13 – Relatório de classificação do RandomForest - Validação (Combinação G)

Classe	Precision	Recall	F1-score
EOSINOPHIL	0.9841	0.9900	0.9870
LYMPHOCYTE	0.9940	1.0000	0.9970
MONOCYTE	1.0000	1.0000	1.0000
NEUTROPHIL	0.9919	0.9800	0.9859
Accuracy		0.9925	
Macro Avg	0.9925	0.9925	0.9925
Weighted Avg	0.9925	0.9925	0.9925

Tabela 14 – Relatório de classificação do RandomForest - Validação (Combinação D)

Classe	Precision	Recall	F1-score
EOSINOPHIL	0.9838	0.9760	0.9799
LYMPHOCYTE	0.9881	1.0000	0.9940
MONOCYTE	1.0000	1.0000	1.0000
NEUTROPHIL	0.9799	0.9760	0.9780
Accuracy		0.9880	
Macro Avg	0.9880	0.9880	0.9880
Weighted Avg	0.9880	0.9880	0.9879

Tabela 15 – Relatório de classificação do RandomForest - Validação (Combinação B)

A.1.4 Validação do MLP por Combinação:

Classe	Precision	Recall	F1-score
EOSINOPHIL	0.9802	0.9940	0.9871
LYMPHOCYTE	0.9920	0.9980	0.9950
MONOCYTE	0.9960	0.9980	0.9970
NEUTROPHIL	0.9918	0.9720	0.9818
Accuracy		0.9900	
Macro Avg	0.9900	0.9900	0.9900
Weighted Avg	0.9900	0.9900	0.9900

Tabela 16 – Relatório de classificação do MLP - Validação (Combinação G)

Classe	Precision	Recall	F1-score
EOSINOPHIL	0.9900	0.9940	0.9920
LYMPHOCYTE	0.9940	1.0000	0.9970
MONOCYTE	0.9980	0.9980	0.9980
NEUTROPHIL	0.9919	0.9820	0.9869
Accuracy		0.9935	
Macro Avg	0.9935	0.9935	0.9935
Weighted Avg	0.9935	0.9935	0.9935

Tabela 17 – Relatório de classificação do MLP - Validação (Combinação D)

Classe	Precision	Recall	F1-score
EOSINOPHIL	0.9820	0.9860	0.9840
LYMPHOCYTE	0.9900	0.9980	0.9940
MONOCYTE	0.9880	0.9940	0.9910
NEUTROPHIL	0.9857	0.9680	0.9768
Accuracy		0.9865	
Macro Avg	0.9864	0.9865	0.9864
Weighted Avg	0.9864	0.9865	0.9864

Tabela 18 – Relatório de classificação do MLP - Validação (Combinação B)