



BACHAREL EM CIÊNCIA DA COMPUTAÇÃO

**DETECÇÃO E CONTAGEM AUTOMÁTICA DE BACIOS DE  
TUBERCULOSE EM IMAGENS MICROSCÓPICAS COM YOLO11**

IGOR SAMPAIO DE PAULO

Rio Verde, GO

2026



INSTITUTO FEDERAL GOIANO - CAMPUS RIO VERDE  
BACHAREL EM CIÊNCIA DA COMPUTAÇÃO

# **DETECÇÃO E CONTAGEM AUTOMÁTICA DE BACIOS DE TUBERCULOSE EM IMAGENS MICROSCÓPICAS COM YOLO11**

IGOR SAMPAIO DE PAULO

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Instituto Federal Goiano - Campus Rio Verde, como requisito parcial para a obtenção do Grau de Bacharel em Ciência da Computação.

Orientador: Prof. Heyde Francielle do Carmo

Rio Verde, GO  
MARÇO, 2026

**Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor, através do  
Programa de Geração Automática do Sistema Integrado de Bibliotecas do IF Goiano - SIBi**

P331d Sampaio de Paulo, Igor  
Detecção e contagem automática de bacilos de tuberculose em  
imagens microscópicas com YOLO11 / Igor Sampaio de Paulo.  
Rio Verde 2026.  
33f. il.  
Orientadora: Profª. Dra. Heyde Francielle do Carmo França.  
Tcc (Bacharel) - Instituto Federal Goiano, curso de 0219201 -  
Bacharelado em Ciência da Computação - Integral - Rio Verde  
(Campus Rio Verde).  
I. Título.

# TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO

## PARA DISPONIBILIZAR PRODUÇÕES TÉCNICO-CIENTÍFICAS

### NO REPOSITÓRIO INSTITUCIONAL DO IF GOIANO

Com base no disposto na Lei Federal nº 9.610, de 19 de fevereiro de 1998, AUTORIZO o Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano a disponibilizar gratuitamente o documento em formato digital no Repositório Institucional do IF Goiano (RIIF Goiano), sem ressarcimento de direitos autorais, conforme permissão assinada abaixo, para fins de leitura, download e impressão, a título de divulgação da produção técnico-científica no IF Goiano.

#### IDENTIFICAÇÃO DA PRODUÇÃO TÉCNICO-CIENTÍFICA

Tese (doutorado)

Dissertação (mestrado)

Monografia (especialização)

TCC (graduação)

Artigo científico

Capítulo de livro

Livro

Trabalho apresentado em evento

Produto técnico e educacional - Tipo:

Nome completo do autor:

Matrícula:

Título do trabalho:

#### RESTRIÇÕES DE ACESSO AO DOCUMENTO

Documento confidencial:      Não      Sim, justifique:

Informe a data que poderá ser disponibilizado no RIIF Goiano:      /      /

O documento está sujeito a registro de patente?      Sim      Não

O documento pode vir a ser publicado como livro?      Sim      Não

#### DECLARAÇÃO DE DISTRIBUIÇÃO NÃO-EXCLUSIVA

O(a) referido(a) autor(a) declara:

- Que o documento é seu trabalho original, detém os direitos autorais da produção técnico-científica e não infringe os direitos de qualquer outra pessoa ou entidade;
- Que obteve autorização de quaisquer materiais inclusos no documento do qual não detém os direitos de autoria, para conceder ao Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano os direitos requeridos e que este material cujos direitos autorais são de terceiros, estão claramente identificados e reconhecidos no texto ou conteúdo do documento entregue;
- Que cumpriu quaisquer obrigações exigidas por contrato ou acordo, caso o documento entregue seja baseado em trabalho financiado ou apoiado por outra instituição que não o Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano.

Local

Data

Documento assinado digitalmente

**gov.br**

IGOR SAMPAIO DE PAULO  
Data: 26/03/2026 18:51:34-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Assinatura do autor e/ou detentor dos direitos autorais

Ciente e de acordo:

Documento assinado digitalmente

**gov.br**

Assinatura do(a) orientador(a)

HEYDE FRANCIELLE DO CARMO FRANCA  
Data: 26/03/2026 20:09:54-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>



SERVIÇO PÚBLICO FEDERAL  
MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO  
SECRETARIA DE EDUCAÇÃO PROFISSIONAL E TECNOLÓGICA  
INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E TECNOLOGIA GOIANO

Ata nº 8/2026 - GEPTNM-RV/DE-RV/CMPRV/IFGOIANO

### **ATA DE DEFESA DE TRABALHO DE CURSO**

Ao(s) 16 dia(s) do mês de março de 2026, às 13 horas e 30 minutos, reuniu-se a banca examinadora composta pelos docentes: Heyde Francielle do Carmo (orientadora), Fábio Montanha Ramos(membro), Adriano Ferraz da Costa(membro), para examinar o Trabalho de Curso intitulado "Detecção e contagem automática de bacilos de tuberculose em imagens microscópicas com yolo11" do(a) estudante Igor Sampaio de Souza, Matrícula nº 2022102201940114, do Curso de Bacharelado em Ciência da Computação do IF Goiano – Campus Rio Verde. A palavra foi concedida ao(a) estudante para a apresentação oral do TC, houve arguição do(a) candidato pelos membros da banca examinadora. Após tal etapa, a banca examinadora decidiu pela APROVAÇÃO do estudante. Ao final da sessão pública de defesa foi lavrada a presente ata que segue assinada pelos membros da Banca Examinadora.

*(Assinado Eletronicamente)*

Heyde Francielle do Carmo

Orientador(a)

*(Assinado Eletronicamente)*

Fábio Montanha Ramos

Membro

*(Assinado Eletronicamente)*

Adriano Ferraz da Costa

Membro

**Observação:**

( ) O(a) estudante não compareceu à defesa do TC.

Documento assinado eletronicamente por:

- **Heyde Francielle do Carmo Franca**, **PROFESSOR ENS BASICO TECN TECNOLOGICO**, em 16/03/2026 15:22:00.
- **Adriano Ferraz da Costa**, **PROF ENS BAS TEC TECNOLOGICO - VISITANTE**, em 16/03/2026 19:15:38.
- **Fabio Montanha Ramos**, **PROFESSOR ENS BASICO TECN TECNOLOGICO**, em 19/03/2026 14:47:45.

Este documento foi emitido pelo SUAP em 16/03/2026. Para comprovar sua autenticidade, faça a leitura do QRCode ao lado ou acesse <https://suap.ifgoiano.edu.br/autenticar-documento/> e forneça os dados abaixo:

**Código Verificador:** 800622

**Código de Autenticação:** 4a83799e47



INSTITUTO FEDERAL GOIANO

Campus Rio Verde

Rodovia Sul Goiana, Km 01, Zona Rural, 01, Zona Rural, RIO VERDE / GO, CEP 75901-970

(64) 3624-1000

## RESUMO

SAMPAIO, I.S.P. **Deteção e Contagem Automática de Bacilos de Tuberculose em Imagens Microscópicas com YOLO11**. MARÇO, 2026. 25 f. Monografia – (Curso de Bacharel em Ciência da Computação), Instituto Federal Goiano - Campus Rio Verde. Rio Verde, GO.

Este trabalho apresenta a aplicação de técnicas de visão computacional e aprendizado profundo para auxiliar na detecção automática de bacilos em imagens microscópicas utilizadas no diagnóstico da tuberculose. A identificação desses microrganismos costuma ser realizada de forma manual por profissionais da área da saúde, isso pode levar o processo a ser demorado e sujeito a variações de interpretação.

Para investigar a viabilidade da automatização dessa tarefa, foi desenvolvido um modelo baseado na arquitetura YOLO para detecção de objetos em imagens. Durante o desenvolvimento do estudo, foram realizados diferentes testes experimentais, avaliando o impacto de fatores como o número de classes utilizadas no treinamento, o uso da técnica de divisão de imagens (*tiling*) e a conversão das imagens para diferentes espaços de cores.

Os resultados obtidos demonstraram que a abordagem utilizando uma única classe apresentou melhor desempenho na detecção de bacilos, alcançando valores de mAP@0.5 próximos de 0.79. A utilização da técnica de *tiling* mostrou-se importante para melhorar a detecção de objetos pequenos presentes nas imagens microscópicas.

Assim, os resultados mostram que o uso de modelos baseados em aprendizado profundo pode contribuir para a análise de imagens microscópicas utilizadas no diagnóstico da tuberculose, ajudando na identificação automática de bacilos.

**Palavras-chave:** tuberculose; visão computacional; aprendizado profundo; detecção de objetos; YOLO.

## ABSTRACT

SAMPAIO, I.S.P. **Detecção e Contagem Automática de Bacilos de Tuberculose em Imagens Microscópicas com YOLO11**. MARÇO, 2026. 25 f. Monograph – (Bachelor's Degree in Computer Science), Instituto Federal Goiano - Campus Rio Verde. Rio Verde, GO.

This work presents the application of computer vision and deep learning techniques to assist in the automatic detection of bacilli in microscopic images used in tuberculosis diagnosis. The identification of these microorganisms is traditionally performed manually by healthcare professionals, which can make the process time-consuming and subject to variations in interpretation.

To investigate the feasibility of automating this task, a model based on the YOLO architecture for object detection in images was developed. During the development of the study, several experimental tests were conducted to evaluate the impact of factors such as the number of classes used during training, the use of the image division technique (*tiling*), and the conversion of images to different color spaces.

