



## Base de dados de imagens com lâminas preparadas pelo método Ziehl-Neelsen para treino e validação de sistemas automatizados de deteção e contagem de bacilos da tuberculose

João Victor Boechat Gomide<sup>a</sup>, Thales Francisco Mota Carvalho<sup>b</sup>, Élide Aparecida Leal<sup>c</sup>, Cláudio José Augusto<sup>d</sup>

<sup>a</sup>Instituto Politécnico de Bragança, [joao.gomide@ipb.pt](mailto:joao.gomide@ipb.pt)

<sup>b</sup> Universidade Federal dos Vales Jequitinhonha e Mucuri, [thalesfmc@gmail.com](mailto:thalesfmc@gmail.com)

<sup>c</sup> Fundação Ezequiel Dias, [elida.leal@funed.mg.gov.br](mailto:elida.leal@funed.mg.gov.br)

<sup>d</sup> Fundação Ezequiel Dias, [claudio.augusto@funed.mg.gov.br](mailto:claudio.augusto@funed.mg.gov.br)

---

### Resumo

Este estudo visa fornecer um conjunto de dados robusto para o treino de sistemas automatizados para a deteção de bacilos da tuberculose utilizando lâminas coradas por Ziehl-Neelsen. Ao disponibilizar este conjunto de dados, é abordada uma lacuna crítica na disponibilidade de conjuntos de dados públicos que possam ser utilizados para desenvolver e testar técnicas de inteligência artificial para o diagnóstico da tuberculose (TB). A justificação para este trabalho baseia-se na necessidade urgente de ferramentas de diagnóstico que possam melhorar o diagnóstico da tuberculose de forma rápida e eficiente, especialmente em ambientes com recursos limitados.

O método de Ziehl-Neelsen foi utilizado para preparar 362 lâminas, que foram lidas manualmente. De acordo com as diretrizes da Organização Mundial da Saúde (OMS) para a realização de baciloscopia para diagnóstico de tuberculose, os especialistas anotaram cada lâmina para a diagnosticar como negativa ou positiva. Além disso, as imagens selecionadas passaram por um processo detalhado de anotação com o objetivo de identificar a localização de cada bacilo e cluster dentro de cada imagem.

Para cada uma das 362 lâminas foram captadas aproximadamente 400 imagens, e os seus diagnósticos foram definidos como negativos ou positivos (+, ++, +++). Outras 505 imagens foram meticulosamente selecionadas e anotadas para fins de treino, o que inclui a localização

detalhada dos bacilos, crucial para a precisão dos sistemas de detecção automatizados. As nossas avaliações iniciais utilizando Redes Neurais Convolucionais (CNNs) demonstram a eficácia do conjunto de dados com bacilos anotados, apresentando resultados promissores na classificação e detecção automatizada dos bacilos da tuberculose. O código-fonte Python utilizado nestes testes computacionais está disponível para executar o pipeline, implementar as CNNs e avaliar os modelos.

O desenvolvimento desta base de dados de imagens anotadas representa um avanço significativo no diagnóstico da tuberculose. Ao fornecer um recurso acessível e de alta qualidade à comunidade científica, este trabalho melhora as ferramentas de diagnóstico existentes e facilita o desenvolvimento de novas tecnologias automatizadas.

**Palavras-chave:** diagnóstico de tuberculose, diagnóstico assistido por computador, conjunto de dados de imagem, detecção automatizada, inteligência artificial.

---

## **Designação do projeto/infraestrutura/iniciativa**

Detecção e Contagem Automáticas de Bacilos Álcool Ácido Resistentes para o Diagnóstico da Tuberculose. Financiado pelo CNPq – Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (Brasil) Coordenador do projeto: João Victor Boechat Gomide.

## **Público-alvo**

Gestores de repositórios e data centres, investigadores e especialistas em aprendizado profundo e inteligência artificial. O número limitado de conjuntos de dados públicos anotados e a escassez de códigos-fonte representam desafios significativos para a comunidade científica, dificultando a capacidade dos investigadores de desenvolver e validar modelos de aprendizagem profunda com amplas aplicações. Este trabalho aborda estas restrições introduzindo um novo conjunto de dados.

## **Ligações web úteis**

A base de dados, disponível no repositório <https://tmserver.com.br/ufmg/JMI2025>, é composta por três diretórios. Para aceder à base de dados, o investigador deve preencher o formulário disponível e enviá-lo para o endereço de e-mail [jvbgomide@gmail.com](mailto:jvbgomide@gmail.com). O investigador receberá então permissão para aceder à base de dados e poderá trabalhar livremente com as imagens para fins académicos. Isto permite também ao investigador avaliar a capacidade de generalização dos modelos de aprendizagem profunda quando treinados com estas novas imagens, em comparação com modelos treinados com outras bases de dados.