

# Aprimoramento da Classificação de Linfócitos e Monócitos em Imagens Médicas: O Impacto do CLAHE em Redes Neurais Convolucionais

Gabriella Colussi Ferreira  
gabriella.cf@puccampinas.edu.br  
Pontifícia Universidade Católica de  
Campinas – PUC-Campinas  
Escola Politécnica  
Faculdade de Engenharia Elétrica  
Campinas, SP, Brasil

Letícia Costa Ishiuchi  
leticia.ci@puccampinas.edu.br  
Pontifícia Universidade Católica de  
Campinas – PUC-Campinas  
Escola Politécnica  
Faculdade de Engenharia Elétrica  
Campinas, SP, Brasil

Lívia Helena Martineli Teixeira  
livia.hmt@puccampinas.edu.br  
Pontifícia Universidade Católica de  
Campinas – PUC-Campinas  
Escola Politécnica  
Faculdade de Engenharia Elétrica  
Campinas, SP, Brasil

Everton Dias de Oliveira  
everton.oliveira@puc-  
campinas.edu.br  
Pontifícia Universidade Católica de  
Campinas – PUC-Campinas  
Escola Politécnica  
Faculdade de Engenharia Elétrica  
Campinas, SP, Brasil

Wemerson Delcio Parreira  
wemerson.delcio@puc-  
campinas.edu.br  
Pontifícia Universidade Católica de  
Campinas – PUC-Campinas  
Escola Politécnica  
Faculdade de Engenharia Elétrica  
Campinas, SP, Brasil

## ABSTRACT

The human immune system plays a critical role in defending against infections and diseases, with white blood cells (WBCs) being pivotal in these processes. Automated classification of agranulocyte cells, specifically lymphocytes, and monocytes, is essential for accurate diagnostics and treatment monitoring in hematology and oncology. This study evaluates the performance of a convolutional neural network (CNN) model, previously proposed for WBC classification, on public datasets, with and without the use of Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization (CLAHE) for image pre-processing. The results show that CLAHE improved classification metrics, achieving up to 82.16% test accuracy on the Paul Mooney dataset and maintaining a high test accuracy of 98.72% on the Uncle Samulus dataset. Metrics such as precision, recall, and F1-score also exhibited notable improvements, reaching up to 98% for lymphocytes and monocytes in the best-performing dataset. These findings highlight CLAHE's potential to enhance CNN-based classification under varying image conditions.

## KEYWORDS

CNN, CLAHE, Agranulocyte cells, Classification

## 1 INTRODUÇÃO

O sistema imunológico humano desempenha um papel essencial na defesa contra infecções e doenças, sendo os glóbulos brancos (WBCs), também denominados leucócitos, componentes fundamentais desse processo [1, 2]. Esses leucócitos são subdivididos em granulócitos (neutrófilos, eosinófilos e basófilos) e agranulócitos (linfócitos e monócitos), cada um com funções específicas na resposta imunológica [3, 4].

A correta classificação das células agranulócitas é fundamental para diagnósticos médicos e monitoramento de diversas condições

clínicas. Alterações na contagem dessas células podem indicar infecções, imunossupressão ou leucemias, tornando sua identificação precisa um aspecto crítico para a medicina diagnóstica [5]. Além disso, essa classificação é essencial para a avaliação da eficácia de tratamentos oncológicos e doenças hematológicas [6]. No contexto da pesquisa biomédica, a análise detalhada dessas células contribui para o avanço do conhecimento sobre o sistema imunológico e o desenvolvimento de novas terapias [7].

Entre os desafios globais de saúde, o câncer permanece como uma das principais causas de mortalidade [8]. A leucemia promielocítica aguda (LMA-M3) é um exemplo de doença hematológica de alto risco, caracterizada pela proliferação anormal de promielócitos e associada a complicações graves, como sangramentos e eventos tromboembólicos [9, 10].

Atualmente, a contagem e classificação de células sanguíneas ainda são realizadas manualmente por especialistas, um processo que, além de consumir tempo considerável, está sujeito a erros humanos [7]. Para superar essas limitações, diversas pesquisas têm explorado métodos automatizados baseados em aprendizado de máquina e redes neurais convolucionais (CNNs) [11–15].

Avanços na inteligência artificial têm possibilitado melhorias significativas no diagnóstico de diversas patologias. Estudos recentes exploram a lipidômica para prever e diagnosticar câncer de ovário epitelial (COE), utilizando aprendizado de máquina para analisar padrões lipídicos e desenvolver modelos diagnósticos mais precisos [16].

No campo da segmentação e classificação de leucócitos, Su et al. (2014) [17] desenvolveram um algoritmo de segmentação em três etapas, combinando extração de características geométricas, de cor e padrões direcionais com classificadores como perceptron multicamada e máquinas de vetor de suporte. Diouf et al. [11] propuseram uma CNN de sete camadas para distinguir subtipos de

leucócitos, demonstrando a eficácia dessas arquiteturas no auxílio diagnóstico.

