



**Manoella Maria Saraiva Cavalcante**

# **Aplicação da Análise de Componentes Principais na Identificação de Tipos Sanguíneos em Tubos de Ensaio**

João Pessoa – PB

Julho – 2017



**Manoella Maria Saraiva Cavalcante**

# **Aplicação da Análise de Componentes Principais na Identificação de Tipos Sanguíneos em Tubos de Ensaio**

Dissertação de Mestrado submetida à Coordenação do Programa de Pós Graduação em Engenharia Elétrica do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia da Paraíba como requisito necessário para obtenção do grau de Mestre em Ciências no Domínio da Engenharia Elétrica.

Área de Concentração: Processamento de Sinais.

Carlos Danilo Miranda Regis, D.Sc.  
Orientador

João Pessoa, Paraíba, Brasil  
03 de Julho de 2017

©Manoella Maria Saraiva Cavalcante

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação – CIP  
Biblioteca Nilo Peçanha – IFPB, *campus* João Pessoa

C376a Cavalcante, Manoella Maria Saraiva.  
Aplicação da análise de componentes principais na identificação de tipos sanguíneos em tubos de ensaios / Manoella Maria Saraiva Cavalcante. – 2017.  
78 f. : il.  
Dissertação (Mestrado em Engenharia Elétrica) – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia da Paraíba – Programa de Pós Graduação em Engenharia Elétrica, 2017.  
Orientador: Carlos Danilo Miranda Regis, Dr.  
1. Processamento digital de imagens. 2. Banco de dados de amostras. 3. Tipagem sanguínea.  
I. Título.

CDU 004.932

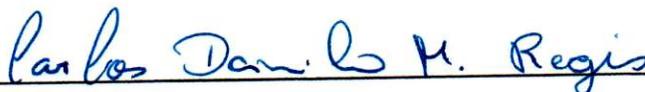
**Manoella Maria Sarçiva Cavalcante**

## **Aplicação da Análise de Componentes Principais na Identificação de Tipos Sanguíneos em Tubos de Ensaio**

Dissertação de Mestrado submetida à Coordenação do Programa de Pós Graduação em Engenharia Elétrica do Instituto Federal da Paraíba como requisito necessário para obtenção do grau de Mestre em Ciências no Domínio da Engenharia Elétrica.

Dissertação de Mestrado defendida e aprovada em 03/07/2017.

BANCA EXAMINADORA:



Prof. Carlos Danilo Miranda Regis, D.Sc.  
Orientador (IFPB)



Prof. Cleumar da Silva Moreira, D.Sc.  
Membro da Banca (IFPB)



Prof. Edmar Candeia Gurjão, D.Sc.  
Membro da Banca (UFCG)

João Pessoa, Paraíba, Brasil  
03 de Julho de 2017

©Manoella Maria Saraiva Cavalcante

*Dedico esse trabalho a todos os familiares e amigos, que tiveram toda a compreensão nos momentos de ausência e que tudo fizeram para viabilizar a concentração de meus esforços nessa empreitada.*

## Agradecimentos

- ▣ Agradeço primeiramente a Deus, pois sem ele eu não teria traçado o meu caminho e feito a minha escolha pela Engenharia Elétrica. Sou eternamente grata pela saúde, disposição, pelo livramento, pela providência e por tantas outras coisas que me mantiveram sã num momento em que eu tinha que ser mais de duas ao mesmo tempo.
- ▣ Cada aprendizagem é marcada por estágios e cada um traz as suas lições. Cada um de nós deve aproveitar os ensinamentos que nos são transmitidos pelos Professores e Orientadores. Este trabalho não teria sido possível sem o apoio, os ensinamentos, a amizade e a dedicação de algumas pessoas. Quero deste modo, expressar a todos aqueles que de muitas formas o fizeram, o meu reconhecimento e sincero agradecimento.
- ▣ À minha mãe Marcélia e ao meu pai Carlos (*in memoriam*), pelo apoio e por tudo que sempre fizeram por mim, pela simplicidade, exemplo, amizade, e carinho, fundamentais na construção do meu caráter. A vocês que compartilharam o meu ideal e os alimentaram, incentivando a prosseguir na jornada, mostrando que o nosso caminho deveria ser seguido sem medo, fossem quais fossem os obstáculos. Minha eterna gratidão vai além de meus sentimentos, pois a vocês foi cumprido o dom divino. O dom de ser Pai, o dom de ser Mãe.
- ▣ Ao meu irmão Adriano pelo apoio, carinho e compreensão. Obrigada, por fazer parte do meu sonho e que colaborou de alguma forma com a conclusão dessa trajetória, eu te amo.
- ▣ A meu marido Aluízio por seu amor, colaboração, paciência, companheirismo, carinho e por ter me aguentado durante a elaboração deste estudo. Você é minha fonte de inspiração, trazendo tranquilidade, alegria e esta conquista também é sua. Obrigada por existir na minha vida.
- ▣ Aos meus avós, Paulino (*in memoriam*), Maria José e Ivonete, pois lembro aqui o carinho, o cuidado e a orientação que transmitiram a mim, ajudando a moldar o caráter e os valores que carregarei comigo por toda a vida. O mesmo se estende aos meus queridos tios e primos, que sempre me proporcionaram a felicidade de possuir a família que tanto amo. Deixo minha eterna gratidão por vocês fazerem parte de tudo na minha vida.
- ▣ Ao meu orientador, professor D.Sc. Carlos Danilo Miranda Regis, pelas sugestões, pelas críticas produtivas, por ter me transmitido uma liberdade e uma tranquilidade para realizar este trabalho. Também pelos ensinamentos, dedicação, disponibilidade, responsabilidade com que orienta, pelo constante incentivo, pela enorme paciência e pela amizade, com os quais foi possível a concretização deste trabalho. O seu olhar crítico e construtivo me ajudou a superar os desafios desta dissertação, serei eternamente grata.
- ▣ Aos demais membros da banca examinadora, professores D.Sc. Cleumar da Silva Moreira e D.Sc. Edmar Candeia Gurjão, por serem solícitos na participação na banca de minha dissertação e sugestões por eles dadas, as quais enriqueceram significativamente este trabalho.
- ▣ À Professora Silvana Costa, Coordenadora do Programa de Pós Graduação em Engenharia Elétrica (PPGEE) do IFPB, pelo carinho que sempre demonstrou e sua atenção para comigo desde à

graduação. Sou grata pelos ensinamentos, pelos conselhos, pelas orientações e sua compreensão em diversos momentos;

- ▣ Ao amigo Wesley da Cunha Santos que, de maneira ímpar, se propôs a ajudar no desenvolvimento da difícil arte de programar. Ele com sua paciência e sempre solícito, colaborou para a conclusão deste trabalho. Agradeço pela sua colaboração que foi crucial para os resultados obtidos. Sou grata pelo tempo que se dedicou a ajudar e o carinho que teve para comigo. Muito obrigada por tudo.
- ▣ Aos colegas do curso pelos bons momentos vividos durante estes dois anos de convivência, obrigada pela cumplicidade, paciência e ajuda em muitos momentos. Em especial a amiga Cecília Burle, pelos esclarecimentos às minhas dúvidas, pelo apoio nos momentos de dificuldade e pelos momentos compartilhados principalmente na conclusão do mestrado.
- ▣ Ao colega Lucas Gabriel pela parceria e colaboração no desenvolvimento da primeira fase do projeto. Obrigada pela paciência, pelas tentativas em busca dos acertos e todas as dicas sobre o OpenCV.
- ▣ A todos os colegas de GPDS e do laboratório que estiveram presentes ajudando e dando apoio, Cecília Costa, Adjamilton Júnior, Walisson, Júlio, Rychard, entre outros.
- ▣ Ao Hemocentro da Paraíba por autorizar a coleta de imagens e informar os resultados laboratoriais das amostras testadas para efeito comparativo.
- ▣ A todos os profissionais que contribuíram direta e indiretamente com o meu desenvolvimento profissional e pessoal durante minha jornada nesta Instituição de Ensino - IFPB.

A todos só posso dizer: Muito Obrigada!

*“O conhecimento é o processo de acumular dados, a sabedoria reside na sua simplificação.”  
(Martin H. Fischer)*

## Resumo

A tipagem sanguínea é processo fundamental para a realização de uma transfusão. As incompatibilidades numa transfusão sanguínea podem levar a consequências graves, como reações hemolíticas agudas, e em casos extremos levar à morte do paciente. Uma correta tipagem mostra-se assim indispensável para uma transfusão segura. O processo de tipagem sanguínea pode ser realizado por métodos manuais, contudo, possuem alguma subjetividade uma vez que a classificação depende da inspeção visual do técnico que efetua o teste, o que leva a erros humanos. Esta dissertação propõe um sistema que seja capaz de identificar a tipagem sanguínea por meio de processamento de imagens de tubo de ensaio. O sistema proposto realiza primeiro a identificação da região circular do tubo de ensaio, com eliminação das partes que não contém a mistura do sangue com o reagente e, logo em seguida, realiza-se uma metodologia dividida em duas fases: a primeira fase realiza a identificação do tipo sanguíneo a partir da extração do canal azul e uso do limiar de desvio padrão para a classificação das amostras; a segunda fase realiza a implementação do algoritmo para a determinação do tipo sanguíneo pela Análise de Componentes Principais identificando a região que ocorreu a aglutinação, comparando seus resultados com os obtidos na primeira fase. Foram analisadas 65 amostras em ambas as fases, sendo possível mostrar que o algoritmo baseado na PCA forneceu uma acurácia de 87,69% para o fator Rh e de 60% para o Sistema ABO. Utilizando a técnica da extração do canal azul, a pesquisa obteve uma acurácia de 90,77% no fator Rh e de 64,62% para o sistema ABO.

**Palavras-Chave:** Processamento digital de imagens; Tipagem Sanguínea; Método do tubo de ensaio; Análise de Componentes Principais; Canal azul.

## Abstract

Blood typing is a fundamental process for the realization of a transfusion. The incompatibilities in a blood transfusion can lead to serious consequences, such as acute hemolytic reactions, and in extreme cases, can lead to death of the patient. The correct blood typing is thus indispensable for a safe transfusion. The process of blood typing can be realized by manual methods however, presenting certain subjectivity once the classification depends on the visual inspection of the technician performing the test, which leads to human errors. This dissertation proposes a system that is able to identify blood typing by means of image processing of test tube. The proposed system performs, at first, an identification of the circular region of the test tube, eliminating the particles that do not contain the blood mixture with the reagent and thereafter, a methodology divided in two phases is performed: the first phase identifies the blood type based on blue channel extraction and the use of the standard deviation limit for the classification the classification of the samples; the second phase implements the algorithm for the determination of the blood type by the analysis of main components, identifying the region in which the agglutination occurred, comparing its results with those obtained in the first phase. 65 samples were analyzed in both phases, and it was possible to show that the algorithm based on PCA provided an accuracy of 87,69% for the Rh factor and 60% for the ABO system. Using the technique of blue channel extraction, the research obtained an accuracy of 90,77% in the Rh factor and 64,62% for the ABO system.

**Key-Words:** Digital image processing; Blood Typing ; Test tube method; Main Components Analysis; Blue Channel.

## Lista de Siglas e Abreviaturas

|               |   |   |
|---------------|---|---|
| <b>CAAE</b>   | <i>Certificate of Presentation For Ethical Appreciation</i> | Certificado de Apresentação para Apreciação Ética |
| <b>CEP</b>    | <i>Research Ethics Committee</i>                            | Comitê de Ética em Pesquisa                       |
| <b>DHRN</b>   | <i>Hemolytic Disease of the Newborn</i>                     | Doença Hemolítica do Recém-Nascido                |
| <b>GPDS</b>   | <i>Digital Signal Processing Group</i>                      | Grupo de Processamento Digital de Sinais          |
| <b>GUI</b>    | <i>Graphical User Interface</i>                             | Interface Gráfica do Usuário                      |
| <b>IgG</b>    | <i>Immunoglobulin G</i>                                     | Imonoglobulina G                                  |
| <b>OD</b>     | <i>Optical Density</i>                                      | Densidade Óptica                                  |
| <b>OpenCV</b> | <i>Open Source Computer Vision</i>                          | Código Aberto de Visão Computacional              |
| <b>PC</b>     | <i>Principal Component</i>                                  | Componente Principal                              |
| <b>PCA</b>    | <i>Principal Component Analysis</i>                         | Análise de Componente Principal                   |

## Lista de Símbolos

|          |  |
|----------|--|
| $A$      | matriz de mistura desconhecida                               |
| $a_{ij}$ | componentes de uma matriz                                    |
| $aut$    | Matriz diagonal  |
| $(a, b)$ | coordenadas do centro da circunferência                      |
| $C_{xx}$ | Elemento da diagonal principal da matriz de covariância      |
| $C_{xy}$ | Elemento fora da diagonal principal da matriz de covariância |
| $COV$    | Matriz de Covariância  |
| $e$      | vetor de mistura desconhecida                                |
| $H$      | Transformação Linear   |
| $r$      | raio da circunferência                                       |
| $T$      | Matriz qualquer  |
| $s_i(t)$ | Amostra de sinais  |
| $x_i(t)$ | Amostra de tempo de sinais                                   |
| $x$      | vetor de misturas  |
| $\mu$    | Média  |

## Lista de Figuras

|      |   |    |
|------|---|----|
| 2.1  | Características do grupo sanguíneo ABO. . . . .                             | 7  |
| 2.2  | Determinação da presença do fator Rh na espécie humana. . . . .             | 9  |
| 2.3  | Doença Hemolítica do Recém-nascido. . . . .                                 | 11 |
| 2.4  | Amostras do método dos tubos. . . . .                                       | 12 |
| 3.1  | Modelo de cor RGB. . . . .  | 15 |
| 4.1  | Amostra de sangue coletada. . . . .   | 25 |
| 5.1  | Imagem da amostra coletada. . . . .   | 27 |
| 5.2  | Problemas na captura das imagens. . . . .                                   | 29 |
| 5.3  | Imagens boas para serem testadas. . . . .                                   | 30 |
| 5.4  | Diagrama de bloco da primeira fase da pesquisa. . . . .                     | 30 |
| 5.5  | Imagem do tubo e o resultado do recorte da parte desejada. . . . .          | 31 |
| 5.6  | Separação das 65 imagens na 1ª fase: Anti-A (limiar=25,00). . . . .         | 32 |
| 5.7  | Separação das 65 imagens na 1ª fase: Anti-B (limiar=24,00). . . . .         | 33 |
| 5.8  | Separação das 65 imagens na 1ª fase: Fator Rh (limiar=17,50). . . . .       | 33 |
| 5.9  | Diagrama de bloco da segunda fase da pesquisa. . . . .                      | 34 |
| 5.10 | Identificação de aglutinação pela PCA. . . . .                              | 35 |
| 5.11 | Identificação de não aglutinação pela PCA. . . . .                          | 35 |
| 5.12 | Separação das 65 imagens na 2ª fase: Anti-A (limiar=15.080.000). . . . .    | 36 |
| 5.13 | Separação das 65 imagens na 2ª fase: Anti-B (limiar=354.980.000 ). . . . .  | 36 |
| 5.14 | Separação das 65 imagens na 2ª fase: Fator Rh (limiar=26.290.000 ). . . . . | 36 |

## Lista de Tabelas

|     |   |    |
|-----|---|----|
| 2.1 | Interpretação da classificação sanguínea. . . . .                                 | 13 |
| 5.1 | Quantidade de amostras do banco de dados. . . . .                                 | 28 |
| 5.2 | Quantitativo das amostras analisadas para 65 amostras. . . . .                    | 28 |
| 5.3 | Quantitativo das amostras analisadas para 51 amostras. . . . .                    | 29 |
| 5.4 | Limiar por reagente da primeira fase do projeto. . . . .                          | 32 |
| 5.5 | Limiar por reagente da segunda fase do projeto. . . . .                           | 35 |
| 6.1 | Acurácia da primeira fase do projeto. . . . .                                     | 38 |
| 6.2 | Acurácia da segunda fase do projeto. . . . .                                      | 38 |
| 6.3 | Tabela de resultados da validação estatística com 65 amostras da 1ª fase. . . . . | 40 |
| 6.4 | Tabela de resultados da validação estatística com 51 amostras da 1ª fase. . . . . | 41 |
| 6.5 | Tabela de resultados da validação estatística com 65 amostras da 2ª fase. . . . . | 42 |
| 6.6 | Tabela de resultados da validação estatística com 51 amostras da 2ª fase. . . . . | 42 |

# Sumário

|          |  |           |
|----------|--|-----------|
| <b>1</b> | <b>Introdução</b>                                    | <b>1</b>  |
| 1.1      | Justificativa  | 3         |
| 1.2      | Objetivos  | 4         |
| 1.2.1    | Objetivo Geral                                       | 4         |
| 1.2.2    | Objetivos Específicos                                | 4         |
| 1.3      | Organização do trabalho                              | 5         |
| <b>2</b> | <b>Grupos Sanguíneos</b>                             | <b>6</b>  |
| 2.1      | Sistema ABO  | 6         |
| 2.2      | Sistema Rh   | 8         |
| 2.3      | Testes para determinação do tipo sanguíneo           | 11        |
| <b>3</b> | <b>Processamento de Imagem</b>                       | <b>14</b> |
| 3.1      | <i>OpenCV</i>  | 14        |
| 3.2      | Modelo de cor RGB                                    | 15        |
| 3.3      | Detecção de Bordas                                   | 15        |
| 3.4      | Transformada de Hough                                | 16        |
| 3.5      | Análise de Componentes Principais (PCA)              | 17        |
| <b>4</b> | <b>Revisão Bibliográfica</b>                         | <b>22</b> |
| 4.1      | Estado da Arte                                       | 22        |
| 4.2      | Aplicação da PCA em Processamento Digital de Imagens | 25        |
| <b>5</b> | <b>Materiais e Métodos</b>                           | <b>27</b> |
| 5.1      | Descrição das bases de Dados                         | 27        |
| 5.2      | Metodologia  | 28        |
| 5.2.1    | Procedimentos da Primeira Fase                       | 30        |
| 5.2.2    | Procedimentos da Segunda Fase                        | 32        |
| <b>6</b> | <b>Resultados</b>                                    | <b>37</b> |
| 6.1      | Resultados da Primeira Fase                          | 37        |
| 6.2      | Resultados da Segunda Fase                           | 38        |

---

|          |   |           |
|----------|---|-----------|
| 6.3      | Validação Estatística Para Testes de Identificação . . . . .                    | 39        |
| 6.3.1    | Sensibilidade . . . . .   | 39        |
| 6.3.2    | Especificidade . . . . .  | 39        |
| 6.3.3    | Análise Estatística dos Resultados da Primeira Fase . . . . .                   | 40        |
| 6.3.4    | Análise Estatística dos Resultados da Segunda Fase . . . . .                    | 41        |
| 6.4      | Discussão . . . . .   | 43        |
| <b>7</b> | <b>Considerações Finais</b>   | <b>45</b> |
| 7.1      | Sugestões para Trabalhos Futuros . . . . .                                      | 46        |
|          | <b>Referências Bibliográficas</b>   | <b>51</b> |
|          | <b>APÊNDICES</b>  | <b>52</b> |
| <b>A</b> | <b>Artigo Publicado</b>   | <b>53</b> |
| <b>B</b> | <b>Desvio Padrão das Amostras Aplicando a Primeira Fase do Projeto</b>          | <b>54</b> |
| <b>C</b> | <b>Número de <i>Pixels</i> das Amostras Aplicando a Segunda Fase do Projeto</b> | <b>56</b> |
|          | <b>ANEXO</b>  | <b>58</b> |
| <b>A</b> | <b>Parecer do Comitê de Ética em Pesquisa</b>                                   | <b>59</b> |

O sangue é o fluido mais importante do corpo humano, sendo responsável pela circulação de importantes nutrientes, enzimas e hormônios em todo o corpo, além da mais crítica substância, o Oxigênio (Khan, 2006).

Ele é um tecido conjuntivo líquido que circula pelo sistema vascular sanguíneo. Sua composição é cerca de 45% parte “sólida”, que são os elementos figurados do sangue, e os 55% restantes são formados de uma parte líquida chamada plasma. As hemácias<sup>1</sup>, também chamada de eritrócitos, possuem em sua membrana substâncias conhecidas como aglutinogênios, que são classificados como antígenos, cuja presença determina os tipos sanguíneos (Beiguelman, 2001).

Os antígenos são substâncias ativas capazes de provocar uma resposta imune que produzirá anticorpos para a defesa imunológica, quando em contato com organismos que não as possuem (Cohen & Wood, 2002). Tais reações imunológicas ocorrem porque cada receptor das transfusões sanguíneas pode desenvolver anticorpos contra diversos antígenos, por isso a identificação do tipo sanguíneo é essencial para determinar se uma pessoa poderá receber uma transfusão de sangue de um doador específico (Jorde *et al.*, 2010).

Logo, os grupos sanguíneos são definidos pela presença ou ausência dos antígenos (proteínas) na superfície das hemácias (células vermelhas) e pelos anticorpos que produzem no contato com outras tipagens de sangue. O fator Rh juntamente com a determinação dos antígenos pertencentes ao sistema ABO são denominados no procedimento laboratorial como tipagem sanguínea.

A tipagem sanguínea tem papel importante nas transfusões de sangue, pois os grupos ABO e Rh podem desencadear incompatibilidade e levar o paciente a óbito. A reação imunológica na questão transfusional ABO é dependente de anticorpos formados naturalmente pelo indivíduo contra seus grupos não compatíveis, no caso do fator Rh, a formação desses anticorpos depende de prévia sensibilização (Ferraz & Soares, 2010).

Métodos de tipagem sanguínea podem ser classificados em manual ou automatizados (a *Techno TwinStation*, da *Bio-Rad Laboratories*, que é um sistema totalmente automatizado de análise para testes imunohematológicos em bancos de sangue), de acordo com a interação sangue-reagente. Testes manuais incluem os métodos da lâmina de vidro ou azulejo de porcelana

---

<sup>1</sup>são células presentes no sangue que apresentam um alto teor de hemoglobina, uma proteína vermelha que contém ferro, essa proteína capacita as hemácias para transportar oxigênio para todo corpo.

branca, tubo de ensaio e placa ou microplacas de tipagem sanguínea. A maioria destas técnicas ainda é aplicada baseando-se no princípio da ação entre o antígeno e anticorpo e subsequente aglutinação de glóbulos vermelhos (resultado positivo) e a ausência de aglutinação indica a falta de interação (resultado negativo).

