

Detecção de Cromossomos em Metáfases: Um Novo Dataset e Estudo de Caso com YOLOv11

Higor M. Cordeiro¹, Laís M. Silva², Suy F. Hwang²,
Fabiana F. Lima², Filipe R. Cordeiro¹

¹ Visual Computing Lab, Departamento de Computação,
Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), Brasil

higormatheus1618@gmail.com, filipe.rolim@ufrpe.br

²Centro Regional de Ciências Nucleares do Nordeste (CRCN-NE/ CNEN), Brasil
lais.msilva@ufpe.br, suy.hwangcnen.gov.br,
fabiana.fariascnen.gov.br

Abstract. Despite advances in automatic chromosome detection, most existing studies use private datasets, which limits direct performance comparison between different methods. To address this gap, this work develops a new dataset composed of 519 metaphase cell images with annotated chromosome locations, using samples collected at the Regional Center of Nuclear Sciences of the Northeast (CRCN-NE). Additionally, three variants of YOLOv11 (YOLOv11n, YOLOv11s, and YOLOv11m) are evaluated using Mean Average Precision (mAP), Precision, and Recall metrics. The results show that YOLOv11m, with 1024×1024 pixel images, achieved the best performance, reaching mAP@50 of 99.24% and mAP@50-95 of 74.86%. These findings highlight the potential of YOLOv11 in automating chromosome detection, providing greater accuracy and efficiency in cytogenetic analysis. The dataset is available at <https://doi.org/10.5281/zenodo.15101359>.

Resumo. Apesar dos avanços na detecção automática de cromossomos, a maioria dos estudos existentes utiliza bases de dados privadas, o que limita a comparação direta de desempenho entre diferentes métodos. Para preencher essa lacuna, este trabalho desenvolve um novo conjunto de dados composto por 519 imagens de células em metáfase com localização anotada dos cromossomos, utilizando amostras coletadas no Centro Regional de Ciências Nucleares do Nordeste (CRCN-NE). Além disso, são avaliadas três variantes do YOLOv11 (YOLOv11n, YOLOv11s e YOLOv11m), utilizando as métricas Mean Average Precision (mAP), Precision e Recall. Os resultados mostram que o YOLOv11m, com imagens de 1024×1024 pixels, obteve o melhor desempenho, alcançando mAP@50 de 99,24% e mAP@50-95 de 74,86%. Esses resultados destacam o potencial do YOLOv11 na automação da detecção de cromossomos, proporcionando maior precisão e agilidade na análise citogenética. A base de dados está disponível em <https://doi.org/10.5281/zenodo.15101359>.

1. Introdução

A detecção de cromossomos em imagens de células em metáfase desempenha um papel fundamental na análise citogenética, especialmente em estudos de dosimetria e diagnóstico de anomalias cromossômicas [Atencia-Jiménez et al. 2024]. Alterações nos

cromossomos podem resultar em doenças genéticas ou câncer, o que torna a análise precisa dessas estruturas crucial para a medicina e a biologia celular. No entanto, a detecção manual de cromossomos é um processo trabalhoso, sujeito a erros humanos e dependente de especialistas experientes, o que limita sua escalabilidade e confiabilidade em análises de grande volume. Esse processo é ainda mais desafiador devido à sobreposição, deterioração ou alteração dos cromossomos em metáfase, dificultando a avaliação precisa. Portanto, há uma crescente demanda por métodos automatizados que possam fornecer resultados rápidos e precisos, otimizando o trabalho dos citogenistas.

Avanços recentes em aprendizado de máquina e visão computacional têm mostrado grande potencial para automação de tarefas complexas, como a detecção de objetos em imagens biomédicas. Modelos de detecção de objetos, como o YOLO (You Only Look Once) [Khanam and Hussain 2024], têm se destacado por sua capacidade de realizar previsões rápidas e precisas. A versão mais recente, o YOLOv11, apresenta melhorias significativas em arquitetura e desempenho, tornando-se uma escolha promissora para a detecção automatizada de cromossomos. No entanto, a maioria dos estudos existentes utiliza bases de dados privadas, o que limita a comparação direta de desempenho e a reproduzibilidade dos experimentos [Qin et al. 2019, Al-Kharraz et al. 2020].

