



Protótipo de um sistema com visão computacional para identificação de tipo sanguíneo e fator Rh

Kathleen Rauane Soares E. S. Consoli | kathleen.rs@aluno.ifsc.edu.br¹
Marcos Virgílio da Costa | marcos.virgilio@ifsc.edu.br²
Rodrigo Szpak | rodrigo.szpak@ifsc.edu.br³

Trabalho de Pesquisa

DT 4 - Inovação Tecnológica, Processos Produtivos e Futuro das Tecnologias

Resumo:

A evolução da automação laboratorial é fundamental para a segurança diagnóstica, auxiliando na redução de erros humanos. Este trabalho apresenta um protótipo baseado em visão computacional destinado à classificação automatizada dos grupos sanguíneos (A, B, AB e O) e do fator Rh (+/-), via análise de imagens de tubos de ensaio. A solução utiliza a linguagem Python e a biblioteca gratuita OpenCV para processar reações de aglutinação em amostras com soros Anti-A, Anti-B e Anti-D. O método baseia-se na segmentação de regiões de interesse e na análise de densidade de pixels para diferenciar aglutinações de sedimentos homogêneos. Em 112 amostras avaliadas, o protótipo obteve 92,86% de resultados conclusivos assertivos, demonstrando seu potencial como ferramenta para auxiliar análises, reduzir tempo e minimizar erros humanos em processos laboratoriais.

Palavras-chave: tipagem sanguínea; visão computacional; aglutinação; sistema ABO; fator Rh.

Introdução

Segundo Campana e Oplustil (2011), a medicina laboratorial contemporânea enfrenta o desafio constante de equilibrar a alta demanda de exames com a necessidade de precisão absoluta. Na hematologia, a classificação dos grupos sanguíneos é a base da segurança transfusional. O método tradicional de leitura em tubo, embora confiável, depende da acuidade visual do técnico, o que introduz uma variável subjetiva no processo. Em laboratórios de grande escala, a automação é uma realidade consolidada, porém, em unidades de saúde de pequeno e médio porte, o custo dessas tecnologias costuma ser proibitivo, mantendo o processo manual como padrão predominante.

¹ Egresso do curso de Engenharia de Controle e Automação do IFSC Campus Chapecó.

² Docente da área de Informática do IFSC Campus Chapecó.

³ Docente da área de Engenharia de Controle e Automação do IFSC Campus Chapecó.

A subjetividade na interpretação das reações de aglutinação pode ser acentuada por fatores externos e oscilações na iluminação ambiente laboratorial. Tais fatores podem comprometer a padronização dos resultados, especialmente em rotinas de alta demanda.

O protótipo desenvolvido utiliza técnicas baseadas em visão computacional para o processamento digital de imagens, oferecendo suporte à decisão com um modelo reprodutível e de baixo custo. Ao transformar uma percepção visual em um dado quantitativo, o sistema reduz drasticamente a margem para interpretações ambíguas e consequentemente erros humanos na análise.

Fundamentação teórica

De acordo com Beiguelman (2003), a tipagem sanguínea baseia-se na detecção de antígenos eritrocitários. No sistema ABO (A, B, AB e O) os indivíduos são classificados de acordo com a presença dos antígenos A e B. Já o sistema Rh (+/-) foca na presença do antígeno D, o mais imunogênico do grupo segundo Cavalcante (2017). A técnica em tubo consiste em misturar uma suspensão de hemácias com antissoros específicos e caso o antígeno correspondente esteja presente, ocorre, conforme explicam Gomes e Santos (2013), a formação de pontes de anticorpos entre as células.

Segundo Gonzalez e Woods (2010), a visão computacional, embora seja um subcampo da inteligência artificial, possibilita a interpretação automatizada de imagens por sistemas computacionais, simulando a percepção visual humana. Seu uso na medicina tem crescido exponencialmente em aplicações que demandam padronização, agilidade e minimização de erros humanos.

O processamento das imagens para a identificação da aglutinação envolve técnicas de filtragem digital e morfologia matemática, além de algoritmos de suavização para reduzir o ruído granular da captura. A escolha pelo espaço de cor HSV (*Hue*, *Saturation*, *Value*) em detrimento do RGB (*Red*, *Green*, *Blue*), baseada em García-Lamont et al. (2016), justifica-se pela necessidade de isolar a cromaticidade da luminância. Isso torna o algoritmo mais resiliente a reflexos especulares — comuns na superfície curva dos tubos de vidro — e melhora a precisão na consolidação dos contornos dos aglomerados celulares, eliminando pequenos pontos isolados. Para a implementação dessas técnicas, utilizou-se a biblioteca OpenCV.