A técnica feita em tubo de ensaio oferece uma maior segurança nos resultados, pois o sangue coletado será diluído em solução salina (0.9% de NaCl) e, após distribuir o sangue em três tubos, coloca-se uma gota de cada soro, em seguida, passará por um processo de centrifugação por 30 segundos. Após homogeneizar a mistura, é possível fazer a leitura do resultado; se houver aglutinação, o fundo do tubo ficará com um concentrado de hemácias, formando uma mistura heterogênea. Este método é a maneira mais confiável de fazer uma tipagem sanguínea.

Os órgãos regulamentadores determinam que o teste deve ser realizado pelo método utilizando tubos de ensaio (gel e microplaca também são aceitos) com diluição prévia da amostra em concentração conhecida. Este método aumenta o custo do exame quando comparado ao tradicional e muito utilizado “teste na lâmina”.

Este trabalho procura extrair as interferências das imagens e, usando a transformada de Hough, realizar a localização da região do tubo que contém o sangue com o antígeno, baseando-se na pesquisa de Leite (2005). Em sua tese são discriminados os tecidos normais e lesionados em mamografias, descrevendo a imagem testada como uma combinação linear de um conjunto de imagens-base estatisticamente independentes entre si. Os coeficientes dessa mistura são os parâmetros de entrada usados por uma rede neural na classificação da região normal ou lesionada.

A dissertação apresenta o desenvolvimento de um sistema para localizar a região do tubo de ensaio que contém a reação entre o sangue e os reagentes e a partir dessa informação tem-se como objetivo desenvolver um sistema automático para realizar esses testes em um curto período de tempo, adaptando-se a situações de emergência (anemia intensa, cirurgias que envolvem sangramento, traumatismos, perda de sangue excessiva, doenças hemorrágicas como a hemofilia), com necessidade de uma transfusão sanguínea, uma vez que não pode existir incompatibilidade entre o sangue do doador e do receptor. Então, a partir da gota de sangue contida no tubo de ensaio, o *software* vai identificar o tipo sanguíneo das amostras analisadas.

Assim, o trabalho aborda a análise teórica e experimental do uso da Análise de Componente Principal (PCA) para a extração como comportamentos fisiológicos dos componentes do sangue, aplicando também técnicas de processamento de imagens.

Com a realização deste trabalho, foi obtido um *software* capaz de fornecer o tipo sanguíneo da amostra de sangue analisada, a partir de um sistema automático. Esse sistema realiza testes em um curto período de tempo, adaptando-se a situações de emergência com métodos mais eficazes de processamento de imagem, evitando reações imunológicas desencadeadas por transfusões entre pacientes incompatíveis. Serão utilizadas técnicas de processamento digital de imagens a fim de efetuar a análise da tipagem sanguínea de amostras

sangue do método dos tubos de ensaio, a partir da biblioteca *OpenCV*, com o objetivo de evitar reações imunológicas desencadeadas por transfusões entre pacientes incompatíveis.

## 1.1 – Justificativa

O aperfeiçoamento das tecnologias voltadas à área médica exige precisão. Na transfusão de sangue é necessária uma análise com 100% de precisão com o objetivo de diferenciar os tipos (A, B, AB e O) e o fator Rh (positivo e negativo) uns dos outros.

A transfusão de sangue é um método de grande importância para a medicina porque, por exemplo, hospitais grandes onde são tratados todos os tipos de pacientes necessitam de sangue disponível em qualidade e quantidade adequada. Se o paciente fizer quimioterapia, por exemplo, e não receber o suporte da transfusão, poderá não superar a fase de tratamento.

Nas situações em que o paciente necessita de doação sanguínea e não houver sangue num hospital, as cirurgias são canceladas. Pacientes submetidos a cirurgias cardíacas, transplantes de rins, de fígado e de medula óssea, entre outras, necessitam muito de sangue e de plaquetas e será enorme o ônus se tais procedimentos forem adiados.

A transfusão de sangue de tipos incompatíveis pode acontecer quando a bolsa de sangue é trocada por erros de identificação do paciente que acaba recebendo um tipo sanguíneo (A, B, AB ou O) incompatível com o seu ou com o fator Rh (positivo ou negativo) trocado. Quando o sangue errado entra no sistema circulatório do paciente, o pior cenário que pode acontecer é a reação hemolítica aguda: as hemácias (células sanguíneas responsáveis pelo transporte do oxigênio) do sangue que foi doado são destruídas. Quando isso acontece, os médicos devem interromper imediatamente a transfusão e medicar o paciente com soro fisiológico.

A hidratação tem duas funções: acelerar o processo de diurese (ajuda os rins a eliminar as hemácias “invasoras”) e ajudar a elevar a pressão arterial, uma das principais complicações da reação, que ocorre numa taxa de uma a cada 40 mil transfusões. A transfusão de sangue errado também pode provocar efeitos menos graves, como coceiras no corpo, reações alérgicas e febre. Além do soro, dependendo da gravidade da hemólise, o paciente pode necessitar de analgésico (para combater a dor), antialérgico ou drogas para aumentar a pressão arterial.

Os laboratórios de análises clínicas vêm sofrendo nos últimos anos com a falta de reajustes nas tabelas dos planos de saúde, fazendo com que cada dia mais tente equacionar seus exames, mantendo a qualidade, para não ficarem no prejuízo. Dentro deste contexto, encontra-se o exame de classificação sanguínea (ABO-Rh).

Em virtude da importância em saber o tipo sanguíneo, os órgãos regulamentadores determinam que o teste deve ser realizado pelo método utilizando tubos de ensaio (gel e microplaca também são aceitos) com diluição prévia da amostra em concentração conhecida (Brasil, 2004). Este método aumenta o custo do exame quando comparado ao tradicional e muito utilizado “teste na lâmina”.

Os estudos que visam o desenvolvimento de *softwares* que auxiliam na identificação de diferentes tipos sanguíneos ganha importância acrescida na identificação precisa e rápida do sangue, podendo assim favorecer a diminuição de erros laboratoriais e de possíveis sequelas aos pacientes.

Atualmente, os testes de tipagem sanguínea são realizados manualmente por técnicos, caracterizando-se como um processo subjetivo. Em situações em que há risco de vida, na qual se faz necessária a administração imediata de sangue, deve ser descartada a presença de qualquer tipo de erro (Hemocentro, 2010). Deste modo, é indispensável à criação de métodos de tipagem compatíveis com situações de emergência.

O desenvolvimento do projeto é relevante no sentido de desenvolver o uso de técnicas de processamento de imagens para a determinação do tipo sanguíneo e difundir as aplicações para engenharia da Análise de Componente Principais na aquisição de características relevantes à imagem analisada.

A execução do projeto é plenamente viabilizada apenas com os recursos já existentes nos laboratórios do curso de Engenharia Elétrica do IFPB e da coleta de imagens no Hemocentro da Paraíba, visto que os procedimentos foram aprovados pelo Comitê de Ética em Pesquisa do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia da Paraíba (IFPB), conforme Certificado de Apresentação para Apreciação Ética no 50149515:8:0000:5185, contido no Anexo A.

## 1.2 – Objetivos

### 1.2.1 – Objetivo Geral

Desenvolver um algoritmo para detectar a ocorrência de aglutinação em amostras de sangue, identificando seu tipo sanguíneo a partir de imagens capturadas, utilizando a PCA. Consequentemente, informar tipo de sangue do paciente em um curto período de tempo, adaptando-se a situações de emergência, como a necessidade de uma transfusão sanguínea.

### 1.2.2 – Objetivos Específicos

- ▣ Identificar padrões em imagens de amostras com mesmo tipo sanguíneo;
- ▣ Criar um banco de dados de amostras em tubo para que estas possam ser utilizadas de forma a melhorar a precisão do *software* desenvolvido;
- ▣ Desenvolver o método para análise das amostras do banco de dados;
- ▣ Utilizar o método da PCA para detecção do tipo sanguíneo das amostras;
- ▣ Desenvolver um *software* que seja capaz de informar o tipo sanguíneo da amostra analisada em um curto intervalo de tempo;

- ▣ Avaliar o método de classificação de tipagem sanguínea, a fim de apresentar avanços do uso de processamento de imagens na identificação do tipo sanguíneo em tubos de ensaios.

### **1.3 – Organização do trabalho**

Este trabalho está organizado em 7 capítulos. No Capítulo 2 está a revisão bibliográfica, no qual são descritos métodos de extração de tipagem sanguínea a partir de técnicas de processamento de imagens. No Capítulo 3, é apresentado um estudo sobre grupos sanguíneos e como é realizada a identificação do tipo de sangue no sistema ABO e Rh, além dos testes que são realizados para determinar a tipagem sanguínea. No Capítulo 4 são descritas as técnicas de processamento de imagem utilizadas neste trabalho. Já o Capítulo 5 é apresentado informações sobre a base de dados usada para os testes e a metodologia empregada para alcançar os objetivos propostos. No Capítulo 6 são expostos os resultados das duas fases da pesquisa com a análise dos testes realizados para validação deste trabalho, no Capítulo 7 são apresentadas as considerações finais e as sugestões para trabalhos futuros.

Detecção de grupo sanguíneo é importante, particularmente na transfusão de sangue. Entre os principais componentes constituintes do sangue, destacam-se os glóbulos vermelhos e o plasma. O plasma constitui-se de 90% de água e 10% de proteínas, glicose, lipídeos, entre outros elementos, enquanto os glóbulos vermelhos possuem, entre outros elementos, a globulina e hemoglobina. O plasma representa cerca de 53% do sangue, as plaquetas são cerca de 0,17% do sangue; os glóbulos brancos cerca de 1% e os glóbulos vermelhos cerca de 45% do sangue (Henry, 1999).

Todos os dias cerca de cinco milhões de novos glóbulos vermelhos produzidos continuamente pela medula óssea são liberados para a corrente sanguínea, afim de substituir as células vermelhas desgastadas. Estas células estão rodeadas por antígenos, que são normalmente proteínas, e, portanto, os anticorpos presentes no plasma se ligam aos antígenos sobre a superfície dos eritrócitos. Os antígenos das células vermelhas do sangue são divididos em alguns subgrupos, sendo os mais importantes o sistema de grupo sanguíneo ABO e Fator Rh.

A transfusão com sangue incompatível ABO pode levar a reações transfusionais graves e potencialmente fatais. O fator Rh é altamente imunogênico e pode conduzir a hemólise<sup>1</sup> dos glóbulos vermelhos em certas configurações.

## 2.1 – Sistema ABO

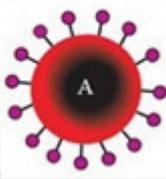
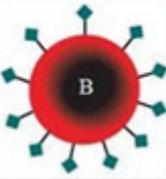
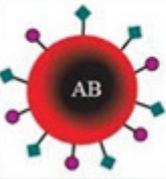
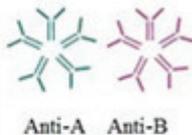
A administração de sangue no intuito de salvar vidas humanas data das antigas civilizações egípcia, grega e romana. O sistema ABO é o mais importante de todos os sistemas de grupos sanguíneos. Foi descoberto pelo cientista Karl Landsteiner em 1901 no processo de tentar aprender por transfusões de sangue, por vezes, causar a morte e em outras vezes salvar um paciente, encontrando três diferentes tipos de sangue: A, B e O. Em 1902, Alfred Von Decastello e Adriano Struli descobriram o quarto tipo sanguíneo, o tipo AB. Mais tarde, em 1907, o serologista checo Jan Jansky, constatou a classificação do sangue em quatro grupos (Beiguelman, 2003).

O grupo sanguíneo ABO é um sistema de classificação na qual o sangue depende da presença ou ausência de um antígeno A ou B nas células vermelhas do sangue. Estes são determinados pelos tipos de antígenos que foi herdado da mãe e do pai, especificamente, tipo A

<sup>1</sup>refere-se à quebra de hemácias em que há ruptura da membrana plasmática liberando hemoglobina.

ou B. Se uma pessoa herdou os dois tipos de antígenos, então ela é considerada como sangue tipo AB. No caso em que ambos os antígenos estarem ausentes, ela é considerada como sangue tipo O. Portanto, vemos que há quatro grandes grupos sanguíneos ou tipos de sangue: A, B, AB e O, conforme a Figura 2.1.

Figura 2.1 – Características do grupo sanguíneo ABO.

|            | Grupo A  | Grupo B  | Grupo AB   | Grupo O  |
|------------|--|--|--|--|
| Eritrócito |                 |                 |                  |                   |
| Anticorpo  | <br>Anti-B      | <br>Anti-A      | não tem  | <br>Anti-A Anti-B |
| Antígeno   | A antígeno<br> | B antígeno<br> | A B antígeno<br> | não tem  |

Fonte: Elaborada por Barbara Janson Cohen e Dena LinWood em (Cohen & Wood, 2002).

O grupo sanguíneo é determinado por apresentar antígenos, por exemplo, o grupo A apresenta o antígeno-A em suas células vermelhas do sangue. No soro do sangue do grupo A podem ser encontrados no anticorpo do grupo B. Precisamente, grupo sanguíneo B tem nas suas as células o antígeno-B e no soro contém anticorpos anti-A; o grupo sanguíneo AB contém o antígeno A e B, mas em seu plasma não contém qualquer anticorpo. O grupo sanguíneo O, inicialmente era denominado de grupo sanguíneo zero porque nas células vermelhas do sangue não têm antígenos, porém possuem anticorpos anti-A e anti-B, de acordo com a Figura 2.1.

Em uma transfusão de sangue, os anticorpos presentes no plasma sanguíneo reagem com os antígenos presentes nas hemácias do sangue transfundido, podendo causar uma reação na transfusão (Hyvarinen, 1999).

Os tipos de sangue tornam-se muito importantes quando uma transfusão de sangue é necessária. Em uma transfusão de sangue, o paciente deve receber um tipo de sangue compatível com seu próprio tipo de sangue, isto é, o sangue doado deve ser aceito pelo próprio sangue do paciente. Se os tipos de sangue não são compatíveis, os glóbulos vermelhos irão se aglomerar, fazendo coágulos que podem bloquear os vasos sanguíneos e causar a morte.

O tipo O – é considerado “doador universal” porque pode ser doado para pessoas de qualquer tipo de sangue. O tipo AB + é considerado o “receptor universal” porque as pessoas com este tipo podem receber qualquer tipo de sangue.

## 2.2 – Sistema Rh

Depois do sistema de classificação ABO, o Fator Rh tornou-se o segundo sistema mais importante de grupo sanguíneo, sendo descoberto em 1939 por Landsteiner e Wiener. Foi originalmente definido a partir da reação entre as células vermelhas do sangue de macacos *Rhesus* e anticorpos presentes no sangue de coelhos. Este anticorpo se revelou capaz de distinguir entre os glóbulos vermelhos de diferentes indivíduos humanos, como ilustra a Figura 2.2.

Em termos simples, este sistema ficou definido pela presença ou ausência de um único antígeno de glóbulos vermelhos (uma proteína conhecida como antígeno RhD), representando os dois tipos de sangue Rh positivo e Rh negativo. O tipo de sangue Rh negativo é relativamente raro, representando menos de 15% da população. Isso significa que a pessoa pode ser um dos oito grupos sanguíneos:

- ▣▶ A positivo (A +);
- ▣▶ A negativo (A –);
- ▣▶ B positivo (B +);
- ▣▶ B negativo (B –);
- ▣▶ O positivo (O +);
- ▣▶ O negativo (O –);
- ▣▶ AB positivo (AB +);
- ▣▶ AB negativo (AB –).

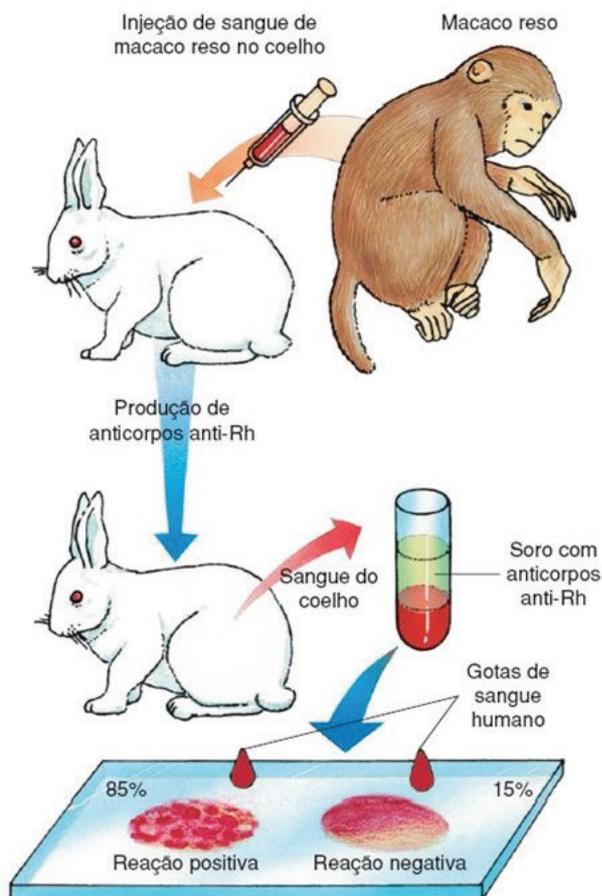
Na necessidade de uma transfusão sanguínea, o sangue negativo (O –) pode ser dado com segurança a qualquer pessoa. É frequentemente usado em emergências médicas quando o tipo de sangue não é imediatamente conhecido, sendo seguro para a maioria dos usuários porque não tem os antígenos A, B ou fator Rh na superfície das células e é compatível com todos os outros grupos de sangue ABO e o Fator Rh.

De acordo com Melo & Santos (1996), os anticorpos ABO estão presentes nos soros dos indivíduos, dirigidos contra os antígenos A e/ou B ausentes nas hemácias. Existem normalmente dois tipos de anticorpos no sistema sanguíneo ABO: os de ocorrência natural e os imunes (Harmening, 1992).

Os anticorpos de ocorrência natural começam a aparecer no soro cerca de três a seis meses após o nascimento, mas sua produção máxima se dá entre cinco a dez anos, sendo que após os 65 anos a quantidade desses anticorpos diminui (Harmening, 1992).

O surgimento aparentemente natural desses anticorpos pode ser explicado por estímulos passivos, particularmente da flora bacteriana intestinal, onde as bactérias saprófitas

Figura 2.2 – Determinação da presença do fator Rh na espécie humana.



Fonte: Elaborada por Sônia Lopes e Sérgio Rosso em (Lopes & Rosso, 2010).

possuem em suas membranas celulares açúcares semelhantes aos açúcares imunodominantes dos antígenos A e B. Essas bactérias, assim como outras substâncias presentes na natureza (poeira, pólen, alimentos, etc), vão estimular a formação dos anticorpos anti-A e/ou anti-B, que passam a ser classificados, portanto, como naturais e regulares (Melo & Santos, 1996; Harmening, 1992).

Com sua maioria, contudo, os anticorpos só surgem no soro de um determinado indivíduo após inoculação (anticorpos ditos imunes). Considera-se que os anticorpos naturais sejam formados através da imunização por antígenos iguais ou semelhantes presentes em alimentos e micro-organismos.

Os chamados anticorpos “naturais” para Rh não existem nos seres humanos, tal como acontece com os antígenos AB. No entanto, as células Rh positivas infundidas num receptor Rh negativo podem dar origem a uma atuação do anticorpo em resposta, principalmente da classe da Imunoglobulina G (IgG), o que pode resultar em reações perigosas a transfusões.

In vitro, os anticorpos naturais (Anti-A e Anti-B) geralmente são capazes tanto de sensibilizar as hemácias (produzir combinação dos antígenos eritrocitários com os respectivos anticorpos), sendo o chamado primeiro estágio da reação; como de produzir aglutinação

(formação de grumos de hemácias sensibilizadas, com hemólise (destruição de hemácias sensibilizadas), sendo o chamado segundo estágio, em meio salino. Já os anticorpos imunes (anti-Rh) são incapazes de produzir o segundo estágio. Desta forma, os anticorpos naturais são também denominados anticorpos completos ou salinos, ao passo que os imunes se designam como anticorpos incompletos (Beiguelman, 2003; Henry, 1999).

A tipagem sanguínea e a correspondência cruzada são, portanto, importantes para compatibilidade com o fator Rh, bem como ABO. Contudo, ao contrário dos antígenos A e B, os antígenos do Rh estão presentes apenas em células vermelhas do sangue. Portanto, embora sejam importantes para transfusão de sangue, que normalmente não desempenham um papel no transplante de órgãos, e Rh dos doadores de órgãos e dos receptores não é, portanto, uma consideração significativa.

As mulheres grávidas passam sempre por um teste de grupo sanguíneo, pois o fator Rh assume uma importância especial nas interações materno-fetal. Isto acontece porque se a mãe é Fator Rh negativo, mas a criança tem herdado Fator Rh positivo do pai, poderia causar complicações se não tratada.