Outros trabalhos exploraram diferentes abordagens para classificação de leucócitos, tais como, Ozyurt (2020) [12] que introduziu um modelo de Convolutional Neural Network (CNN) fundido que utiliza seleção de características baseadas em Mean Reciprocal Rank (MRMR), alcançando 96% de precisão na classificação de leucócitos. Vathanavaro et al. (2018) [13] compararam as arquiteturas de CNN VGG-16 e ResNet-50, com ResNet-50 se destacando como a melhor opção, enquanto Theera-Umporn (2021) [14] utilizou morfologia matemática para extrair características do núcleo, aplicando essas informações em redes neurais artificiais e classificadores Bayesianos.

Praveen (2021) [15] apresenta uma abordagem baseada no modelo YOLOv3 para a detecção e classificação de subtipos de leucócitos (neutrófilos, eosinófilos, linfócitos e monócitos) em imagens de sangue. Dividido em duas fases, o método inicialmente localiza leucócitos em imagens usando caixas delimitadoras e, em seguida, realiza a classificação dos subtipos. Utilizando o conjunto de dados BCCD ampliado com técnicas de aumento de dados, o modelo alcançou 99,2% de precisão para a detecção e 90% de acurácia na classificação, superando abordagens anteriores, como Faster R-CNN com VGG16.

Asghar et al. (2024) [7] contribuíram recentemente para a automação da classificação de leucócitos utilizando redes neurais convolucionais (CNNs). Eles aplicaram diversos modelos pré-treinados, como ResNet-50, InceptionV3, VGG16 e MobileNetV2, em um conjunto de dados de imagens microscópicas do Kaggle, alcançando uma precisão razoável entre 92% e 95%. Além disso, propuseram um novo modelo de CNN que demonstrou um desempenho superior, com precisões de 99,57% e 98,67% em dois conjuntos de dados distintos Kaggle e LISS, destacando a eficácia de sua abordagem em comparação com resultados anteriores na literatura.

Embora esses estudos demonstrem avanços significativos na automação da classificação de leucócitos, desafios como a generalização dos modelos e a adaptação a variações nas condições de iluminação e ruído ainda precisam ser superados. Técnicas de aprimoramento de imagem, como o *Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization* (CLAHE), têm se mostrado promissoras para otimizar a segmentação e extração de características relevantes [18].

O objetivo deste trabalho é avaliar o desempenho da CNN apresentada por [7] na classificação de células agranulócitas classificando-as em linfócitos e monócitos usando datasets públicos<sup>1</sup>. Adicionalmente, discutir o emprego do filtro CLAHE para o pré-processamento para aprimorar o desempenho da rede usada.

O restante deste trabalho está estruturado da seguinte forma: a Seção 2 apresenta uma descrição detalhada dos *datasets* utilizados, uma revisão da técnica de filtragem CLAHE e as especificações do modelo de rede neural convolucional (CNN) empregado neste estudo. Na Seção 3, são discutidos os resultados obtidos com base nos *datasets* analisados, seguidos de uma análise crítica do desempenho do modelo. Por fim, a Seção 4 traz as conclusões e as perspectivas para trabalhos futuros.

## 2 MATERIAIS E MÉTODOS

A metodologia aplicada neste projeto seguiu um pipeline de processamento de imagens usual: seleção e preparação de um *dataset*, pré-processamento, treinamento do modelo, validação e teste, e, por fim, aplicação de métricas avaliativas para testar o desempenho do classificador.

### 2.1 Base de dados

Para este estudo, foram selecionadas duas bases de dados voltadas para a classificação de glóbulos brancos, com o objetivo de aprimorar os resultados obtidos anteriormente por um grupo de pesquisa da Universidade Nacional de Ciências e Tecnologia (NUST), Paul Mooney [19] e Uncle Samulus [20]. Ambas as bases de dados foram extraídas da plataforma Kaggle.

A primeira base de dados – Paul Mooney [19] – corresponde àquela utilizada no artigo [7], contendo 12.500 imagens de células sanguíneas, com resolução de  $320 \times 240$  pixels. Essas imagens estão divididas em quatro classes, com aproximadamente 3.000 imagens para cada tipo celular: Eosinófilo, Linfócito, Monócito e Neutrófilo.

Com o objetivo de comparar e avaliar a eficiência do código desenvolvido, foi escolhida uma segunda base de dados [20], semelhante à primeira. Essa base contém 17.092 imagens, adquiridas pelo analisador CellaVision DM96 no laboratório central do Hospital Clínico de Barcelona. As imagens têm resolução de  $360 \times 363$  pixels e estão divididas em oito classes: Neutrófilos, Eosinófilos, Basófilos, Linfócitos, Monócitos, Granulócitos imaturos (promielócitos, mielócitos e metamielócitos), Eritroblastos e Plaquetas (ou Trombócitos).