The results showed that the approach using a single class achieved better performance in bacilli detection, reaching mAP@0.5 values close to 0.79. The use of the *tiling* technique also proved important for improving the detection of small objects present in microscopic images.

Thus, the results indicate that deep learning-based models can contribute to the analysis of microscopic images used in tuberculosis diagnosis, assisting in the automatic identification of bacilli.

**Keywords:** tuberculosis; computer vision; deep learning; object detection; YOLO.

## LISTA DE FIGURAS

|          |                                                                                                                                                                                                                          |    |
|----------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| Figura 1 | – Resultado da detecção automática de bacilos em imagem microscópica utilizando o modelo YOLO. As caixas delimitadoras ( <i>bounding boxes</i> ) indicam as regiões identificadas pelo modelo como contendo bacilos. . . | 6  |
| Figura 2 | – Pipeline do método proposto para detecção automática de bacilos em imagens microscópicas. . . . .                                                                                                                      | 10 |
| Figura 3 | – Exemplo de imagem microscópica do conjunto de dados com bacilos anotados por meio de caixas delimitadoras utilizadas no treinamento do modelo. . . . .                                                                 | 12 |
| Figura 4 | – Curvas de treinamento do modelo YOLO11s durante o processo de treinamento utilizando duas classes. . . . .                                                                                                             | 17 |
| Figura 5 | – Matriz de confusão obtida no treinamento utilizando duas classes, evidenciando o baixo desempenho da classe Grupo-de-Bacilos. . . . .                                                                                  | 18 |
| Figura 6 | – Exemplo de detecção automática de bacilos em imagens microscópicas utilizando o modelo treinado com classe única. . . . .                                                                                              | 19 |
| Figura 7 | – Exemplo de detecção automática de bacilos em imagens microscópicas utilizando o modelo treinado com duas classes. . . . .                                                                                              | 20 |

## LISTA DE TABELAS

|                                                                                                     |    |
|-----------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| Tabela 1 – Classificação da baciloscopia de acordo com a quantidade de bacilos observados . . . . . | 4  |
| Tabela 2 – Divisão do conjunto de dados utilizado no treinamento do modelo . . .                    | 11 |
| Tabela 3 – Comparação entre as abordagens avaliadas . . . . .                                       | 21 |

## SUMÁRIO

|       |   |                                               |    |
|-------|---|-----------------------------------------------|----|
| 1     | – | INTRODUÇÃO . . . . .                          | 1  |
| 2     | – | FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA . . . . .               | 3  |
| 2.1   |   | Saúde . . . . .                               | 3  |
| 2.1.1 |   | Tuberculose . . . . .                         | 3  |
| 2.1.2 |   | Detecção por Teste Molecular . . . . .        | 3  |
| 2.1.3 |   | Detecção por Baciloscopia . . . . .           | 4  |
| 2.2   |   | Computacional . . . . .                       | 4  |
| 2.2.1 |   | Imagem Digital . . . . .                      | 4  |
| 2.2.2 |   | Redes Neurais Artificiais . . . . .           | 5  |
| 2.2.3 |   | Redes Neurais Convolucionais . . . . .        | 5  |
| 2.2.4 |   | Inteligência Artificial na Medicina . . . . . | 5  |
| 2.2.5 |   | YOLO . . . . .                                | 6  |
| 3     | – | TRABALHOS RELACIONADOS . . . . .              | 7  |
| 4     | – | MATERIAIS E MÉTODOS . . . . .                 | 9  |
| 4.1   |   | Pipeline do Método . . . . .                  | 9  |
| 4.2   |   | Conjunto de Dados . . . . .                   | 10 |
| 4.3   |   | Pré-processamento das Imagens . . . . .       | 13 |
| 4.3.1 |   | Conversão de Espaço de Cor . . . . .          | 13 |
| 4.3.2 |   | Tiling das Imagens . . . . .                  | 13 |
| 4.4   |   | Modelo de Detecção . . . . .                  | 14 |
| 4.5   |   | Configuração de Treinamento . . . . .         | 14 |
| 4.6   |   | Experimentos . . . . .                        | 15 |
| 4.7   |   | Métricas de Avaliação . . . . .               | 15 |
| 5     | – | RESULTADOS E DISCUSSÕES . . . . .             | 17 |
| 5.1   |   | Detecção utilizando duas classes . . . . .    | 17 |
| 5.2   |   | Detecção utilizando classe única . . . . .    | 18 |
| 5.3   |   | Impacto da transformação de cor HSI . . . . . | 20 |
| 5.4   |   | Comparação entre as abordagens . . . . .      | 21 |
| 6     | – | CONCLUSÃO . . . . .                           | 22 |
| 6.1   |   | Limitações do Trabalho . . . . .              | 22 |
| 6.2   |   | Trabalhos Futuros . . . . .                   | 23 |
|       |   | REFERÊNCIAS . . . . .                         | 24 |

## 1 INTRODUÇÃO

A tuberculose é uma doença infecciosa grave, predominantemente pulmonar, que permanece como um dos principais problemas de saúde pública no Brasil e no mundo. Apesar dos avanços no diagnóstico e tratamento, a doença continua responsável por um elevado número de casos e mortes anualmente. No Brasil, em 2023, mais de 5.900 pessoas morreram em decorrência da tuberculose (JOTA, 2024; Ministério da Saúde (Brasil), 2023). Em nível global, estima-se que aproximadamente 10,6 milhões de pessoas desenvolveram a doença em 2022 (World Health Organization, 2023).

A tuberculose é causada pela bactéria *Mycobacterium tuberculosis*, também conhecida como bacilo de Koch. Essa bactéria afeta principalmente os pulmões, caracterizando a forma pulmonar da doença, que é a mais comum e também a principal responsável pela transmissão entre indivíduos. No entanto, a tuberculose também pode ocorrer em outras partes do corpo, originando as formas extrapulmonares da doença, que podem atingir órgãos como linfonodos, ossos, sistema nervoso central e sistema urinário (GOLDEN; VIKRAM, 2005).

Devido à elevada incidência da tuberculose pulmonar e ao seu impacto na saúde pública, o diagnóstico precoce torna-se fundamental para o controle da doença e para a redução de sua transmissão. Atualmente, diversos métodos diagnósticos são utilizados na identificação da tuberculose. Entre eles, destaca-se o teste rápido molecular, que permite detectar o DNA do *Mycobacterium tuberculosis* em amostras clínicas. Outro exame amplamente utilizado é a radiografia de tórax, que auxilia na identificação de alterações pulmonares compatíveis com a doença. Além desses métodos, a baciloscopia de escarro permanece como uma das técnicas mais utilizadas, especialmente em sistemas públicos de saúde, devido ao seu baixo custo, rapidez e simplicidade de execução.

A baciloscopia consiste na análise microscópica de amostras de escarro com o objetivo de identificar a presença de bacilos álcool-ácido resistentes (BAAR), característicos da tuberculose. Entretanto, essa análise é tradicionalmente realizada de forma manual por profissionais de saúde, que precisam observar as lâminas microscópicas e realizar a contagem dos bacilos presentes. Esse processo pode ser demorado e suscetível a variações humanas, principalmente quando há grande volume de amostras a serem analisadas.

Nesse contexto, o avanço das técnicas de inteligência artificial e visão computacional tem possibilitado o desenvolvimento de ferramentas capazes de auxiliar na análise automatizada de imagens médicas. Modelos baseados em redes neurais profundas têm demonstrado grande capacidade na identificação de padrões visuais complexos, sendo amplamente utilizados em aplicações de diagnóstico por imagem e análise microscópica.

Diante desse cenário, este trabalho tem como objetivo desenvolver um sistema baseado em inteligência artificial capaz de identificar automaticamente bacilos em imagens

microscópicas utilizadas na investigação da tuberculose pulmonar. A proposta consiste em automatizar o processo de detecção e contagem desses microrganismos, contribuindo para tornar a análise das lâminas mais rápida e padronizada, além de auxiliar os profissionais de saúde na avaliação das amostras.

Para o desenvolvimento deste estudo, foi utilizada uma base de dados composta por imagens de lâminas microscópicas contendo bacilos. Essas imagens foram empregadas no treinamento de uma rede neural capaz de reconhecer automaticamente os microrganismos presentes nas amostras analisadas. A utilização de técnicas de inteligência artificial nesse contexto busca oferecer uma ferramenta de apoio ao processo laboratorial, contribuindo para a redução do tempo de análise e para maior padronização dos resultados.

Este trabalho está organizado da seguinte forma: o Capítulo 2 apresenta a fundamentação teórica relacionada aos principais conceitos abordados na pesquisa. O Capítulo 3 apresenta os trabalhos relacionados, incluindo estudos relacionados à detecção automática de bacilos. O Capítulo 4 descreve os materiais e métodos utilizados no desenvolvimento do trabalho. No Capítulo 5 são apresentados e discutidos os resultados obtidos. Por fim, o Capítulo 6 apresenta as conclusões e possíveis trabalhos futuros.

## 2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

### 2.1 Saúde

#### 2.1.1 Tuberculose

A tuberculose (TB) é uma doença infecciosa causada pela bactéria *Mycobacterium tuberculosis*, transmitida principalmente por via aérea, através da inalação de aerossóis expelidos por indivíduos infectados ao tossirem, espirrarem ou falarem. Trata-se de um problema global de saúde pública, sendo uma das principais causas de morte por doenças infecciosas, especialmente em países em desenvolvimento (ORGANIZATION, 2023). A tuberculose atinge predominantemente os pulmões (tuberculose pulmonar), mas pode afetar outros órgãos e tecidos, como ossos, rins, linfonodos e sistema nervoso central, caracterizando a forma extrapulmonar.

