انقلاب هوش مصنوعی در طبقه‌بندی لکوسیت‌ها: از یادگیری عمیق تا آنالایزرهای هوشمند

● دکتر بهناز توسلی

دکترای خون شناسی آزمایشگاهی و علوم انتقال خون، ناظر فنی و سرپرست بخش تحقیق و توسعه

behnaztavasoli@yahoo.com

● زهرا اسکندری

کارشناس ارشد خون شناسی و علوم انتقال خون، گروه هماتولوژی، دانشکده پیراپزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بوشهر، بوشهر

zhraaeskndrii@gmail.com

● مهدیس آبدار اصفهانی

کارشناس ارشد خون شناسی و علوم انتقال خون، گروه هماتولوژی، دانشکده پیراپزشکی، دانشگاه علوم پزشکی بوشهر، بوشهر

maesfahani1992@gmail.com

❑ خلاصه

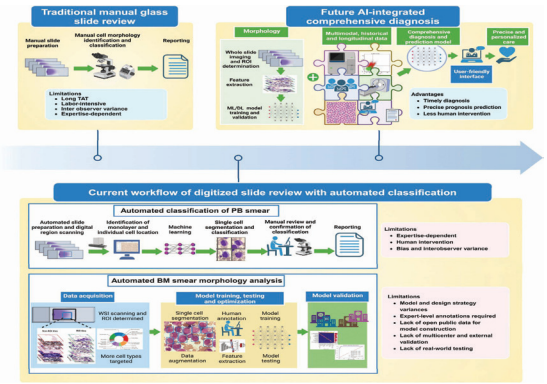
شناسایی و تمایز لکوسیت‌ها یکی از اساسی‌ترین اقدامات در ارزیابی وضعیت هماتولوژیک افراد به شمار می‌رود. تغییر در تعداد یا مورفولوژی لکوسیت‌ها می‌تواند نشانه طیف وسیعی از بیماری‌ها، از عفونت‌های ساده تا بدخیمی‌های خونی مانند لوسمی، باشد. روش‌های سنتی مبتنی بر بررسی میکروسکوپی اسمیر خون محیطی، علیرغم ارزش تشخیصی بالا، با محدودیت‌هایی نظیر زمان‌بر بودن، وابستگی به مهارت اپراتور و تکرارپذیری محدود مواجه هستند.

در سال‌های اخیر، پیشرفت‌های چشمگیر در حوزه هوش مصنوعی و یادگیری ماشین، افق‌های جدیدی در خودکارسازی این فرآیند گشوده است. ادغام هوش مصنوعی و یادگیری ماشین در طبقه بندی لکوسیت‌ها، انقلابی در هماتولوژی ایجاد کرده است. از الگوریتم‌های کلاسیک بخش بندی و روش‌های استخراج ویژگی تا مدل‌های یادگیری عمیق مانند U-Net، Mask R-CNN و DeepLabV3+، که دقت تشخیص در آن‌ها به طور قابل توجهی افزایش یافته است. مهم‌تر از همه، ظهور نسل جدید دستگاه‌های Smart Cell Counter نشان می‌دهد که هوش مصنوعی از مرحله تحقیق خارج و به عنوان یک ابزار بالینی قدرتمند و ضروری تثبیت شده است. یافته‌ها نشان می‌دهد که اگرچه چالش‌هایی مانند نیاز به مجموعه داده‌های متنوع‌تر همچنان وجود دارد، هوش مصنوعی با ارائه دقت بالا و کاهش چشمگیر مداخله انسانی، به ابزاری ضروری در هماتولوژی مدرن تبدیل شده است. این فناوری نه تنها زمان و هزینه را کاهش می‌دهد، بلکه با دقت بالا و تکرارپذیری عالی، مسیر را برای تشخیص زودهنگام و دقیق‌تر بیماری‌های خونی هموار می‌کند.

