

Improving Direct Image Regression for Blood Cell Enumeration with a Fine-Tuned Backbone

Sigit Adinugroho^{*1}, Yuita Arum Sari², Fitri Utaminigrum³

^{1,2,3}Faculty of Computer Science, Brawijaya University, Indonesia

Email: ¹sigit.adinu@ub.ac.id

Received : Jun 30, 2025; Revised : Aug 12, 2025; Accepted : Aug 13, 2025; Published : Aug 24, 2025

Abstract

Complete blood count (CBC) examination provides an important insight for diagnosis or disease treatment. Currently, CBC examination requires complex and expensive devices that limit their deployment in remote area. The development of computer vision based method offers simplification to the process. However, its implementation is limited to the availability of large size labelled dataset. This research aims to develop a direct image regressor that is able to regress directly from image. There are two stages in estimation process. First, the backbone is trained using large dataset available for blood cell classification problem. Then the trained backbone is plugged into the final model by adding a fully connected neural network that acts as regressor. The whole model is then trained using limited whole blood cell count dataset. The evaluation process shows that training the backbone using large size related dataset improve the performance by 50%. This study can be used to create a low-cost blood component evaluation tool, particularly in rural areas where access to advanced laboratory equipment is limited.

Keywords : *Blood Cells Components, Complete Blood Count, Deep Neural Regressor.*

This work is an open access article and licensed under a Creative Commons Attribution-Non Commercial 4.0 International License



1. PENDAHULUAN

Pemeriksaan darah lengkap atau complete blood count (CBC) merupakan pemeriksaan laboratorium dasar yang umum dilakukan dan menggunakan sampel darah dalam prosesnya. Pemeriksaan CBC mengevaluasi banyaknya komponen darah beserta karakteristiknya. CBC dapat memberikan informasi untuk keperluan diagnosis maupun penanganan berbagai kondisi kesehatan [1], [2], [3].

Terdapat beberapa cara melakukan pemeriksaan CBC di laboratorium. Teknik paling dasar adalah teknik manual yang mengamati langsung sampel darah yang telah diwarnai di bawah mikroskop. Teknisi kemudian mengamati kondisi morfologi sampel termasuk menghitung komponen-komponen darah menggunakan alat bantu seperti hemocytometer. Proses ini memerlukan waktu yang lama dan memerlukan teknisi yang terlatih [4], [5], [6]. Perkembangan teknologi memungkinkan adanya pemeriksaan CBC secara otomatis dengan bantuan alat hematology analyzers yang memanfaatkan teori hambatan listrik, optical flow cytometry, dan cytochemical staining untuk menghitung dan menganalisis sel-sel darah [7]. Penggunaan hematology analyzers menghasilkan pemeriksaan yang cepat dan akurat, namun peralatan yang digunakan berharga mahal, memerlukan laboratorium yang luas dan berat [8], [9] sehingga tidak mudah dipindahkan dan tidak bisa menjangkau tempat-tempat yang terpencil.

Penggunaan metode image analysis dan machine learning telah digunakan untuk melakukan analisis CBC sebagai alternatif penggunaan hematology analyzers. Aplikasi mobile telah dirancang untuk memanfaatkan portabilitas dari ponsel pintar agar dapat melakukan CBC dengan bantuan mikroskop [10], [11], [12]. Aplikasi ini memanfaatkan teknik-teknik dasar pengolahan citra seperti binary thresholding, clustering, dan Hough Circle pada citra mikroskop yang ditangkap kamera ponsel.

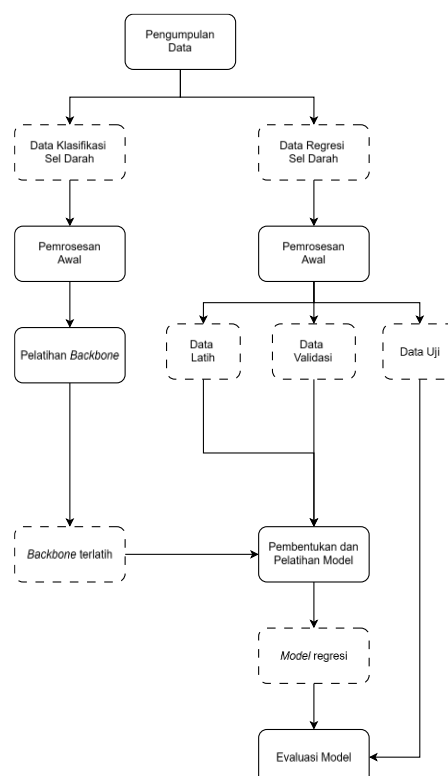
Metode ini memiliki kelemahan yaitu memerlukan masukan nilai hematokrit oleh pengguna. Deep Neural Network juga telah dimanfaatkan untuk permasalahan tersebut [13], [14], [15], [16], [17]. Umumnya, teknik-teknik yang ada memanfaatkan object detection ataupun semantic segmentation. Faster R-CNN [18], YOLO [19], [20], [21], Single-shot Detector (SSD) [22], dan RetinaNet [23] digunakan untuk mendeteksi dan menghitung komponen sel darah. Mask R-CNN [24] dan berbagai variasi dari jaringan U-NET [25], [26] digunakan untuk segmentasi komponen darah. Penggunaan object detection dan semantic segmentation untuk CBC memiliki beberapa kelemahan. Pertama memerlukan dua tahap dalam perhitungan sel yaitu pembuatan segmentation mask atau bounding box yang dilanjutkan dengan penghitungan per kelas. Kedua, object detection dan semantic segmentation memerlukan label berupa segmentation mask atau bounding box yang rumit dan memerlukan waktu lama untuk dibuat.