Segundo a Organização Mundial da Saúde (OMS), estima-se que cerca de um quarto da população mundial esteja infectada de forma latente pela bactéria, sem apresentar sintomas, mas com risco de desenvolver a forma ativa ao longo da vida (ORGANIZATION, 2023). Os principais fatores de risco incluem condições socioeconômicas desfavoráveis, desnutrição, tabagismo, diabetes, uso de álcool e, de forma mais relevante, a coinfeção pelo vírus HIV. O diagnóstico precoce é fundamental para o controle da doença e a redução de sua transmissão, o que ressalta a importância de métodos eficazes de detecção aliados a programas de vigilância e intervenção rápida (Ministério da Saúde, 2022).

#### 2.1.2 Detecção por Teste Molecular

Os testes moleculares têm revolucionado o diagnóstico da tuberculose ao proporcionar resultados rápidos, específicos e sensíveis, mesmo em amostras com baixa carga bacilar. Entre os métodos mais utilizados destaca-se o GeneXpert MTB/RIF, que emprega a técnica de reação em cadeia da polimerase em tempo real (RT-PCR). Este método detecta a presença do DNA do *Mycobacterium tuberculosis* em amostras clínicas, como escarro, aspirado gástrico e líquido cefalorraquidiano, oferecendo alta sensibilidade e especificidade (Ministério da Saúde, 2022).

Além da detecção da bactéria, o GeneXpert identifica simultaneamente a resistência à rifampicina, um dos principais medicamentos de primeira linha no tratamento da TB, fornecendo resultados em cerca de duas horas. Essa capacidade de diagnóstico rápido e acurado tem impacto direto na contenção da doença, especialmente em populações vulneráveis.

### 2.1.3 Detecção por Baciloscopia

A baciloscopia, também conhecida como exame de escarro ou esfregaço de BAAR (bacilo álcool-ácido resistente), é uma técnica tradicional, de baixo custo e amplamente utilizada para o diagnóstico da tuberculose pulmonar, principalmente em países com recursos limitados (Ministério da Saúde, 2022). O exame consiste na coloração da amostra utilizando o método de Ziehl-Neelsen, que permite visualizar os bacilos sob microscópio óptico.

Apesar de sua simplicidade e rapidez, a baciloscopia apresenta sensibilidade limitada, especialmente em pacientes com baixa carga bacilar. Além disso, o método não distingue entre espécies de micobactérias e não fornece informações sobre resistência aos medicamentos. Por esse motivo, é frequentemente complementado por métodos moleculares ou cultura bacteriana quando disponíveis.

A interpretação dos resultados da baciloscopia é realizada por meio da contagem de bacilos observados em campos microscópicos. A Tabela 1 apresenta um exemplo de classificação utilizada em exames de baciloscopia.

Tabela 1 – Classificação da baciloscopia de acordo com a quantidade de bacilos observados

| Bacilos observados           | Resultado |
|------------------------------|-----------|
| Nenhum bacilo em 100 campos  | Negativo  |
| 1–9 bacilos em 100 campos    | Escasso   |
| 10–99 bacilos em 100 campos  | +         |
| 1–10 bacilos por campo       | ++        |
| Mais de 10 bacilos por campo | +++       |

## 2.2 Computacional

### 2.2.1 Imagem Digital

A imagem digital pode ser entendida como a representação numérica de uma cena ou objeto, na qual a imagem é composta por uma matriz de pequenos elementos denominados pixels. Cada pixel armazena informações relacionadas à intensidade luminosa e, em imagens coloridas, também à composição de cores. A quantidade de pixels presentes em uma imagem está diretamente relacionada à sua resolução e ao nível de detalhamento que pode ser representado.

No contexto da área médica, imagens digitais desempenham papel fundamental em diversos exames, como radiografias, tomografias, ressonâncias magnéticas e análises microscópicas. O processamento dessas imagens envolve diferentes técnicas computacionais, incluindo filtragem, segmentação e análise de padrões, com o objetivo de extrair informações relevantes que auxiliem no diagnóstico de doenças.

Em estudos voltados à detecção de tuberculose, técnicas de processamento e análise de imagens microscópicas têm sido utilizadas para auxiliar na identificação automática

de bacilos presentes nas lâminas analisadas em exames laboratoriais, demonstrando o potencial do uso de métodos computacionais nesse tipo de aplicação (LOPEZ, 2018).

### 2.2.2 Redes Neurais Artificiais

As redes neurais artificiais (RNAs) são estruturas computacionais compostas por camadas de neurônios artificiais que simulam, de forma simplificada, o funcionamento das redes neurais biológicas. Cada neurônio recebe um conjunto de entradas, realiza uma combinação ponderada dessas informações e aplica uma função de ativação, produzindo uma saída que é propagada para os neurônios da camada seguinte.

O processo de aprendizado é geralmente realizado por meio de algoritmos como o *backpropagation*, responsável por ajustar iterativamente os pesos das conexões da rede com o objetivo de minimizar o erro entre a saída prevista e a saída esperada (GOODFELLOW; BENGIO; COURVILLE, 2016). Essas técnicas são amplamente utilizadas em tarefas de classificação, reconhecimento de padrões e análise de dados.

### 2.2.3 Redes Neurais Convolucionais

As redes neurais convolucionais (CNNs) representam uma das principais arquiteturas utilizadas na análise de imagens. Esse tipo de rede é composto por camadas convolucionais, camadas de *pooling* e camadas totalmente conectadas. As camadas convolucionais são responsáveis por extrair características relevantes das imagens, como bordas, texturas e padrões estruturais (LECUN et al., 1998).

Com o avanço do aprendizado profundo, as CNNs tornaram-se amplamente empregadas em tarefas de classificação e detecção de objetos em imagens médicas (LITJENS, 2017). Sua capacidade de aprender automaticamente representações complexas a partir dos dados torna essas redes particularmente adequadas para problemas envolvendo imagens médicas.

### 2.2.4 Inteligência Artificial na Medicina

A Inteligência Artificial (IA) tem desempenhado um papel cada vez mais relevante na transformação da medicina moderna, oferecendo suporte ao diagnóstico, tratamento e monitoramento de doenças. A aplicação de algoritmos capazes de aprender padrões a partir de grandes volumes de dados clínicos tem permitido o desenvolvimento de sistemas computacionais com desempenho comparável ao de especialistas humanos em determinadas tarefas (LITJENS, 2017).

Entre os principais domínios de aplicação da IA na medicina destacam-se o diagnóstico por imagem e a análise de exames médicos, nos quais técnicas de aprendizado profundo são utilizadas para identificar padrões relevantes nos dados.

### 2.2.5 YOLO

A YOLO (*You Only Look Once*) é uma arquitetura de rede neural amplamente utilizada em tarefas de detecção de objetos em imagens. Diferentemente de métodos tradicionais de detecção que realizam o processo em múltiplas etapas, a YOLO realiza simultaneamente a identificação e a classificação dos objetos em uma única passagem pela rede neural, o que torna o processo significativamente mais rápido (REDMON et al., 2016).

Essa abordagem permite que a rede analise a imagem completa e preveja diretamente as regiões onde os objetos estão localizados, por meio de caixas delimitadoras (*bounding boxes*). Como resultado, o método apresenta um bom equilíbrio entre velocidade e precisão, sendo amplamente aplicado em sistemas de visão computacional.