### 2.2 Pré-processamento usando CLAHE

Objetivando impedir que áreas de baixo contraste sejam amplificadas em demasia [18] foi adicionada a etapa de pré-processamento o emprego do algoritmo CLAHE – *Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization* que é amplamente reconhecido por sua eficácia em melhorar a qualidade de imagens médicas, especialmente aquelas que apresentem baixo contraste e altos níveis de ruído [21].

Desenvolvido como uma evolução do método de Equalização de Histograma Adaptativa (AHE), o CLAHE corrige os problemas associados ao aumento excessivo de ruído e artefatos em regiões de baixa variação de intensidade, utilizando um limite de corte para redistribuir as intensidades excedentes de forma controlada. Essa abordagem permite um aumento mais equilibrado do contraste local, preservando detalhes finos e minimizando a amplificação do ruído [22].

O CLAHE é um algoritmo que funciona dividindo a imagem em blocos, ajustando o histograma local e aplicando um limite de corte (*clip limit*) para evitar a amplificação excessiva de ruídos. Por fim, realiza a interpolação entre blocos para garantir uma transição suave.

As etapas do algoritmo CLAHE são as seguintes:

- i. Divisão da imagem em blocos (ou *tiles*).
- ii. Cálculo do histograma local para cada bloco.
- iii. Aplicação do limite de corte ao histograma.
- iv. Transformação do histograma ajustado em uma função de distribuição acumulada (CDF).

<sup>1</sup>O que dispensa a avaliação do instrumento por Comitê de Ética em Pesquisa.

- v. Mapeamento de novas intensidades para os pixels com base na CDF.
- vi. Interpolação entre blocos adjacentes para suavizar a transição.
- vii. Reconstrução da imagem com o contraste local aprimorado.

Para esses passos considera a realização da Normalização do Histograma, dada por:

$$H'(i) = \min\{H(i), \text{clip\_limit}\} + \frac{\sum(H(i) - \text{clip\_limit})}{N} \quad (1)$$

em que  $H(i)$  é o valor do histograma na intensidade  $i$ ,  $\text{clip\_limit}$  é o valor máximo permitido no histograma e  $N$  é o número total de *bins* no histograma. Além disso, é realizado o mapeamento de intensidades, usando:

$$I'(x, y) = \text{CDF}(I(x, y)) \times (L - 1) \quad (2)$$

em que  $I(x, y)$  é a intensidade original do pixel,  $I'(x, y)$  é a nova intensidade do pixel, CDF é a função de distribuição acumulada do histograma ajustado,  $L$  é o número total de níveis de intensidade (tipicamente 256 para imagens de 8 bits).

A seguir está a representação do algoritmo CLAHE:

**Código 1: Algoritmo CLAHE**

```

1 # CLAHE Algorithm
2 def CLAHE(image, clip_limit, tile_size):
3     # Step 1: Divide the image into tiles
4     tiles = divide_into_tiles(image, tile_size)
5
6     # Step 2: Process each tile
7     for tile in tiles:
8         # Compute histogram of the tile
9         hist = compute_histogram(tile)
10
11        # Step 3: Apply clip limit to the
12        # histogram
13        clipped_hist = apply_clip_limit(hist,
14                                        clip_limit)
15
16        # Step 4: Compute cumulative distribution
17        # function (CDF)
18        cdf = compute_cdf(clipped_hist)
19
20        # Step 5: Map pixel intensities based on
21        # CDF
22        tile = map_intensities(tile, cdf)
23
24    # Step 6: Interpolate between tiles to smooth
25    # transitions
26    output_image = interpolate_tiles(tiles)
27
28    return output_image

```

Uma das principais vantagens do CLAHE no contexto de imagens médicas está na sua capacidade de melhorar a visibilidade de estruturas anatômicas em exames como mamografias, tomografias e imagens de ressonância magnética. A aplicação desse algoritmo facilita a detecção de anomalias, como tumores ou lesões, ao realçar os contornos e texturas das estruturas relevantes. Essa melhoria no contraste contribui significativamente para a precisão de sistemas de diagnóstico assistido por computador (CAD), que dependem de

imagens claras e detalhadas para segmentação, extração de características e classificação [21].

Além disso, o CLAHE se destaca por sua flexibilidade, podendo ser ajustado por parâmetros como o tamanho do bloco e o limite de corte, para atender a diferentes requisitos de processamento [23]. Por exemplo, o CLAHE demonstrou aumentar métricas como a relação sinal-ruído (SNR) e a entropia, além de melhorar a relação pico-sinal-ruído (PSNR), indicadores cruciais para a avaliação da qualidade da imagem processada. Essa adaptabilidade o torna uma ferramenta valiosa tanto para pesquisa quanto para aplicações clínicas.