Permasalahan lain yang timbul dari penghitungan komponen sel darah adalah langkanya dataset yang tersedia. Sampai saat ini belum ada dataset yang secara spesifik menggunakan label berupa banyaknya komponen darah. Alternatif data yang tersedia adalah label berupa segmentation mask maupun bounding box yang dapat ditransformasikan menjadi jumlah komponen. Namun, data berukuran besar yang tersedia pun belum ada. Saat ini hanya tersedia data yang memuat ratusan data saja [19], yang belum mencukupi untuk melatih *deep neural network*.

Penelitian ini bertujuan mengembangkan algoritma dan model untuk mengenali dan kuantisasi komponen darah secara langsung tanpa melalui prose segmentasi maupun deteksi obyek. Selain itu, penulis juga menawarkan solusi untuk mengatasi keterbatasan data dalam melatih model *deep neural network* melalui metode *meta learning* yang memanfaatkan *fine-tuning* backbone CNN.

2. METODOLOGI

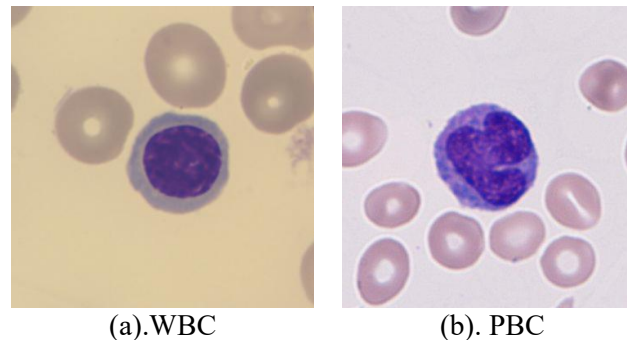
Metode estimasi komponen darah terdiri dari lima tahapan inti, yaitu pengumpulan data, pemrosesan awal data, pelatihan *backbone*, penyusunan dan pelatihan model secara utuh, dan evaluasi model. Gambar 1 menunjukkan tahapan-tahapan umum dari metode yang diusulkan.



Gambar 1. Alur Metode Secara Umum

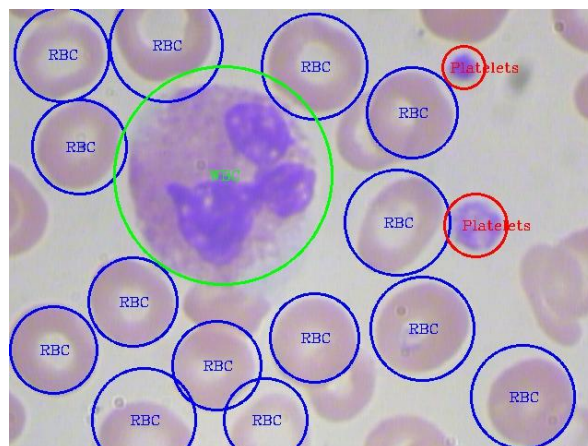
2.1. Pengumpulan Data

Terdapat dua jenis data yang dikumpulkan untuk mendukung penelitian ini. Kedua jenis data tersebut merupakan data sekunder. Data pertama merupakan data yang digunakan untuk melatih *backbone* CNN dalam melakukan proses klasifikasi. Data yang digunakan untuk melatih *backbone* terdiri dari dua dataset. Dataset pertama adalah *Peripheral Blood Cells* (PBC) dataset [27] yang terdiri dari 17.092 gambar dalam delapan tipe sel darah. Dataset kedua merupakan *White Blood Cells* (WBC) dataset [28] yang berisi 16.027 gambar dengan label berupa jenis-jenis sel darah putih. Gambar 2 menampilkan contoh dari dataset PBC dan WBC.