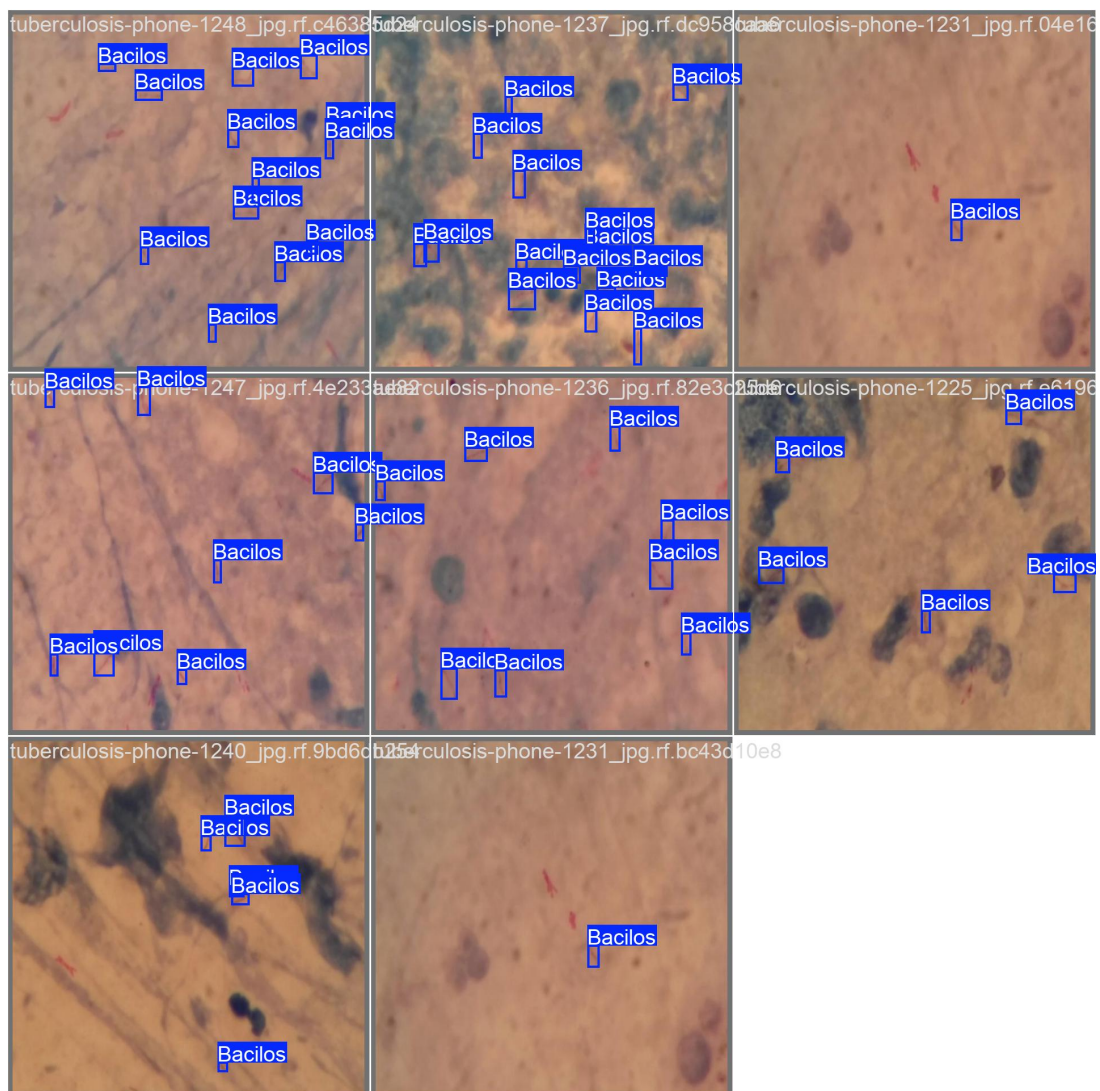


Figura 1 – Resultado da detecção automática de bacilos em imagem microscópica utilizando o modelo YOLO. As caixas delimitadoras (*bounding boxes*) indicam as regiões identificadas pelo modelo como contendo bacilos.

### 3 Trabalhos Relacionados

Diversos estudos têm explorado o uso de técnicas de inteligência artificial e aprendizado de máquina para auxiliar no diagnóstico de doenças, especialmente na análise de imagens médicas. No contexto da tuberculose, diferentes abordagens computacionais têm sido propostas para automatizar a detecção de bacilos em imagens microscópicas ou para identificar padrões relacionados à doença em exames médicos.

Demuth investigou o uso de redes neurais convolucionais para a segmentação de bacilos de tuberculose em imagens de microscopia. O estudo demonstra que técnicas de aprendizado profundo podem ser utilizadas para identificar automaticamente estruturas microscópicas associadas à presença da bactéria *Mycobacterium tuberculosis* (DEMUTH, 2019).

Singh et al. (SINGH et al., 2022) apresentam uma revisão sobre a evolução do uso de técnicas de *machine learning* no diagnóstico da tuberculose. Os autores discutem diferentes arquiteturas de redes neurais e algoritmos utilizados na análise de imagens médicas, destacando os avanços recentes proporcionados pelo aprendizado profundo e seu impacto na área de diagnóstico assistido por computador.

Chen et al. investigaram a aplicação de técnicas de inteligência artificial no diagnóstico da tuberculose a partir da análise de imagens microscópicas. O estudo demonstra que sistemas baseados em aprendizado profundo podem auxiliar na identificação automática de bacilos, contribuindo para melhorar a eficiência do diagnóstico laboratorial (CHEN; ZHANG; LI, 2024).

Rodrigues et al. propuseram uma metodologia automática para detecção de bacilos de tuberculose em imagens microscópicas utilizando a arquitetura RetinaNet. O estudo demonstra que modelos de detecção baseados em aprendizado profundo podem auxiliar na identificação automática de bacilos presentes em lâminas analisadas em exames de baciloscopia (RODRIGUES; REIS, 2022).

Gomide et al. apresentaram um estudo voltado para a detecção e contagem automática de bacilos álcool-ácido resistentes em imagens microscópicas utilizadas no diagnóstico da tuberculose. Os autores exploram técnicas de visão computacional para automatizar a análise de lâminas microscópicas, buscando reduzir o tempo necessário para a avaliação manual realizada por especialistas (GOMIDE et al., 2023).

Em geral, os trabalhos apresentados demonstram que técnicas de inteligência artificial têm sido cada vez mais utilizadas no desenvolvimento de sistemas de apoio ao diagnóstico médico. No caso específico da tuberculose, muitos estudos concentram-se na aplicação de redes neurais profundas para análise de imagens médicas e microscópicas, visando automatizar processos tradicionalmente realizados por especialistas humanos.

Assim neste trabalho, foi adotada uma abordagem baseada em técnicas de visão

computacional e redes neurais para a identificação automática de bacilos em imagens microscópicas. Diferentemente de alguns estudos, o processo desenvolvido neste estudo utiliza ferramentas específicas para preparação e anotação do conjunto de dados, como a plataforma Roboflow. Além disso, foi estruturado um pipeline voltado para a detecção automática de bacilos em imagens provenientes de lâminas utilizadas na baciloscopia.

## 4 MATERIAIS E MÉTODOS

Este capítulo apresenta os materiais utilizados e os métodos empregados no desenvolvimento deste trabalho. São descritos o conjunto de dados utilizado, as etapas de pré-processamento aplicadas às imagens, o modelo de aprendizado profundo empregado, bem como a configuração dos experimentos e as métricas utilizadas para avaliação dos resultados.

### 4.1 Pipeline do Método

O processo geral utilizado neste trabalho é ilustrado na Figura 2. Inicialmente são utilizadas imagens microscópicas contendo bacilos associados à tuberculose. Em seguida, são aplicadas etapas de pré-processamento, incluindo conversão de espaço de cor e divisão das imagens em blocos menores (*tiling*). Posteriormente, os dados são utilizados para o treinamento de um modelo baseado na arquitetura YOLO, responsável pela detecção automática dos bacilos nas imagens analisadas.

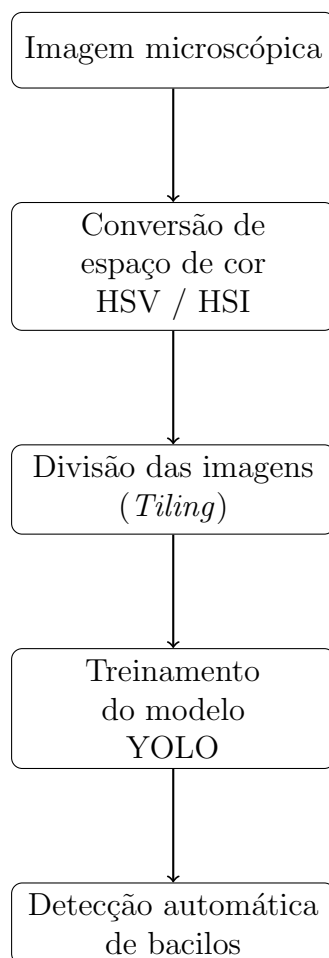


Figura 2 – Pipeline do método proposto para detecção automática de bacilos em imagens microscópicas.

Fonte: Elaborado pelo autor.

## 4.2 Conjunto de Dados

O conjunto de dados utilizado neste trabalho é composto por imagens microscópicas contendo bacilos associados à tuberculose pulmonar. O dataset foi obtido a partir da plataforma Roboflow Universe, que disponibiliza conjuntos de dados anotados para aplicações de visão computacional. As imagens correspondem a lâminas microscópicas utilizadas em exames de baciloscopia, nas quais os bacilos foram previamente identificados e anotados por meio de caixas delimitadoras (*bounding boxes*).

No total, o conjunto de dados possui 4.079 imagens anotadas. Cada imagem é acompanhada de um arquivo de anotação no formato utilizado pelos modelos da família YOLO. Nesse formato, cada objeto presente na imagem é representado por uma linha contendo a classe do objeto e as coordenadas normalizadas da caixa delimitadora, indicando a posição e o tamanho da região onde o bacilo está localizado.

As imagens foram organizadas seguindo a estrutura padrão adotada pelos modelos YOLO, com diretórios separados para treinamento, validação e teste. Essa organização

permite utilizar parte dos dados para o treinamento do modelo, enquanto os demais subconjuntos são empregados para avaliar o desempenho do modelo durante o processo de desenvolvimento.

A divisão do dataset foi mantida conforme a organização original disponibilizada pela plataforma Roboflow. A Tabela 2 apresenta a distribuição das imagens em cada conjunto.

Tabela 2 – Divisão do conjunto de dados utilizado no treinamento do modelo

| Conjunto    | Número de imagens |
|-------------|-------------------|
| Treinamento | 3111              |
| Validação   | 628               |
| Teste       | 340               |
| Total       | 4079              |

Inicialmente, o conjunto de dados possuía duas classes distintas: *Bacilos* e *Grupo-de-Bacilos*. A classe *Bacilos* representa bacilos individuais observados nas imagens microscópicas, enquanto a classe *Grupo-de-Bacilos* representa regiões onde múltiplos bacilos aparecem próximos entre si.

Durante os experimentos foi observado que a distinção entre essas duas classes apresentava dificuldades para o modelo, principalmente devido ao desbalanceamento entre as categorias e à semelhança visual entre bacilos individuais e pequenos agrupamentos. Esse fator dificultava o aprendizado da classe com menor quantidade de exemplos e impactava negativamente o desempenho do modelo.

Sendo assim, optou-se por unificar ambas as classes em uma única categoria denominada *Bacilos*, caracterizando o problema como uma tarefa de detecção de objetos de classe única. Essa decisão permitiu simplificar o processo de detecção e resultou em melhor desempenho do modelo durante o treinamento.