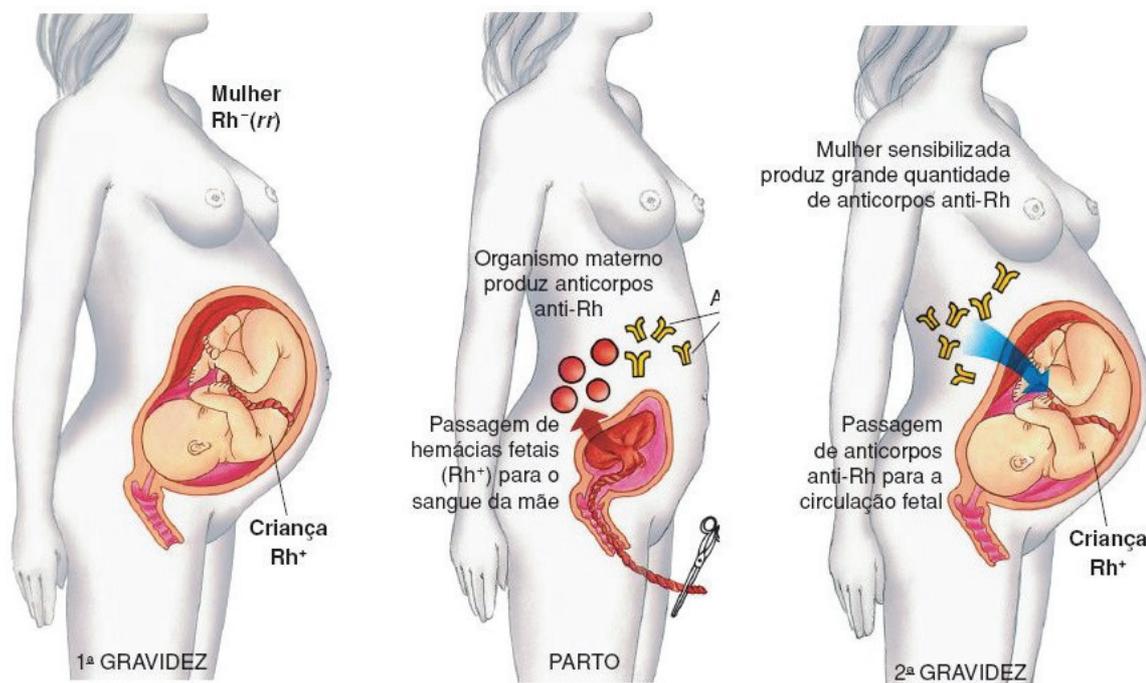
No momento do nascimento, entretanto, o dano tecidual resultante da separação placentária da parede uterina pode resultar em uma quantidade significativa de sangue fetal na circulação materna; que podem estimular uma forte resposta de IgG do anti-Rh na mãe. Se a mesma mãe, em seguida, engravida de uma segunda criança Rh positivo, os anticorpos anti-Rh existentes podem atravessar a placenta durante a gravidez e destruir os glóbulos vermelhos do feto. Os danos em diversos órgãos resultam na condição potencialmente perigosa eritroblastose fetal (também conhecida como doença hemolítica do recém-nascido, ou DHRN), como ilustra a Figura 2.3. Isso pode ser diagnosticado no pré-natal por Amniocentese e na análise do líquido amniótico para a presença de Hemoglobina e seus produtos de degradação.

Várias abordagens são utilizadas durante a gestação e o nascimento para que a criança sobreviva nos casos de DHRN, incluindo transfusão de troca, substituição completa do sangue do lactente para remover os anticorpos anti-Rh e fornecer glóbulos vermelhos intactos.

Contudo, a produção de anticorpos anti-Rh em uma mãe com Rh negativo pode frequentemente ser prevenida ministrando a imunoglobulina anti Rh (por exemplo, a vacina Rhogam) para a mãe, tipicamente em torno de 28 semanas de gestação e novamente dentro de 72 horas do nascimento de seu bebê Rh positivo. De mecanismos que ainda não estão completamente compreendidos, estes anticorpos reduzem a probabilidade de sensibilização do sistema imunológico da mãe pelos eritrócitos Rh positivo. Se este procedimento, desenvolvido na década de 1960, é realizada com êxito durante cada gestação Rh positivo, os anticorpos anti-Rh não são produzidos pela mãe, e as gravidezes subsequentes não correrão o risco.

Se um bebê durante a gestação desenvolver a DHRN, o tratamento depende de quão grave é seu estado. Uma transfusão de sangue para o feto pode ser necessária em casos mais graves. Após o parto, é provável que a criança seja internada em uma unidade neonatal (uma unidade hospitalar especializada em cuidar de recém-nascidos).

Figura 2.3 – Doença Hemolítica do Recém-nascido.



Fonte: Elaborada por Sônia Lopes e Sérgio Rosso em (Lopes & Rosso, 2010).

O tratamento para a DHRN após o parto pode incluir um tratamento leve chamado fototerapia, transfusões de sangue e uma injeção de uma solução de anticorpos (imunoglobulina intravenosa) para evitar que os glóbulos vermelhos sejam destruídos.

Se a DHRN é deixada sem tratamento, casos graves podem levar à morte fetal. Em outros casos, pode levar a danos cerebrais, dificuldades de aprendizagem, surdez e cegueira. No entanto, o tratamento é geralmente eficaz e esses problemas são incomuns.

## 2.3 – Testes para determinação do tipo sanguíneo

É essencial que todos conheçam seu próprio grupo sanguíneo e o de seus familiares. Há muitas ocasiões em que saber que seu grupo sanguíneo pode ser importante, por exemplo, se alguém ou um membro de sua família, necessitasse uma transfusão de sangue urgente, seria útil conhecer seu grupo sanguíneo com antecedência. Se fosse um grupo incomum, permitiria ao hospital um tempo valioso para garantir suprimentos adequados.

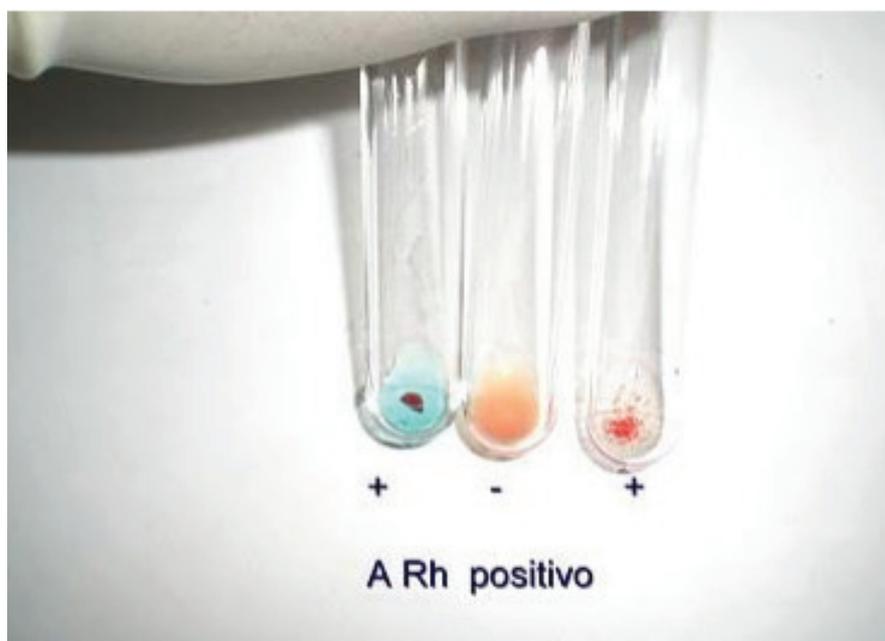
Acidentes e outras emergências podem muitas vezes ser tratadas de forma mais eficiente conhecendo o grupo sanguíneo da pessoa ou pessoas envolvidas. Tipo de sangue também pode ser feito para ver se duas pessoas são susceptíveis de ser parentes de sangue.

Os antígenos mais importantes são os dos grupos sanguíneos (ABO) e o antígeno Rh, que está presente (positivo, +) ou ausente (negativo, -). Assim, os dois testes de sangue mais comuns são os testes ABO e Rh.

A tipagem ABO é definida através das provas direta e reversa. Na prova direta pesquisam-se os antígenos do sistema ABO que estão presentes nas hemácias do indivíduo, enquanto que, na prova reversa procura-se determinar os anticorpos do sistema ABO que estão presentes no soro ou no plasma do indivíduo (Hemocentro, 2010).

A determinação do grupo sanguíneo ABO era originalmente realizada fazendo-se reagir as hemácias do paciente com soros Anti-A e Anti-B produzidos em laboratório, em lâminas limpas de microscopia. Inicialmente, os laboratórios utilizavam lâminas estéreis de microscopia para os testes de tipagem. No Brasil, determinou-se pela legislação que as provas de aglutinação não sejam feitas em lâminas, mas sim por métodos mais precisos. Podem ser utilizados os métodos em microplacas escavadas e/ou em tubos de ensaio, ilustrado na Figura 2.4, ou o método do gel-centrifugação, mais recente (Brasil, 2004; Henry, 1999). As técnicas usadas nesses métodos têm um maior grau de confiabilidade.

**Figura 2.4** – Amostras do método dos tubos.



Fonte: Fornecido pelo Hemocentro de Campinas (Hemocentro, 2010).

Na tipagem direta, se ocorrer aglutinação quando as hemácias do paciente forem misturadas com o antissoro A, o antígeno A está presente e o sangue é tipado como A. Se ocorrer aglutinação quando as hemácias do paciente forem misturadas com antissoro B, o antissoro B está presente e o sangue é tipado como B. Se ocorrer aglutinação em ambas as misturas, tanto antígenos A e B estão presentes e o sangue é tipado como AB. Se não ocorrer aglutinação em qualquer uma das misturas, não há antígenos presentes e o sangue é tipado como O.

Na tipagem reversa, se ocorrer aglutinação quando as células B forem misturadas com o soro do paciente, existe anti-B presente e o sangue é tipado como A. Se a aglutinação ocorrer quando as células A forem misturadas, existe o anti-A e o sangue é tipado como B. Se a aglutinação ocorrer tanto quando células A quanto B forem misturadas, existem anti-A e anti-B

e o sangue é tipado como O. Se não ocorrer aglutinação quando A e B forem misturados, nem anti-A nem anti-B está presente, o sangue é tipado como AB.

O método do tubo de ensaio, em laboratórios, consiste em identificar um tubo com o número da amostra do paciente e preparar uma suspensão de hemácias a 5% (19 gotas de salina + 1 gota do concentrado de hemácia); identificar 7 tubos com o número da amostra do paciente e as seguintes identificações – Anti-AB, Anti-A, Anti-B, Anti-D, Controle(Ctrl), ReversaA (RA), RervesaB(RB); colocar uma gota dos anti-soros correspondentes Anti-AB, Anti-A, Anti-B, Anti-Rh(D), Ctrl Rh em cada tubo. Para os tubos RA e RB, coloca-se duas gotas de soro/plasma em cada e adiciona uma gota de suspensão do reagente de hemácias A1 e B, respectivamente.

O próximo passo é a homogeneização de todos os tubos e a centrifugação por 15 segundos de 3000 a 3600 rpm. Para finalizar o processo, agitam-se levemente os tubos e realiza a leitura, um a um, sobre um fundo branco ou sobre um aglutinoscópio. Faz a comparação dos resultados de aglutinação obtidos nas provas direta e reversa e classifica de acordo com a Tabela 2.1.

**Tabela 2.1** – Interpretação da classificação sanguínea.

| Prova Direta |   |   |   |      | Reversa |    | Interpretação |
|--------------|---|---|---|------|---------|----|---------------|
| AB           | A | B | D | C.Rh | HA1     | HB |               |
| +            | + | 0 | + | 0    | 0       | +  | A+            |
| +            | + | 0 | 0 | 0    | 0       | +  | A-            |
| +            | 0 | + | + | 0    | +       | 0  | B+            |
| +            | 0 | + | 0 | 0    | +       | 0  | B-            |
| +            | + | + | + | 0    | 0       | 0  | AB+           |
| +            | + | + | 0 | 0    | 0       | 0  | AB-           |
| 0            | 0 | 0 | + | 0    | +       | +  | O+            |
| 0            | 0 | 0 | 0 | 0    | +       | +  | O-            |

Os resultados das provas direta e reversa devem ser concordantes, caso eles se apresentem discrepantes, é repetido o procedimento completo. Os resultados positivos no anti-D são considerado como “D fraco”. O antígeno Rh “D fraco” deve ser interpretado como Rh positivo. Quando o controle do Rh se apresentar positivo, o teste não pode ser interpretado e um teste de coombs direto<sup>2</sup> deve ser realizado.

<sup>2</sup>Refere-se é um método que permite a identificação da presença de anticorpos fixados sobre as hemácias.

O processamento digital de imagem coloca à disposição do seu usuário um conjunto de ferramentas permitindo o tratamento e manipulação das imagens de acordo com os objetivos pretendidos. Desde o pré-processamento das imagens, permitindo a redução do ruído ou a melhoria do contraste, à identificação de características de componentes da imagem, através da codificação de contornos ou correspondência de formas, existe todo um conjunto de algoritmos que podem ser utilizados.

### 3.1 – *OpenCV*

O *OpenCV* (*Open Source Computer Vision*) é uma biblioteca desenvolvida pela INTEL em 2000, a fim de desenvolver aplicações no campo da visão computacional em tempo real. Teve sua origem desenvolvida em C++, porém ela hoje é portátil para todas as plataformas de sistemas operacionais. O *OpenCV* possui módulos de processamento de imagens e vídeo, estrutura de dados, álgebra linear, GUI (Interface Gráfica do Usuário), controle de mouse e teclado, além de mais de 350 algoritmos de visão computacional (Corporation, 2001). Estes algoritmos oferecem filtros de imagem, calibração de câmera, reconhecimento de objetos, análise estrutural e operações matemáticas com matrizes de imagens de blocos de dados. Além disso, disponibiliza funções que auxiliam no processamento da imagem, como por exemplo:

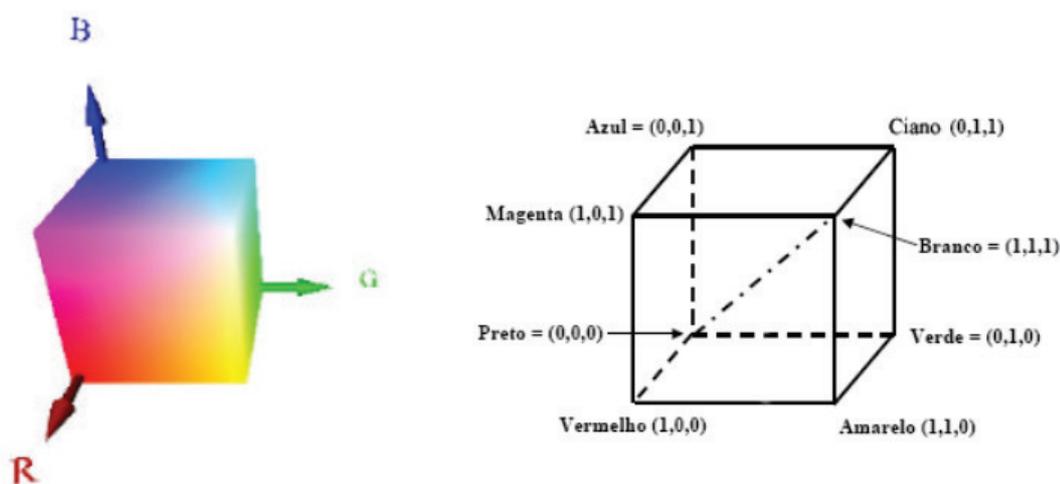
- ▣ Rastreamento de objetos;
- ▣ Detecção de borda;
- ▣ Filtros de cores;
- ▣ Remoção de ruídos em imagens;
- ▣ Detecção de faces e padrões;
- ▣ Algoritmos de treinamentos de padrões;
- ▣ Detecção de linhas, quadrados, círculos, triângulos;
- ▣ Filtros variados de desenho em imagens.

O *OpenCV* é utilizado hoje em muitos projetos *open sources* e algumas aplicações comerciais devido a sua boa performance e grande variedade de filtros e algoritmos, sendo a biblioteca *open sources* mais completa no campo da visão computacional (Bradsky *et al.*, 2006).

## 3.2 – Modelo de cor RGB

O modelo RGB (*Red Green Blue*) é um modelo de cor concebido com base nos dispositivos gráficos com as três cores primárias: vermelho, verde e azul. A cor é determinada especificando a quantidade de cada uma dos componentes primárias. Assim, este modelo descreve as cores como o resultado da adição das três cores primárias, cada uma delas com uma intensidade que pode variar entre 0 e 1. O valor 1 corresponde à intensidade máxima com que a cor pode ser apresentada no dispositivo gráfico e o valor 0 à intensidade mínima, Figura 3.1.

Figura 3.1 – Modelo de cor RGB.



Fonte: Elaborada por Rafael C. Gonzalez e Richard E. Woods em (Gonzalez & Woods, 2010).

A diagonal interna do cubo, que tem a contribuição de forma igual das três cores primárias, forma os tons de cinza (Gonzalez & Woods, 2010). As imagens provenientes de monitores coloridos, a maioria das câmeras de vídeo e câmeras fotográficas digitais têm este modelo de cor como padrão.

## 3.3 – Detecção de Bordas

Como em muitos casos o que se deseja extrair da imagem são características geométricas, torna-se mais conveniente, por exigir menor esforço computacional, trabalhar apenas com os contornos dos objetos. Sendo assim, é necessário utilizar um algoritmo para encontrar a borda dos objetos representados em uma imagem. Algoritmos que procurem por mudanças bruscas de cor ou níveis de cinza dos *pixels* vizinhos podem ser empregados, como por exemplo operadores de Roberts, Prewitt, Canny e Sobel.

No caso específico do algoritmo de Sobel, os operadores apresentados na equação 3.1, são matrizes cujas convoluções sobre a imagem resultam em operações genéricas de derivação da mesma. Assim sendo, em regiões de baixo contraste, o resultado da convolução dos operadores de Sobel sobre a imagem tende a valores próximos a zero. Entretanto, para regiões de contraste elevado esta convolução produz valores significativos possibilitando, dessa forma, a detecção de bordas da imagem (Rasure & Argiro, 1992).

$$G_x = \begin{pmatrix} 1 & 2 & 1 \\ 0 & 0 & 0 \\ -1 & -2 & -1 \end{pmatrix} \text{ e } G_y = \begin{pmatrix} 1 & 0 & -1 \\ 2 & 0 & -2 \\ 1 & 0 & -1 \end{pmatrix} \quad (3.1)$$

Os algoritmos de Sobel funcionam usando um procedimento matemático chamado convolução e geralmente analisam derivadas secundárias dos números digitais sobre o espaço, então o operador de Sobel é implementado por meio das derivadas da imagem em relação a  $x$  e a  $y$ ,  $G_x$  e  $G_y$ , respectivamente, na equação 3.1. Implementamos o método Sobel para detecção de bordas, que é baseado em uma matriz 3 por 3 que é “movida” sobre a imagem principal, sendo o cálculo da magnitude do gradiente  $|G|$  apresentado na equação 3.2.

$$|G| = \sqrt{G_x^2 + G_y^2} \quad (3.2)$$

Assim, o operador de Sobel é um filtro passa alta, não linear no domínio espacial. Ele tem a propriedade de detectar mudanças bruscas no nível de cinza e realçar as arestas de uma imagem, correspondentes à alta frequência da função original. Pode-se obter a detecção de arestas independente da direção, fazendo uma filtragem nas direções ortogonais, vertical  $y$  e horizontal  $x$ , onde os dois resultados constituem as componentes de um gradiente  $G$ .

### 3.4 – Transformada de Hough

Desenvolvida por Paul Hough em 1962, a transformada de Hough foi concebida para identificar linhas, círculos e elipses em imagens binárias e é uma ferramenta importante no processamento de imagens digitais.

A transformada de Hough é um dos métodos mais utilizados para a detecção de objetos que podem ser parametrizados (linhas, círculos, elipses, entre outras). O método requer que se conheça a localização das bordas dos objetos de interesse, a fim de que sejam considerados apenas os pixels de fronteira (Devi, 2010).

O método da transformada de Hough para detecção de bordas é aplicável quando se possui informações precisas acerca da forma da curva. Os dados de base da transformada de Hough são geralmente pontos de uma imagem obtidos pelas transformações de gradiente e da

limiarização. Além disso, é um método de acumulação de requisitos muito geral, possibilitando detectar qualquer curva, mesmo pouco visível ou fortemente ruidosa. Neste trabalho, o objetivo foi de localizar a região circular do tubo de ensaio, eliminando as regiões indesejáveis.

A transformada é normalmente aplicada a uma imagem que passou anteriormente pela operação de detecção de bordas (Gonzalez & Woods, 2010). O conceito da transformada é mapear um *pixel* da imagem em uma curva, no caso da identificação de retas, baseia-se na equação 3.3.

$$y = ax + b \quad (3.3)$$

Os valores  $x$  e  $y$  dos pontos da imagem são utilizados para traçar uma curva no espaço de parâmetros  $a$   $b$ . Todos os *pixels* que são processados (de uma borda, por exemplo) e os parâmetros  $a$  e  $b$  são armazenados em um acumulador de duas dimensões.

Para padrões circulares, o método utiliza a equação da circunferência, conforme 3.4, como equação paramétrica para aplicação da Transformada de Hough. A função da transformada é realizar um mapeamento de determinado espaço de dados (pontos da imagem) para o respectivo espaço de parâmetros. Assim, identifica as relações que unem os pontos do espaço de dados, a fim de buscar de forma analítica o padrão de imagem a ser detectado.

$$(x - a)^2 + (y - b)^2 = r^2 \quad (3.4)$$

Os parâmetros  $(a, b)$  e  $r$  representam as coordenadas do centro e o raio da circunferência, respectivamente. Logo, para cada *pixel* a célula de acumulação  $(a, b, r)$  é incrementada se o ponto  $(a, b)$  estiver à distância  $r$  do ponto  $(x, y)$ . Se um centro específico  $(a, b)$  de uma circunferência de raio  $r$  é localizado a partir de parâmetros, então é provável localizar uma circunferência na imagem analisada (Pedrini & Schwartz, 2008).

Assim, para cada *pixel* da imagem é gerada uma circunferência no plano de parâmetro  $(a, b)$  e são armazenadas no acumulador. O cruzamento de circunferências no plano de parâmetros irá indicar as coordenadas do centro da circunferência que queremos identificar.

O valor de  $r$  é importante e necessário nos cálculos para detectar as circunferências e torna mais complexa a operação, fazendo necessário um acumulador tridimensional.

### 3.5 – Análise de Componentes Principais (PCA)

A análise multivariada é o ramo da estatística que estuda o comportamento das variáveis dependentes dentro de um determinado conjunto de dados, na qual é possível observar  $n$

amostras, ou exemplos, de dados que são formados por  $p$  variáveis distintas (Johnson & Wichern, 1982).

Existem diversos métodos de análise multivariada, contudo todas seguem basicamente o mesmo objetivo, que é a redução e a simplificação do problema analisado. Isso significa que esses métodos podem reduzir o número de variáveis a serem computadas, ou mesmo, eliminar variáveis difíceis de serem analisadas ou medidas. Mas, ainda assim, garantindo que as informações mais relevantes não sejam perdidas. Então, esses métodos permitem aplicar um processo de redução das dimensões dos dados de um conjunto e, mesmo havendo perda de informações, normalmente essa perda é reduzida (Oliveira, 1997).