کلمات کلیدی: هوش مصنوعی، یادگیری ماشین، یادگیری عمیق، اسمیر خون محیطی، فلوسایتومتری، شمارشگر سلولی هوشمند، هماتولوژی، گلبول سفید

[Downloaded from labdiagnosis.ir on 2026-10-17]

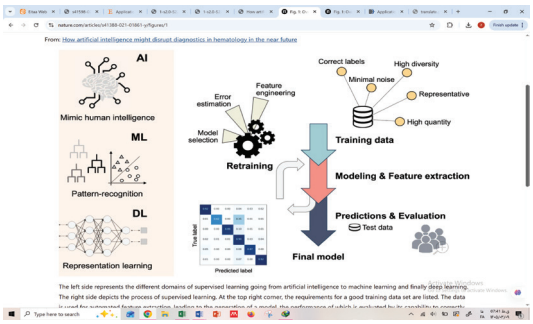
تشـــخیص و تمایز گلبول‌های ســـفید یا لکوسیت‌ها یکی از ارکان اصلـــی ارزیابی ســـلامت افراد اســـت. نوتروفیل‌ها، لنفوسیت‌ها، مونوسیت‌ها، ائوزینوفیل‌ها و بازوفیل‌ها هر یک نقش خاصی در سیســـتم ایمنی دارنـــد و تغییر در تعداد یا مورفولوژی آن‌ها می‌تواند نشانهٔ طیف وسیعی از بیماری‌ها از عفونت‌های ساده تا بدخیمی‌های خونی مانند لوسمی باشد (۱). به طور ســـنتی، این فرآیند توســـط هماتولوژیست‌ها و پاتولوژیســـت‌ها و با بررسی میکروســـکوپی اسمیر خون محیطی انجام می‌شـــود. این روش زمان‌بر، هزینه‌بر، وابسته به مهارت اپراتور و با تکرارپذیری محدود است (شکل ۱).



Liao H, Zhang F, Chen F, Li Y, Sun Y, Sloboda DD, Zheng Q, Ying B, Hu T. Application of artificial intelligence in laboratory hematology: Advances, challenges, and prospects. Acta Pharm Sin B. 2025 Nov;15(11):5702-5733. doi: 10.1016/j.apsb.2025.05.036

شکل۱. مقایسه روش سنتی و دستی با روش‌های مبتنی بر هوش مصنوعی در بررسی لام خون محیطی. روش‌های سنتی در مقایسه با روش‌های مبتنی بر هوش مصنوعی علیرغم ارزش تشخیصی بالا، با محدودیت‌هایی نظیر زمان‌بر بودن، وابستگی به مهارت اپراتور و تکرارپذیری محدود مواجه هستند.

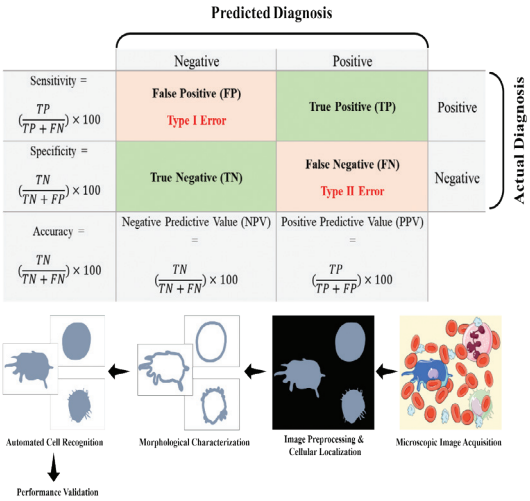
در دهه‌های اخیر، ظهور سیســـتم‌های تشخیص به کمک کامپیوتـــر (Computer-Aided Diagnosis - CAD) و به طور خاص، انقلاب هوش مصنوعی (ArtificialIntelligence - AI) و یادگیری ماشـــین (Machine Learning - ML)، نوید بخش تغییر این چشم‌انداز بوده است (۲) (شکل ۲).