Procedimentos metodológicos

A metodologia deste trabalho inicia com a etapa de obtenção de imagens padronizadas, provenientes de testes de tipagem sanguínea reais, realizados em ambiente laboratorial, juntamente com os respectivos laudos. Para garantir a fidelidade dos dados as capturas foram efetuadas sob condições controladas de iluminação e posicionamento, permitindo que o conjunto de amostras apresentasse uma base comparativa sólida para as etapas subsequentes. Após a consolidação do banco de imagens, inicia a etapa de pesquisa bibliográfica das técnicas e ferramentas para manipulação e pré-processamento de imagem, como a conversão do padrão de cor RGB para HSV, os algoritmos de filtragem para a redução de ruídos e a correção de variações luminosas, conforme a abordagem utilizada por Patil et al. (2012).

As etapas de pré-processamento, especificamente a conversão de cores para HSV, mostraram-se fundamentais para isolar as variações de saturação características da aglutinação, conferindo ao algoritmo maior robustez frente a pequenas variações de luz. A segmentação determinística da imagem em três regiões de interesse (Anti-A, Anti-B e Anti-D) permitiu um processamento mais ágil e eficiente, adequado para recursos computacionais mais limitados, como sugerido por García-Lamont et al. (2016).

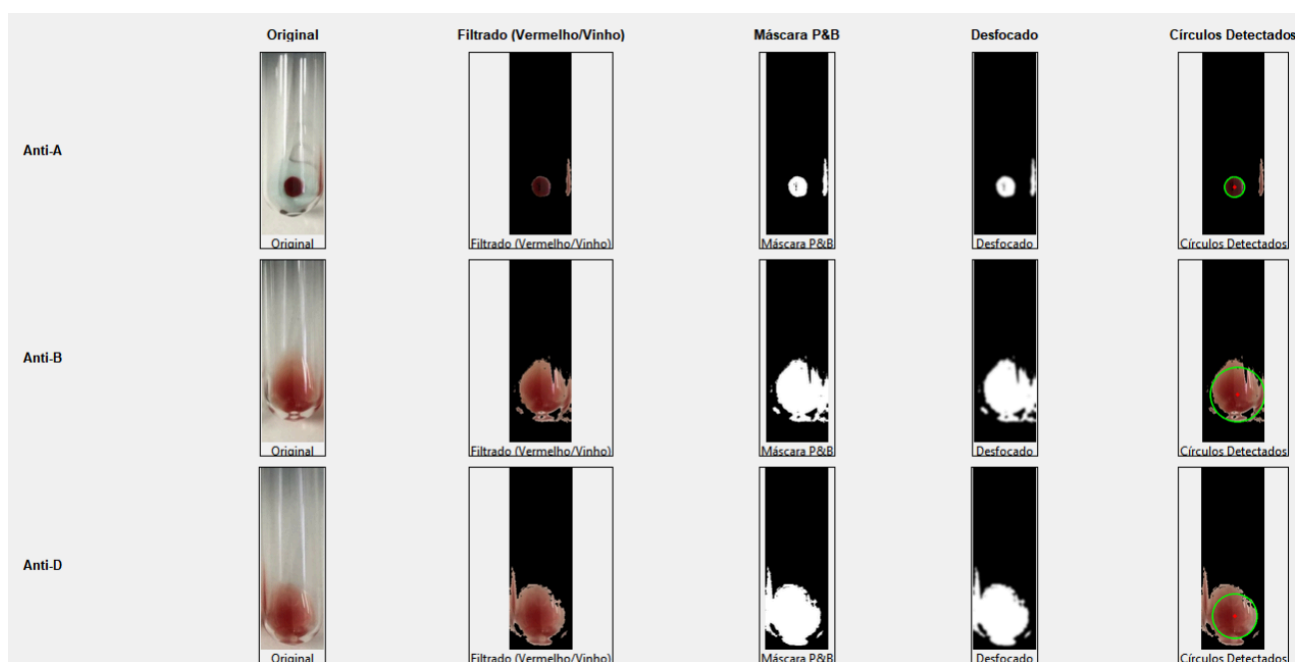
Com a imagem devidamente tratada, o fluxo metodológico avançou para o desenvolvimento de funções mais específicas, voltadas à segmentação e análise morfológica, para isolamento das reações de aglutinação e na extração de características estruturais dos aglomerados celulares, permitindo a diferenciação dos padrões de precipitação de sedimentos homogêneos das imagens dos tubos de ensaio.