Alguns dos principais objetivos da análise multivariada são:

- ▣ **Redução de dados** - Com o objetivo de facilitar a interpretação e análise das informações, procurando redimensionar o espaço dos dados de um problema. Sem que isso cause a perda de informações relevantes;
- ▣ **Agrupamento dos dados** - Procura-se agrupar dados que possuem alto grau de similaridade, facilitando o seu entendimento;
- ▣ **Investigação de dependência entre os dados** - Comparando os dados investigados é possível analisar se as variáveis possuem algum grau de dependência ou se são independentes entre si;
- ▣ **Previsão** - Determinando o relacionamento entre as variáveis é possível determinar valores para variáveis de interesse.

A análise fatorial teve início no princípio do século XX, com os estudos de psicólogos para identificar o fator ou fatores que formam a inteligência. O psicólogo Charles Spearman, em um artigo de 1904 analisou uma série de graus de provas em uma escola preparatória, com isso ele montou uma matriz de correlação e observou uma hierarquia de correlações entre os graus de testes para as várias disciplinas. Ele concluiu que todos os ramos da atividade intelectual têm em comum uma função fundamental (descrição de fatores hipotéticos) segundo Spearman (1904) e Leon (2011).

Os fatores hipotéticos podem ser isolados matematicamente que, antecipando o trabalho de Spearman em alguns anos, Karl Pearson em 1901 analisou uma matriz de correlação derivada a partir de medidas de sete variáveis físicas de cada um em 3000 criminosos. Este estudo contém as raízes de um método popularizado por Harold Hotelling em um artigo publicado em 1933. O método ficou conhecido como Análise de Componentes Principais (Leon, 2011; Hotelling, 1933).

A Análise de Componentes Principais – ACP ou PCA (do inglês *Principal Component Analysis*) é o nome comum dado à técnica que usa princípios de álgebra linear para transformar variáveis, possivelmente correlacionadas, em um número menor de variáveis chamadas de Componentes Principais – PC (do inglês *Principal Component*).

A PCA é usada em diversas aplicações, desde a compressão de dados (MP3, JPG) até remoção de ruídos, passando pela análises de grande quantidade de dados, reconhecimento facial automatizado e síntese facial. Em algumas aplicações, como orientação de formas básicas, essa técnica é utilizada como ferramenta de processamento de imagens.

Logo, em geral, a PCA permite a elaboração de procedimentos de classificação e discriminação simples e eficazes, além de ser útil na síntese de novos exemplos de dados que obedecem à mesma distribuição estatística da amostra de treinamento original (Solomon & Breckon, 2013).

A ideia básica da PCA aplicada a um conjunto de dados é encontrar vetores que representem a máxima variância. Por exemplo, no caso de duas componentes principais, a componente principal apresenta a máxima variância de um conjunto de dados e a componente secundária, a segunda maior variância sendo perpendicular à componente principal (Clifford, 2008).

Para uma melhor compreensão do conceito de PCA é preciso observar sua formulação matemática e algumas definições como: matriz de covariância, autovalores e autovetores.

Algumas medidas estatísticas são amplamente utilizadas, sobre um conjunto de dados, em processamento digital, são elas: média, desvio padrão e variância. A covariância não é diferente, trata-se de uma medida que avalia variações entre dimensões. Se aplicada a covariância entre uma dimensão, de um conjunto de dados, e ela mesma, como resultado têm-se a variância desses dados.

Para efetuar os cálculos das componentes principais é preciso obter os dados das amostras analisadas e, a partir de cada canal RGB da imagem, subtrair o seu valor médio para obtenção de um dado de média zero, como apresentado pela equação 3.5.

$$\begin{aligned} R &= R_0 - \mu_{R_0} \\ G &= G_0 - \mu_{G_0} \\ B &= B_0 - \mu_{B_0} \end{aligned} \quad (3.5)$$

De forma que  $R_0$ ,  $G_0$  e  $B_0$  correspondem aos canais antes da subtração e  $\mu_{R_0}$ ,  $\mu_{G_0}$  e  $\mu_{B_0}$  são seus respectivos valores médios. Em seguida, é preciso subtrair a média de todos os canais, de acordo com as equações 3.6 e 3.7.

$$C_{XX} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (X_i - \mu_i)^2 \quad (3.6)$$

$$C_{XY} = C_{YX} = \frac{1}{N} \sum_{i=2}^N (X_i Y_i) - \mu_X \mu_Y \quad (3.7)$$

Com a subtração das médias, representando  $C_{xx}$  os elementos da diagonal principal e  $C_{xy}$  os demais elementos que irão definir a matriz de covariância, então se calcula a matriz de covariância apresentado na equação 3.8. A matriz de covariância, também chamada de matriz de dispersão, é uma matriz quadrada e simétrica que contém as variâncias e covariâncias associadas a diversas variáveis.

A diagonal principal da matriz contém as variâncias das variáveis, e os elementos fora da diagonal contém as covariâncias entre todos os pares possíveis de variáveis, ou seja, a correlação entre as direções.

$$COV = \begin{bmatrix} C_{RR} & C_{GR} & C_{BR} \\ C_{RG} & C_{GG} & C_{BG} \\ C_{RB} & C_{GB} & C_{BB} \end{bmatrix} \quad (3.8)$$

O fato da matriz de covariância ser simétrica torna-se possível encontrar um conjunto de  $n$  autovalores e correspondentes autovetores ortonormais. Um autovetor representa uma direção que é preservada por uma transformação linear. Um vetor  $v$  é dito autovetor, se existir um escalar  $\lambda$  que satisfaça a relação apresentada pela equação 3.9, para  $v$  não nulo e  $C$  representando uma matriz quadrada. Sendo assim,  $\lambda$  é dito autovalor de  $C$  associado ao autovetor  $v$  (Howard *et al.*, 2001).

$$Cv = \lambda v \quad (3.9)$$

Os autovalores podem ser calculados a partir da equação característica de uma matriz quadrada  $C$ , obtida por meio do determinante apresentado na equação 3.10, na qual,  $C$  representa a matriz dada,  $I$  é a matriz identidade e  $\lambda$  são escalares não nulos.

$$\det(C - \lambda I) = 0 \quad (3.10)$$

O resultado desse determinante é um polinômio cujas raízes podem ser calculadas e substituídas no sistema da equação 3.11 para encontrar os autovetores associados a cada autovalor encontrado. Logo, as raízes dessa equação representam os autovalores.

$$\begin{pmatrix} c_{11} - \lambda & c_{12} \\ c_{21} & c_{22} - \lambda \end{pmatrix} * \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix} \quad (3.11)$$

Logo, os autovetores associados aos autovalores são vetores não nulos no espaço de solução descrito na equação 3.12, chamado de auto-espaço de  $C$  associado a  $\lambda$ .

$$\det(\lambda I - C)v = 0 \quad (3.12)$$

Se uma matriz quadrada tem  $n$  autovetores linearmente independentes então, ela é diagonalizável e esses autovetores serão os seus elementos da diagonal principal. Para realizar a diagonalização de uma matriz quadrada é necessário: encontrar seus autovetores, formar uma matriz  $P$ , qualquer, com esses vetores como colunas e realizar o produto  $P^{-1}CP$  (Wagner Oliveira de & Clarimar Jose, 2009). Esse processo é conhecido como Transformada Discreta de Karhunen-Loève ou transformada de Hotelling.

Assim, a matriz de transformação utilizada para o cálculo da PCA consiste em uma matriz cujas colunas correspondem aos autovetores da matriz de covariância estimada do conjunto de dados (Clifford, 2008).

Os autovetores da matriz de covariância representam vetores linhas referente as covariâncias entre as cores em RGB da imagem. Assim, a relação entre o vetor da componente principal e o da segunda componente fornece o centróide da imagem (ponto de encontro dos vetores), permitindo a identificação do ângulo interno formado entre os vetores, a partir do produto interno. O algoritmo desenvolvido neste trabalho utiliza o ângulo identificado para calcular o arcotangente. A partir desse valor obtido e da direção dos autovalores, delimita-se a região em que os autovalores dos autovetores estão presentes.

O objetivo da PCA é encontrar as componentes principais, não decorrelacionar os dados, isso executando uma projeção ortogonal, muitas vezes a dimensão dos dados é reduzida de  $N$  para  $p$ , tal que ( $p < N$ ), para remover componentes indesejadas no sinal. Pode-se notar que a representação PCA é uma técnica ótima de redução de dimensão linear.

Uma aplicação importante desta técnica é a redução do ruído, onde se supõe que os dados contidos nas últimas componentes  $N - p$  estão atreladas principalmente ao ruído. Outro benefício desta técnica é uma projeção em um subespaço de uma dimensão muito baixa, sendo útil para visualizar dados multidimensionais ou de ordem superior (Jolliffe, 2002).

Assim, para a determinação das componentes principais, é necessário calcular a matriz de covariância, encontrar os autovalores e os autovetores e, finalmente, escrever as combinações lineares, que serão as novas variáveis, chamadas de componentes principais. Cada componente principal é uma combinação linear de todas as variáveis originais, independente entre si e estimadas com o propósito de reter, em ordem de estimação e em termos da variação total, contida nos dados iniciais (Regazzi, 2001).

Este capítulo apresenta a revisão bibliográfica de trabalhos e pesquisas sobre tipagem sanguínea. Nele é apresentada uma base de informações sobre as técnicas já utilizadas e suas principais características, e uma análise comparativa dos métodos na identificação do sistema ABO e Fator Rh, indicando as vantagens e desvantagens de cada método com base em avaliações experimentais. Além disso, também são apresentados trabalhos que usaram a PCA, juntamente com processamento digital de imagens, na área de Biomédica.

## 4.1 – Estado da Arte

O desempenho dos métodos apresentados nessa seção é comparado de acordo com suas taxas de acurácia, visando informações relevantes na escolha de métodos para validação de novas propostas.

Como dito anteriormente, o tipo sanguíneo é determinado usando dois tipos de teste: através da identificação da presença de antígenos nos eritrócitos, usando reativos compostos de anticorpos conhecidos (anti-A, anti-B, anti-D), sendo este teste chamado classificação ou tipagem direta; e através da identificação da presença de anticorpos no soro/plasma usando reativos compostos de antígenos conhecidos (hemácias A e hemácias B), sendo este teste chamado de classificação ou tipagem reversa.

Os sistemas de análise de tipagem sanguínea existentes atualmente são demorados, alguns ainda sujeitos a interpretação humana dos resultados. Trabalhos nessa área, como o de Pimenta *et al.* (2012), utilizam técnicas de processamento de imagens em lâminas para localizar o desvio padrão de sangues que aglutinaram ou não na presença dos reagentes, porém não conseguiu identificar o tipo sanguíneo. Já o trabalho de Gonzalez & Woods (2010), recorre à espectrofotometria, por absorção ótica, para detectar a reação de aglutinação em amostras sanguíneas, previamente preparadas e introduzidas no sistema, mas também utiliza o método convencional em lâmina.

O trabalho de Ferraz (2011) procura usar técnicas de processamento de imagens, com o auxílio do *IMAQ Vision* da *National Instruments*, para realizar testes de tipagem em lâminas no curto período de tempo. Com a captação da imagem e todas as etapas de processamento, faz-se a detecção de ocorrência de aglutinação por meios de extração de cor, limiares e operadores

morfológicos. Em seguida, o algoritmo determina o tipo de sangue analisado e armazena seus resultados em um banco de dados. O método desenvolvido foi considerado eficaz, tendo uma precisão de 86% nos testes feitos em 30 imagens. Sua desvantagem está nas dificuldades de comercialização por conta da plataforma da *National Instruments* e o desenvolvimento de características mais avançadas por fatores como custo na aquisição e limitações da própria plataforma.

A pesquisa de Pimenta *et al.* (2012) desenvolveu um sistema portátil e automático para a detecção da tipagem sanguínea baseado em uma abordagem espectrofotométrica. Os testes foram realizados em um sistema customizado baseado em fonte de luz de tungstênio, um monocromador e um dispositivo de medição de fotodiodo. Os espectros de densidade óptica (*Optical Density* - OD) das amostras de teste foram então medidos em comprimentos de onda de 400 nm a 1000 nm. Como o espectro de OD obtido é afetado pelo tipo de amostra (aglutinado ou não aglutinado), é possível determinar o tipo de sangue humano. A metodologia baseia-se em um protocolo de teste de placas e em medidas espectrofotométricas.

Já Nazia Fathima (2013) apresenta um sistema semi-automatizado na classificação de tipos sanguíneos na análise das cores das amostras, com o auxílio de um microscópio. O sistema realiza, inicialmente, o pré-processamento, equalização do histograma e correção de cores, logo em seguida, faz a conversão de RGB para HSI, extrai cores e texturas das imagens usando dados cumulativos do histograma e método de Haralick. Para finalizar todas as etapas do trabalho, é feita a classificação do tipo de sangue pela máquina de vetores de suporte (SVM)<sup>1</sup>. O trabalho de Nazia Fathima (2013) obteve 100% de acurácia nas 8 amostras testadas, porém tem desvantagens da digitalização manual do sangue, isto é, ele só identifica se ocorreu a aglutinação. Com os resultados de aglutinação, o profissional, que está monitorando os resultados, informa o tipo sanguíneo se baseando na combinação de resultados de cada reagente.

Muito parecido com o trabalho de Ferraz (2011), a pesquisa de Tejaswini & Swamy (2014) identifica o tipo sanguíneo a partir de operações morfológicas e operações secundárias como dilatação, erosão, abertura e fechamento determinando a ocorrência de aglutinação sob as amostras de sangue em lâminas. A técnica usada é automatizada e procura reduzir erros humanos em laboratórios. As imagens são processadas usando técnicas de processamento de imagem, com extração de planos de cor, limiares e operações morfológicas. O *software* utilizado foi o MATLAB para o teste em 30 imagens e forneceu uma acurácia de 86%, mostrando-se útil em situações de emergência.

Da mesma forma das pesquisas citadas anteriormente, a pesquisa de Talukder *et al.* (2015) utiliza lâminas para a realização dos testes. Ele encontra o valor do desvio padrão para cada amostra e, baseando-se nos resultados de laboratório, fixou os valores de desvio padrão para cada antígeno e, com isso, identifica o tipo sanguíneo. O trabalho não fornece a acurácia,

---

<sup>1</sup>É um método de aprendizagem de máquina que tenta tomar dados de entrada e classificá-los em uma entre duas categorias. Para que uma máquina de vetores de suporte seja eficaz, primeiramente é necessário utilizar um conjunto de dados de entrada e de saída de treinamento para construir o modelo de máquina de vetores de suporte que pode ser utilizado para classificação de novos dados.

mas destaca que os resultados tem um tempo de processamento inferior a 2 minutos em todos os testes feitos.

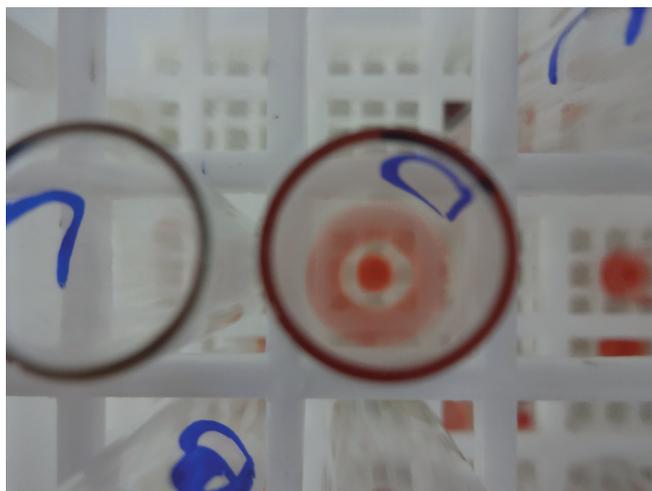
Outro trabalho relacionado é descrito em Pereira & Regis (2015), no qual desenvolve um *software*, com o auxílio da plataforma MATLAB, para a determinação da tipagem ABO/Rh por meio do processamento de imagens. As imagens das amostras são tratadas e, logo em seguida, faz-se o cálculo do desvio padrão. Este trabalho utiliza 2 limiares diferentes: 20 amostras para o sistema ABO e 8 amostras para o sistema Rh, obtendo uma acurácia de 100% para Anti-A e Anti-B, e 80% para Rh no universo das 30 amostras de baixa-resolução testadas. Já para as 22 amostras de alta-resolução, o *software* desenvolvido apresentou um único erro na tipagem ABO, totalizando uma acurácia de 95,45%, já para Rh ocorreram sete erros de tipagem, totalizando 68,19% de acurácia.

O trabalho de Kansara *et al.* (2016) além de detectar o tipo sanguíneo, permite a contagem das células vermelhas do sangue a partir das imagens coletadas de lâminas. Para a detecção do tipo sanguíneo foram aplicadas as seguintes técnicas: extração de cor, limiarização, operações morfológicas, plano de luminância HSL, análise de padrões e quantificação. Em seguida, o *software* realiza a contagem dos glóbulos vermelhos e usa as técnicas de pré-processamento (detecção de bordas, filtragem de suavização e histograma), aplica a Transformada de Hough e faz a contagem das células com base no tamanho padrão de cada célula, assumindo ser 0,1 mm (milímetro). O trabalho obteve resultados satisfatórios e tem como vantagens o uso simultâneo dos módulos, permitindo uma eficiência no tempo de aquisição dos resultados.

Ravindran *et al.* (2017) utiliza várias técnicas de processamento de imagens para a identificação do tipo sanguíneo a partir do método das lâminas. Ele realiza técnicas de pré-processamento, limiarização, operações morfológicas e quantificação. O método desenvolvido prova que o método é efetivo e eficiente para detectar a aglutinação e determinar o tipo de sangue do paciente com precisão. O uso de técnicas de processamento de imagem permitiu a detecção automática de aglutinação e determinou o tipo de sangue do paciente em um curto intervalo de tempo. O artigo não informa a análise estatística do método aplicado, bem como a quantidade de amostras testadas.

No Brasil, determinou-se pela legislação que as provas de aglutinação não sejam feitas em lâminas, mas sim por métodos mais precisos (Brasil, 2004). Em todas as pesquisas citadas anteriormente, verifica-se o uso de imagens providas do método de lâminas, porém este método foi trocado por outros mais precisos, diminuindo erros de interpretação de resultados.

O método mais usado atualmente é o de tubos de ensaios, porém suas imagens coletadas para fins de pesquisa fornecem dificuldades na aquisição dos resultados de tipagem sanguínea, isso se deve ao fato de que as amostras conterem em suas imagens partes de outros tubos ao lado do que estava em análise, presença de reflexos devido ao vidro dos tubos, a interferência da estante de apoio e sua identificação, como ilustra a Figura 4.1.

**Figura 4.1** – Amostra de sangue coletada.

Fonte: Elaborado pela autora.

## 4.2 – Aplicação da PCA em Processamento Digital de Imagens

A ferramenta estatística PCA está sendo utilizada em diversos trabalhos para, principalmente, reconhecimento de padrões e compressão aplicando seu conceito em imagens digitais, destacando o seu uso em imagens utilizadas na Medicina. Outra área que também vem usando a PCA na aquisição dos seus resultados é na detecção de faces humanas.

Santo (2012) destaca o uso da Análise de Componentes Principais como ferramenta para compactação de imagens. A relevância deste trabalho está na avaliação do desempenho da formulação PCA na compressão de imagens digitais e reconhecimento de padrões. Foram utilizadas imagens de função cerebral e foi possível verificar os efeitos da redução no número de componentes principais (elevando a taxa de compressão da imagem), perdendo, com isso, informação. Logo, o trabalho mostrou que, quanto maior a taxa de compressão (quanto menos componentes principais forem utilizados no vetor de características), mais degradada será a qualidade da imagem recuperada. As imagens médicas testadas permitiram que fosse notado que imagens com padrões de textura densa tendem a produzir resultados diferentes com o uso da técnica descrita. Desta forma, as componentes principais também têm o potencial de refletir a complexidade da imagem, permitindo sua correlação com a textura da imagem.

Sabendo que o reconhecimento e a fiscalização dos glóbulos brancos sanguíneos podem ajudar aos hematologistas no diagnóstico de muitas doenças como AIDS, leucemia e câncer, alguns métodos foram propostos na literatura para este fim, dentre eles se destaca o utilizado por (Tabrizi *et al.*, 2010). Neste trabalho, o objetivo principal é aplicar uma combinação do algoritmo de seleção de recursos e classificador de redes neurais, a fim de melhorar o desempenho dos glóbulos brancos, fazendo seu reconhecimento em comparação com os resultados reduzindo a dimensão dos recursos. Portanto, a princípio, núcleo e citoplasma são segmentados e três tipos de características são extraídas (cor, morfologia e textura). As

características morfológicas são a área do citoplasma e o perímetro do corpo celular inteiro, área do núcleo e perímetro, número das partes separadas do núcleo, média e variância do citoplasma e limites do núcleo, critério de arredondatura do núcleo e toda a célula, além da relação entre o citoplasma e áreas nucleares. As características de textura também são extraídas do núcleo e da área do citoplasma pelo padrão binário local. No final, um vetor normalizado do citoplasma médio e cor do núcleo é extraído como características de cor. Após a extração característica do núcleo e da área do citoplasma, aplicou a PCA para a redução da dimensão dos recursos. Então, os cinco tipos de glóbulos brancos (basófilos, eosinófilos, linfócitos, monócitos e neutrófilos) são classificados utilizando a Quantificação de Vetor de Aprendizagem (do inglês *Learning Vector Quantization* - LVQ) na Rede Neural. Logo o projeto está dividido em três partes principais: Segmentação de imagens, extração de recursos e classificação. A PCA possibilitou reduzir o número de recursos, descartando os que têm pequena variação e reteve apenas os termos que têm grande variância usando uma matriz de transformação linear.