Este trabalho investiga a aplicação do YOLOv11 para detecção de cromossomos em imagens de células em metáfase. Para isso, desenvolvemos um novo conjunto de dados composto por 519 imagens anotadas, coletadas no Centro Regional de Ciências Nucleares do Nordeste (CRCN-NE), com o intuito de disponibilizar um benchmark público para a comunidade científica. O estudo avalia o desempenho de três variantes do YOLOv11 (YOLOv11n, YOLOv11s e YOLOv11m) utilizando diferentes resoluções de imagem (640×640, 800×800 e 1024×1024), analisando métricas como *Mean Average Precision (mAP)*, *Precision* e *Recall*.

2. Trabalhos Relacionados

A detecção automatizada de cromossomos em imagens de metáfase tem sido um desafio constante na citogenética, impulsionando o desenvolvimento de modelos de visão computacional que visam melhorar a precisão e a eficiência dessa tarefa. Diversos estudos recentes exploraram técnicas de aprendizado profundo para automação na análise cromossômica, utilizando principalmente redes convolucionais (CNNs) e modelos de detecção de objetos.

Kuo *et al.* [Kuo et al. 2025], analisaram diferentes modelos de detecção de objetos, evidenciando o potencial da automação na detecção de cromossomos. Contudo, a base de dados utilizada por Kuo *et al.* não inclui células em metáfase, restringindo a generalização dos resultados para essa aplicação específica.

Por sua vez, [Xia et al. 2024] descreve o método ChromTR, que aplica técnicas baseadas em transformers e aprendizado semântico para detectar cromossomos em imagens de metáfase. Os resultados experimentais foram validados em um cenário clínico e destacando a relevância do modelo para a prática médica.

Andrade *et. al* propuseram uma base de dados de imagens de metáfases em [Andrade et al. 2020], na qual analisaram modelos de classificação e segmentação em imagens de cromossomos. Em [Andrade et al. 2018], a autora também introduziu uma

abordagem adaptativa baseada em lógica fuzzy para a segmentação de imagens de cromossomos.

3. Metodologia

Nosso trabalho difere dessas abordagens dos trabalhos relacionados ao empregar a versão mais recente do YOLO (YOLOv11), que oferece uma arquitetura otimizada para detecção. Além disso, disponibilizamos um novo conjunto de dados, desenvolvido a partir de imagens coletadas no CRCN, contendo anotações de localização de cromossomos. Ao tornar o dataset público, buscamos padronizar a avaliação de modelos e fomentar a reproduzibilidade de experimentos na área.

3.1. Construção e Anotação da Base de Dados

A base de dados desenvolvida é composta por 519 imagens de células em metáfase, digitalizadas por meio de um microscópio ótico Leica DM 500, com resolução de 2048×1536 . O banco de dados resultante foi rotulado pelo autor, com informações da localização de cada cromossomo na imagem. O processo de anotação foi feito com o auxílio e validação de citogenistas do Centro Regional de Ciências Nucleares (CRCN-NE). Atualmente, o CRCN-NE adota um método manual para a avaliação de metáfases, no qual citogenistas analisam centenas a milhares de células expostas à radiação, utilizando microscópios para identificar as alterações. A Figura 1 mostra imagens da base desenvolvida.