A Figura 3 apresenta um exemplo de imagem do conjunto de dados contendo bacilos anotados por meio de caixas delimitadoras utilizadas no treinamento do modelo.

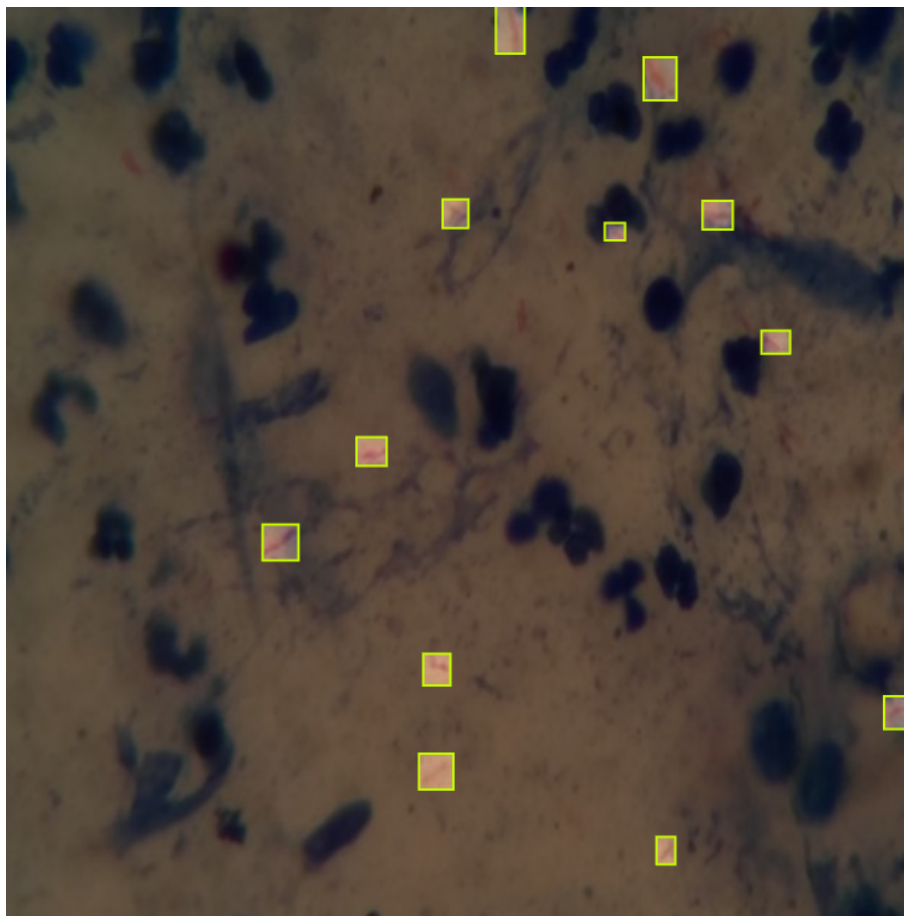


Figura 3 – Exemplo de imagem microscópica do conjunto de dados com bacilos anotados por meio de caixas delimitadoras utilizadas no treinamento do modelo.

Fonte: Elaborado pelo autor a partir do dataset disponibilizado na plataforma Roboflow Universe.

Embora o conjunto de dados utilizado neste trabalho tenha sido obtido a partir de uma base já disponível na plataforma Roboflow Universe, a qualidade e a preparação de um dataset são fatores fundamentais para o desempenho de modelos de aprendizado profundo. Em tarefas de detecção de objetos, um bom conjunto de dados deve apresentar diversidade de amostras, variações de iluminação, contraste, escala e posicionamento dos objetos, além de anotações consistentes e bem delimitadas.

No contexto da detecção de bacilos em imagens microscópicas, a preparação adequada do dataset envolve cuidados como a padronização das anotações, a verificação da qualidade visual das imagens, a representatividade de diferentes cenários de captura e o equilíbrio entre as classes. A ausência desses cuidados pode comprometer o aprendizado do modelo, dificultando sua capacidade de generalização.

No conjunto utilizado neste trabalho, observou-se que a classe *Grupo-de-Bacilos* possuía quantidade significativamente menor de exemplos quando comparada à classe *Bacilos*. Esse desbalanceamento influenciou negativamente o desempenho do modelo no cenário com duas classes. Além disso, por se tratar de imagens microscópicas, aspectos

como ruído, variações de coloração e pequenas diferenças de foco também representam desafios importantes para a construção de bases de dados robustas nesse tipo de aplicação.

Então, mesmo utilizando um dataset previamente disponibilizado, a etapa de análise e preparação dos dados mostrou-se essencial para o desenvolvimento do trabalho, especialmente na reorganização das classes e na aplicação de técnicas de pré-processamento voltadas à melhoria do desempenho do modelo.

### 4.3 Pré-processamento das Imagens

Antes do treinamento do modelo de detecção, foram aplicadas etapas de pré-processamento com o objetivo de melhorar a qualidade das amostras utilizadas no treinamento e facilitar a identificação dos bacilos nas imagens microscópicas.

#### 4.3.1 Conversão de Espaço de Cor

Imagens microscópicas podem apresentar variações de iluminação e contraste que dificultam a identificação de estruturas de interesse. Para investigar o impacto dessas variações no desempenho do modelo, foram realizados experimentos utilizando diferentes espaços de cor.

Inicialmente, as imagens foram convertidas do espaço de cor original BGR para o espaço HSV (*Hue, Saturation, Value*) utilizando a biblioteca OpenCV. Essa conversão permite separar a informação de tonalidade e saturação da componente de intensidade luminosa.

Posteriormente, também foi implementada a conversão para o espaço de cor HSI (*Hue, Saturation, Intensity*), no qual o canal de intensidade representa de forma mais direta a iluminação da imagem. Essa abordagem busca reduzir o impacto de variações de iluminação presentes nas imagens microscópicas.

#### 4.3.2 Tiling das Imagens

Outro desafio presente no conjunto de dados é o fato de os bacilos serem estruturas muito pequenas em relação ao tamanho total da imagem. Isso pode dificultar o aprendizado do modelo de detecção.

A divisão das imagens em regiões menores, conhecida como *tiling*, é frequentemente utilizada em tarefas de detecção de objetos pequenos, pois permite aumentar a proporção do objeto na imagem analisada pelo modelo (UNEL; OZKALAYCI; CIGLA, 2019).

Para mitigar esse problema, foi aplicada a técnica de *tiling*, que consiste em dividir cada imagem original em múltiplos blocos menores. Esse processo permite que os objetos de interesse ocupem uma fração maior da imagem analisada pelo modelo.

Durante o processo de divisão das imagens, as anotações das caixas delimitadoras (*bounding boxes*) foram recalculadas para cada bloco gerado, garantindo a consistência das

informações de localização dos bacilos.

A aplicação do *tiling* também resultou no aumento do número total de amostras disponíveis para treinamento, contribuindo para maior diversidade espacial no conjunto de dados.

#### 4.4 Modelo de Detecção

Para a detecção automática de bacilos nas imagens microscópicas foi utilizada a arquitetura YOLO (*You Only Look Once*), amplamente empregada em tarefas de detecção de objetos em visão computacional.

A YOLO é capaz de identificar e localizar objetos em imagens por meio da predição simultânea de caixas delimitadoras (*bounding boxes*) e probabilidades de classe. Essa abordagem permite realizar a detecção de objetos em uma única passagem pela rede neural, tornando o processo computacionalmente eficiente.

Neste trabalho foi utilizado um modelo da família YOLO otimizado para detecção de objetos pequenos, característica importante considerando o tamanho reduzido dos bacilos nas imagens analisadas.

A escolha da arquitetura YOLO11 não foi definida desde o início do trabalho. Inicialmente, foram realizados experimentos com modelos da família YOLOv8, avaliando principalmente as versões nano, small e medium. Com o objetivo de verificar se haveria melhora no desempenho, optou-se por realizar testes equivalentes com a família YOLO11, também considerando diferentes escalas de modelo. A partir dessas comparações, observou-se que a YOLO11 apresentou melhor equilíbrio entre custo computacional e desempenho para o problema investigado, motivo pelo qual foi adotada neste trabalho.

Em cenários de detecção de objetos pequenos, como os bacilos presentes em imagens microscópicas, modelos mais recentes da família YOLO tendem a apresentar melhorias na eficiência do treinamento, na estabilidade do processo de inferência e na capacidade de extração de características, o que favorece a identificação de estruturas reduzidas e visualmente sutis. Considerando o hardware disponível e os testes realizados, a versão YOLO11s mostrou-se a alternativa mais adequada para os experimentos desenvolvidos.

#### 4.5 Configuração de Treinamento

O treinamento do modelo foi realizado utilizando o framework Ultralytics YOLO.

Os principais parâmetros utilizados no treinamento foram:

- Tamanho da imagem de entrada: 1024 pixels
- Número de épocas de treinamento: inicialmente foram realizados testes com 500 épocas. Entretanto, o aumento excessivo do número de épocas elevava o tempo de treinamento sem produzir ganhos consistentes de desempenho, e em alguns casos resultava em métricas semelhantes ou inferiores. Posteriormente, foram conduzidos

testes com 250 épocas e, a partir da análise dos resultados, optou-se por utilizar 150 épocas nos experimentos mais completos. Além disso, treinamentos com 80 e 50 épocas também foram empregados para verificar a consistência dos resultados obtidos.