Vários trabalhos sobre sinal de ECG demonstram que as técnicas de PCA foram empregadas com sucesso, incluindo compressão de dados, análise de segmento ST-T para detecção de isquemia miocárdica e anormalidades na repolarização ventricular, extração de ondas fibrilares atriais para caracterização detalhada da fibrilação atrial e análise do sistema de mapeamento cardíaco através do mapa de potencial de superfície. O trabalho de (Castells *et al.*, 2007) analisa o estado atual da análise de componentes principais na área de processamento de sinal de ECG fazendo uma breve descrição sobre os fundamentos da PCA. As componentes principais serviram como recursos para distinguir entre os batimentos com ondas normais e as ondas anormais (como os batimentos ventriculares prematuros). Logo, o objetivo deste trabalho é fornecer uma visão geral da PCA no processamento de sinal de ECG, explicando a relação entre a PCA e a Transformada de Karhunen-Loève (KLT). Além disso, usa a *Singular Value Decomposition* (SVD) como técnica de redução de ruído do ECG. Castells *et al.* (2007) mostra que a PCA pode servir como passo intermediário e poderoso ao endereçar problemas relacionados à redução do ruído e à classificação de batimentos cardíacos, além de fazer a compressão de dados do ECG, resolvendo problemas de processamento de sinal.

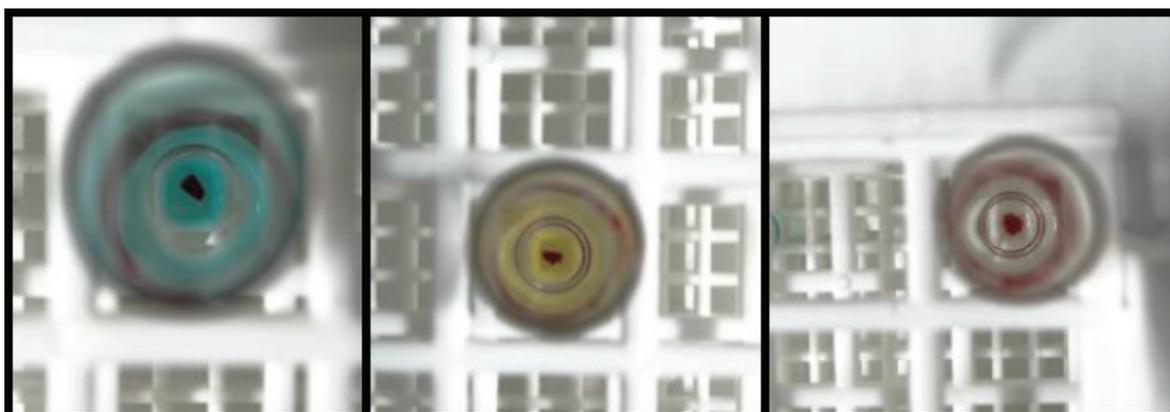
A pesquisa de (Fernandes & Regis, 2016) utiliza a análise de componente independente para separar a distribuição espacial de melanina e hemoglobina de uma imagem de coloração da pele, mostrando a real extensão da lesão do vitiligo. O PCA foi usado como ferramenta de redução do domínio original da imagem RGB para um subespaço bidimensional. Com base nestes estudos, chegou-se a hipótese de que o uso das técnicas de PCA poderia apresentar ganhos na área.

## 5.1 – Descrição das bases de Dados

O procedimento de coleta e análise do sangue foi realizado no Hemocentro da Paraíba, para fins da pesquisa que originou este trabalho. Todos os procedimentos foram aprovados pelo Comitê de Ética em Pesquisa (CEP), conforme Certificado de Apresentação para Apreciação Ética (CAAE) no 50149515.8.0000.5185, Anexo A.

Inicialmente, as imagens dos tubos foram capturadas por duas câmeras de alta resolução (18,2 *Megapixels* e 13 *Megapixels*) e por uma câmera de baixa resolução (5 *Megapixels*), obtendo três imagens composta por três amostras de sangue de um mesmo indivíduo e de reagente, conforme Figura 5.1. O banco de dados para a realização dos testes desta pesquisa contém 105 amostras, que foram analisadas e comparadas com os testes feitos em laboratório para a identificação do tipo sanguíneo.

Figura 5.1 – Imagem da amostra coletada.



Fonte: Elaborado pela autora.

O Hemocentro forneceu os resultados das 105 amostras do banco de dados, ilustrado na Tabela 5.1. É difícil conseguir amostras do tipo AB, por ser um tipo raro, da mesma forma aconteceu com o fator Rh negativo, que representa 15% da população (Hemocentro, 2010).

**Tabela 5.1** – Quantidade de amostras do banco de dados.

| Sangue      | Quantidade de pacientes |
|-------------|-------------------------|
| Tipo A      | 23                      |
| Tipo B      | 19                      |
| Tipo AB     | 6                       |
| Tipo O      | 57                      |
| Rh positivo | 87                      |
| Rh negativo | 18                      |

Foram escolhidas do banco de dados as 65 amostras de sangue capturadas pelas câmeras de alta resolução, cuja quantidade por cada tipo está ilustrado na Tabela 5.2.

**Tabela 5.2** – Quantitativo das amostras analisadas para 65 amostras.

| Sangue      | Quantidade de pacientes |
|-------------|-------------------------|
| Tipo A      | 17                      |
| Tipo B      | 15                      |
| Tipo AB     | 6                       |
| Tipo O      | 27                      |
| Rh positivo | 51                      |
| Rh negativo | 14                      |

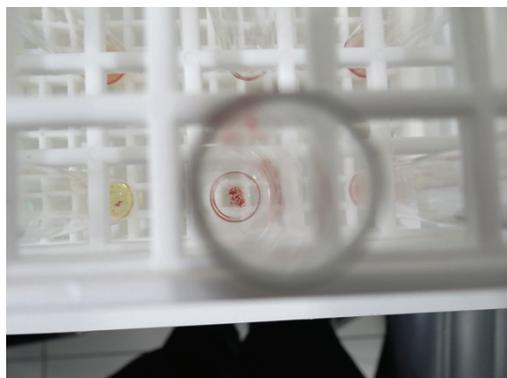
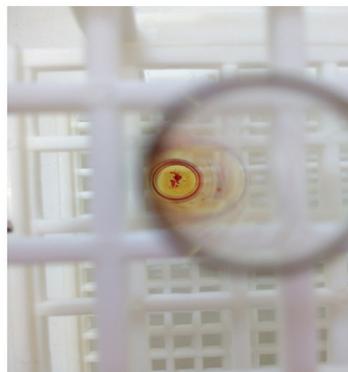
## 5.2 – Metodologia

O trabalho inicia-se com a coleta das imagens das amostras de sangue em tubos de ensaio, conforme Figura 5.1, para análise da tipagem sanguínea. A partir da aquisição das imagens, foi possível desenvolver o método proposto neste trabalho, utilizando uma biblioteca multiplataforma totalmente livre para o uso acadêmico e comercial, o *OpenCV*, cuja linguagem de programação usada foi C++.

Há dificuldades em se trabalhar com as imagens de tubos de ensaio, isso porque, por serem de vidro, contém reflexos em algumas imagens e a presença de mais tubos na estante, como mostrado na Figura 5.2a, influencia negativamente na localização do círculo principal a fim de obter da região de interesse.

Em imagens de alta resolução no banco de dados não era possível aplicar a transformada de Hough, pois a região circular do tubo estava cortada quando foi capturada, sendo um exemplo a amostra da Figura 5.2b.

Assim, no desenvolvimento da pesquisa, verificou-se que algumas imagens estavam desfocadas e contendo outros tubos ao redor da amostra a ser analisada, como visto na Figura 5.2. Por este motivo, foi realizada uma triagem e retiraram-se estas imagens, o que possibilitou visualizar o quanto elas estavam interferindo negativamente nos resultados obtidos.

**Figura 5.2** – Problemas na captura das imagens.**(a)** Imagem de amostra próximo à outras.**(b)** Imagem do tubo de ensaio cortado.**Fonte:** Elaborado pela autora.

No total foram retiradas 14 imagens (destacadas em vermelho nos Apêndices B e C), restando 51 imagens, cuja Tabela 5.3 ilustra o número de pacientes por tipo para as 51 amostras.

Logo, foram feitos os testes das fases do projeto para os dois grupos de amostras: com 65 pacientes e com 51 pacientes (eliminando as 14 amostras que apresentavam falhas em sua captura). Após as análises, os resultados foram comparados entre as duas fases do projeto e entre os dois grupos de amostras de imagens.

**Tabela 5.3** – Quantitativo das amostras analisadas para 51 amostras.

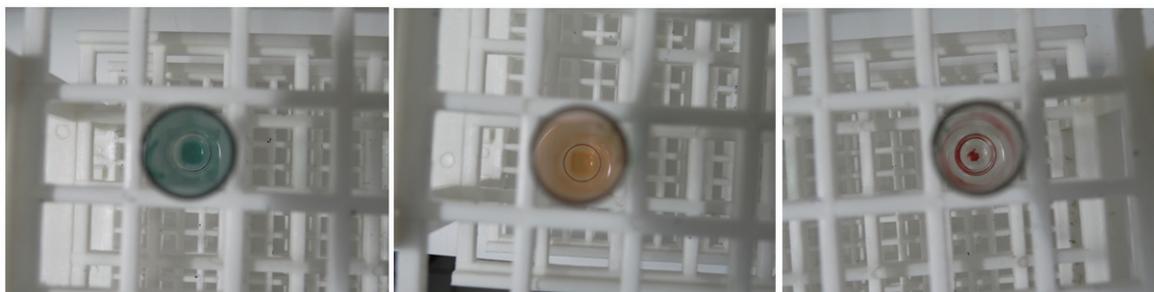
| Sangue      | Quantidade de pacientes |
|-------------|-------------------------|
| Tipo A      | 12                      |
| Tipo B      | 13                      |
| Tipo AB     | 6                       |
| Tipo O      | 20                      |
| Rh positivo | 37                      |
| Rh negativo | 14                      |

Um exemplo de imagens que são consideradas boas para serem analisadas pelo *software* está na Figura 5.3. As amostras estão no centro da imagem, sem a presença de outros tubos ao seu redor e sem marcação de identificação feita por caneta no vidro do tubo, como apresentado na Figura 4.1.

No tubo a homogeneização é realizada na centrífuga, que aumenta a confiabilidade do resultado. Para excluir os reflexos das imagens coletadas, é necessário eliminar partes indesejadas, melhorar a qualidade e realçar a borda circular interna ao tubo de ensaio. Assim, foi utilizado a limiarização local usando o desvio padrão e a média dos *pixels* na vizinhança de cada ponto da imagem (Pereira, 1995).

A pesquisa foi dividida em duas fases: a primeira é realizada aplicando a extração do canal azul e, a partir do desvio padrão, identifica o tipo sanguíneo; já na segunda fase foi utilizado

Figura 5.3 – Imagens boas para serem testadas.



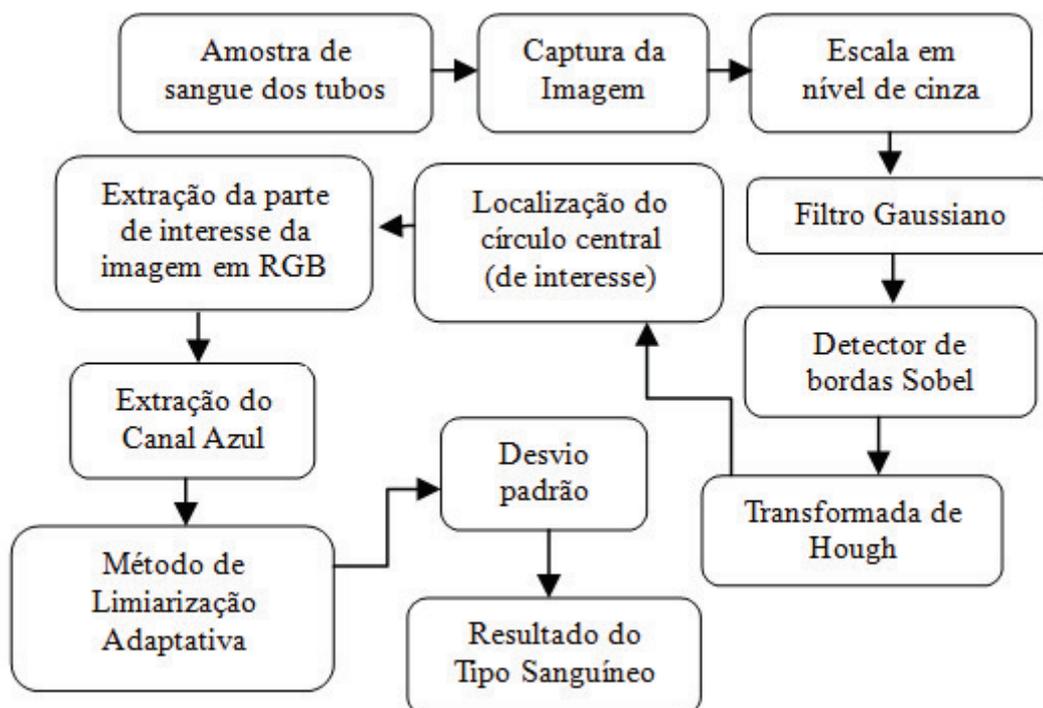
Fonte: Elaborado pela autora.

o PCA para obter os resultados de tipagem, através da diferença de número de *pixels* entre a região de interesse do tubo e a região delimitada pela PCA.

### 5.2.1 – Procedimentos da Primeira Fase

Na Figura 5.4, é apresentada a primeira fase da pesquisa, nela estão descritas as várias etapas de processamento de imagens. Para esta fase, foram utilizados o detector de bordas Sobel e a Transformada de Hough, além da extração do canal azul para obter o desvio padrão e, com isso, identificar o tipo sanguíneo da amostra analisada.

Figura 5.4 – Diagrama de bloco da primeira fase da pesquisa.



Fonte: Elaborado pela autora.

O algoritmo inicia lendo a imagem do tubo de ensaio, cujo formato é JPG, contendo a reação entre o sangue e o reagente da tipagem sanguínea. Em seguida, ocorre à conversão da imagem para escala de cinza e, a partir deste momento, a imagem passará pela etapa de

segmentação para obter propriedades e características mais sofisticadas da imagem, tornando-se necessárias para o sucesso da próxima etapa.

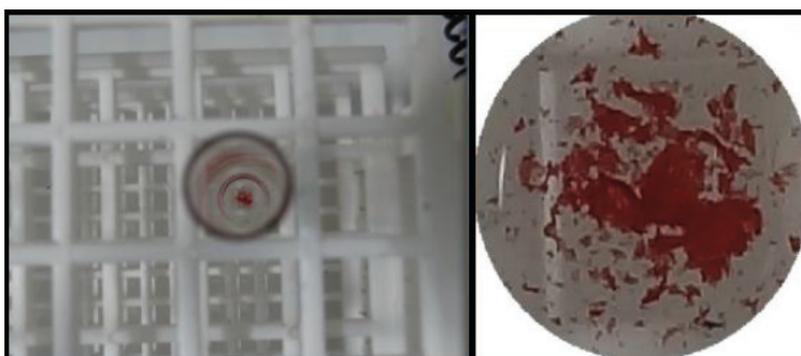
O Filtro Gaussiano é utilizado para evitar a detecção de falsos círculos, já que a presença de ruídos na imagem possibilita a localização errada da região de interesse. Assim, a imagem passou para a etapa de detecção de bordas, a fim de detectar discontinuidades na imagem, regiões homogêneas através dos níveis de cinza.

O próximo passo foi utilizar a Transformada de Hough, que detecta círculos na imagem, retornando o número de círculos detectados. Para se obter um único círculo que este fosse o que representa a área interna do tubo, foi ajustado os parâmetros da Transformada de Hough. Assim, foi definido o raio mínimo de 0,3 mm e máximo de 2 mm para ser detectado, de acordo com as dimensões originais do tubo de ensaio utilizado no procedimento em laboratório. Em seguida, recortou a parte desejada, conforme Figura 5.5.

A escolha do canal azul é devido à capacidade de penetração da luz na água (Gonzalez & Woods, 2010) e sabendo que a água é um líquido com alto nível de transparência, assim como os reagentes utilizados na tipagem sanguínea, constata-se um maior nível de detalhes das zonas aglutinadas, consequentemente uma melhor taxa de acerto quando utilizado o canal azul para classificação das amostras.

O método da limiarização adaptativa é formado pelo filtro de mediana que, de acordo com Pereira (1995), substitui o valor de um *pixel* pela mediana dos níveis de intensidade na vizinhança desse *pixel*. Depois é utilizada a normalização, que vai auxiliar na centralização e dimensionamento da imagem, conforme os valores limites de mínimo e máximo.

**Figura 5.5** – Imagem do tubo e o resultado do recorte da parte desejada.



**Fonte:** Elaborado pela autora.

Após a imagem passar pelo método de limiarização adaptativa, foi calculado o desvio padrão dos *pixels* para comparar com o valor de limiar a fim de classificar a presença ou ausência de aglutinação para cada reagente.

O desvio padrão Foi analisado para cada reagente de todas as amostras testadas e, como ilustrado na Tabela 5.4, percebeu-se que as cores dos reagentes não permitem usar o mesmo limiar para todos os reagentes. As amostras que têm o valor de desvio padrão maior que

o limiar, são as que aglutinaram para o reagente testado. Se o desvio padrão for menor que o limiar, significa que a amostra analisada não contém aglutinação.

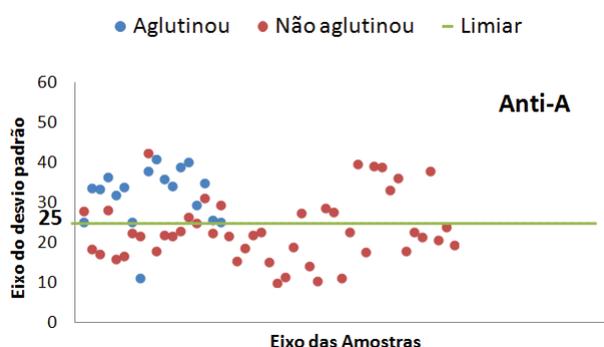
**Tabela 5.4** – Limiar por reagente da primeira fase do projeto.

| Análise           | Limiar de desvio padrão |
|-------------------|-------------------------|
| Anti-A            | 25,00                   |
| Anti-B            | 24,00                   |
| Anti-D (Fator Rh) | 17,50                   |

Assim é obtido o resultado do tipo sanguíneo da amostra analisada e informado qual o desvio padrão para as amostras do anti-A, do anti-B e do anti-D. Foi escolhido o canal azul porque se constata um maior nível de detalhes das zonas aglutinadas.

As Figuras 5.6, 5.7 e 5.8 ilustram a caracterização das imagens, nas quais os pontos em azul representam a aglutinação e em vermelho representam a não aglutinação. É possível notar que os limiares adotados encontram-se na área de separação das duas classes de amostras, as que aglutinaram e as que não aglutinaram. No universo de 65 amostras, a classificação apresentou um erro de 10 amostras para Anti-A, 13 amostras para Anti-B e nenhuma amostra para Anti-D.

**Figura 5.6** – Separação das 65 imagens na 1ª fase: Anti-A (limiar=25,00).



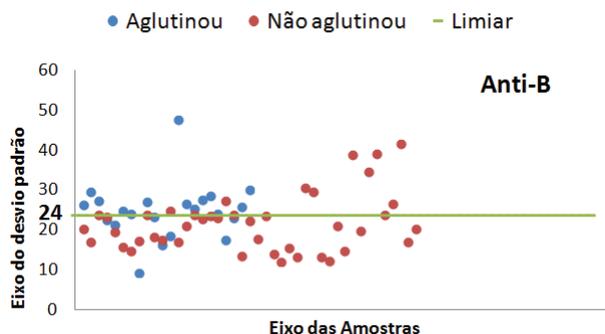
Fonte: Elaborado pela autora.

Não foram apresentados os gráficos de separação das imagens para as 51 amostras, visto que elas estão contidas nas 65 amostras e foi usado o mesmo limiar de desvio padrão.

### 5.2.2 – Procedimentos da Segunda Fase

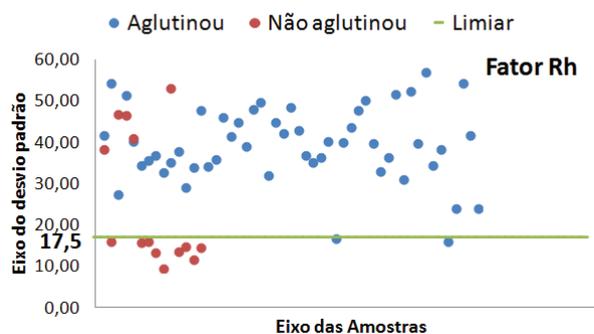
Após passar por todos os procedimentos necessários, da mesma maneira que a primeira fase para conseguir a região de interesse do tubo em RGB, torna-se possível extrair os objetos de interesse da imagem (região do tubo que contém a mistura do sangue com o reagente), filtrando contornos e obtendo a imagem extraída em RGB.

**Figura 5.7** – Separação das 65 imagens na 1ª fase: Anti-B (limiar=24,00).



Fonte: Elaborado pela autora.

**Figura 5.8** – Separação das 65 imagens na 1ª fase: Fator Rh (limiar=17,50).



Fonte: Elaborado pela autora.