شکل ۲. مروری بر نحوه عملکرد روش‌های مختلف مبتنی بر هوش مصنوعی. در این روش‌ها، داده‌های آموزشی با ویژگی‌های مشخص (بالای تصویر، سمت راست) برای استخراج ویژگی‌ها استفاده می‌شوند، بعد از تولید مدل، عملکرد آن در داده‌های آزمایشی ارزیابی می‌شود. بر اساس نتیجه ارزیابی، مدل برای اصلاح ویژگی‌ها و بهینه‌سازی مجدداً آموزش داده می‌شود و پس از چندین دور آموزش مجدد، مدل نهایی پدیدار می‌شود.

پس از دریافت تصاویر دیجیتال با کیفیت از اسمیر خون محیطی یا مغز استخوان، بهبود کیفیت تصویر انجام می‌شود. در ایـــن مرحله حذف نویـــز، افزایش کنتراســـت و تبدیل فضاهای رنگی به (فام، اشـــباع، روشنایی) HSV وYCbCr (درخشـــندگی، مؤلفه اختلاف آبی و مؤلفه اختلاف قرمز). برای آشکارسازی بهتر ویژگی‌ها انجام خواهد شد. در ادامه، بخش بندی تصویر جهت جداســـازی سلول‌ها (هسته یا کل سلول) از پس زمینه انجام شده و سپس محاسبه ویژگی‌های کمی از جمله ویژگی‌های شکل (مساحت، محیط، دایروی)، بافت و آماری (اســـتخراج ویژگی‌ها) صـــورت می‌گیرد. در نهایت، طبقه‌بندی زیرگروه‌های سلولی با اختصاص دادن هر سلول به یکی از کلاس‌های از پیش تعیین شده (نوتروفیل، لنفوســـیت و ...) با استفاده از الگوریتم‌های یادگیری ماشین یا یادگیری عمیق انجام می‌شـــود. در ارزیابی نهایی عملکرد مدل با معیارهایی مانند دقت، صحت، حساســـیت، ویژگی و نمره F1 (میانگین هارمونیک دو معیار صحت و حساسیت) مورد ارزیابی قرار می‌گیرد (شکل ۳) (۳).

[Downloaded from labdiagnosis.ir on 2026-10-17]



شکل ۳. Pipeline یا فرآیند مرحله‌ای طبقه بندی گلبول‌های سفید خون با استفاده از پردازش تصویر و هوش مصنوعی. طبقه بندی لکوسیت‌ها (گلبول‌های سفید) شامل یک روند مرحله به مرحله است که با دریافت تصاویر از اسمیرهای خون محیطی آغاز می‌شود. سپس با انجام مراحل بهبود کیفیت تصویر، قطعه‌بندی و استخراج ویژگی‌ها، مدل‌های هوش مصنوعی سلول‌ها را طبقه بندی کرده و عملکرد خود را برای اطمینان از دقت تشخیصی ارزیابی می‌کنند.

همانطور که اشاره شد پس از ثبت تصویر و بهبود کیفیت آن ابتدا هر گلبول سفید خون از تصویر استخراج و تفکیک می‌شود (مرحله قطعه‌بندی)، سپس نوع آن مانند نوتروفیل، لنفوسیت یا سایر انواع سلول‌های خونی مشخص می‌شود (مرحله طبقه‌بندی). برای دستیابی به بهترین و دقیق‌ترین نتایج، مهم‌ترین گام قطعه‌بندی است که با روش‌های مختلفی انجام می‌شود که در ادامه به آن‌ها اشاره می‌شود:

❑ الگوریتم آستانه گذاری (Thresholding)

یکی از ساده‌ترین و در عین حال پرکاربردترین روش‌های قطعه‌بندی تصاویر پزشکی، به ویژه در تحلیل تصاویر گلبول‌های سفید خون است. در این روش، یک مقدار آستانه تعیین می‌شود تا پیکسل‌های تصویر به دو گروه تقسیم شوند: گروه نخست شامل پیکسل‌هایی با شدت روشنایی بیشتر از مقدار آستانه است که معمولاً ناحیه سلول را تشکیل می‌دهند و گروه دوم شامل پیکسل‌هایی با شدت روشنایی کمتر از مقدار آستانه است که معمولاً به عنوان پس زمینه در نظر گرفته می‌شوند(۴).