### 2.3 Modelo baseado em Redes Neurais Convolucionais (CNNs)

Asghar et al. (2024) em [7] utiliza inicialmente algumas CNNs já pré-treinadas como ResNet-50, InceptionV3, VGG16 e MobileNetV2. Porém, este trabalho foca na avaliação do modelo por ele proposto, uma CNN, o qual recebeu destaque nas tarefas de classificação de glóbulos brancos. A arquitetura da CNN é resumida em três camadas convolucionais, três camadas de pooling, duas totalmente conectadas e uma de saída. De forma objetiva, o modelo é construído da seguinte forma:

#### A. Camadas Convolucionais:

- i. Primeira Camada: 32 filtros, kernel (3x3), ativação ReLu, strides igual a 1;
- ii. Segunda Camada: 64 filtros, kernel (3x3), ativação ReLu, strides igual a 2;
- iii. Terceira Camada: 64 filtros, kernel (3x3), ativação ReLu, strides igual a 1;

#### B. Camadas de Pooling: MaxPooling2D de (2x2) e stride igual a 1;

#### C. Regularização: Dropout (20%) aplicado após cada camada de pooling para reduzir o overfitting.

#### D. Camadas Densas:

- i. Camada oculta com 64 neurônios e ativação ReLU.
- ii. Camada de saída com 4 neurônios e ativação softmax para classificação multiclasse.
- iii. otimizador utilizado foi o Adam, a função de custo sparse categorical crossentropy e a métrica utilizada para avaliar o modelo durante o treinamento foi a acurácia.

As Tabelas a seguir trazem a separação dos dados para treino, validação e teste de cada um dos bancos de dados. A primeira para o de Paul Mooney [19] e a segunda para Uncle Samulus [20].

**Tabela 1: Quantidade de imagens subdivididas para o dataset Paul Mooney [19]**

Classe	Treino	Validação	Teste
Linfócito	1615	114	171
Monócito	1615	114	171
<b>Total</b>	<b>3230</b>	<b>228</b>	<b>342</b>

Além disso, foram utilizados três *callbacks*:

- i. **MetricsCheckpoint('metrics.npy')**: Salva as métricas de treinamento em um arquivo .npy para monitoramento contínuo.

Tabela 2: Quantidade de imagens subdivididas para o dataset Uncle Samulus [20]

Classe	Treino	Validação	Teste
Linfócito	1032	73	109
Monócito	1207	85	128
<b>Total</b>	<b>2239</b>	<b>158</b>	<b>237</b>

- ii. **EarlyStopping**: Interrompe o treinamento se não houver melhora após a quantidade de épocas determinada, restaurando os melhores pesos do modelo.
- iii. **ReduceLROnPlateau**: Reduz a taxa de aprendizado em 20% se a métrica de validação não melhorar após 5 épocas, sem diminuir abaixo de 0.001.

Esses callbacks foram configurados para auxiliar na redução do overfitting e, no caso do *EarlyStopping*, otimizar o uso de recursos computacionais, especialmente considerando a limitação de tempo de uso da GPU fornecida pela plataforma, como é no caso do Google Colab.

## 2.4 Avaliação

Para avaliação do modelo foram utilizadas as seguintes métricas: *precision*, *recall*, *F1-score* e acurácia. Essas métricas foram selecionadas com o objetivo de avaliar o desempenho do modelo de maneira abrangente, conforme descrito em [24]:

- i. *Precision (Prc)*: indica o quão precisas são as previsões de uma classe específica. É calculada como:

$$Prc = \frac{TP}{TP + FP}, \quad (3)$$

em que *TP* representa os verdadeiros positivos e *FP* os falsos positivos.

- ii. *Recall (Rec)*: mostra a capacidade do modelo de detectar todos os casos positivos e é definida por

$$Rec = \frac{TP}{TP + FN}, \quad (4)$$

em que *FN* representa os falsos negativos.

- iii. *F1-Score*: é a média harmônica entre *precision* e *recall*, sendo especialmente útil quando há desbalanceamento entre as classes, é dada por:

$$F1 = 2 \cdot \frac{Prc \cdot Rec}{Prc + Rec}. \quad (5)$$

- iv. *Acurácia (Acc)*: avalia a eficiência geral do modelo na classificação de amostras, sendo definida como:

$$Acc = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN}, \quad (6)$$

em que *TN* são os verdadeiros negativos.

## 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nesta seção, são apresentados e discutidos os resultados obtidos com a metodologia proposta, com o objetivo de avaliar o impacto do uso do CLAHE no processo de reconhecimento de células agranulócitas. Para uma análise detalhada, os resultados foram divididos em duas abordagens: (i) sem o uso do CLAHE e (ii) com pré-processamento

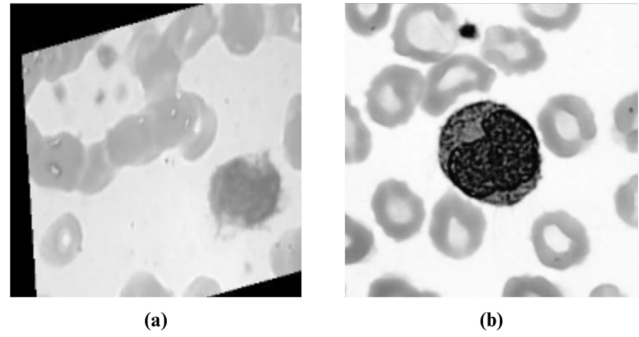


Figura 1: Imagens após o pré-processamento sem o uso do CLAHE: (a) [20] e (b) [19].

utilizando o CLAHE. Ressalta-se que as condições experimentais foram mantidas constantes, incluindo configurações dos modelos, número máximo de épocas e critérios de *early stopping*, a fim de garantir uma comparação justa entre as duas metodologias. É importante deixar claro que todos os dados e os rótulos para o modelo, neste trabalho foram adicionadas algumas opções de pré-processamento das imagens como redimensionamento, transformação para escala de preto e branco e normalização dos pixels.