- Otimizador: AdamW
- Treinamento com precisão mista (*Automatic Mixed Precision*)

Os experimentos foram executados utilizando uma GPU NVIDIA GeForce GTX 1060 com 6GB de memória, utilizando a biblioteca PyTorch com suporte a CUDA.

Além das etapas de pré-processamento, também foram utilizadas técnicas de *data augmentation* durante o treinamento do modelo. Essas técnicas consistem em aplicar transformações automáticas nas imagens com o objetivo de aumentar a diversidade das amostras apresentadas à rede neural, contribuindo para reduzir o sobreajuste e melhorar a capacidade de generalização do modelo.

No treinamento realizado com o framework Ultralytics YOLO, foram empregadas estratégias de aumento de dados como espelhamento horizontal, variações de escala, deslocamentos na imagem, mosaico (*mosaic*) e *mixup*, além de pequenas variações relacionadas aos canais de cor. Essas transformações foram aplicadas automaticamente durante o processo de treinamento e contribuíram para tornar o modelo mais robusto a diferentes variações presentes nas imagens microscópicas.

## 4.6 Experimentos

Durante o desenvolvimento do trabalho foram realizados diferentes experimentos com o objetivo de avaliar o impacto das técnicas de pré-processamento e da organização das classes no desempenho do modelo.

Inicialmente foi realizado o treinamento utilizando o conjunto de dados original contendo duas classes. Posteriormente, foi realizado um novo treinamento utilizando apenas uma classe, obtida a partir da fusão das classes originais.

Também foram realizados experimentos utilizando diferentes espaços de cor (HSV e HSI) e versões do conjunto de dados com e sem aplicação da técnica de *tiling*.

## 4.7 Métricas de Avaliação

O desempenho do modelo foi avaliado utilizando métricas amplamente empregadas em tarefas de detecção de objetos.

Entre as métricas utilizadas destacam-se:

- mAP50 (*mean Average Precision* com limiar de IoU de 0.5)
- mAP50–95
- curvas Precision–Recall
- matriz de confusão

Essas métricas permitem avaliar tanto a capacidade do modelo de identificar corretamente os bacilos quanto sua precisão na localização das regiões de interesse nas imagens analisadas.

## 5 Resultados e Discussões

Neste capítulo são apresentados e discutidos os principais resultados obtidos a partir dos experimentos realizados para a detecção automática de bacilos em imagens microscópicas utilizando o modelo YOLO11. Durante o desenvolvimento do trabalho foram conduzidos diversos testes experimentais com diferentes configurações de treinamento e processamento das imagens. Nesta seção são apresentados os resultados mais relevantes, selecionados por representarem os cenários que melhor evidenciam o comportamento do modelo.

Em todos os cenários analisados foi aplicada a técnica de *tiling*, que consiste em dividir imagens maiores em regiões menores, permitindo que objetos microscópicos ocupem uma área proporcionalmente maior na entrada do modelo. Essa abordagem é particularmente útil para tarefas de detecção de objetos muito pequenos, como bacilos presentes em imagens microscópicas.

### 5.1 Detecção utilizando duas classes

Inicialmente foi avaliado um modelo treinado com duas classes distintas: *Bacilos* e *Grupo-de-Bacilos*. O objetivo dessa abordagem foi verificar se o modelo seria capaz de diferenciar bacilos individuais de regiões contendo múltiplos bacilos próximos.

O treinamento foi realizado utilizando o modelo YOLO11s com resolução de entrada de 1024 pixels. As curvas de treinamento indicaram redução progressiva das funções de perda tanto no conjunto de treinamento quanto no conjunto de validação, sugerindo que o modelo foi capaz de aprender padrões relevantes presentes nas imagens.

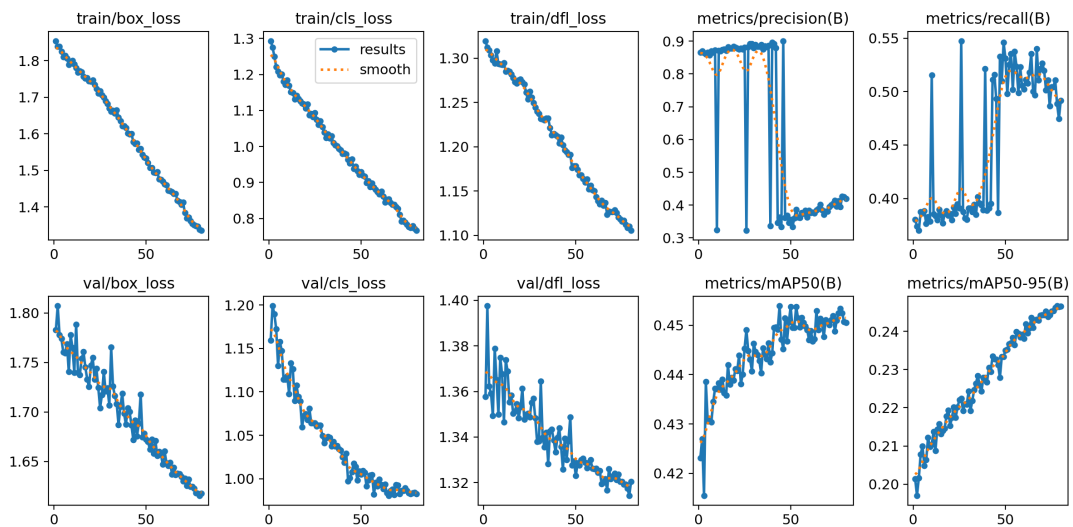


Figura 4 – Curvas de treinamento do modelo YOLO11s durante o processo de treinamento utilizando duas classes.

Entretanto, a análise das métricas revelou diferenças significativas entre as classes. A classe *Bacilos* apresentou bom desempenho, com Average Precision (AP) aproximado de 0.83. Por outro lado, a classe *Grupo-de-Bacilos* apresentou desempenho bastante inferior, com AP aproximado de 0.07. Como consequência, o valor global de mAP@0.5 obtido foi de aproximadamente 0.45.

Esse comportamento pode ser explicado principalmente pelo desbalanceamento presente no conjunto de dados. A análise da distribuição das anotações revelou que a classe *Bacilos* possui aproximadamente 23.380 instâncias, enquanto a classe *Grupo-de-Bacilos* possui cerca de 1.493 instâncias. Esse desequilíbrio dificulta o aprendizado da classe minoritária, levando o modelo a apresentar dificuldade em generalizar para essa categoria.

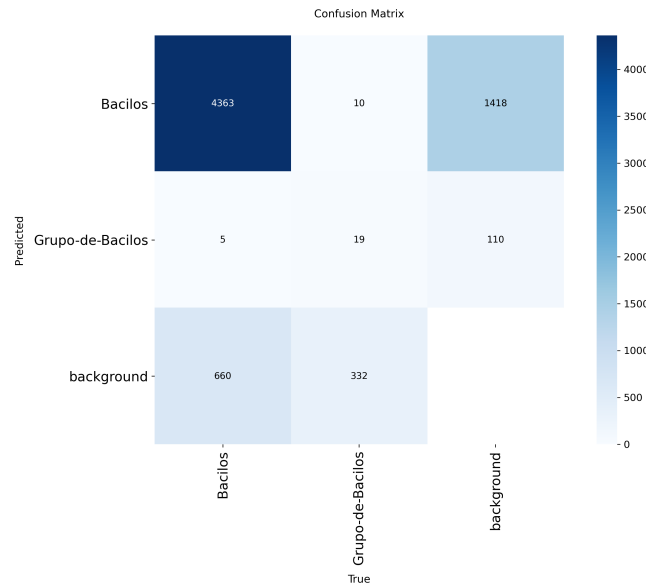


Figura 5 – Matriz de confusão obtida no treinamento utilizando duas classes, evidenciando o baixo desempenho da classe *Grupo-de-Bacilos*.

Além disso, a distinção entre bacilos individuais e grupos de bacilos pode apresentar certa ambiguidade visual, já que grupos frequentemente consistem apenas em múltiplos bacilos localizados em regiões próximas. Esse fator pode contribuir para dificuldades adicionais no processo de aprendizado do modelo.

## 5.2 Detecção utilizando classe única

Considerando as limitações observadas na abordagem anterior, foi adotada uma estratégia de simplificação do problema. As classes *Bacilos* e *Grupo-de-Bacilos* foram unificadas em uma única classe, representando apenas a presença de bacilos nas imagens.

Mantendo as mesmas configurações de treinamento e o uso da técnica de *tiling*, o modelo apresentou melhora significativa no desempenho geral. O valor de mAP@0.5

obtido foi de aproximadamente 0.79, com valores de *precision* e *recall* próximos de 0.77 e 0.76, respectivamente.

Essa melhoria pode ser atribuída à redução da ambiguidade no processo de classificação e à eliminação do problema de desbalanceamento entre classes. Ao considerar apenas uma classe, o modelo passa a concentrar seu aprendizado exclusivamente na detecção de bacilos, sem a necessidade de distinguir entre diferentes tipos de agrupamentos.

As imagens de validação demonstram que o modelo foi capaz de localizar corretamente diversos bacilos presentes nas lâminas microscópicas, geralmente com valores de confiança entre 0.6 e 0.8. Esses resultados indicam que a abordagem de classe única se mostrou mais adequada para o problema investigado.