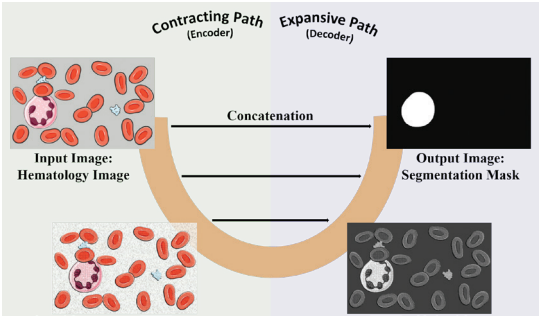
❑ الگوریتم واترشد (Watershed)

یکی دیگر از روش‌های پرکاربرد در قطعه‌بندی تصاویر است که بر پایه تفسیر تصویر به عنوان یک سطح توپوگرافی یا نقشه ارتفاعی عمل می‌کند. در این روش، هر پیکسل در تصویر خاکستری به صورت نقطه‌ای با ارتفاع مشخص در نظر گرفته می‌شود. به‌عنوان مثال، اگر قطرات آب روی این سطح ریخته شوند، آب در نقاط کم ارتفاع (کمینه‌ها) جمع شده و حوضچه‌ها یا حوزه‌های آبریز (Basins) را تشکیل می‌دهد. مرزهایی که این حوزه‌ها را از یکدیگر جدا می‌کنند، به‌عنوان مرزهای قطعه‌بندی شناخته می‌شوند (۵). علاوه بر دو روش ذکر شده، روش‌های دیگر از جمله کانتور فعال برای سلول‌های با مرز نامنظم، K-means برای جداسازی هسته از سیتوپلاسم و الگوریتم‌های تشخیص مرز سلول مانند Canny و Sobel نیز استفاده می‌شوند (۶).

❑ روش‌های مبتنی بر یادگیری عمیق (U-Net و Mask R-CNN)

U-Net: این سازه دارای ساختاری U-shaped با دو مسیر اصلی است: مسیر رمزگذار (Encoder) که ویژگی‌های کلیدی تصویر را استخراج کرده و مسیر رمزگشا (Decoder) که با افزایش نرخ نمونه (Upsampling) تصویر را به ابعاد اصلی بازمی‌گرداند. آنچه U-Net را متمایز می‌کند، اتصالات میان بر (Skip Connections) بین رمزگذار و رمزگشا است که اطلاعات دقیق فضایی (مانند مرزهای سلول) را حفظ کرده و باعث می‌شود مدل حتی با مجموعه داده‌های محدود نیز بخش‌بندی دقیقی ارائه دهد. شکل ۴ (۶).

[Downloaded from labdiagnosis.ir on 2026-10-17]



شکل ۴: الگوریتم U-Net (معماری شبکه). الگوریتم U-Net در بخش‌بندی تصاویرِ گلبول‌های سفید، شامل سه جزء کلیدی است: ۱- کدگذار (Encoder - Contracting Path): وظیفه آن استخراج ویژگی‌های کلیدی از طریق لایه‌های کانولوشن و پولینگ (Pooling) است. این بخش به صورت تدریجی رزولوشن فضایی تصویر را کاهش داده اما عمق ویژگی‌ها (تعداد کانال‌ها) را افزایش می‌دهد. ۲- رمزگشا (Decoder - Expanding Path): تصویر را به ابعاد اصلی خود بازسازی می‌کند. این کار از طریق Up-sampling یا کانولوشن‌های ترانهاده (Transposed Convolutions) انجام می‌شود و امکان طبقه‌بندی در سطح پیکسل (مثل تشخیص هسته، سیتوپلاسم و پس زمینه) را فراهم می‌کند. ۳- اتصالات میان‌بُر یا Concatenation (که تحت عنوان Skip Connections هم نامیده می‌شود): ویژگی‌های با رزولوشن بالا را از مراحل مختلفِ کدگذار به مراحل متناظر در رمزگشا منتقل می‌کند. این کار باعث می‌شود جزئیات دقیق فضایی (مانند مرز دقیق سلول‌ها) در هنگام بازسازی تصویر حفظ شوند.