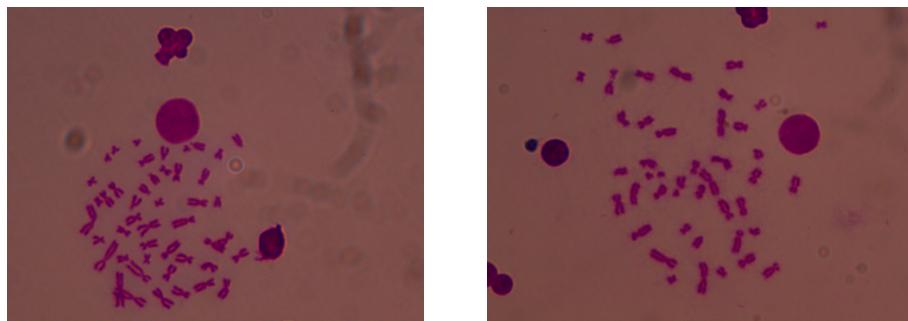


Figura 1. Imagens da base de imagens de cromossomo coletadas no CRCN-NE

3.2. Detecção de Cromossomos

O modelo YOLOv11 utilizado foi treinado por 200 épocas, utilizando os parâmetros padrões da arquitetura, que incluem taxa de aprendizagem 0.01 e otimização com gradiente estocástico (SGD). Foi utilizado também o modelo YOLOv11 pré-treinado na base COCO [Jain et al. 2022] e refinado para a nossa base. Para os experimentos, usamos tamanho de batch 8 e testamos com diferentes redimensionamentos de imagens: 640×640 , 800×800 e 1024×1024 pixels. Os experimentos foram conduzidos utilizando o Kaggle Notebook[Kaggle 2025], um ambiente de desenvolvimento baseado em nuvem que oferece recursos computacionais gratuitos, incluindo GPUs e TPUs. A aplicação desenvolvida e apresentada neste trabalho foi implementada utilizando a linguagem Python e a biblioteca de aprendizado de máquina PyTorch [Paszke et al. 2019].

O modelo **YOLOv11** foi treinado com o banco de dados proposto, dividido da seguinte forma: 50% das imagens para treinamento, 25% para validação e 25% para teste. Para análise do YOLOv11, consideramos as seguintes variações de arquitetura e tamanhos de imagem:

- **Arquiteturas:** YOLOv11n, YOLOv11s, YOLOv11m.
- **Tamanhos de imagem:** 640×640 , 800×800 , 1024×1024 .

3.3. Métricas

A **Mean Average Precision (mAP)** quantifica o desempenho geral do modelo ao calcular a média da precisão em diferentes limiares de **IoU** (Interseção sobre União). Neste estudo, foram considerados dois cenários:

- **mAP@50:** Avalia o modelo com um limiar fixo de **IoU** em 0,50, representando uma abordagem mais permissiva.
- **mAP@50-95:** Avalia o modelo em múltiplos limiares de **IoU**, variando de 0,50 a 0,95 com incrementos de 0,05, proporcionando uma análise mais rigorosa.

A métrica **Precision** indica a proporção de previsões corretas em relação ao total de previsões realizadas, sendo um indicador da confiabilidade do modelo. A fórmula do **Precision** é dada por:

$$\text{Precision} = \frac{TP}{TP + FP} \quad (1)$$

onde TP e FP indicam o número de verdadeiro positivos e falso positivos, respectivamente.

A métrica **Recall** mede a proporção de cromossomos reais corretamente detectados pelo modelo. Um alto valor de recall indica que o modelo é capaz de identificar a maioria dos cromossomos presentes na imagem. A fórmula do **Recall** é dada por:

$$\text{Recall} = \frac{TP}{TP + FN} \quad (2)$$

4. Resultados

Nesta seção, apresentamos uma análise detalhada dos resultados obtidos na detecção de cromossomos em imagens de metáfase utilizando as três variantes do YOLOv11: YOLOv11n, YOLOv11s e YOLOv11m. Foram testadas diferentes resoluções de imagem (640×640 , 800×800 e 1024×1024), e o desempenho foi avaliado usando as métricas **Mean Average Precision (mAP)**, **Precision** e **Recall**. A Tabela 1 apresenta os resultados para as métricas analisadas. Os melhores resultados em cada métrica são destacados em negrito.