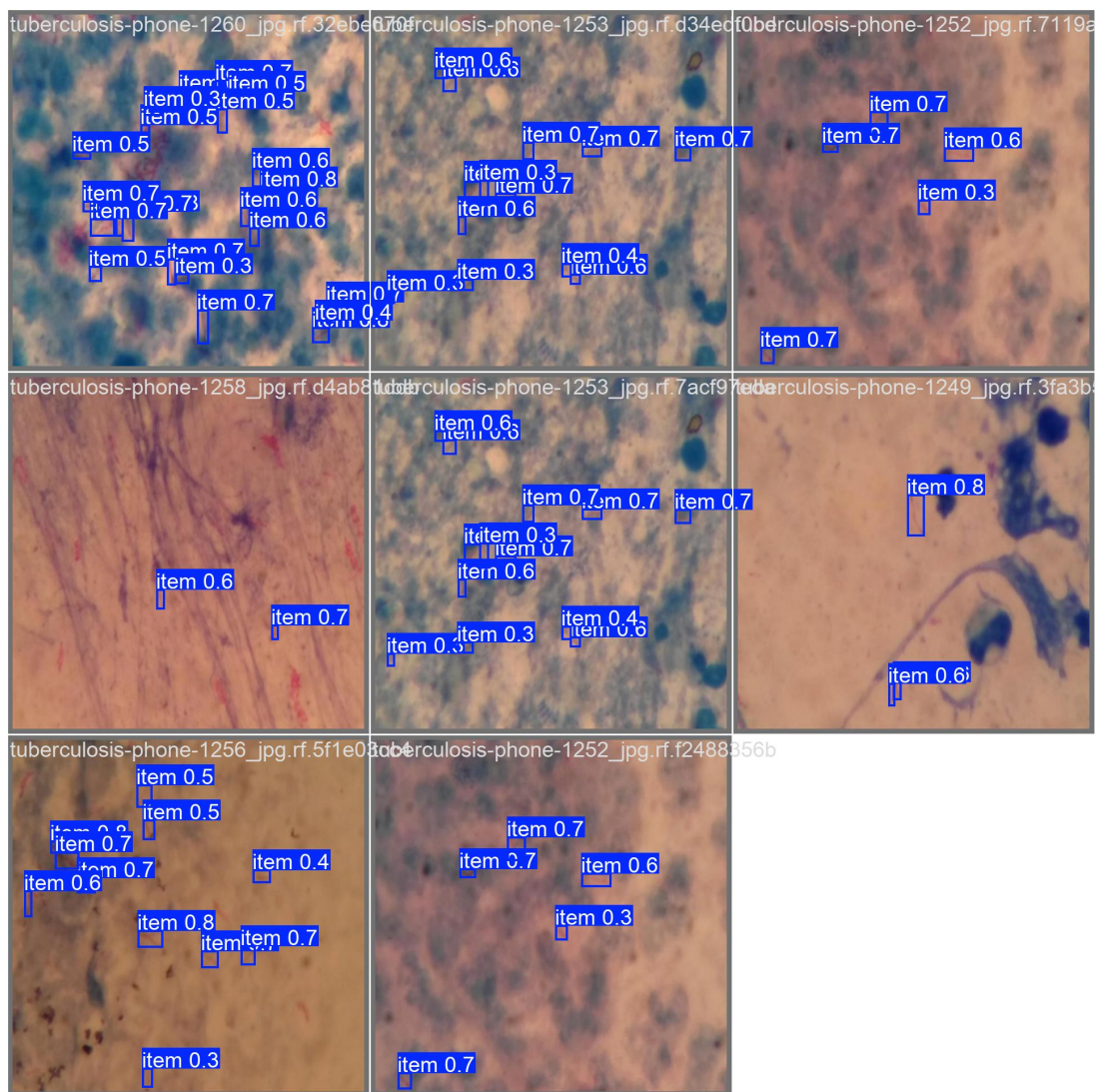


Figura 6 – Exemplo de detecção automática de bacilos em imagens microscópicas utilizando o modelo treinado com classe única.

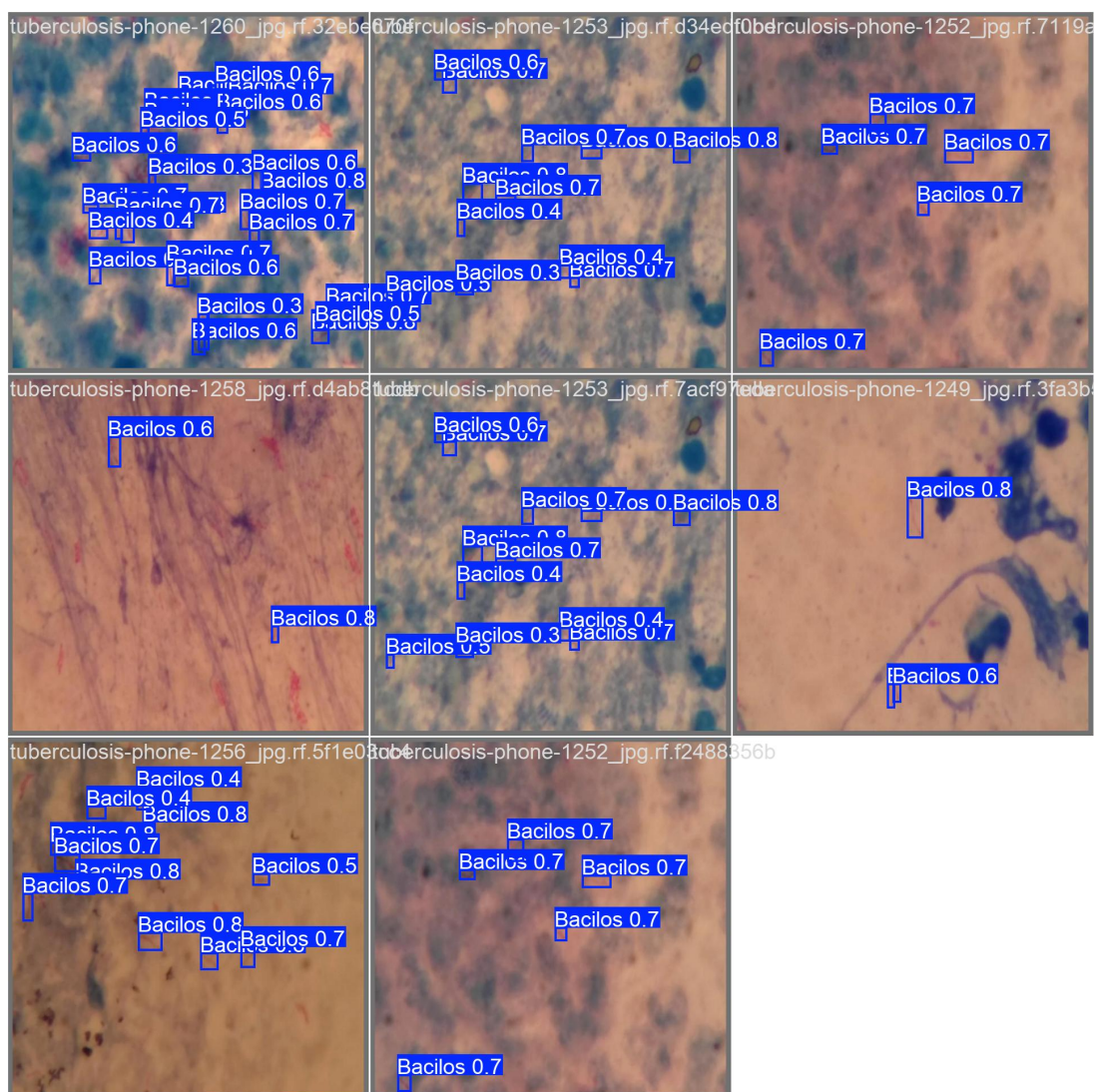


Figura 7 – Exemplo de detecção automática de bacilos em imagens microscópicas utilizando o modelo treinado com duas classes.

### 5.3 Impacto da transformação de cor HSI

Também foi investigado o impacto da transformação do espaço de cores das imagens. Para isso, as imagens originais foram convertidas do espaço de cores RGB para o espaço de cores HSI (*Hue*, *Saturation* e *Intensity*), com o objetivo de destacar diferenças cromáticas e reduzir possíveis interferências causadas por variações de iluminação.

O modelo foi novamente treinado utilizando uma única classe e mantendo o uso da técnica de *tiling*. Os resultados obtidos indicaram um valor de mAP@0.5 de aproximadamente 0.75.

A análise das curvas Precision-Recall demonstrou que o modelo manteve desempenho consistente ao longo de diferentes níveis de *recall*. A matriz de confusão também indicou um número elevado de detecções corretas, com milhares de bacilos corretamente identificados.

Apesar disso, ao comparar os resultados com aqueles obtidos no cenário anterior, observa-se uma leve redução no desempenho global. Enquanto o modelo treinado com imagens RGB alcançou mAP@0.5 próximo de 0.79, o modelo treinado com imagens no espaço HSI obteve aproximadamente 0.75.

Uma possível explicação para esse comportamento é que, embora o espaço de cores HSI possa destacar algumas características cromáticas das imagens microscópicas, a conversão pode alterar ou reduzir informações relevantes presentes no espaço RGB original.

#### 5.4 Comparação entre as abordagens

A Tabela 3 apresenta uma comparação entre as principais configurações analisadas neste estudo.

Tabela 3 – Comparação entre as abordagens avaliadas

| Abordagem          | Classes | HSI | Tiling | mAP@0.5 |
|--------------------|---------|-----|--------|---------|
| Duas classes       | 2       | Não | Sim    | 0.45    |
| Classe única       | 1       | Não | Sim    | 0.79    |
| Classe única + HSI | 1       | Sim | Sim    | 0.75    |

Além do mAP@0.5 apresentado na Tabela 3, outras métricas também foram analisadas durante a avaliação dos modelos. Os resultados indicaram valores de precision e recall aproximadamente entre 0.76 e 0.77 no cenário de melhor desempenho, demonstrando que o modelo foi capaz de identificar corretamente a maioria dos bacilos presentes nas imagens.