Os resultados obtidos na ausência de pré-processamento são apresentados nas Tabelas 3 e 4 e Figuras 2 – 5. Observa-se, na Tabela 3, que para o dataset [19], as acurácias de teste variam significativamente entre 49,12% e 78,36%, indicando dificuldades na generalização do modelo devido às características intrínsecas do dataset, ver Figuras 2 e 3. Em contrapartida, o dataset [20] apresentou desempenho mais consistente, com acurácias de teste variando de 96,64% a 98,73%, ver Figuras 4 e 5. Quanto ao número de épocas e ao tempo de execução, observou-se uma maior variabilidade, especialmente em configurações sem *early stopping* (5), o que sugere uma convergência menos eficiente em cenários sem o uso de técnicas adicionais de pré-processamento. Embora a acurácia de treinamento seja elevada, o desempenho nos dados de teste não melhora de forma significativa.

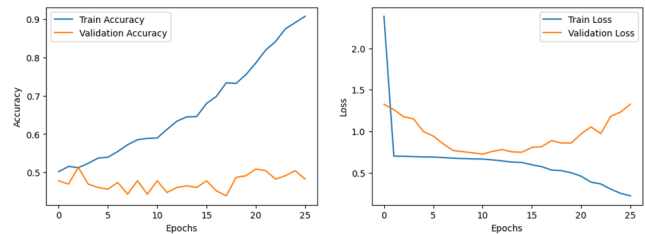


Figura 2: Representação gráfica da perda (loss) de modelo e Accuracy do modelo CNN no dataset [19] usando configuração com *early stopping* e sem emprego do CLAHE.

As métricas por classe, detalhadas na Tabela 4, confirmam as dificuldades enfrentadas no reconhecimento das células agranulócitas no dataset [19]. Por exemplo, os linfócitos apresentaram acurácias de 46,20% a 70,76%, com valores correspondentes de *precision*, *recall* e *F1-score* que não ultrapassaram 83%, 86% e 80%, respectivamente.

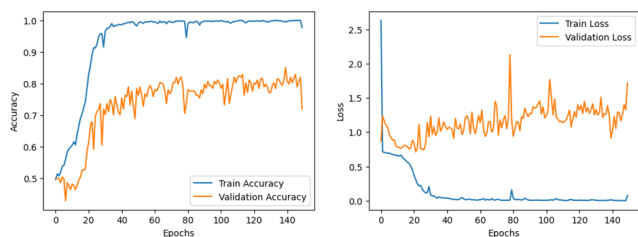
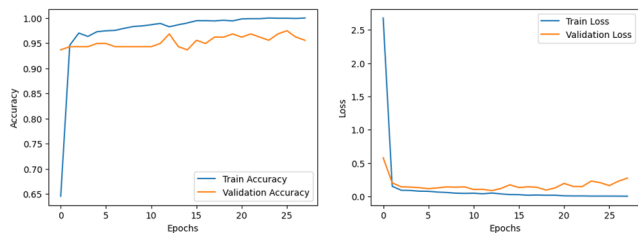
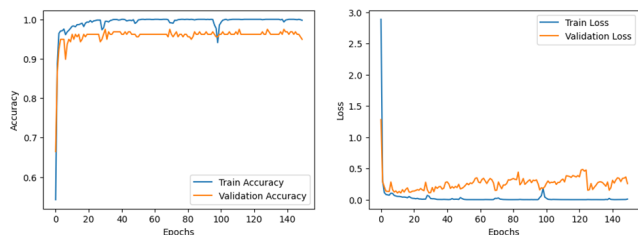


Tabela 3: Resultados de Acurácia, Épocas e Tempo — *Early Stopping* (à direita) e sem *Early Stopping* (à esquerda) — sem o emprego do CLAHE.

Dataset	Acc. Treino	Acc. Validação	Acc. Teste	Épocas	Tempo
Paul Mooney [19]	95,26% – 98,98%	65,79% – 78,95%	49,12% – 78,36%	26 – 150	4 min – 18min
Uncle Samulus [20]	100% – 99,91%	95,67% – 94,94%	98,73% – 96,64%	28 – 150	7 min – 11min

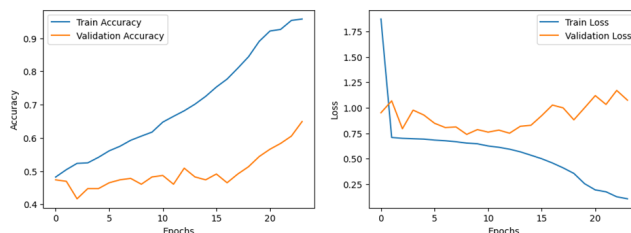
Tabela 4: Sumário dos resultados das métricas de cada classe — com *Early Stopping* (à direita) e sem *Early Stopping* (à esquerda) — sem o emprego do CLAHE.