نسخه‌های بهبودیافته U-Net از جمله Attention U-Net و Residual Attention U-Net دقت عملکردی بالایی نشان داده‌اند همچنین سازه GAAD-U-Net (Gated Attention-Augmented Double U-Net) نیز به طور خاص برای جداسازی سلول‌های هم‌پوشان و نواحی با کنتراست پایین طراحی شده است (۷).

Mask R-CNN: این الگوریتم قادر به انجام همزمان تشخیص اشیاء و بخش‌بندی دقیق در سطح پیکسل می‌باشد. مزیت اصلی Mask R-CNN در بخش‌بندی سلول‌های خونی، توانایی آن در جداسازی دقیق سلول‌های چسبنده و هم‌پوشان است (۸). همچنین، DeepLabV3 نیز یک مدل یادگیری عمیق برای بخش‌بندی معنایی (semantic segmentation) است. در این مدل هر پیکسل تصویر، به کلاس‌هایی مانند نوتروفیل، مونوسیت یا پس‌زمینه اختصاص داده می‌شود که توانایی تحلیل همزمان جزئیات ریز و ساختار کلی سلول را فراهم می‌سازد (۹).

پس از قطعه‌بندی لکوسیت‌ها، مرحله بعدی تعیین نوع سلول (مانند نوتروفیل، لنفوسیت، مونوسیت، بلاست و سایر انواع گلبول‌های سفید خون) است. به این مرحله طبقه بندی گفته می‌شود. این فرآیند معمولاً با استفاده از روش‌های طبقه بندی نظارت شده (Supervised Classification) انجام می‌شود که بر داده‌های برچسب گذاری شده متکی هستند. در این روش‌ها، ویژگی‌های مختلفی از سلول استخراج و برای طبقه‌بندی مورد استفاده قرار می‌گیرند. این ویژگی‌ها معمولاً شامل موارد زیر هستند:

ویژگی‌های شکلی (Shape Features): مانند مساحت (Area)، محیط (Perimeter)، گردی یا دایره‌ای بودن (Circularity) و نسبت سطح هسته به سیتوپلاسم.

ویژگی‌های رنگی (Color Features): مانند میانگین شدت رنگ در فضاهای رنگی RGB یا HSV.

ویژگی‌های بافتی (Texture Features): مانند انرژی (Energy)، کنتراست (Contrast) و همگنی (Homogeneity) که معمولاً با استفاده از ماتریس هم وقوعی سطوح خاکستری (Gray Level Co-occurrence Matrix; GLCM) محاسبه می‌شوند. بررسی سیستماتیک نشان داده است که ویژگی‌های مورفولوژیک در طبقه‌بندی گلبول‌های سفید و گلبول‌های قرمز، محبوب‌ترین ویژگی‌ها هستند (۱۲-۱۰).

❑ الگوریتم‌های طبقه‌بندی

Support Vector Machine (SVM): یکی از

[Downloaded from labdiagnosis.ir on 2026-10-17]

پرکاربردترین روش‌های یادگیری ماشین برای طبقه‌بندی لکوسیت‌ها است. SVM با یافتن یک مرز بهینه بین سلول‌های مختلف آن‌ها را طبقه بندی می‌کند. مدل بهینه سازی شده SVM و همینطور زمانی که SVM با ویژگی‌هایی مانند رنگ، شکل و بافت ترکیب شود بسیار مؤثر است (۱۳).