Gambar 2. Contoh Gambar pada Dataset PBC dan WBC

Jenis dataset kedua digunakan untuk melatih model secara keseluruhan agar mampu memperkirakan komposisi sel darah dari gambar. Dataset yang digunakan adalah Complete Blood Count (CBC) Dataset [19]. Data ini berisi 360 gambar yang terbagi menjadi 300 data latih dan 60 data validasi. Data tersebut telah dilabeli untuk keperluan object detection sehingga memiliki bounding box pada setiap komponen sel pada darah. Jenis sel yang dikenali pada data tersebut adalah sel darah merah, sel darah putih, dan platelet. Contoh gambar pada dataset ditampilkan pada Gambar 3. Label pada dataset ini akan diubah menjadi banyaknya komponen sel untuk keperluan pelatihan.



Gambar 3. Contoh gambar beserta label pada dataset. Bounding box diubah menjadi lingkaran untuk keperluan visualisasi.

2.2. Pemrosesan Awal

Pemrosesan awal digunakan pada masing-masing jenis dataset, baik dataset untuk pelatihan *backbone* maupun pelatihan model secara keseluruhan. Pemrosesan awal pada proses pelatihan *backbone* terdiri dari AutoAugment [29] yang mampu memilih metode augmentasi secara otomatis, perubahan ukuran gambar menjadi 224x224, serta normalisasi. Pemilihan ukuran gambar dan parameter normalisasi mengikuti standar ImageNet sebagai bobot awal *backbone*.

Proses pelatihan model secara keseluruhan menggunakan pemrosesan awal yang lebih sederhana, yaitu mengubah ukuran gambar menjadi 224x224 dan normalisasi. Tahapan pemrosesan awal tidak melibatkan augmentasi karena dapat mengurangi obyek yang berada pada gambar sehingga tidak sesuai dengan label yang tersedia.

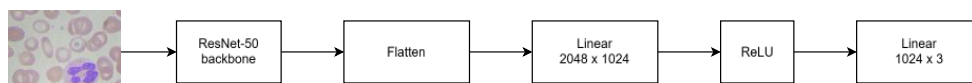
2.3. Pelatihan *Backbone*

Model CNN yang digunakan adalah ResNet-50 [30]. Pemilihan model CNN dari keluarga ResNet berdasarkan eksperimen yang menyatakan ResNet memiliki keseimbangan antara kinerja yang baik dengan jumlah parameter yang tidak terlalu banyak. Kinerja ini telah dibuktikan pada pengujian menggunakan dataset ImageNet [31]. Model ResNet-50 diperoleh dari pustaka torchvision dengan bobot awal berasal dari ImageNet.

Pelatihan *backbone* diawali dengan membagi dataset menjadi data latih, validasi, dan uji menggunakan rasio 0,7 : 0,2 : 0,1. Selanjutnya pelatihan dilakukan menggunakan *batch size* sebesar 32, *learning rate* 1×10^{-4} . Proses training dihentikan jika telah mencapai *epoch* 200 atau nilai akurasi pada data validasi tidak mengalami peningkatan pada 20 *epoch* secara berturut-turut. Bobot terbaik selama proses pelatihan akan disimpan untuk digunakan pada pembentukan model secara utuh.

2.4. Penyusunan dan Pelatihan Model

Arsitektur model secara utuh ditampilkan pada Gambar 4. Arsitektur model terdiri dari *backbone* berupa model ResNet-50 yang bertujuan melakukan ekstraksi fitur dari gambar. Fitur yang diperoleh dari gambar dalam bentuk *feature map* selanjutnya melalui proses *flatten* untuk mendapatkan *feature vector*. Proses regresi selanjutnya dilakukan oleh fully connected neural network (FCNN) dengan masukan berupa *feature vector*. FCNN terdiri dari sebuah *hidden layer* diikuti fungsi aktivasi ReLU dan dihubungkan kembali dengan sebuah *output layer* tanpa menggunakan fungsi aktivasi. *Output layer* memiliki tiga neuron karena variabel yang akan diestimasi terdiri banyaknya sel darah merah, sel darah putih, dan trombosit.



Gambar 4. Arsitektur Model

Proses pelatihan model dilakukan dengan memanfaatkan dataset yang telah terbagi menjadi data latih, validasi, dan uji. *Hyperparameter* yang digunakan selama proses pelatihan adalah *learning rate* 1×10^{-5} , *batch size* 32, *max epoch* 200. *Early stopping* dilakukan untuk membatasi proses pelatihan dengan menghentikan proses pelatihan jika tidak ada peningkatan kinerja pada data validasi sepanjang 20 *epoch* secara berturut-turut.

2.5. Evaluasi Model

Efektivitas model yang dibangun akan dievaluasi menggunakan metode yang umum digunakan untuk mengevaluasi proses regresi, yaitu *Mean Average Error (MAE)* [32]. MAE menghitung rata-rata kesalahan dari serangkaian proses estimasi. Penghitungannya melibatkan penentuan rata-rata dari perbedaan mutlak antara hasil estimasi (p) dengan nilai sesungguhnya (y). Berdasarkan data sebanyak N , MAE dapat dihitung menggunakan Persamaan (1). MAE memiliki nilai minimum nol yang menandakan estimasi yang sempurna. Tetapi, nilai MAE tidak memiliki batas atas sehingga rentang nilai MAE yang mungkin adalah dari nol sampai positif tak hingga.