Os resultados demonstram que a arquitetura **YOLOv11m**, utilizando o tamanho de imagem 1024×1024 , apresentou o melhor desempenho geral, alcançando mAP@50 de 99.24% e mAP@50-95 de 74,86%. Esse desempenho superior pode ser atribuído à maior capacidade da variante YOLOv11m em aprender características detalhadas das imagens de cromossomos, em conjunto com a alta resolução das imagens utilizadas. Além disso, observou-se que o aumento na resolução da imagem melhorou consistentemente o desempenho do modelo em todas as variantes testadas. Imagens de 1024×1024 pixels proporcionaram maior precisão na detecção de cromossomos, uma vez que detalhes morfológicos mais finos puderam ser capturados e analisados pelo modelo.

Tabela 1. Resultados de detecção dos modelos YOLOv11n, YOLOv11s e YOLOv11m, para as métricas *mAP50*, *mAP50-95*, *Precision* e *Recall*. Os melhores resultados são mostrados em negrito.

Modelo	Tamanho	<i>mAP50 (%)</i>	<i>mAP50-95 (%)</i>	<i>Precision (%)</i>	<i>Recall (%)</i>
YOLOv11n	640	98,33	69,55	97,40	95,76
	800	98,46	71,05	97,77	95,90
	1024	99,17	71,92	97,89	97,07
YOLOv11s	640	98,55	71,83	97,49	96,65
	800	98,94	73,16	98,08	97,17
	1024	99,20	74,12	98,23	97,71
YOLOv11m	640	98,74	72,78	98,29	97,25
	800	99,17	73,94	98,54	97,04
	1024	99,24	74,86	98,48	97,89

Também foi feita uma análise qualitativa da detecção do melhor modelo encontrado (YOLOv11m). A Figura 2 ilustra a qualidade da detecção desse modelo, com os Verdadeiros Positivos destacados em verde, os Falsos Negativos em azul e os Falsos Positivos em vermelho. A Figura 2 mostra que o YOLOv11m consegue detectar corretamente os cromossomos, na maioria dos casos, mas ainda há a presença de falsos negativos em cromossomos sobrepostos, o que pode ser explorado em trabalhos futuros.

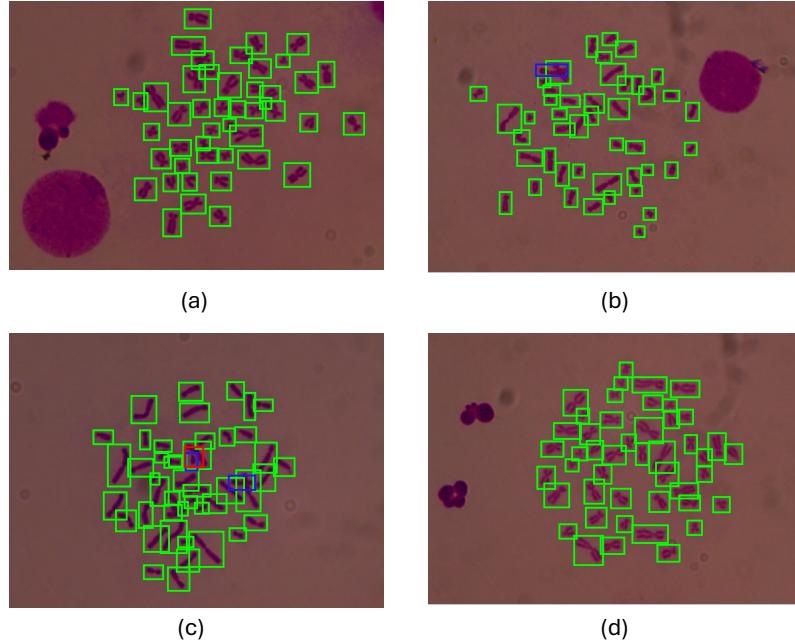


Figura 2. Detecção do YOLOv11m, usando tamanho de imagem 1024×1024 . As detecções em ver, azul e vermelho indicam verdadeiro positivos, falso negativo e falso positivo.