A análise das curvas Precision–Recall também indicou comportamento consistente do modelo ao longo dos diferentes limiares de detecção, reforçando a estabilidade da abordagem utilizada. Esses resultados complementam a análise baseada no mAP e ajudam a fornecer uma visão mais completa do desempenho do modelo.

Observa-se que o melhor desempenho foi obtido no cenário em que o modelo foi treinado utilizando apenas uma classe e imagens no espaço de cores RGB. Esse resultado sugere que a simplificação do problema de detecção contribui significativamente para melhorar o desempenho do modelo.

Os resultados também indicam que o desbalanceamento de classes pode impactar negativamente o desempenho de modelos de detecção quando diferentes categorias possuem quantidades muito distintas de exemplos no conjunto de treinamento.

Sendo assim, os resultados demonstram que a combinação de detecção em classe única e uso da técnica de *tiling* constitui uma estratégia eficaz para identificar bacilos em imagens microscópicas. Dessa forma, os experimentos realizados mostram o potencial do uso de técnicas de aprendizado profundo como ferramenta de apoio à análise laboratorial de exames microscópicos relacionados à tuberculose.

## 6 CONCLUSÃO

Este trabalho teve como objetivo investigar a aplicação de técnicas de visão computacional e aprendizado profundo para auxiliar na detecção automática de bacilos em imagens microscópicas utilizadas no diagnóstico da tuberculose. Para isso, foi desenvolvido e avaliado um modelo baseado na arquitetura YOLO para identificar automaticamente bacilos presentes nas lâminas microscópicas.

Durante o desenvolvimento do trabalho foram realizados diferentes testes experimentais, variando principalmente o número de classes utilizadas e o processamento das imagens. Os resultados demonstraram que o treinamento utilizando duas classes distintas apresentou desempenho limitado, principalmente devido ao desbalanceamento existente no conjunto de dados e à similaridade visual entre as categorias. Por outro lado, a abordagem utilizando apenas uma classe apresentou desempenho significativamente superior, alcançando valores de mAP@0.5 próximos de 0.79.

Os resultados experimentais também apresentaram valores de precision e recall próximos de 0.77 e 0.76, respectivamente, indicando um bom equilíbrio entre a capacidade do modelo de localizar corretamente os bacilos e a redução de detecções incorretas nas imagens analisadas.

Também foi avaliado o impacto da conversão das imagens para o espaço de cores HSI. Embora essa abordagem tenha apresentado resultados consistentes, observou-se que o modelo treinado com imagens no espaço RGB original apresentou desempenho ligeiramente superior.

Assim, os resultados obtidos indicam que técnicas de aprendizado profundo podem ser utilizadas para auxiliar na análise de imagens microscópicas relacionadas ao diagnóstico da tuberculose. A automatização da identificação de bacilos pode servir como suporte ao trabalho dos profissionais da área da saúde, contribuindo para tornar o processo de análise das lâminas mais rápido.

### 6.1 Limitações do Trabalho

Apesar dos resultados promissores obtidos neste trabalho, algumas limitações devem ser consideradas. A primeira delas está relacionada ao hardware disponível para a realização dos experimentos. Devido às restrições de processamento e memória da GPU utilizada, os testes foram concentrados principalmente na versão YOLO11s, o que impediu a avaliação mais aprofundada de modelos maiores, como as versões medium, large e extra large, que possivelmente poderiam apresentar desempenho superior.

Outra limitação importante diz respeito ao próprio conjunto de dados utilizado. Embora o dataset apresentasse quantidade significativa de imagens, observou-se forte

desbalanceamento entre as classes originais, especialmente pela pequena quantidade de exemplos da classe *Grupo-de-Bacilos*. Esse fator dificultou o aprendizado do modelo no cenário com duas classes e impactou negativamente os resultados obtidos nessa configuração.

Além disso, os experimentos foram realizados com base em um conjunto específico de imagens microscópicas, o que limita a avaliação da capacidade de generalização do modelo para outros contextos, como imagens obtidas em diferentes laboratórios, equipamentos ou condições de captura. O trabalho concentrou-se principalmente na etapa de detecção dos bacilos, não contemplando de forma completa a classificação final do exame com base na contagem automatizada.

## 6.2 Trabalhos Futuros

Como trabalhos futuros, pretende-se ampliar o conjunto de dados utilizado no treinamento, incluindo maior diversidade de imagens microscópicas. Além disso, futuras pesquisas podem explorar diferentes arquiteturas de redes neurais, técnicas de aumento de dados e métodos adicionais de pré-processamento de imagens.

Outra possibilidade consiste na integração do modelo desenvolvido em uma ferramenta de apoio à análise laboratorial, permitindo que profissionais da área da saúde utilizem o sistema como auxílio na detecção automática de bacilos em exames microscópicos.

## Referências

CHEN, Y.; ZHANG, P.; LI, Z. Pulmonary tuberculosis diagnosis using artificial intelligence and microscopy analysis. *Microorganisms*, MDPI, v. 12, n. 8, p. 1734, 2024.

Citado na página 7.

DEMUTH, D. *Segmentação de bacilos de tuberculose em imagens de microscopia utilizando redes neurais convolucionais*. Dissertação (Mestrado) — Universidade Federal do Paraná, 2019.

Citado na página 7.

GOLDEN, M. P.; VIKRAM, H. R. Extrapulmonary tuberculosis: an overview. *American Family Physician*, v. 72, n. 9, p. 1761–1768, 2005. Disponível em: <<https://www.aafp.org/pubs/afp/issues/2005/1101/p1761.html>>.

Citado na página 1.

GOMIDE, J. V. B. et al. Detecção e contagem automáticas de bacilos álcool ácido resistentes para o diagnóstico da tuberculose. *Revista Código 31*, 2023. Disponível em: <<https://revista.fumec.br/index.php/codigo31/article/view/9288>>.

Citado na página 7.

GOODFELLOW, I.; BENGIO, Y.; COURVILLE, A. *Deep Learning*. [S.l.]: MIT Press, 2016.

Citado na página 5.

JOTA. *Aumentam mortes por tuberculose no país*. 2024. <<https://www.jota.info/saude/aumentam-mortes-por-tuberculose-no-pais>>. Dados indicam 5.935 óbitos em 2023 no Brasil. Acesso em: 22 jun. 2025.

Citado na página 1.

LECUN, Y. et al. Gradient-based learning applied to document recognition. *Proceedings of the IEEE*, 1998.

Citado na página 5.

LITJENS, G. e. a. A survey on deep learning in medical image analysis. *Medical Image Analysis*, 2017.

Citado na página 5.

LOPEZ, Y. P. *Detecção de Mycobacterium tuberculosis em imagens de baciloscopia usando aprendizado de máquina*. Dissertação (Mestrado) — Universidade Federal do Amazonas, 2018. Disponível em: <[https://tede.ufam.edu.br/bitstream/tede/6524/5/Disserta%C3%A7%C3%A3o\\_Yadini%20P.%20Lopez.pdf](https://tede.ufam.edu.br/bitstream/tede/6524/5/Disserta%C3%A7%C3%A3o_Yadini%20P.%20Lopez.pdf)>.

Citado na página 5.

Ministério da Saúde. *Manual de Recomendações para o Controle da Tuberculose no Brasil*. Brasília: Ministério da Saúde, 2022.

Citado 2 vezes nas páginas 3 e 4.

Ministério da Saúde (Brasil). *Boletim Epidemiológico Tuberculose 2023 – Número Especial*. [S.l.], 2023. Dados oficiais preliminares sobre óbitos e casos. Acesso em: 22 jun. 2025. Disponível em: <<https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/boletins/epidemiologicos/especiais/2023/boletim-epidemiologico-de-tuberculose-numero-especial-mar-2023>>.

Citado na página 1.

ORGANIZATION, W. H. *Global Tuberculosis Report*. 2023. Disponível em: <<https://www.who.int>>.

Citado na página 3.

REDMON, J. et al. You only look once: Unified, real-time object detection. *CVPR*, 2016.

Citado na página 6.

RODRIGUES, F. M. M.; REIS, F. J. S. Metodologia automática para detecção de bacilos de tuberculose utilizando retinanet e modelos de cores. In: *Anais do Simpósio Brasileiro de Computação Aplicada à Saúde*. Sociedade Brasileira de Computação, 2022. Disponível em: <<https://sol.sbc.org.br/index.php/sbcas/article/view/21644>>.

Citado na página 7.

SINGH, M. et al. Evolution of machine learning in tuberculosis diagnosis: a review of deep learning-based medical applications. *Electronics*, MDPI, v. 11, n. 17, p. 2634, 2022.

Citado na página 7.

UNEL, F. O.; OZKALAYCI, B. O.; CIGLA, C. The power of tiling for small object detection. In: *Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition Workshops*. [S.l.: s.n.], 2019. p. 582–591.

Citado na página 13.

World Health Organization. *Global Tuberculosis Report 2023*. [S.l.], 2023. Estimativa de 10,6 milhões de pessoas adoecidas em 2022. Acesso em: 22 jun. 2025. Disponível em: <<https://www.who.int/teams/global-programme-on-tuberculosis-and-lung-health/tb-reports/global-tuberculosis-report-2023>>.

Citado na página 1.