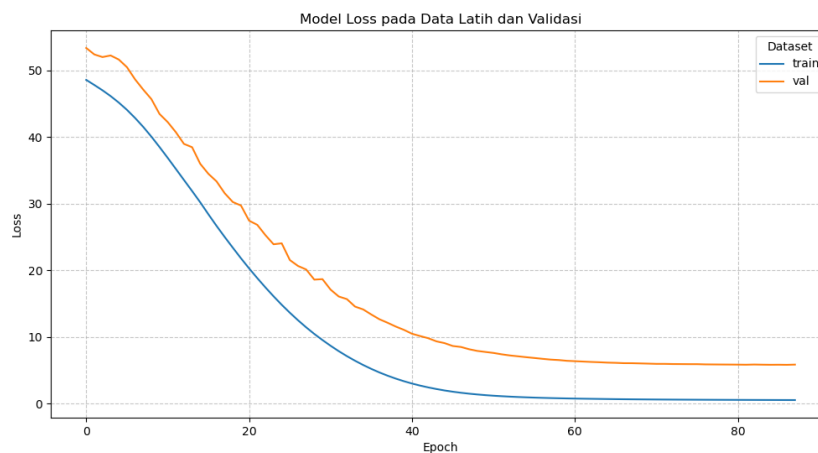
$$MAE = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N |p_i - y_i| \quad (1)$$

3. HASIL DAN PEMBAHASAN

3.1. Riwayat Pelatihan

Riwayat (*history*) dari proses pelatihan dapat menunjukkan kinerja model selama proses pelatihan dengan harapan prediksi model dapat mendekati hasil yang sesungguhnya. Proses penghitungan kinerja model selama training dilakukan dengan menghitung *loss* menggunakan persamaan MAE antara prediksi dan nilai label. Proses perhitungan *loss* dilakukan menggunakan dua jenis data, yaitu data latih dan data validasi.

Gambar 5 menunjukkan nilai *loss* selama proses training. Nilai *loss* pada data latih ditunjukkan oleh garis biru. Pada epoch awal nilai *loss* berada di sekitar 48 dan mengalami penurunan yang signifikan pada epoch ke-30 menjadi 10. Nilai ini terus turun menjadi 1 pada iterasi ke-55. Proses training berakhir pada epoch 89 setelah nilai *loss* mencapai konvergen di sekitar 0.5. Pola dari kurva *loss* pada data latih menunjukkan kondisi yang ideal yang diindikasikan dengan penurunan tajam nilai *loss* di awal pelatihan dan melandai pada akhir proses pelatihan. Kurva *loss* selama pelatihan juga mulus tanpa adanya perubahan nilai yang fluktuatif.



Gambar 5. Kurva Loss Selama Proses Training

Perubahan nilai *loss* juga diamati menggunakan data validasi yang tidak digunakan selama proses pelatihan. Kurva *loss* selama proses pelatihan yang dihitung menggunakan data validasi ditampilkan menggunakan garis jingga. Pola yang ditunjukkan oleh *loss* validasi serupa dengan *loss* pelatihan, yaitu diawali dengan nilai *loss* yang tinggi pada epoch awal pelatihan serta diikuti oleh penurunan tajam dan diakhiri dengan nilai yang melandai. Namun, nilai *loss* validasi sedikit lebih besar daripada nilai *loss* pelatihan. Hal ini wajar karena data validasi tidak pernah digunakan selama pelatihan. Selain itu, tidak terdapat indikasi adanya *underfitting* yaitu kondisi dimana model tidak mampu menangkap pola pada data latih yang biasanya terlihat pada kurva *loss* pelatihan yang naik nilainya. Indikasi adanya *overfitting* pun tidak terlihat, yang biasanya ditunjukkan oleh kurva *loss* validasi yang naik nilainya meskipun kurva *loss* pelatihan turun nilainya.

3.2. Kinerja Model Tanpa Fine-Tune

Kinerja model yang diusulkan dengan menggunakan *backbone* ResNet50 tanpa *fine-tune* disajikan pada Tabel 1. Model yang disusun mampu melakukan estimasi jumlah komponen darah dengan rata-rata kesalahan sebesar 2,518. Jika ditelaah pada masing-masing komponen darah, terdapat perbedaan ketepatan estimasi pada tiap-tiap komponen darah. Komponen sel darah merah memiliki tingkat kesalahan prediksi yang jauh lebih tinggi dibandingkan komponen lainnya. Sementara itu,

tingkat kesalahan pada komponen sel darah putih dan trombosit relatif rendah. Hal ini dapat disebabkan banyaknya komponen sel darah merah pada dataset dibandingkan dengan komponen lainnya. Pada dataset yang tersedia, jumlah sel darah merah lebih dari sepuluh kali lipat komponen lainnya. Semakin banyak elemen yang dihitung maka peluang perbedaan hasil estimasi dengan nilai sebenarnya akan semakin besar.