Dataset	Classe	Acurácia	Precision	Recall	F1-Score
Paul Mooney [19]	Linfócito	46,20% – 70,76%	49% – 83%	52% – 71%	51% – 77%
	Monócito	52,05% – 85,96%	49% – 75%	46% – 86%	48% – 80%
Uncle Samulus [20]	Linfócito	98,18% – 100%	99% – 93%	98% – 100%	99% – 96%
	Monócito	99,22% – 93,75%	98% – 100%	99% – 94%	99% – 100%

Figura 3: Representação gráfica da perda (loss) de modelo e Accuracy do modelo CNN no dataset [19] usando configuração sem *early stopping* e sem emprego do CLAHE.Figura 4: Representação gráfica da perda (loss) de modelo e Accuracy do modelo CNN no dataset [20] usando configuração com *early stopping* e sem emprego do CLAHE.Figura 5: Representação gráfica da perda (loss) de modelo e Accuracy do modelo CNN no dataset [20] usando configuração sem *early stopping* e sem emprego do CLAHE.

Já no dataset [20], os resultados mostram métricas superiores e mais estáveis, com acurácias de até 100% para linfócitos e 99,22% para monócitos, reforçando a robustez desse conjunto de dados.

Os resultados obtidos com o uso do CLAHE, apresentados nas Tabelas 5 e 6 e Figuras 6 – 9 evidenciam melhorias no desempenho geral dos modelos. Conforme observado na Tabela 5, o uso do CLAHE resultou em aumentos moderados nas acurácias de teste. Para o dataset [19], a acurácia máxima de teste aumentou de 78,36% para 82,16% — Figuras 6 e 7, enquanto no dataset [20], os valores permaneceram altos, com pequenas variações em torno de 97% a 98% — Figuras 8 e 9. Além disso, o CLAHE contribuiu para uma convergência mais rápida, especialmente em configurações com *early stopping*, reduzindo o número de épocas necessárias para o treinamento, de acordo com a Figura 8.

Figura 6: Representação gráfica da perda (loss) de modelo e Accuracy do modelo CNN no dataset [19] usando configuração com *early stopping* e com emprego do CLAHE.

A Tabela 6 apresenta as métricas por classe após o uso do CLAHE. Observa-se que, para o dataset [19], houve ganhos modestos em métricas como *precision*, *recall* e F1-score, embora os valores ainda estejam abaixo do ideal, refletindo a complexidade do dataset. Por outro lado, para o dataset [20], os resultados foram mais homogêneos, com métricas próximas de 98% a 100%, confirmando o impacto positivo do CLAHE em dados mais equilibrados.

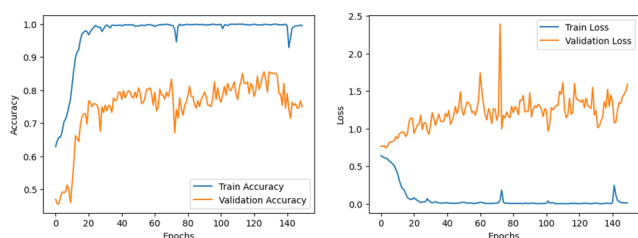
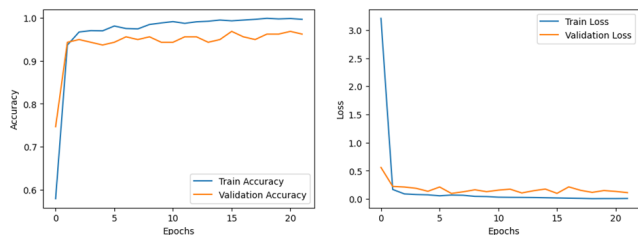
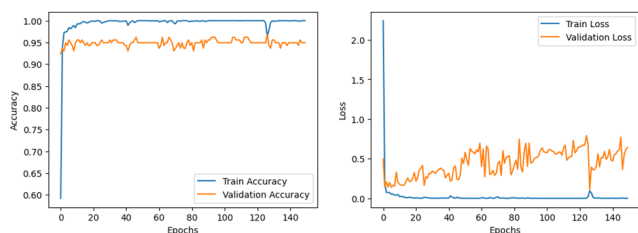
Um ponto importante que emerge desses resultados é o papel do *early stopping* na estabilidade e eficiência do treinamento. Essa técnica demonstrou-se eficaz ao prevenir *overfitting* nos modelos, interrompendo o treinamento assim que o desempenho no conjunto de validação começava a piorar. Comparando os cenários com e

Tabela 5: Resultados de Acurácia, Épocas e Tempo – com *Early Stopping* (à direita) e sem *Early Stopping* (à esquerda) – com o emprego do CLAHE.