5. Conclusão

Neste trabalho, foi desenvolvido um novo conjunto de dados de imagens de células em metáfase com anotações detalhadas de localização de cromossomos, utilizando amostras

coletadas no Centro Regional de Ciências Nucleares do Nordeste (CRCN-NE). Avaliamos o modelo YOLOv11 e suas variações de arquitetura como forma de *benchmark* para a base desenvolvida.

Os experimentos demonstraram que, com a aplicação do modelo YOLOv11 foi possível alcançar uma média de mAP50 superior a 98% na detecção de cromossomos. Destaca-se a arquitetura YOLOv11m, que, ao utilizar imagens de 1024×1024 pixels, atingiu um mAP50 de 99,24%.

Esses resultados indicam que o uso do YOLOv11 pode auxiliar citogenistas ao reduzir o tempo de análise manual e aumentar a precisão na identificação de anomalias cromossômicas.

Referências

- Al-Kharraz, M. S., Elrefaei, L. A., and Fadel, M. A. (2020). Automated system for chromosome karyotyping to recognize the most common numerical abnormalities using deep learning. *IEEE Access*, 8:157727–157747.
- Andrade, M. F. S., Cordeiro, F. R., Macário, V., Lima, F. F., Hwang, S. F., and Mendonça, J. C. G. (2018). A fuzzy-adaptive approach to segment metaphase chromosome images. In *2018 7th Brazilian Conference on Intelligent Systems (BRACIS)*.
- Andrade, M. F. S., Dias, L. V., Macario, V., Lima, F. F., Hwang, S. F., Silva, J. C. G., and Cordeiro, F. R. (2020). A study of deep learning approaches for classification and detection chromosomes in metaphase images. *Machine Vision and Applications*.
- Atencia-Jiménez, I., Balajee, A. S., Ruiz-Gómez, M. J., Sendra-Portero, F., Montoro, A., and Molina-Cabello, M. A. (2024). Neural network ensemble to detect dicentric chromosomes in metaphase images. *Applied Sciences*, 14(22):10440.
- Jain, S., Dash, S., Deorari, R., et al. (2022). Object detection using coco dataset. In *2022 International Conference on Cyber Resilience (ICCR)*, pages 1–4. IEEE.
- Kaggle (2025). Kaggle notebooks. Acessado em: 20/02/2025.
- Khanam, R. and Hussain, M. (2024). Yolov11: An overview of the key architectural enhancements.
- Kuo, C.-E., Li, J.-Z., Tseng, J.-J., Lo, F.-C., Chen, M.-J., and Lu, C.-H. (2025). Chromosomenet: Deep learning-based automated chromosome detection in metaphase cell images. *IEEE Open Journal of Engineering in Medicine and Biology*, 6:227–236.
- Paszke, A., Gross, S., Massa, F., Lerer, A., Bradbury, J., Chanan, G., Killeen, T., Lin, Z., Gimelshein, N., Antiga, L., Desmaison, A., Köpf, A., Yang, E., DeVito, Z., Raison, M., Tejani, A., Chilamkurthy, S., Steiner, B., Fang, L., Bai, J., and Chintala, S. (2019). Pytorch: An imperative style, high-performance deep learning library.
- Qin, Y., Wen, J., Zheng, H., Huang, X., Yang, J., Song, N., Zhu, Y.-M., Wu, L., and Yang, G.-Z. (2019). Varifocal-net: A chromosome classification approach using deep convolutional networks. *IEEE transactions on medical imaging*, 38(11):2569–2581.
- Xia, C., Wang, J., You, X., and et al. (2024). Chromtr: chromosome detection in raw metaphase cell images via deformable transformers. *Frontiers in Medicine*, 18:1100–1114.