Tabel 1. Kinerja Model Tanpa Fine-Tune

Komponen Darah	MAE
Sel darah merah	6.15327739715576
Sel darah putih	0.378364146
Trombosit	1.022638202
Rata-rata	2.518093248

3.3. Kinerja Model dengan Fine-Tune

Kinerja model dalam melakukan estimasi banyaknya komponen sel darah setelah melalui tahapan *fine-tune* pada *backbone* ResNet-50 menggunakan dataset PBC dan WBC ditampilkan pada Tabel 2. Proses *fine-tune* menggunakan dataset PBC menghasilkan rata-rata kesalahan sebesar 1,258 sedangkan proses yang sama menggunakan dataset WBC menghasilkan rata-rata kesalahan sebesar 1,319. Penggunaan dataset PBC menghasilkan tingkat kesalahan yang lebih rendah pada estimasi sel darah merah jika dibandingkan dengan dataset WBC. Sebaliknya, penggunaan dataset WBC menghasilkan tingkat kesalahan yang lebih rendah pada proses estimasi sel darah putih dan trombosit.

Tingkat kesalahan yang lebih rendah saat melakukan estimasi sel darah putih menggunakan dataset WBC disebabkan oleh karakteristik dataset WBC yang dirancang untuk melakukan klasifikasi sel darah putih. Dengan demikian, *backbone* ResNet-50 yang ditraining menggunakan dataset WBC mampu mengenali sel darah putih dengan lebih baik. Sebaliknya, dataset PBC disusun dengan tujuan klasifikasi komponen darah secara umum. Dengan demikian, *backbone* yang telah dilatih menggunakan dataset PBC mampu mengenali komponen darah secara umum dengan lebih baik. Selisih kinerja dalam estimasi trombosit pun tidak terlalu berbeda. Oleh karena itu, penggunaan dataset PBC lebih disarankan dalam proses *fine tune*.

Tabel 2. Kinerja Model Dengan Fine-Tune *Backbone* Menggunakan Dataset WBC dan PBC

Komponen Darah	MAE	
	PBC	WBC
Sel darah merah	2.547888756	2.774526119
Sel darah putih	0.122714296	0.091095969
Trombosit	1.102325559	1.091033697
Rata-rata	1.25764287	1.318885262

Terdapat perbedaan yang cukup jauh pada proses estimasi banyaknya komponen darah menggunakan *fine-tune* ataupun tanpa *fine-tune*. Secara umum terdapat peningkatan kinerja sebesar 50,06% jika dibandingkan dengan model tanpa melalui *fine-tune* pada *backbone* yang digunakan. Peningkatan terbesar diperoleh pada estimasi sel darah putih sebesar 67,57% dan diikuti sel darah merah dengan peningkatan kinerja sebesar 58,59%. Namun, proses *fine-tune* mengurangi efektifitas model saat melakukan estimasi trombosit sebesar 7,79%.

Tabel 3. Perbandingan Kinerja Model dengan *Fine-tune* maupun tanpa *Fine-tune*

Komponen Darah	MAE		Peningkatan Kinerja
	Tanpa Fine-Tune	Dengan Fine-Tune (PBC)	
Sel darah merah	6.15327739715576	2.547888756	58.59%
Sel darah putih	0.378364146	0.122714296	67.57%
Trombosit	1.022638202	1.102325559	-7.79%
Rata-rata	2.518093248	1.25764287	50.06%

4. DISKUSI

Penelitian ini menguji kinerja model estimasi komposisi sel darah menggunakan metode regresi gambar secara langsung melalui penggunaan *deep neural network*. Terdapat proses *fine-tune* dengan melibatkan pelatihan *backbone* untuk proses klasifikasi menggunakan dataset sel darah untuk meningkatkan kinerja model. Proses *fine-tune* menggunakan dataset sel yang spesifik yaitu PBC mampu meningkatkan kinerja model sebesar 50,06% jika dibandingkan dengan *backbone* sama yang dilatih dengan dataset yang bersifat umum, yaitu ImageNet.

Membandingkan kinerja dari metode yang diusulkan dengan metode lain yang sama ternyata sulit untuk dilakukan karena belum ada metode regresi berbasis gambar pada kasus yang sama ataupun serupa. Penelitian lain yang paling mirip dilakukan oleh Alam dan Islam [19] yang melakukan deteksi obyek berbasis YOLO dan menghitung komposisi sel darah berdasarkan hasil *bounding box* dari YOLO. Perbandingan tingkat kesalahan pada penelitian ini dan penelitian sebelumnya ditunjukkan pada Tabel 4.