A fase final da metodologia compreendeu a execução de testes sistemáticos de validação, comparando os resultados da análise do protótipo com os laudos profissionais previamente obtidos, que vieram junto com cada imagem. A análise dos dados foi pautada pela verificação da densidade de pixels resultantes de cada reação, servindo como métrica para a classificação dos fenótipos. Todo o percurso metodológico foi desenhado para assegurar o alinhamento entre o processamento tecnológico e a segurança diagnóstica, culminando em uma lógica de decisão que prioriza a confiabilidade.

Resultados e discussões

O sistema foi validado com 112 imagens de tipagem sanguínea, obtendo 92,86% de acerto em casos conclusivos (104 imagens), alinhando-se perfeitamente aos laudos laboratoriais. Nos 7,14% de casos inconclusivos (8 imagens), o algoritmo respeitou o limiar de incerteza, sinalizando a necessidade de reteste ou análise por especialista humano, em vez de apresentar um resultado incorreto. Esse comportamento reflete as boas práticas na área da saúde, priorizando a segurança diagnóstica em situações de resultados parciais ou ambíguos, reforçando o papel do protótipo apenas como uma ferramenta de apoio.

Figura 1 – Visualização das principais etapas de processamento da imagem.



Fonte: Autores (2026).

Considerações finais

O protótipo desenvolvido demonstrou ser uma ferramenta promissora para a automação da análise de tipagem sanguínea, apresentando resultados quantitativos e qualitativos consistentes com os laudos laboratoriais de referência. A pesquisa evidencia que o uso de tecnologias de visão computacional baseadas em algoritmos clássicos de

processamento de imagem é plenamente viável, para este cenário específico de análise de aglutinação, não sendo necessário o emprego de arquiteturas complexas de *Deep Learning*. A utilização da linguagem Python aliada a bibliotecas de código aberto como OpenCV, permitiu a criação de uma ferramenta que não demanda um alto custo computacional, podendo ser executada em um computador pessoal.

Isso sugere que a solução tem potencial para, depois de aprimorada e passar por todas as etapas futuras de certificação, ser integrada em pequenos laboratórios ou unidades de saúde com infraestrutura limitada, nas quais a automação convencional (como o método de gel-centrifugação) pode ser financeiramente proibitiva

Referências

BEIGUELMAN, B. **Os sistemas sanguíneos eritrocitários**. 3. ed. Ribeirão Preto: Funpec, 2003.

CAMPANA, G. A.; OPLUSTIL, C. P. **Conceitos de automação na medicina laboratorial: revisão de literatura**. *Jornal Brasileiro de Patologia e Medicina Laboratorial*, v. 47, n. 2, p. 119-127, abr. 2011.

CAVALCANTE, M. M. S. **Aplicação da análise de componentes principais na identificação de tipos sanguíneos em tubos de ensaios**. 2017. 78 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Elétrica) – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia da Paraíba, João Pessoa, 2017.

GARCÍA-LAMONT, F.; CUEVAS, A.; NIÑO, Y. **Segmentation of color images by chromaticity features using self-organizing maps**. *Ingeniería e Investigación*, v. 36, n. 2, 2016.

GOMES, A. S.; SANTOS, A. R. **Práticas de tipagem sanguínea e fator Rh**. Salvador: UFBA, 2013. Disponível em: <http://www.repositorio.ufba.br>. Acesso em: 23 abr. 2025.

GONZALEZ, R. C.; WOODS, R. E. **Processamento de Imagens Digitais**. 3. ed. São Paulo: Pearson Prentice Hall, 2010.

PATIL, S. S.; PATIL, A. S.; PATIL, A. A. **Identification of Blood Groups using Computer Vision**. *International Journal of Computer Applications*, v. 58, n. 14, 2012.