Dataset	Acc. Treino	Acc. Validação	Acc. Teste	Épocas	Tempo
Paul Mooney [19]	96,1% – 99,86%	54,39% – 82,02%	48,53% – 82,16%	24 – 150	4 min – 18min
Uncle Samulus [20]	99,87% – 100%	96,2% – 94,94%	98,72% – 97,97%	22 – 150	1 min – 11min

Tabela 6: Sumário dos resultados das métricas de cada classe – com *Early Stopping* (à direita) e sem *Early Stopping* (à esquerda) – com o emprego do CLAHE.

Dataset	Classe	Acurácia	Precision	Recall	F1-Score
Paul Mooney [19]	Linfócito	47,95% – 75,44%	49% – 87%	48% – 75%	48% – 81%
	Monócito	49,12% – 88,89%	49% – 78%	49% – 89%	49% – 83%
Uncle Samulus [20]	Linfócito	100% – 97,27%	96% – 98%	100% – 97%	98% – 98%
	Monócito	96,86% – 98,44%	100% – 98%	97% – 98%	98% – 98%

Figura 7: Representação gráfica da perda (loss) de modelo e Accuracy do modelo CNN no dataset [19] usando configuração sem *early stopping* e com emprego do CLAHE.Figura 8: Representação gráfica da perda (loss) de modelo e Accuracy do modelo CNN no dataset [20] usando configuração com *early stopping* e com emprego do CLAHE.Figura 9: Representação gráfica da perda (loss) de modelo e Accuracy do modelo CNN no dataset [20] usando configuração sem *early stopping* e com emprego do CLAHE.

sem *early stopping*, é possível notar uma redução significativa no tempo de treinamento e no número de épocas necessárias para a convergência, conforme evidenciado nas Tabelas 3 e 5. Para o dataset [20], por exemplo, o tempo de treinamento foi reduzido em alguns casos para apenas 1 minuto, sem prejuízo da acurácia de teste. Além disso, a técnica contribuiu para a consistência das métricas, reduzindo a variabilidade observada, particularmente no dataset [19].

Por outro lado, nos cenários sem *early stopping*, o treinamento por 150 épocas permitiu um aumento da acurácia de treinamento, mas frequentemente sem reflexo nos conjuntos de validação e teste, evidenciando *overfitting*. Esse comportamento foi mais evidente no dataset [19], que apresenta maior variabilidade intrínseca nos dados.

De maneira geral, os resultados mostram que o CLAHE contribui para melhorar a acurácia e a consistência das previsões, especialmente em datasets com características bem definidas, como o [20]. Além disso, o uso do *early stopping* revelou-se essencial para otimizar o tempo de treinamento e garantir a generalização, especialmente em cenários mais desafiadores. Entretanto, para datasets como o [19], os ganhos obtidos com o CLAHE e o *early stopping* foram limitados, indicando a necessidade de explorar outras abordagens complementares para melhorar ainda mais o desempenho do model.

## 4 CONCLUSÃO

Este trabalho demonstrou que o uso do CLAHE no pré-processamento de imagens pode aprimorar a classificação de linfócitos e monócitos em redes neurais convolucionais. No dataset Uncle Samulus, mais equilibrado e de alta qualidade, o modelo obteve desempenho consistente, com acurácia de teste de até 98,72% e métricas superiores a 98%. Já no dataset Paul Mooney, com maior variabilidade, os ganhos foram mais limitados, alcançando no máximo 82,16% de acurácia.

Além de melhorar a visibilidade das características das células, o CLAHE contribuiu para uma convergência mais eficiente do modelo, reduzindo o tempo de treinamento e otimizando o uso de técnicas como *early stopping*. No entanto, os resultados indicam que, para conjuntos de dados mais complexos, apenas o emprego do CLAHE pode não ser suficiente para ganhos expressivos, sugerindo

a necessidade de abordagens complementares, como redes mais profundas ou técnicas avançadas de aumento de dados.

Para trabalhos futuros, recomenda-se expandir a análise comparando o CLAHE com outras técnicas de realce de contraste, além de testar sua aplicação em novos *datasets*. Dessa forma, este estudo reforça a importância do pré-processamento avançado no aprimoramento da classificação automatizada de células, contribuindo para o desenvolvimento de soluções mais robustas em diagnósticos assistidos por computador.