Tabel 4. Perbandingan Kinerja pada Penelitian Ini dan Penelitian Sebelumnya

Komponen Darah	MAE			
	Penelitian ini	Alam dan Islam[19]	Alam dan Islam[19]	Alam dan Islam[19]
		Threshold = 0.25	Threshold = 0.35	Threshold = 0.55
Sel darah merah	2.547888756	4.417	2.75	2.083
Sel darah putih	0.122714296	0.050	0.017	0.2
Trombosit	1.102325559	0.083	0.083	0.117
Rata-rata	1.25764287	1.516	0.95	0.8

Kinerja dari penelitian sebelumnya sangat dipengaruhi oleh pemilihan nilai *threshold* dari hasil deteksi YOLO. Penelitian tersebut memerlukan nilai *threshold* optimum yang berbeda-beda untuk menghitung masing-masing komponen sel darah. Penelitian ini mampu memberikan hasil yang konsisten tanpa dipengaruhi variabel lainnya. Pada penghitungan sel darah merah, penelitian ini mampu memberikan hasil yang lebih baik dibandingkan mayoritas hasil dari penelitian sebelumnya. Meskipun demikian, penelitian sebelumnya memiliki keunggulan pada perkiraan jumlah sel darah putih dan trombosit.

Keunggulan lainnya dari penelitian ini adalah kesederhanaan metode. Metode yang diusulkan hanya terdiri dari satu *backbone* CNN dan satu FCNN. Penelitian sebelumnya menggunakan YOLO yang dipadukan dengan KNN dan verifikasi IoU yang lebih kompleks. Sebagai tambahan, metode yang digunakan pada penelitian ini tidak memerlukan label/*ground truth* yang kompleks pada dataset. Label yang diperlukan pada penelitian ini hanyalah jenis beserta banyaknya komponen sel darah pada setiap gambar. Sebaliknya, penelitian terdahulu memerlukan label *bounding box* yang lebih rumit pembuatannya.

Penelitian ini dapat memberikan dampak positif di bidang ilmu komputer, yaitu mengembangkan metode regresi langsung berbasis gambar. Di bidang *computer vision*, pengembangan metode ini tidak semasih metode segmentasi maupun deteksi obyek. Padahal metode ini menawarkan kelebihan yaitu mengurangi kerumitan dalam anotasi data.

5. KESIMPULAN

Berdasarkan eksperimen yang telah dilakukan, penggunaan proses fine-tune pada *backbone* di proses regresi berbasis gambar untuk memperkirakan banyaknya komponen sel darah mampu meningkatkan kinerja model jika dibandingkan dengan *backbone* yang dilatih menggunakan dataset umum. Penggunaan dataset yang spesifik mengandung data sel darah tanpa terlalu spesifik melingkupi sel darah tertentu saja akan lebih efektif. Langkah ini mampu meningkatkan kinerja proses regresi sebesar 50%.

Meskipun proses regresi langsung berdasarkan gambar memiliki potensi yang besar untuk dikembangkan, keterbatasan dataset menghambat pengembangan metode ini. Hal ini memerlukan pembentukan dataset regresi berbasis gambar dengan jumlah yang lebih besar lagi. Hal ini dapat diwujudkan menggunakan pengumpulan dan pelabelan data secara konvensional ataupun menggunakan dataset sintesis. Pembentukan dataset sintesis untuk keperluan regresi dengan masukan berupa gambar belum banyak dikembangkan sehingga menjadi tantangan yang perlu dipecahkan.

Penelitian ini diharapkan dapat memberikan kontribusi positif bagi bidang kesehatan. Secara spesifik metode yang dipaparkan pada penelitian ini dapat dikembangkan untuk penghitungan cepat komponen darah dengan memanfaatkan perangkat yang terbatas dan tidak terlalu mahal. Harapannya, proses ini dapat menjangkau daerah terpencil dengan akses peralatan yang terbatas. Di bidang ilmu komputer pun penelitian ini dapat meningkatkan efisiensi penghitungan komponen dalam gambar, tidak terbatas pada komponen sel darah, menggunakan data terbatas.