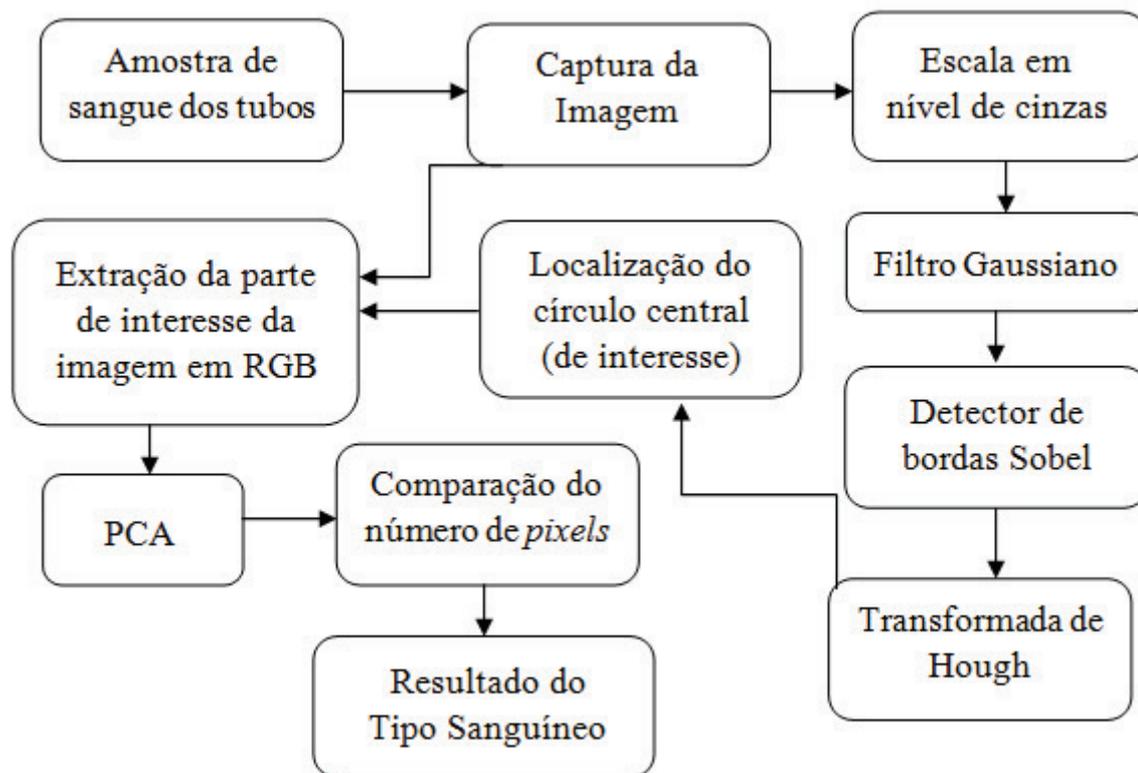
A segunda fase da pesquisa, ilustrada na Figura 5.9, é a implementação do algoritmo para a identificação do tipo sanguíneo pelo PCA, comparando os resultados com os obtidos na primeira fase da pesquisa.

Nesta fase, após a extração da parte de interesse da imagem em RGB, a imagem passará pela PCA que faz a conversão de um conjunto de observações de variáveis, possivelmente correlacionadas.

A PCA usa um conjunto de dados representado por uma matriz de  $n$  registros por  $p$  atributos, que podem estar correlacionadas e sintetiza esse conjunto por eixos não correlacionados (componentes principais) que são uma combinação linear das  $p$  variáveis originais. As primeiras  $k$  componentes contém a maior quantidade de variação dos dados. Já os objetos são representados por uma nuvem de  $n$  pontos em um espaço multidimensional, com um eixo para cada um dos  $p$  atributos (Wagner Oliveira de & Clarimar Jose, 2009).

Assim, o centroide dos pontos é definido pela média de cada atributo e a variância de cada atributo é a média dos quadrados da diferença dos  $n$  pontos com relação a média de cada atributo, conforme equação 3.6. O grau com que cada variável é linearmente correlacionada é representado pela sua covariância, de acordo com a equação 3.7.

Figura 5.9 – Diagrama de bloco da segunda fase da pesquisa.



Fonte: Elaborado pela autora.

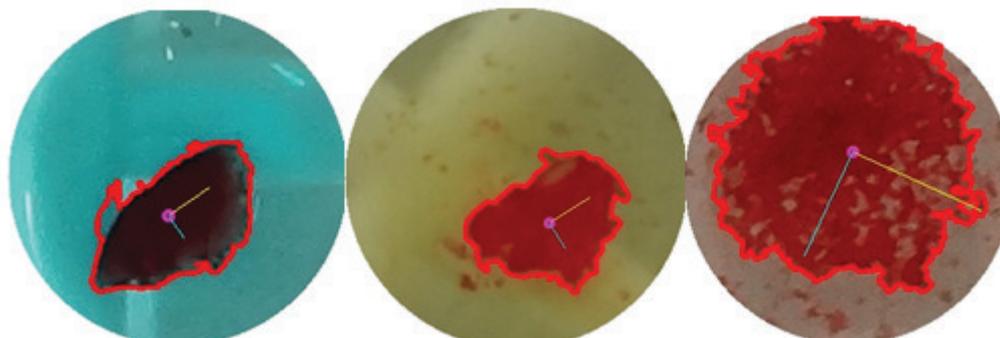
Assim sendo, o objetivo da PCA é rotacionar rigidamente os eixos desse espaço  $p$ -dimensional para novas posições (eixos principais) que tem a seguinte propriedade: ordenada de tal maneira que o eixo principal tem a maior variância, o eixo 2 tem a próxima maior variância, e assim sucessivamente, onde o último eixo tem a menor variância; a covariância entre cada par de eixos é zero (os eixos principais não são correlacionados).

Então, a PCA atua com o cálculo da matriz de covariância, seus autovalores e autovetores. A partir dos cálculos citados, a PCA permite encontrar a direção na qual os dados tem a maior variância. Como os autovetores são os conjuntos de dados das componentes principais, é possível indicar o quanto os dados variam ao longo da componente principal pelo tamanho de cada autovetor. Cada autovetor consiste nos  $p$  valores que representam a contribuição de cada atributo para a componente principal. Os autovetores são não correlacionados (ortogonais), pois seus produtos internos são zero.

A partir destas informações, encontra-se o centroide da componente principal e identifica a região que ocorreu a aglutinação, delimitando seu contorno, como ilustrado na Figura 5.10. Caso a amostra de sangue analisada não tenha aglutinado, a região da PCA coincide com a região circular do tubo, como mostra a Figura 5.11.

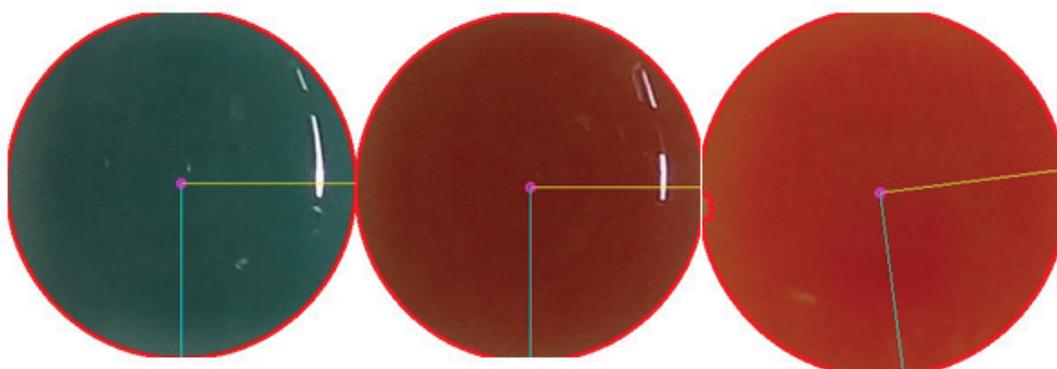
Com os dados obtidos pela PCA, calcula-se o número de *pixels* da região limitada pela PCA (região que foi delimitada a partir dos autovetores da matriz de covariância), e também da região extraída da parte de interesse da imagem em RGB. Em seguida, é realiza a diferença de

**Figura 5.10** – Identificação de aglutinação pela PCA.



Fonte: Elaborado pela autora.

**Figura 5.11** – Identificação de não aglutinação pela PCA.



Fonte: Elaborado pela autora.

número de *pixels* destas regiões e identificada o valor de limiar para a determinação de ocorrência de aglutinação das amostras.

O limiar de número de *pixels* utilizado na segunda fase do projeto, apresentado na Tabela 5.5, permitiu identificar se a amostra analisada aglutinou ou não aglutinou. Para cada reagente foi usado um valor de limiar devido às cores dos reagentes, que interferem na identificação das componentes principais.

**Tabela 5.5** – Limiar por reagente da segunda fase do projeto.

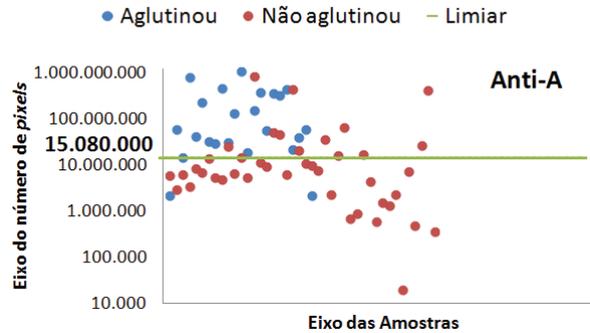
| Análise           | Limiar de número de <i>pixels</i> |
|-------------------|-----------------------------------|
| Anti-A            | 15.080.000                        |
| Anti-B            | 354.980.000                       |
| Anti-D (Fator Rh) | 26.290.000                        |

Assim será obtido o resultado do tipo sanguíneo da amostra analisada e, logo em seguida fazer uma comparação com os resultados obtidos pela extração do canal azul e com os resultados de laboratório para análise de sua eficiência.

As Figuras 5.12, 5.13 e 5.14 ilustram a caracterização das imagens na aplicação do PCA, visto que os pontos em azul representam a aglutinação e em vermelho representam a não

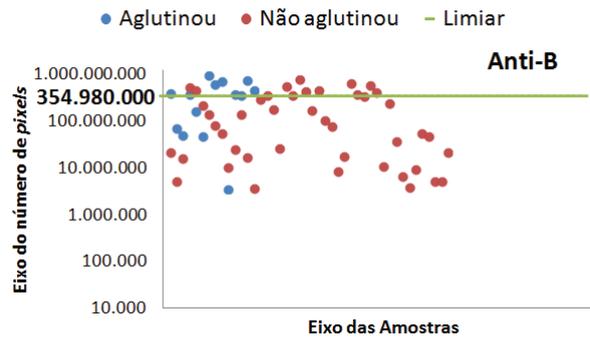
aglutinação. Nas 65 amostras, a classificação apresentou um erro de 14 amostras para Anti-A, 15 amostras para Anti-B e 8 amostras para o Anti-D.

**Figura 5.12** – Separação das 65 imagens na 2ª fase: Anti-A (limiar=15.080.000).



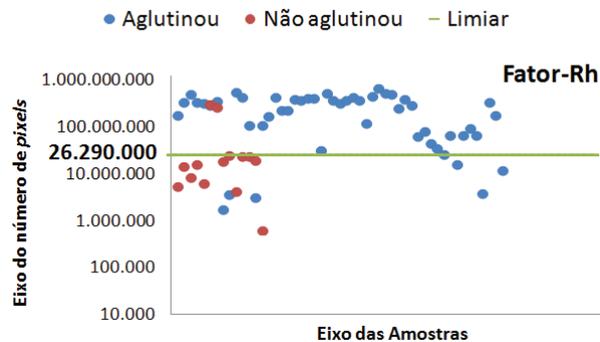
Fonte: Elaborado pela autora.

**Figura 5.13** – Separação das 65 imagens na 2ª fase: Anti-B (limiar=354.980.000 ).



Fonte: Elaborado pela autora.

**Figura 5.14** – Separação das 65 imagens na 2ª fase: Fator Rh (limiar=26.290.000 ).



Fonte: Elaborado pela autora.

Este capítulo apresenta os resultados obtidos com o desenvolvimento do sistema que identifica se ocorreu aglutinação nas amostras testadas e, conseqüentemente, o tipo sanguíneo do paciente.

Como explicado no capítulo anterior, as amostras passaram por dois métodos de análise: extração do canal azul (primeira fase) e uso do PCA (segunda fase). Os resultados são analisando as duas quantidades de amostras. Primeiramente foram realizados os testes para 65 amostras e os estudos dos seus resultados. Logo em seguida, retirou-se 14 imagens que foram captadas de maneira errada e, com isso, interferindo nos resultados (estes grupos de avaliação foram apresentados no Capítulo 5).

## 6.1 – Resultados da Primeira Fase

A partir de testes feitos em todas as amostras, foram adquiridos os seus desvios padrões para cada reagente e, conseqüentemente, analisando estes valores, foi possível encontrar os limiares citados na Tabela 5.4.

O limiar de desvio padrão das amostras com reagente anti-D, cujo valor é 17,50, possibilitou a aquisição de 90,77% de compatibilidade para as 65 amostras e 88,24% de compatibilidade para as para 51 amostras. Já o limiar do anti-A, que foi de 25,00, obtendo uma acurácia de 81,54% para as 65 amostras e de 80,39% para as 51 amostras; e usando o limiar 24,00 para o anti-B obteve uma acurácia de 75,38% para as 65 amostras e de 72,55% para as 51 amostras, mostrando que encontrado uma pequena diferença nos resultados obtidos nos dois grupos de amostras analisadas, como visto na Tabela 6.1.

Na identificação do grupo sanguíneo ABO, para as 65 amostras, o *software* teve uma acurácia de 64,62% e no tipo sanguíneo de 63,08%. Já para o grupo de 51 amostras, foram obtidos resultados com valores próximos ao outro grupo testado, sendo 58,82% de acurácia para a identificação do sistema ABO e 60,78% para a acurácia do tipo sanguíneo. Então, a eficiência do método aplicado está na identificação de aglutinação das amostras por reagente.

O sistema ABO foi calculado a partir dos resultados obtidos em cada amostra de sangue de um determinado indivíduo, analisando sua reação com cada reagente, isto é, para cada indivíduo são analisadas três amostras referentes às reações com o anti-A, anti-B e anti-D e, com

**Tabela 6.1** – Acurácia da primeira fase do projeto.

| Análise           | Acurácia das 65 amostras | Acurácia das 51 amostras |
|-------------------|--------------------------|--------------------------|
| Anti-A            | 81,54%                   | 80,39%                   |
| Anti-B            | 75,38%                   | 72,55%                   |
| Anti-D (Fator Rh) | 90,77%                   | 88,24%                   |
| Sistema ABO       | 64,62%                   | 58,82%                   |
| Tipo Sanguíneo    | 63,08%                   | 60,78%                   |

a combinação dos seus resultados, identifica o tipo sanguíneo este indivíduo. Logo, os 58,82% de acurácia é em relação aos resultados das 51 amostras testadas e 64,62% para as 65 amostras, comparando aos resultados de laboratório.

## 6.2 – Resultados da Segunda Fase

Para a segunda fase, também foram testados os dois grupos de amostras, mas o grupo com 51 amostras possui os resultados mais precisos por conta da identificação da região circular de interesse em 100% das imagens.

Nos testes realizados em todas as amostras, pode-se adquirir o limiar do número de *pixels* para cada reagente e, conseqüentemente, analisando estes valores, foi possível encontrar os limiares citados na Tabela 5.5. A partir destas informações, o *software* conseguiu informar a análise de cada amostra, identificando a ocorrência de aglutinação e, conseqüentemente, o tipo sanguíneo.

Como ilustra na Tabela 6.2, a PCA para a identificação do tipo sanguíneo forneceu uma acurácia de 53,85% para as 65 amostras. Já para o teste feito com 51 amostras a identificação do tipo sanguíneo forneceu uma acurácia de 60,78%.

O resultado para o teste com 65 amostras, conforme Tabela 6.2, apresenta uma acurácia para o Anti-A de 78,46% e para o Anti-B de 73,85%, na identificação da aglutinação. Já para o sistema ABO a acurácia foi de 60%, resultado próximo ao da primeira fase. Porém na identificação do Fator Rh, mesmo com uma acurácia de 87,69%, o método usando a PCA é eficiente na identificação da aglutinação sanguínea.

**Tabela 6.2** – Acurácia da segunda fase do projeto.

| Análise           | Acurácia das 65 amostras | Acurácia das 51 amostras |
|-------------------|--------------------------|--------------------------|
| Anti-A            | 78,46%                   | 88,24%                   |
| Anti-B            | 73,85%                   | 74,51%                   |
| Anti-D (Fator Rh) | 87,69%                   | 88,24%                   |
| Sistema ABO       | 60,00%                   | 66,67%                   |
| Tipo Sanguíneo    | 53,85%                   | 60,78%                   |

Já para o grupo de 51 amostras testadas, como ilustra a Tabela 6.2, forneceu resultados melhores na identificação da aglutinação e uma acurácia de 60,78% para o tipo sanguíneo, valor

quase similar ao da primeira fase com os testes feitos neste mesmo grupo. Nas análises das amostras com o anti-A, anti-B e o anti-D, o trabalho forneceu uma acurácia de 88,24%, 74,51% e 88,24%, respectivamente.

## 6.3 – Validação Estatística Para Testes de Identificação

A validação representa a capacidade que um método de teste possui para identificar corretamente a classe de um indivíduo dentro de uma população e é estimada por duas medidas objetivas: sensibilidade e especificidade (Stojanovic, 2014).

Essas grandezas são estimadas com base no número de verdadeiros positivos, que representa o número de amostras que possuem classificação real positiva para o teste, e do número de verdadeiros negativos, que representa o número de amostras que possuem classificação real negativa para o teste.

Utiliza-se, ainda, o número de falsos positivos, que representa o número de amostras que possuem classificação real negativa mas tiveram resultado positivo no teste, e o número de falsos negativos, que representa o número de amostras que tiveram resultado real negativo, mas apresentaram uma classificação positiva no teste.

### 6.3.1 – Sensibilidade

A sensibilidade representa a habilidade de identificar corretamente a parcela de uma população com o avaliação real positiva para uma característica em específico, sendo calculada por meio da equação 6.1. A sensibilidade indica a probabilidade de que qualquer caso seja identificado pelo teste, visto que o termo sensível implica ser capaz de reagir a algo.

$$\text{sensibilidade} = \frac{\text{N}^{\circ} \text{ de Verdadeiros Positivos}}{\text{N}^{\circ} \text{ de Verdadeiros Positivos} + \text{N}^{\circ} \text{ de Falsos Negativos}} \quad (6.1)$$

### 6.3.2 – Especificidade

A especificidade representa a habilidade de identificar corretamente a parcela de uma população cuja avaliação real teve resultado negativo sendo calculada pela equação 6.2. Logo, a especificidade indica a probabilidade do teste identificar corretamente os casos que não aglutinaram.

$$\text{especificidade} = \frac{\text{N}^{\circ} \text{ de Verdadeiros Negativos}}{\text{N}^{\circ} \text{ de Verdadeiros Negativos} + \text{N}^{\circ} \text{ de Falsos Positivos}} \quad (6.2)$$

### 6.3.3 – Análise Estatística dos Resultados da Primeira Fase

Após o *software* fornecer o desvio padrão para cada imagem, com o limiar utilizado, foram analisados os resultados a partir dos parâmetros para a validação estatística. Conforme as Tabelas 6.3 e 6.4, os valores de sensibilidade, especificidade e acurácia para os dois grupos de amostras foram satisfatórios.

Realizando os testes com 65 amostras, como apresentado na Tabela 6.3, o método aplicado que utiliza a extração do canal azul e usando o limiar de desvio padrão forneceu uma sensibilidade de 95,45%, de 66,67% e de 96,07% para o anti-A, para o anti-B e para o anti-D, respectivamente. Fazendo os testes nas 51 amostras, o *software* forneceu uma sensibilidade de 93,75% do Anti-A, de 68,42% do Anti-B e de 94,60% do anti-D (fator Rh), na identificação das imagens que aglutinaram ou não, fazendo uma validação correta da maioria das amostras, como mostra a Tabela 6.4. Descartando as 14 imagens que apresentam problemas em sua captura, verifica-se que não há muitas mudanças nos valores de sensibilidade entre os dois grupos de amostras analisados.

Calculando o parâmetro de especificidade, que é a validação real dos resultados negativos, nos testes com 65 amostras o resultado para o anti-A foi de 74,41%, para o anti-B foi de 79,54% e o anti-D foi de 71,42%. Já nos testes com 51 amostras, os resultados obtidos do Anti-A foi de 74,29%, do Anti-B foi de 75% e do Anti-D foi de 71,42%. Os valores de especificidade praticamente foram os mesmos, somente as amostras analisadas com o reagente anti-B forneceu um melhor resultado no grupo de 65 amostras, visto que a quantidade de verdadeiros negativos é maior.

A acurácia nas 65 amostras para o anti-A, o anti-B e o anti-D foi de 81,24%, 75,38% e 90,77%, respectivamente. Já na validação estatística das 51 amostras, os resultados da acurácia foram de 80,39%, 72,55% e 88,24%, respectivamente para cada reagente. Os melhores resultados deste parâmetro foram encontrados usando o grupo de 65 amostras devido à relação entre verdadeiros e falsos.

**Tabela 6.3** – Tabela de resultados da validação estatística com 65 amostras da 1ª fase.

| Parâmetros            | Anti-A | Anti-B | Anti-D (Fator Rh) |
|-----------------------|--------|--------|-------------------|
| Verdadeiros Positivos | 21     | 14     | 49                |
| Falsos Positivos      | 11     | 9      | 4                 |
| Verdadeiros Negativos | 32     | 35     | 10                |
| Falsos Negativos      | 1      | 7      | 2                 |
| Sensibilidade         | 95,45% | 66,67% | 96,07%            |
| Especificidade        | 74,41% | 79,54% | 71,42%            |
| Acurácia              | 81,54% | 75,38% | 90,77%            |

**Tabela 6.4** – Tabela de resultados da validação estatística com 51 amostras da 1ª fase.

| Parâmetros            | Anti-A | Anti-B | Anti-D (Fator Rh) |
|-----------------------|--------|--------|-------------------|
| Verdadeiros Positivos | 15     | 13     | 35                |
| Falsos Positivos      | 9      | 8      | 4                 |
| Verdadeiros Negativos | 26     | 24     | 10                |
| Falsos Negativos      | 1      | 6      | 2                 |
| Sensibilidade         | 93,75% | 68,42% | 94,60%            |
| Especificidade        | 74,29% | 75,00% | 71,42%            |
| Acurácia              | 80,39% | 72,55% | 88,24%            |

### 6.3.4 – Análise Estatística dos Resultados da Segunda Fase

Com a PCA, para o Anti-A e o anti-B, a quantidade de imagens verdadeiras positivas foram maiores, comparadas com o método da extração do canal azul. As Tabelas 6.5 e 6.6 apresentem os resultados estatísticos da sensibilidade, especificidade e acurácia da segunda fase do projeto.

Realizando os testes com 65 amostras, como apresentado na 6.5, a PCA forneceu uma sensibilidade de 91,30%, de 66,67% e de 88,23% para o anti-A, para o anti-B e para o anti-D, respectivamente. Fazendo os testes nas 51 amostras, o *software* forneceu uma sensibilidade de 100% do Anti-A, de 63,15% do Anti-B e de 89,19% do anti-D (fator Rh), na identificação das imagens que aglutinaram ou não, fazendo uma validação correta da maioria das amostras, como mostra a Tabela 6.6. Descartando as 14 imagens, foi possível eliminar os falsos negativos para as amostras com o reagente anti-A e, conseqüentemente, melhores resultados foram obtidos com o grupo de 51 amostras, bem como para as imagens com o reagente anti-D. Porém, por ter mantido a quantia de 7 amostras falsas negativas, as amostras com o reagente anti-B forneceu uma sensibilidade menor se comparada com os valores do grupo de 65 amostras.