## REFERÊNCIAS

- [1] CURY, J.; HAUDIQUET, M.; TREJO, V. e. a. H. Conservation of antiviral systems across domains of life reveals immune genes in humans. *Cell Host Microbe*, v. 32, n. 9, p. 1594–1607.e5, September 2024.
- [2] CHA, H. et al. High-efficient white blood cell separation from whole blood using cascaded inertial microfluidics. *Talanta*, v. 284, p. 127200, March 2025.
- [3] CLINIC, C. *White blood cells*. Accessed: 2024-12-06. Disponível em: <<https://my.clevelandclinic.org/health/body/21871-white-blood-cells>>.
- [4] ZHANG, M.; WANG, L.; LI, X. e. a. The association of organochlorine pesticides and polychlorinated biphenyls exposure with dyslipidemia and blood lipids: The mediating effect of white blood cell counts. *Environmental Pollution*, v. 362, p. 124987, December 2024.
- [5] FAN, M.; JIANG, M. Core-shell nanotherapeutics with leukocyte membrane camouflage for biomedical applications. *Journal of Drug Targeting*, Taylor & Francis, v. 28, n. 9, p. 873–881, 2020.
- [6] GU, L. et al. Prognostic role of lymphocyte to monocyte ratio for patients with cancer: evidence from a systematic review and meta-analysis. *Oncotarget*, Impact Journals, LLC, v. 7, n. 22, p. 31926, 2016.
- [7] ASGHAR, R. et al. Automatic classification of white blood cell images using convolutional neural network. *arXiv*, 2024. Accessed: 2024-12-06. Disponível em: <<https://arxiv.org/pdf/2409.13442>>.
- [8] SILVESTRI, N.; APRILE, G.; TESSITORE, D. e. a. Harnessing tumor metabolism during cancer treatment: A narrative review of emerging dietary approaches. *Critical Reviews in Oncology/Hematology*, v. 206, p. 104571, February 2025.
- [9] PAULSON, K.; SEREBRIN, A.; LAMBERT, P. e. a. A leucemia promielocítica aguda é caracterizada por incidência estável e sobrevida melhorada, restrita a pacientes tratados em centros de referência para leucemia: um estudo epidemiológico pan-canadense. *Irish Journal of Hematology*, v. 166, p. 660–666, 2014.
- [10] BELMAHI, S. et al. Acute lower limb ischemia revealing hypo granular acute promyelocytic leukemia. *Leukemia Research Reports*, v. 23, p. 100488, 2025.
- [11] DIOUF, D.; DIOP, M.; BA, A. Convolutional neural network and decision support in medical imaging: case study of the recognition of blood cell subtypes. In: *Proceedings of the International Conference on Computer Vision and Graphics*. [S.l.: s.n.], 2019.
- [12] ÖZYURT, F. A fused cnn model for wbc detection with mrmr feature selection and extreme learning machine. *Soft Computing*, v. 24, n. 12, p. 9013–9022, 2020.
- [13] VATATHANAVARO, S.; TUNGJITNOB, S.; PASUPA, K. White blood cell classification: A comparison between vgg-16 and resnet-50 models. In: *Proceedings of the International Conference on Computer Vision and Graphics*. [S.l.: s.n.], 2018.
- [14] THEERA-UMPON, N. Automatic white blood cell classification in bone marrow images using morphological features. *arXiv preprint*, arXiv:2108.02508, 2021.
- [15] PRAVEEN, N. et al. White blood cell subtype detection and classification. In: *IEEE. 2021 8th international conference on electrical engineering, computer science and informatics (EECSI)*. [S.l.], 2021. p. 203–207.
- [16] RONG, J. et al. Combination of plasma-based lipidomics and machine learning provides a useful diagnostic tool for ovarian cancer. *Journal of Pharmaceutical and Biomedical Analysis*, v. 253, p. 116559, 2025.
- [17] SU, M.; CHENG, C.; WANG, P. A neural-network-based approach to white blood cell classification. *Computational and Mathematical Methods in Medicine*, 2014.
- [18] ZUIDERVELD, K. Contrast limited adaptive histogram equalization. In: *HECKBERT, P. S. E. (Ed.). Graphics Gems IV*. San Diego: Academic Press Professional, 1994. p. 474–485.
- [19] MOONEY, P. T. *Blood Cells*. Kaggle, 2018. Disponível em: <<https://www.kaggle.com/datasets/paultimothymooney/blood-cells>>.
- [20] SAMULUS, U. *Blood Cells Image Dataset*. Kaggle, 2021. Disponível em: <<https://www.kaggle.com/datasets/unclesamulus/blood-cells-image-dataset>>.
- [21] SHARMA, R.; KAMRA, A. A review on clahe based enhancement techniques. In: *IEEE. 2023 6th International Conference on Contemporary Computing and Informatics (IC3I)*. [S.l.], 2023. v. 6, p. 321–325.
- [22] PISANO, E. D. et al. Contrast limited adaptive histogram equalization image processing to improve the detection of simulated spiculations in dense mammograms. *Journal of Digital imaging*, Springer, v. 11, p. 193–200, 1998.
- [23] MUSA, P.; RAFI, F. A.; LAMSANI, M. A review: Contrast-limited adaptive histogram equalization (clahe) methods to help the application of face recognition. In: *IEEE. 2018 third international conference on informatics and computing (ICIC)*. [S.l.], 2018. p. 1–6.
- [24] HICKS, S. A. et al. On evaluation metrics for medical applications of artificial intelligence. *Scientific reports*, Nature Publishing Group UK London, v. 12, n. 1, p. 5979, 2022.