KONFLIK KEPENTINGAN

Penulis menyatakan bahwa tidak ada konflik kepentingan antar penulis maupun pihak-pihak yang berkaitan dengan penelitian ini.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih terhadap Fakultas Ilmu Komputer Universitas Brawijaya yang telah mendanai penelitian ini melalui skema Filkom Berkarya dengan nomor kontrak 03954/UN10.F1501/B/PT/2025.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] L. Agnello *et al.*, "The Value of a Complete Blood Count (CBC) for Sepsis Diagnosis and Prognosis," *Diagnostics*, vol. 11, no. 10, p. 1881, Oct. 2021, doi: 10.3390/diagnostics11101881.
- [2] E. O, "Interpretation of Full Blood Count Parameters in Health and Disease," *Haematol. Int. J.*, vol. 5, no. 1, pp. 1–25, 2021, doi: 10.23880/hij-16000180.
- [3] I.-H. Seo and Y.-J. Lee, "Usefulness of Complete Blood Count (CBC) to Assess Cardiovascular and Metabolic Diseases in Clinical Settings: A Comprehensive Literature Review," *Biomedicines*, vol. 10, no. 11, p. 2697, Oct. 2022, doi: 10.3390/biomedicines10112697.
- [4] S. R. Comar, M. Malvezzi, and R. Pasquini, "Evaluation of criteria of manual blood smear review following automated complete blood counts in a large university hospital," *Rev. Bras. Hematol. E Hemoter.*, vol. 39, no. 4, pp. 306–317, Oct. 2017, doi: 10.1016/j.bjhh.2017.06.007.
- [5] R. Nithya and K. Nirmala, "Detection of Anaemia using Image Processing Techniques from microscopy blood smear images," *J. Phys. Conf. Ser.*, vol. 2318, no. 1, p. 012043, Aug. 2022, doi: 10.1088/1742-6596/2318/1/012043.

-
- [6] A. T. Gasparin *et al.*, “Hilab system, a new point-of-care hematology analyzer supported by the Internet of Things and Artificial Intelligence,” *Sci. Rep.*, vol. 12, no. 1, p. 10409, Jun. 2022, doi: 10.1038/s41598-022-13913-8.
- [7] S. Y. Kim and H. K. Kim, “Obtaining Reliable CBC Results in Clinical Laboratories,” *Ann. Lab. Med.*, vol. 42, no. 5, pp. 505–506, Sep. 2022, doi: 10.3343/alm.2022.42.5.505.
- [8] A. Cordova-Gomez, A. P. Wong, L. B. Sims, G. F. Doncel, and L. J. Dorflinger, “Potential biomarkers to predict return to fertility after discontinuation of female contraceptives—looking to the future,” *Front. Reprod. Health*, vol. 5, Aug. 2023, doi: 10.3389/frph.2023.1210083.
- [9] N. Grimon, T. Ceccomarini, A. Maurel-Ribes, J.-B. Rieu, V. Mémier, and F. Dubois-Galopin, “Digital morphology analyzers in hematology: a French survey,” *Ann. Biol. Clin. (Paris)*, vol. 78, no. 5, pp. 519–526, Oct. 2020, doi: 10.1684/abc.2020.1587.
- [10] E. V. Malasaga *et al.*, “Complete Blood Count (CBC) Analysis Mobile Application,” in *2021 IEEE 13th International Conference on Humanoid, Nanotechnology, Information Technology, Communication and Control, Environment, and Management (HNICEM)*, Nov. 2021, pp. 1–6. doi: 10.1109/HNICEM54116.2021.9731857.
- [11] Á. Narrillos-Moraza *et al.*, “Mobile Apps for Hematological Conditions: Review and Content Analysis Using the Mobile App Rating Scale,” *JMIR MHealth UHealth*, vol. 10, no. 2, p. e32826, Feb. 2022, doi: 10.2196/32826.
- [12] E. Frantz, H. Li, and A. J. Steckl, “Quantitative hematocrit measurement of whole blood in a point-of-care lateral flow device using a smartphone flow tracking app,” *Biosens. Bioelectron.*, vol. 163, p. 112300, Sep. 2020, doi: 10.1016/j.bios.2020.112300.
- [13] S.-J. Lee, P.-Y. Chen, and J.-W. Lin, “Complete Blood Cell Detection and Counting Based on Deep Neural Networks,” *Appl. Sci.*, vol. 12, no. 16, p. 8140, Aug. 2022, doi: 10.3390/app12168140.
- [14] B. Hemalatha, B. Karthik, C. V. Krishna Reddy, and A. Latha, “Deep learning approach for segmentation and classification of blood cells using enhanced CNN,” *Meas. Sens.*, vol. 24, p. 100582, Dec. 2022, doi: 10.1016/j.measen.2022.100582.
- [15] L. Kamal and R. J. R. Raj, “Harnessing deep learning for blood quality assurance through complete blood cell count detection,” *E-Prime - Adv. Electr. Eng. Electron. Energy*, vol. 7, p. 100450, Mar. 2024, doi: 10.1016/j.prime.2024.100450.
- [16] A. HemaSri, M. D. Sreenidhi, V. V. K. Chaitanya, G. Vasanth, V. M. Mohan, and T. Satish, “Detection of RBCs, WBCs, Platelets Count in Blood Sample by using Deep Learning,” in *2023 International Conference on Sustainable Computing and Data Communication Systems (ICSCDS)*, Erode, India: IEEE, Mar. 2023, pp. 47–51. doi: 10.1109/ICSCDS56580.2023.10105115.
- [17] T. Xia, Y. Q. Fu, N. Jin, P. Chazot, P. Angelov, and R. Jiang, “AI-enabled Microscopic Blood Analysis for Microfluidic COVID-19 Hematology,” in *2020 5th International Conference on Computational Intelligence and Applications (ICCIA)*, Beijing, China: IEEE, Jun. 2020, pp. 98–102. doi: 10.1109/ICCIA49625.2020.00026.
- [18] S.-J. Lee, P.-Y. Chen, and J.-W. Lin, “Complete Blood Cell Detection and Counting Based on Deep Neural Networks,” *Appl. Sci.*, vol. 12, no. 16, Art. no. 16, Jan. 2022, doi: 10.3390/app12168140.
- [19] M. M. Alam and M. T. Islam, “Machine learning approach of automatic identification and counting of blood cells,” *Healthc. Technol. Lett.*, vol. 6, no. 4, pp. 103–108, 2019, doi: 10.1049/htl.2018.5098.
- [20] S. Thapa and D. L. Stachura, “Deep Learning Approach for Quantification of Fluorescently Labeled Blood Cells in Danio rerio (Zebrafish),” *Bioinforma. Biol. Insights*, vol. 15, p. 11779322211037770, Jan. 2021, doi: 10.1177/11779322211037770.
- [21] T. Xia, Y. Q. Fu, N. Jin, P. Chazot, P. Angelov, and R. Jiang, “AI-enabled Microscopic Blood Analysis for Microfluidic COVID-19 Hematology,” in *2020 5th International Conference on Computational Intelligence and Applications (ICCIA)*, Jun. 2020, pp. 98–102. doi: 10.1109/ICCIA49625.2020.00026.
-