Calculando o parâmetro de especificidade, que é a validação real dos resultados negativos, nos testes com 65 amostras o resultado para o anti-A foi de 71,43%, para o anti-B foi de 77,27% e o anti-D foi de 85,71%. Já nos testes com 51 amostras, os resultados obtidos do Anti-A foi de 81,81%, do Anti-B foi de 81,25% e do Anti-D foi de 85,71%. Os valores de especificidade praticamente os mesmos para o anti-D, somente as amostras analisadas com o reagente anti-A forneceu uma diferença significativa de valores para o grupo de 51 amostras, visto que houve uma diminuição na quantidade de falsos positivos.

A acurácia nas 65 amostras para o anti-A, o anti-B e o anti-D foi de 78,46%, 73,85% e 87,69%, respectivamente. Já na validação estatística das 51 amostras, os resultados da acurácia foram de 88,24%, 74,51% e 88,24%, respectivamente para cada reagente. Os melhores resultados deste parâmetro foi encontrado usando o grupo de 51 amostras devido à relação entre verdadeiros e falsos, com a diminuição do quantitativo de falsos positivos e negativos. A validação estatística para o reagente Anti-D na segunda fase, como apresentada nas Tabelas 6.5 e 6.6, obteve boas proporções. Porém, comparadas com a primeira fase, demonstra que ainda

há alguns ajustes para sua melhoria, sendo que os valores da especificidade foram melhores na segunda etapa.

**Tabela 6.5** – Tabela de resultados da validação estatística com 65 amostras da 2ª fase.

| Parâmetros            | Anti-A | Anti-B | Anti-D (Fator Rh) |
|-----------------------|--------|--------|-------------------|
| Verdadeiros Positivos | 21     | 14     | 45                |
| Falsos Positivos      | 12     | 10     | 2                 |
| Verdadeiros Negativos | 30     | 34     | 12                |
| Falsos Negativos      | 2      | 7      | 6                 |
| Sensibilidade         | 91,30% | 66,67% | 88,23%            |
| Especificidade        | 71,43% | 77,27% | 85,71%            |
| Acurácia              | 78,46% | 73,85% | 87,69%            |

**Tabela 6.6** – Tabela de resultados da validação estatística com 51 amostras da 2ª fase.

| Parâmetros            | Anti-A | Anti-B | Anti-D (Fator Rh) |
|-----------------------|--------|--------|-------------------|
| Verdadeiros Positivos | 18     | 12     | 33                |
| Falsos Positivos      | 6      | 6      | 2                 |
| Verdadeiros Negativos | 27     | 26     | 12                |
| Falsos Negativos      | 0      | 7      | 4                 |
| Sensibilidade         | 100%   | 63,15% | 89,19%            |
| Especificidade        | 81,81% | 81,25% | 85,71%            |
| Acurácia              | 88,24% | 74,51% | 88,24%            |

A partir dos resultados apresentados nas Tabelas 6.3 e 6.5, é possível afirmar que, para as amostras com reagente anti-A foram melhores aplicando o método da extração do canal azul no grupo de 65 amostras testadas para todos os parâmetros. Com o anti-B, a sensibilidade foi a mesma nos dois métodos, mas a especificidade e a acurácia foram maiores usando o método da PCA. Para a análise do fator Rh, a primeira fase do trabalho proporcionou melhores resultados, exceto pela especificidade que foi menor por conta do número de falsos positivos.

Comparando os resultados das Tabelas 6.4 e 6.6 o fator Rh obteve a mesma acurácia para os dois métodos, porém a sensibilidade foi melhor na primeira etapa visto que o número de falsos negativos foi menor. Para o anti-A, o método que usa a PCA teve os melhores resultados para todos os parâmetros analisados, da mesma maneira o anti-B que só forneceu um resultado menor na sensibilidade com a PCA, pois a primeira fase teve uma validação de 68,42% e com a PCA foi de 63,15%.

Como o tipo sanguíneo é dado pela combinação das análises de cada reagente, a acurácia foi a mesma para os dois métodos aplicados no grupo de 51 amostras, como ilustram as Tabelas 6.1 e 6.2. Já para o grupo de 65 amostras, os valores de acurácia foram satisfatórios, sendo que a primeira fase forneceu o melhor resultado comparado com a PCA. Porém, com a eliminação das 14 amostras que têm problemas na captura da imagem, a PCA demonstra que a segunda fase é uma técnica promissora pois possibilita a aquisição do tipo sanguíneo em 60,78% das imagens testadas.

## 6.4 – Discussão

Todas as análises destacadas até o momento estão concentradas apenas na discussão sobre os resultados obtidos neste trabalho. Contudo, é de extrema importância realizar uma comparação objetiva entre os resultados obtidos neste trabalho, e os resultados que podem ser encontrados na literatura. Infelizmente até a elaboração desta dissertação não foi encontrado nenhum trabalho que identificasse o tipo sanguíneo a partir de imagens de tubo de ensaio, mas sim por meio do método da lâmina.

Assim, a seguir, serão apresentados e comparados os resultados obtidos em trabalhos que utilizam abordagens diversas para a extração de classificação do tipo sanguíneo de imagens de lâminas e o resultado obtido neste trabalho, a partir do uso de imagens capturadas do método do tubo de ensaio.

Esse trabalho diferencia-se em relação aos trabalhos relacionados, como (Ferraz, 2011) e (Pereira & Regis, 2015), por utilizar limiares de desvio padrão específicos para cada reagente, por utilizar toda a área da gota de sangue para efetuar a análise ao invés de zonas retangulares e por ser totalmente desenvolvido utilizando plataforma gratuita com a biblioteca de código aberto OpenCV, o que permite uma maior liberdade para futuras modificações.

Comparando a acurácia do método apresentado na primeira fase para análise do sistema Rh das 65 amostras, (90,77%) temos um maior número de acertos em relação ao trabalho relacionado de Pereira & Regis (2015) que apresentou 68,19%. O método desenvolvido se mostrou capaz de distinguir as amostras que aglutinaram. Na análise do sistema ABO, esta pesquisa obteve 64,62% de acurácia, já Pereira & Regis (2015) conseguiu um percentual de 100%, porém só foram analisadas 30 amostras.

O método utilizado por Tejaswini & Swamy (2014) foi testado para 30 imagens capturadas de teste com lâminas. A comparação entre o seu resultado experimental e o resultado manual forneceu uma sensibilidade de 86%, especificidade de 13% e acurácia de 86%. Aplicando o método da segunda fase da pesquisa, a PCA forneceu uma acurácia de 87,69% para o fator Rh e de 60% para o tipo sanguíneo. Destacamos que as duas fases da pesquisa obtiveram resultados melhores na análise do fator Rh e que, para a análise individual de presença ou ausência de aglutinação a partir dos reagentes, na primeira fase para o Anti-A teve 81,54% de acurácia e 75,38% de acurácia para o Anti-B. Já aplicando a PCA, a acurácia para o Anti-A e o Anti-B foi de 78,46% e 73,85%, respectivamente.

Observa-se que o *software* conseguiu identificar a região de interesse em 78,46% das imagens no teste feito com 65 amostras, comprovando que as 14 amostras retiradas estavam influenciando nos resultados e, tanto a extração do canal azul quanto a PCA não estavam atuando de maneira correta na aquisição dos resultados.

Já em 51 amostras testadas, de acordo com as etapas das Figuras 5.4 e 5.9 para a localização do círculo central, foi possível obter a região de interesse em 100% das imagens,

---

eliminando os ruídos indesejáveis e a aquisição dos resultados a partir das técnicas de processamento de imagem, trazendo resultados mais precisos.

## Considerações Finais

Por meio do estudo teórico e do levantamento bibliográfico realizado, foi possível perceber a viabilidade da utilização da Análise de Componentes Principais na tarefa de identificação do tipo sanguíneo em amostras de sangue em tubos de ensaio. Além disso, a pesquisa se mostrou condizente com as normas da Agência Nacional de Vigilância Sanitária (Brasil, 2004), que elimina os testes de tipo sanguíneo usando lâminas, passando a adotar outros métodos como os feitos em tubos de ensaio, em microplacas, dentre outros.

Então, este trabalho teve como objetivo o desenvolvimento de um *software* capaz de detectar a ocorrência de aglutinação em amostras de sangue para a identificação do tipo sanguíneo, isso a partir de imagens capturadas. Para isso, foram propostos o desenvolvimento de duas fases: (1) uso do método da extração do canal azul a determinação de limiar do desvio padrão para encontrar o tipo sanguíneo; (2) aplicação da PCA nas amostras de sangue coletadas, sendo capaz de contornar a região de aglutinação, como apresentado na Figura 5.10, o qual foi calculado o número de *pixels* desta região e, logo em seguida, foi feita a subtração da região circular extraída pela Transformada de Hough a fim de determinar o limiar para a identificação do tipo sanguíneo.

A importância desse trabalho se deve ao fato de propor um sistema de identificação do tipo sanguíneo, a partir de imagens de amostras de sangue em tubos de ensaio. As dificuldades encontradas foram em aplicar o processamento de imagens e um classificador, pois os reflexos no vidro, durante a captura da imagem, algumas marcações em caneta e a estante de apoio interferiram negativamente nos resultados, atrapalhando o processamento e a interpretação dos mesmos. Durante o desenvolvimento do trabalho houve uma preocupação em melhorar a qualidade das imagens, porém sempre levando em consideração que o ruído poderia ser atenuado com a aplicação de algum filtro. Além disso, as imagens do banco de dados não são uniformes com relação a sua captura, dificultando ainda mais a análise.

A primeira fase da pesquisa levou em consideração a metodologia proposta por Pereira & Regis (2015) para obtenção dos valores de desvio padrão. O trabalho deste autor faz a extração do canal Verde para o sistema ABO e o canal Azul para o sistema Rh, isso aplicando o cálculo do desvio padrão numa área retangular dentro da imagem analisada. Diferentemente de Pereira & Regis (2015), esta pesquisa leva em consideração toda a área da imagem e realiza a extração do canal azul para os dois sistemas sanguíneo, visto que os resultados obtidos foram satisfatórios.

A segunda fase da pesquisa se baseou em trabalhos na área de processamento de imagens que utilizam a PCA em pesquisas voltadas para a biomedicina. Ao aplicar a Análise das Componentes Principais para identificar as características das amostras de sangue e, a partir destas informações, foi possível fornecer o tipo sanguíneo identificando a presença ou ausência de aglutinação.

Neste trabalho foram vistos os conceitos fundamentais referentes aos sistemas de grupos sanguíneos e ao processamento digital de imagens, conceitos estes que foram aplicados no desenvolvimento de um *software* para determinação do tipo sanguíneo nos sistemas ABO e Rh, a partir do processamento das imagens de sangue após a interação com os soros utilizados para a tipagem sanguínea. Foram desenvolvidas técnicas de medição do desvio padrão nessas imagens para detecção da aglutinação que indica, em última análise, o tipo sanguíneo de um indivíduo.

Em termos de análise estatística dos resultados dos algoritmos, verificou-se que os melhores resultados na segunda etapa, foram obtidos retirando dos testes as 14 amostras que continham problemas em sua captura. Na primeira fase, os valores ficaram muito próximos.

## 7.1 – Sugestões para Trabalhos Futuros

É importante definir algumas linhas de trabalho que poderão ser abordadas por outros pesquisadores, para que a pesquisa tenha sequência. Neste contexto, foram identificadas algumas possibilidades de continuação para esse trabalho, que devem colaborar com futuros pesquisadores.

Como trabalhos futuros, pode-se apontar a elaboração de um novo banco de dados com imagens capturadas de maneira uniforme, evitando a presença de ruídos nas imagens que interfiram nos resultados. Usar o PCA como ferramenta de redução do domínio original da imagem RGB para um sub-espço bidimensional e, logo em seguida, usar a Análise de Componente Independente para a determinação do tipo sanguíneo, baseando-se na metodologia da pesquisa de Fernandes & Regis (2016). Além disso, fazer a análise do módulo e simetria dos autovalores para a identificar as características de aglutinação sanguínea.

Outra ideia é desenvolver um método de classificação de amostras em tubos de ensaio com o uso de métodos de aprendizado de máquina ou diferentes classificadores treinados para fazer a diferenciação das amostras. Utilizar o Método de Colônia de Formigas que, a partir do nível de feromônio depositado na análise das imagens, definir se existe ou não aglutinação na amostra de sangue.

Sugere-se ainda o desenvolvimento de uma aplicação para *smartphones*. Para tornar o sistema versátil, pode-se adaptar a aplicação para processamento de uma só imagem, com os três tubos de ensaio contendo o sangue após interação com os respectivos reagentes, visto que este trabalho realiza as análises das imagens de sangue um tubo por vez, como ilustra a Figura 5.3.

Outra sugestão seria a calibração na captura das imagens, bem como um pré-processamento que identificaria determinadas características da imagens e, com isso, realizaria uma triagem mostragem que a amostra estava em conformidade com as demais para passar pelos métodos de identificação do tipo sanguíneo.

## Referências Bibliográficas

- Beiguelman, B. 2001. Os sistemas sanguíneos eritrocitários. *Revista Sociedade Brasileira Medicina Tropical*, **34**(6), 591–595.
- Beiguelman, Bernardo. 2003. *Os sistemas sanguíneos eritrocitários*. 3 edn. Ribeirão Preto: Funpec.
- Bradsky, G. R., Pisarevsky, V., & Bouguet, J. 2006. Learning OpenCV: Computer Vision with the OpenCV Library. 12.
- Brasil, Ministério da Saúde. 2004. Resolução RDC nº 153/2004, de 14 de junho de 2004. Brasília: Agência Nacional de Vigilância Sanitária.
- Castells, Francisco, Laguna, Pablo, Sörnmo, Leif, Bollmann, Andreas, & Roig, José Millet. 2007. Principal Component Analysis in ECG Signal Processing. *EURASIP Journal on Advances in Signal Processing*, **2007**(1), 074580.
- Clifford, GD. 2008. Blind source separation: principal & independent component analysis. Biomedical Signal and Image Processing, Spring.
- Cohen, B. J., & Wood, D. L. 2002. *Memmler, O Corpo Humano na Saúde e na Doença*. 9 edn. São Paulo: Editora Manole Ltda. Tradução de Alexandre Werneck e Wilma Werneck. Título Original: *Memmler's The Human Body in Health and Disease*.
- Corporation, Intel. 2001. Open Source Computer Vision Library: biblioteca de visão computacional open source. *Estados Unidos, Opencv Reference Manual*, 436.
- Devi, H.K.A. 2010. *Thresholding: A Pixel-Level Image Processing Methodology Preprocessing Technique for an OCR System for the Brahmi Script*. "Ancient Asia".
- Fernandes, Gabriel B. M., & Regis, Carlos D. M. 2016. Segmentação de Imagens de Vitiligo utilizando Análise de Componente Independente. *XXXIV Simpósio Brasileiro de Telecomunicações*.
- Ferraz, A. 2011. *Automatic System For Determination of Blood Types Using Image Processing Techniques*. Sensors & Actuators: A Physical.

- Ferraz, A. and Carvalho, V., & Soares, F. 2010. *Development of a Human Blood Type Detection Automatic System*. "Procedia Engineering 5".
- Gonzalez, R. C., & Woods, R. E. 2010. *Processamento de Imagens Digitais*. 3 edn. São Paulo: Pearson Prentice Hall. Tradução de Cristina Yamagami e Leonardo Piamonte. Título Original: Digital Image Processing.
- Harmening, D. 1992. *Técnicas modernas em banco de sangue e transfusões*. 2 edn. Revinter, Rio de Janeiro.
- Hemocentro. 2010. Manual Básico de Orientações Transfusionais. Serviço de Transfusão do Laboratório de Compatibilidade, Campinas.
- Henry, John B. 1999. Diagnósticos Clínicos e Tratamento por Métodos Laboratoriais. **19**. Editora Manole LTDA.
- Hotelling, H. 1933. Analysis of a Complex of Statistical Variables in Principal Components. *Journal of Educational Psychology*.
- Howard, Anton, Rorres, Chris, & Doering, Claus Ivo. 2001. *Álgebra linear com aplicações*. Vol. 8. Bookman.
- Hyvarinen, A. 1999. *Fast and robust fixed-point algorithms for independent component analysis*. In IEEE Transactions on Neural Networks.
- Johnson, R. A., & Wichern, D. 1982. *Applied multivariate statistical analysis*. 2 edn. New Jersey: Pearson Prentice Hall.
- Jolliffe, Ian. 2002. *Principal component analysis*. "Wiley Online Library".
- Jorde, Lynn B., Carey, John C., & Bamshad, Michael J. 2010. *Genética Médica*. 4. edn. Rio de Janeiro: Elsevier. Tradução de Pedro Guimarães de Barros et al. Título Original: *Medical Genetics*.
- Kansara, Komal P., Mahale, Upasana R., Malode, Dhanashree V., & Nahar, Prerana V. 2016. Trend of blood groups and Rh Factor in the twin cities of Rawalpindi and Islamabad. *Imperial Journal of Interdisciplinary Research*.
- Khan, Mohammad Shoab. 2006. Trend of blood groups and Rh Factor in the twin cities of Rawalpindi and Islamabad. *J Pak Med Assoc*. Acesso em: 11 fev. 2015.
- Leite, Luciana. 2005. *Análise de componentes independentes aplicada à identificação de regiões lesionadas em mamogramas*. Tese (Doutorado) - Universidade Federal do Rio de Janeiro - COPPE.
- Leon, Steven J. 2011. *Álgebra Linear com aplicações*. "Editora LTC".

- Lopes, Sônia, & Rosso, Sergio. 2010. *BIO*. São Paulo: Saraiva.
- Melo, I., & Santos, JA. 1996. *Imunohematologia eritrocitária*. Belo Horizonte (MG). Editora Instituto de Engenharia Aplicada.
- Nazia Fathima, S.M. 2013. Classification of Blood Types by Microscope Color Images. *International Journal of Machine Learning and Computing*, **3**, 376–379.
- Oliveira, P.R. 1997. Redes neurais artificiais para extração de características. *Master's thesis, Insstituto de Ciências Matemáticas e de Computação*.
- Pedrini, Hélio, & Schwartz, William Robson. 2008. *Análise de imagens digitais: princípios, algoritmos e aplicações*. "São Paulo: Thomson Learning".
- Pereira, A. S. 1995. *Processamento de imagens médicas utilizando a Transformada de Hough*. Tese (Doutorado) - Universidade de São Paulo - Instituto de Física de São Carlos.
- Pereira, E. L. D., & Regis, C. D. M. 2015. Determinação de tipo sanguíneo nos sistemas abo e rh utilizando processamento digital de imagens. *Revista de Tecnologia da Informação e Comunicação*, 29–38.
- Pimenta, S., Nobrega, J. M. and Duarte, F. M., Minas, G., & Soares, F. 2012. *Automatic Electronic System to Human Blood Typing*. "Procedia Engineering 47".
- Rasure, J., & Argiro, T. C. D. 1992. Visual language and software development environment for image processing. *Journal of Imaging System and Technology*.
- Ravindran, G., Titus, T. Joby, Pravin, M., & Pandiyan, P. 2017. Determination and Classification of Blood Types using Image Processing Techniques. *International Journal of Computer Applications*, **157**(1), 12–16.
- Regazzi, A. J. 2001. *INF 766 - Análise Multivariada*. "Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Exatas e Tecnológicas. Departamento de Informática. ".
- Santo, Rafael do Espírito. 2012. Principal Component Analysis applied to digital image compression. *Einstein (São Paulo)*, **10**(06), 135 – 139.
- Solomon, Chris, & Breckon, Toby. 2013. *Fundamentos de Processamento Digital de Imagens: Uma Abordagem Prática com Exemplos em Matlab*. "Editora LTC".
- Spearman, C. 1904. 'General Intelligence', Objectively Determined and Measured. *American Journal of Psychology*.
- Stojanovic, M. et al. 2014. *Understanding sensitivity, specificity and predictive values*. *Vojnosanit Pregl*.

- Tabrizi, P. R., Rezafooghi, S. H., & Yazdanpanah, M. J. 2010 (Aug). Using PCA and LVQ neural network for automatic recognition of five types of white blood cells. *Pages 5593–5596 of: 2010 Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology.*
- Talukder, M.H., Reza, Md.M., Begum, M., Islam, Md.R., & Hasan, Md. M. 2015. Improvement of Accuracy of Human Blood Groups Determination using Image processing Techniques. *International Journal of Advanced Research in Computer and Communication Engineering*, **10**, 411–412.
- Tejaswini, H.M., & Swamy, Mallikarjuna. 2014. Determination and Classification of Blood Types using Image Processing Techniques. *ITSI Transactions on Electrical and Electronics Engineering*, **2**, 29–33.
- Wagner Oliveira de, Araujo, & Clarimar Jose, Coelho. 2009. Análise de Componentes Principais (PCA). *Technical report.*

# APÊNDICES

1. CAVALCANTE, M. M. S.; SILVA, L. G. A.; REGIS, C. D. M. **Análise de Tipagem Sanguínea em Tubos de Ensaio a partir de técnicas de Processamento de Imagens.** Em: Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica, Foz do Iguaçu, Brasil. 2016.