-
- [22] Y.-M. Chen, J.-T. Tsai, and W.-H. Ho, "Automatic identifying and counting blood cells in smear images by using single shot detector and Taguchi method," *BMC Bioinformatics*, vol. 22, no. 5, p. 635, Dec. 2022, doi: 10.1186/s12859-022-05074-2.
- [23] G. Drałus, D. Mazur, and A. Czmil, "Automatic Detection and Counting of Blood Cells in Smear Images Using RetinaNet," *Entropy*, vol. 23, no. 11, p. 1522, Nov. 2021, doi: 10.3390/e23111522.
- [24] A. Sadafi, M. Bordukova, A. Makhro, N. Navab, A. Bogdanova, and C. Marr, "RedTell: an AI tool for interpretable analysis of red blood cell morphology," *Front. Physiol.*, vol. 14, May 2023, doi: 10.3389/fphys.2023.1058720.
- [25] T. Fang, X. Huang, X. Chen, D. Chen, J. Wang, and J. Chen, "Segmentation, feature extraction and classification of leukocytes leveraging neural networks, a comparative study," *Cytometry A*, vol. 105, no. 7, pp. 536–546, 2024, doi: 10.1002/cyto.a.24832.
- [26] A. Kumar *et al.*, "U-Net as a deep learning-based method for platelets segmentation in microscopic images," Aug. 23, 2024, *medRxiv*. doi: 10.1101/2024.08.23.24312502.
- [27] A. Acevedo, S. Alf  rez, A. Merino, L. Puigv  , and J. Rodellar, "Recognition of peripheral blood cell images using convolutional neural networks," *Comput. Methods Programs Biomed.*, vol. 180, p. 105020, Oct. 2019, doi: 10.1016/j.cmpb.2019.105020.
- [28] A. Bodzas, P. Kodytek, and J. Zidek, "A high-resolution large-scale dataset of pathological and normal white blood cells," *Sci. Data*, vol. 10, no. 1, p. 466, Jul. 2023, doi: 10.1038/s41597-023-02378-7.
- [29] E. D. Cubuk, B. Zoph, D. Man  , V. Vasudevan, and Q. V. Le, "AutoAugment: Learning Augmentation Strategies From Data," in *2019 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, Jun. 2019, pp. 113–123. doi: 10.1109/CVPR.2019.00020.
- [30] K. He, X. Zhang, S. Ren, and J. Sun, "Deep Residual Learning for Image Recognition," in *2016 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, Jun. 2016, pp. 770–778. doi: 10.1109/CVPR.2016.90.
- [31] X. Feng, Y. Jiang, X. Yang, M. Du, and X. Li, "Computer vision algorithms and hardware implementations: A survey," *Integration*, vol. 69, pp. 309–320, Nov. 2019, doi: 10.1016/j.vlsi.2019.07.005.
- [32] V. Plevris, G. Solorzano, N. Bakas, and M. Ben Seghier, "Investigation of performance metrics in regression analysis and machine learning-based prediction models," in *8th European Congress on Computational Methods in Applied Sciences and Engineering*, CIMNE, 2022. doi: 10.23967/eccomas.2022.155.
-