## Desvio Padrão das Amostras Aplicando a Primeira Fase do Projeto

| Amostras   | Desvio padrão do reagente A | Desvio padrão do reagente B | Desvio padrão do reagente D | Resultado do laboratório | Resultado da 1ª fase |
|------------|-----------------------------|-----------------------------|-----------------------------|--------------------------|----------------------|
| Amostra_01 | 25,2804                     | 20,45                       | 41,73                       | A+                       | A+                   |
| Amostra_02 | 33,7667                     | 17,11                       | 54,35                       | A+                       | A+                   |
| Amostra_03 | 33,4577                     | 23,93                       | 27,59                       | A+                       | A+                   |
| Amostra_04 | 28,061                      | 23,34                       | 51,55                       | A+                       | A+                   |
| Amostra_05 | 18,4602                     | 19,59                       | 40,39                       | O+                       | O+                   |
| Amostra_06 | 17,3326                     | 15,85                       | 34,57                       | O+                       | O+                   |
| Amostra_07 | 28,326                      | 26,46                       | 15,62                       | AB-                      | AB-                  |
| Amostra_08 | 16,14                       | 14,82                       | 35,78                       | O+                       | O+                   |
| Amostra_09 | 16,8091                     | 17,43                       | 37,00                       | O+                       | O+                   |
| Amostra_10 | 22,5004                     | 23,92                       | 32,87                       | O+                       | O+                   |
| Amostra_11 | 21,8971                     | 18,39                       | 35,17                       | O+                       | O+                   |
| Amostra_12 | 36,4715                     | 17,53                       | 37,84                       | A+                       | A+                   |
| Amostra_13 | 32,0412                     | 24,92                       | 29,10                       | A+                       | AB+                  |
| Amostra_14 | 42,368                      | 29,67                       | 16,34                       | AB-                      | AB-                  |
| Amostra_15 | 18,1098                     | 17,05                       | 33,96                       | O+                       | O+                   |
| Amostra_16 | 22,1288                     | 21,08                       | 47,76                       | O+                       | O+                   |
| Amostra_17 | 33,9072                     | 23,92                       | 34,37                       | A+                       | A+                   |
| Amostra_18 | 21,876                      | 27,42                       | 46,99                       | B-                       | B+                   |
| Amostra_19 | 23,0935                     | 22,64                       | 35,97                       | B+                       | O+                   |
| Amostra_20 | 26,4446                     | 22,92                       | 46,19                       | O+                       | A+                   |
| Amostra_21 | 24,9157                     | 23,59                       | 41,49                       | O+                       | O+                   |
| Amostra_22 | 31,298                      | 21,51                       | 46,82                       | AB-                      | A+                   |
| Amostra_23 | 25,1332                     | 24,92                       | 44,95                       | AB+                      | AB+                  |
| Amostra_24 | 22,6162                     | 23,08                       | 39,04                       | O+                       | O+                   |
| Amostra_25 | 29,4943                     | 27,35                       | 48,13                       | O+                       | AB+                  |
| Amostra_26 | 11,2086                     | 24,34                       | 49,85                       | AB+                      | B+                   |

|            |         |       |       |     |     |
|------------|---------|-------|-------|-----|-----|
| Amostra_27 | 21,6942 | 9,44  | 32,17 | B+  | O+  |
| Amostra_28 | 37,995  | 23,94 | 44,88 | A+  | A+  |
| Amostra_29 | 40,8266 | 13,56 | 42,24 | A+  | A+  |
| Amostra_30 | 15,487  | 27,14 | 41,18 | B-  | B+  |
| Amostra_31 | 35,9795 | 22,34 | 48,56 | A+  | A+  |
| Amostra_32 | 18,7171 | 17,81 | 9,99  | O-  | O-  |
| Amostra_33 | 21,9299 | 23,61 | 16,34 | O-  | O-  |
| Amostra_34 | 22,897  | 23,48 | 13,51 | B-  | O-  |
| Amostra_35 | 15,2227 | 16,36 | 43,06 | B+  | O+  |
| Amostra_36 | 10,1384 | 14,13 | 36,89 | O+  | O+  |
| Amostra_37 | 11,4636 | 12,16 | 35,31 | O+  | O+  |
| Amostra_38 | 19,0586 | 15,73 | 36,52 | O+  | O+  |
| Amostra_39 | 27,582  | 18,69 | 9,77  | A-  | A-  |
| Amostra_40 | 14,2366 | 13,47 | 40,35 | O+  | O+  |
| Amostra_41 | 34,2979 | 30,73 | 16,92 | A+  | AB- |
| Amostra_42 | 39,0489 | 29,78 | 40,12 | A+  | AB+ |
| Amostra_43 | 40,2334 | 47,71 | 43,65 | AB+ | AB+ |
| Amostra_44 | 10,47   | 13,49 | 47,88 | O+  | O+  |
| Amostra_45 | 28,894  | 26,84 | 53,46 | B-  | AB+ |
| Amostra_46 | 27,7559 | 25,46 | 50,33 | B+  | AB+ |
| Amostra_47 | 11,2237 | 12,27 | 39,84 | O+  | O+  |
| Amostra_48 | 22,8234 | 21,27 | 32,99 | O+  | O+  |
| Amostra_49 | 29,5762 | 14,84 | 36,46 | A+  | A+  |
| Amostra_50 | 39,8379 | 38,87 | 51,66 | O+  | AB+ |
| Amostra_51 | 17,684  | 27,68 | 13,95 | B-  | B-  |
| Amostra_52 | 34,9528 | 20,01 | 31,16 | A+  | A+  |
| Amostra_53 | 39,2548 | 28,75 | 15,02 | B-  | AB- |
| Amostra_54 | 39,0291 | 34,85 | 52,37 | O+  | AB+ |
| Amostra_55 | 33,2519 | 39,29 | 39,81 | O+  | AB+ |
| Amostra_56 | 36,3727 | 24,14 | 57,16 | B+  | AB+ |
| Amostra_57 | 18,1192 | 23,97 | 34,46 | O+  | O+  |
| Amostra_58 | 22,7865 | 26,69 | 38,28 | O+  | B+  |
| Amostra_59 | 21,658  | 17,66 | 11,96 | B-  | O-  |
| Amostra_60 | 37,9078 | 41,63 | 15,99 | O+  | AB- |
| Amostra_61 | 20,7345 | 23,18 | 24,19 | B+  | O+  |
| Amostra_62 | 25,7667 | 17,11 | 54,35 | A+  | A+  |
| Amostra_63 | 25,2804 | 20,45 | 41,73 | A+  | A+  |
| Amostra_64 | 24,0503 | 26,10 | 24,19 | B+  | B+  |
| Amostra_65 | 19,578  | 30,27 | 14,69 | B-  | B-  |

## Número de *Pixels* das Amostras Aplicando a Segunda Fase do Projeto

| Amostras   | Nº de <i>pixels</i><br>do reagente A | Nº de <i>pixels</i><br>do reagente B | Nº de <i>pixels</i><br>do reagente D | Resultado do<br>laboratório | Resultado<br>da 2ª fase |
|------------|--------------------------------------|--------------------------------------|--------------------------------------|-----------------------------|-------------------------|
| Amostra_01 | 2.240.000                            | 21.080.000                           | 180.510.000                          | A+                          | O+                      |
| Amostra_02 | 62.060.000                           | 5.100.000                            | 336.490.000                          | A+                          | A+                      |
| Amostra_03 | 15.080.000                           | 15.870.000                           | 499.550.000                          | A+                          | A+                      |
| Amostra_04 | 816.770.000                          | 503.340.000                          | 337.750.000                          | A+                          | AB+                     |
| Amostra_05 | 5.950.000                            | 447.610.000                          | 325.930.000                          | O+                          | B+                      |
| Amostra_06 | 2.970.000                            | 214.700.000                          | 304.220.000                          | O+                          | O+                      |
| Amostra_07 | 43.570.000                           | 378.450.000                          | 5.490.000                            | AB-                         | AB-                     |
| Amostra_08 | 6.330.000                            | 134.800.000                          | 365.890.000                          | O+                          | O+                      |
| Amostra_09 | 3.410.000                            | 78.710.000                           | 1.780.000                            | O+                          | O-                      |
| Amostra_10 | 8.600.000                            | 54.630.000                           | 3.770.000                            | O+                          | O-                      |
| Amostra_11 | 6.940.000                            | 10.150.000                           | 563.460.000                          | O+                          | O+                      |
| Amostra_12 | 238.020.000                          | 24.570.000                           | 441.780.000                          | A+                          | A+                      |
| Amostra_13 | 33.430.000                           | 137.840.000                          | 112.400.000                          | A+                          | A+                      |
| Amostra_14 | 29.860.000                           | 69.870.000                           | 14.680.000                           | AB-                         | A-                      |
| Amostra_15 | 14.060.000                           | 16.830.000                           | 3.250.000                            | O+                          | O-                      |
| Amostra_16 | 5.460.000                            | 3.510.000                            | 113.790.000                          | O+                          | O+                      |
| Amostra_17 | 467.480.000                          | 286.450.000                          | 170.200.000                          | A+                          | A+                      |
| Amostra_18 | 4.890.000                            | 48.130.000                           | 8.560.000                            | B-                          | O-                      |
| Amostra_19 | 25.150.000                           | 367.750.000                          | 437.350.000                          | B+                          | AB+                     |
| Amostra_20 | 6.750.000                            | 349.860.000                          | 230.290.000                          | O+                          | O+                      |
| Amostra_21 | 14.880.000                           | 172.810.000                          | 229.220.000                          | O+                          | O+                      |
| Amostra_22 | 32.140.000                           | 163.450.000                          | 16.590.000                           | AB-                         | A-                      |
| Amostra_23 | 137.560.000                          | 46.590.000                           | 392.960.000                          | AB+                         | A+                      |
| Amostra_24 | 5.360.000                            | 25.480.000                           | 387.690.000                          | O+                          | O+                      |
| Amostra_25 | 817.510.000                          | 527.260.000                          | 427.550.000                          | O+                          | AB+                     |
| Amostra_26 | 1.079.020.000                        | 913.300.000                          | 417.380.000                          | AB+                         | AB+                     |

|            |             |             |             |     |     |
|------------|-------------|-------------|-------------|-----|-----|
| Amostra_27 | 11.450.000  | 608.020.000 | 33.260.000  | B+  | B+  |
| Amostra_28 | 19.390.000  | 338.450.000 | 548.730.000 | A+  | A+  |
| Amostra_29 | 158.000.000 | 742.610.000 | 386.230.000 | A+  | AB+ |
| Amostra_30 | 9.410.000   | 697.410.000 | 6.440.000   | B-  | B-  |
| Amostra_31 | 384.290.000 | 420.130.000 | 333.290.000 | A+  | AB+ |
| Amostra_32 | 50.310.000  | 163.310.000 | 303.530.000 | O-  | A+  |
| Amostra_33 | 47.320.000  | 449.160.000 | 274.080.000 | O-  | AB+ |
| Amostra_34 | 6.350.000   | 3.480.000   | 19.260.000  | B-  | O-  |
| Amostra_35 | 448.320.000 | 365.270.000 | 378.900.000 | B+  | AB+ |
| Amostra_36 | 20.890.000  | 103.760.000 | 441.320.000 | O+  | A+  |
| Amostra_37 | 10.870.000  | 76.190.000  | 380.040.000 | O+  | O+  |
| Amostra_38 | 9.780.000   | 8.340.000   | 124.660.000 | O+  | O+  |
| Amostra_39 | 58.650.000  | 17.520.000  | 25.980.000  | A-  | A-  |
| Amostra_40 | 7.630.000   | 637.760.000 | 457.560.000 | O+  | B+  |
| Amostra_41 | 375.790.000 | 356.130.000 | 668.620.000 | A+  | AB+ |
| Amostra_42 | 334.610.000 | 337.980.000 | 541.280.000 | A+  | A+  |
| Amostra_43 | 449.880.000 | 354.980.000 | 512.470.000 | AB+ | AB+ |
| Amostra_44 | 35.640.000  | 580.630.000 | 257.540.000 | O+  | AB+ |
| Amostra_45 | 2.310.000   | 724.510.000 | 4.250.000   | B-  | B-  |
| Amostra_46 | 16.049.000  | 441.490.000 | 404.860.000 | B+  | AB+ |
| Amostra_47 | 64.160.000  | 400.160.000 | 303.260.000 | O+  | AB+ |
| Amostra_48 | 710.000     | 10.580.000  | 63.780.000  | O+  | O+  |
| Amostra_49 | 22.260.000  | 232.300.000 | 83.880.000  | A+  | A+  |
| Amostra_50 | 880.000     | 37.050.000  | 45.460.000  | O+  | O+  |
| Amostra_51 | 16.850.000  | 245.120.000 | 24.130.000  | B-  | A-  |
| Amostra_52 | 40.780.000  | 6.400.000   | 36.550.000  | A+  | A+  |
| Amostra_53 | 4.360.000   | 74.560.000  | 24.150.000  | B-  | O-  |
| Amostra_54 | 610.000     | 3.780.000   | 26.290.000  | O+  | O+  |
| Amostra_55 | 1.560.000   | 9.140.000   | 69.520.000  | O+  | O+  |
| Amostra_56 | 1.320.000   | 402.000.000 | 16.400.000  | B+  | B-  |
| Amostra_57 | 2.340.000   | 53.010.000  | 69.110.000  | O+  | O+  |
| Amostra_58 | 20.000      | 46.700.000  | 94.970.000  | O+  | O+  |
| Amostra_59 | 7.150.000   | 382.560.000 | 19.650.000  | B-  | B-  |
| Amostra_60 | 480.000     | 5.010.000   | 69.540.000  | O+  | O+  |
| Amostra_61 | 26.600.000  | 481.780.000 | 3.980.000   | B+  | AB- |
| Amostra_62 | 62.060.000  | 5.100.000   | 336.490.000 | A+  | A+  |
| Amostra_63 | 2.240.000   | 21.080.000  | 180.510.000 | A+  | O+  |
| Amostra_64 | 423.280.000 | 652.010.000 | 12.450.000  | B+  | AB- |
| Amostra_65 | 364.000     | 396.230.000 | 653.000     | B-  | B-  |

# **ANEXO**

ANEXO A

**Parecer do Comitê de Ética em Pesquisa**



## PARECER CONSUBSTANCIADO DO CEP

### DADOS DO PROJETO DE PESQUISA

**Título da Pesquisa:** Aplicativo Android de Tipagem Sanguínea ABO/Rh Utilizando Processamento Digital de Imagens

**Pesquisador:** Carlos Danilo Miranda Regis

**Área Temática:**

**Versão:** 1

**CAAE:** 50149515.8.0000.5185

**Instituição Proponente:** Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia da Paraíba - IFPB

**Patrocinador Principal:** Financiamento Próprio

### DADOS DO PARECER

**Número do Parecer:** 1.293.116

#### **Apresentação do Projeto:**

Este trabalho apresenta o desenvolvimento de um aplicativo para o Android OS que efetua a tipagem sanguínea utilizando processamento digital de imagens com auxílio da biblioteca OpenCV. O fato é que a correta determinação dos tipos sanguíneos é de suma importância para evitar complicações durante a realização de procedimentos transfusionais, uma vez que não pode existir incompatibilidade entre o sangue do doador e do receptor. Os sistemas ABO e Rh de grupos sanguíneos são os mais utilizados na atualidade, por apresentarem fácil obtenção de dados e custo razoavelmente baixo.

Ao final da pesquisa com dados de 100 pessoas, espera-se que o aplicativo desenvolvido para detectar o tipo sanguíneo nos sistemas ABO e Rh, por meio de Processamento Digital de Imagem, alcance o percentual de acerto maior que 95%.

#### **Objetivo da Pesquisa:**

Primário

Desenvolver um aplicativo Android que efetue a tipagem sanguínea por meio de processamento de imagens.

Secundários

**Endereço:** Avenida João da Mata, 256 - Jaguaribe

**Bairro:** Jaguaribe

**CEP:** 58.015-020

**UF:** PB

**Município:** JOAO PESSOA

**Telefone:** (83)3612-9725

**E-mail:** eticaempesquisa@ifpb.edu.br



Continuação do Parecer: 1.293.116

- Identificar padrões em imagens de amostras de sangue com mesmo tipo;
- Criar um banco de dados de imagens para que estas possam ser utilizadas de forma a melhorar a precisão do aplicativo desenvolvido;
- Efetuar testes no Hemocentro para garantir a precisão do aplicativo desenvolvido;
- Analisar a eficiência do método desenvolvido, efetuando correções com o objetivo de melhorar a precisão do mesmo;
- Disponibilizar o aplicativo desenvolvido na loja de aplicativos Google Play, permitindo que o aplicativo seja acessível aos que tiverem interesse em utilizá-lo.

#### **Avaliação dos Riscos e Benefícios:**

##### Riscos

Segundo o pesquisador "O projeto não possui riscos, tendo em vista que apenas serão utilizadas fotos de pacientes anônimos. Os hemocentros utilizam apenas números para identificar os pacientes envolvidos nos procedimentos, e as informações pessoais desses pacientes não serão repassadas para nós." Vale ressaltar que toda pesquisa envolvendo seres humanos possui algum risco. Neste estudo, os riscos serão minimizados porque não haverá qualquer forma de identificação dos pacientes, bem como os mesmos serão mantidos em anonimato e não serão submetidos a procedimentos evasivos.

##### Benefícios:

"Atualmente o procedimento laboratorial depende do ponto de vista dos técnicos de laboratórios, tendo em vista que o teste é totalmente visual. Com o desenvolvimento deste projeto, será possível efetuar uma tipagem rápida, baseada em um método preciso, evitando erros humanos." Com isso, a pesquisa mostra importantes benefícios à saúde da população.

#### **Comentários e Considerações sobre a Pesquisa:**

Trata-se de um estudo relevante social e academicamente para a área de saúde, em especial às pessoas que passam por transfusão de sangue. A hipótese proposta está compatível com objetivos e com metodologia descritos. O cronograma de execução está adequado em relação aos prazos, bem como justifica-se a dispensa do TCLE. Os riscos são mínimos e os benefícios reais para a população.

#### **Considerações sobre os Termos de apresentação obrigatória:**

De acordo com a Resolução 466/2012, os elementos obrigatórios são:

**Endereço:** Avenida João da Mata, 256 - Jaguaribe

**Bairro:** Jaguaribe

**CEP:** 58.015-020

**UF:** PB

**Município:** JOAO PESSOA

**Telefone:** (83)3612-9725

**E-mail:** eticaempesquisa@ifpb.edu.br



Continuação do Parecer: 1.293.116

- 1- Folha de rosto: está presente e devidamente preenchida e assinada pela Diretora Geral em Exercício do Campus João Pessoa;
- 2- Termo de autorização: está presente, devidamente preenchido, assinado e carimbado pela responsável do Hemocentro. O título da pesquisa está "Desenvolvimento de um Aplicativo Android de Processamento Digital de Imagens para Tipagem Sanguínea nos Sistemas ABO e RH", enquanto que no projeto básico e na folha de rosto o título é "Aplicativo Android de Tipagem Sanguínea ABO/Rh Utilizando Processamento Digital de Imagens". No entanto, entendemos que se trata da mesma pesquisa. O termo faz referência à Resolução CNS 196/96 e não a mais atual, que é a 466/2012, acreditamos também que foi uma falha na confecção do Termo;
- 3- O Projeto Básico: está presente, com dois pesquisadores enquanto equipe e apresenta as informações necessárias para compreensão do delineamento do estudo e objetivos propostos;
- 4- Cronograma: está presente e adequado ao estudo;
- 5- Orçamento: está presente e devidamente detalhado;
- 6- TCLE: está ausente, porém o pesquisador apresentou justificativa. A saber: "O projeto não necessita de TCLE tendo em vista que não serão efetuados procedimentos diretamente com os pacientes. Apenas serão capturadas fotos das amostras de sangue dos pacientes, sem qualquer forma de identificação. Os pacientes serão mantidos em anonimato e não serão submetidos a procedimentos evasivos."

#### **Recomendações:**

Sem recomendações.

#### **Conclusões ou Pendências e Lista de Inadequações:**

Após avaliação do parecer apresentado pelo relator, o Comitê de Ética em Pesquisa do IFPB discutiu sobre os diversos pontos da análise ética que preconiza a Resolução nº 466/2012 do Conselho Nacional de Saúde e deliberou o parecer de APROVADO para o referido protocolo de pesquisa.

Informamos ao pesquisador responsável que observe as seguintes orientações:

- 1- O pesquisador deve desenvolver a pesquisa conforme delineada no protocolo aprovado e descontinuar o estudo somente após análise das razões da descontinuidade por parte do CEP que aprovou (Res. CNS 466/2012 - Item III.2.u), aguardando seu parecer, exceto quando perceber risco ou dano não previsto ao sujeito participante ou quando constatar a superioridade de regime oferecido a um dos grupos da pesquisa (Item V.4) que requeiram ação imediata.

**Endereço:** Avenida João da Mata, 256 - Jaguaribe

**Bairro:** Jaguaribe

**UF:** PB

**Município:** JOAO PESSOA

**CEP:** 58.015-020

**Telefone:** (83)3612-9725

**E-mail:** eticaempesquisa@ifpb.edu.br



Continuação do Parecer: 1.293.116

- 4- O CEP deve ser informado de todos os efeitos adversos ou fatos relevantes que alterem o curso normal do estudo (Res. CNS 466/2012 Item V.5).
- 5- Eventuais modificações ou emendas ao protocolo devem ser apresentadas ao CEP de forma clara e sucinta, identificando a parte do protocolo a ser modificada e suas justificativas.
- 6- Deve ser apresentado ao CEP relatório final até 10/07/2016.

**Este parecer foi elaborado baseado nos documentos abaixo relacionados:**

| Tipo Documento                             | Arquivo                                      | Postagem               | Autor               | Situação |
|--|--|------------------------|---------------------|----------|
| Informações Básicas do Projeto             | PB_INFORMAÇÕES_BÁSICAS_DO_PROJETO_539954.pdf | 16/10/2015<br>16:30:31 |                     | Aceito   |
| Projeto Detalhado / Brochura Investigador  | projeto.pdf                                  | 15/10/2015<br>23:49:42 | Felipe Porge Xavier | Aceito   |
| Declaração de Instituição e Infraestrutura | AutorizacaoAssinada.pdf                      | 05/10/2015<br>15:52:23 | Felipe Porge Xavier | Aceito   |
| Folha de Rosto                             | FolhaDeRosto_Blood.pdf                       | 05/10/2015<br>15:50:03 | Felipe Porge Xavier | Aceito   |

**Situação do Parecer:**

Aprovado

**Necessita Apreciação da CONEP:**

Não

JOAO PESSOA, 23 de Outubro de 2015

---

**Assinado por:**  
**Aleksandro Guedes de Lima**  
**(Coordenador)**

**Endereço:** Avenida João da Mata, 256 - Jaguaribe

**Bairro:** Jaguaribe

**CEP:** 58.015-020

**UF:** PB

**Município:** JOAO PESSOA

**Telefone:** (83)3612-9725

**E-mail:** eticaempesquisa@ifpb.edu.br