K-Nearest Neighbor (K-NN): یک روش طبقه‌بندی ناپارا متریک مبتنی بر "شباهت" است. برای هر نمونه جدید، نزدیک‌ترین مشابه در داده‌های آموزشی جستجو می‌شود و نمونه به کلاسی با بیشترین فراوانی در آن K نزدیک نسبت داده می‌شود. در تحلیل گلبول‌های سفید، ویژگی‌هایی مانند شکل، رنگ، بافت، ویژگی‌های GLCM و نسبت هسته به سیتوپلاسم ابتدا استخراج شده و به عنوان بردارهای ورودی به K-NN تعریف می‌شوند (۱۴).

Random Forest: الگوریتم جنگل تصادفی نسخه توسعه یافته درخت تصمیم است که از مجموعه‌ای از درخت‌های تصمیم مستقل تشکیل شده است. در این روش، هر درخت بر روی زیرمجموعه‌ای از داده‌های آموزشی و ویژگی‌ها آموزش می‌بیند و به‌صورت مستقل نوع سلول را پیش‌بینی می‌کند. در نهایت، هر درخت یک رأی به کلاس پیش‌بینی‌شده اختصاص می‌دهد و برچسب نهایی سلول بر اساس رأی اکثریت تعیین می‌شود. یک مطالعه نشان داد مدل جنگل تصادفی با دقت کلی ۹۸.۷٪ در طبقه‌بندی گلبول‌های سفید مؤثر است (۱۵).

Convolutional neural network (CNN): شبکه‌های عصبی کانولوشنی، از دقیق‌ترین روش‌های طبقه‌بندی لکوسیت‌ها هستند. برخلاف روش‌هایی مانند KNN و SVM که به استخراج دستی ویژگی‌ها نیاز دارند، CNNها ویژگی‌های موردنیاز را به‌صورت خودکار از تصاویر خام یاد می‌گیرند. اخیراً اثبات شده است که، CNN بهینه‌سازی شده با تکنیک‌های پیش پردازش تصویر به نمره F1 معادل ۹۹٪ در طبقه‌بندی سلول‌های خونی دست یافته است (۱۶).

مدل‌های ترکیبی (Hybrid): ترکیب CNN برای استخراج ویژگی با SVM یا Random forest برای طبقه‌بندی، اغلب نتایج بهتری نسبت به هر یک به تنهایی ارائه می‌دهد. در یک مطالعه جدید، یک مدل هیبرید CNN-SVM با دقت ۹۶٪ ارائه داده شده است. همچنین، چارچوب‌های هیبرید پیشرفته‌تر (با ترکیب چند سازه) عملکردی با دقت بسیار بالا (۹۹ درصد) ارائه می‌دهند (۱۷). علاوه بر تحلیل تصاویر خون محیطی، هوش مصنوعی در تفسیر داده‌های فلوسایتومتری نیز تحول ایجاد کرده است. فلوسایتومترها داده‌های چند بعدی پیچیده‌ای تولید می‌کنند و الگوریتم‌های AI مانند Random forest و SVM قادر به طبقه‌بندی خودکار سلول‌ها بدون نیاز به gating دستی هستند. فرآیند gating دستی نه تنها زمان بر است بلکه واریانس بین متخصصان و کاربران نیز گزارش شده است. UNITO به عنوان رویکردی نوین در gating خودکار، نمودار مربوط به نتیجه فلوسایتومتری را به عنوان یک تصویر در نظر می‌گیرد و با بخش‌بندی تصویر، gating را انجام می‌دهد. مدل MARVIN نیز، علاوه بر سلول‌هایی که کلاس آن‌ها را می‌شناسد و قبلاً دیده است، قادر به تشخیص سلول‌های جدید و ناشناخته و ارائه هشدار برای کاربر می‌باشد (۱۸). مدل‌هایی مانند Net Gate و Flow Deep دقتی در سطح متخصص انسانی یا بالاتر در تشخیص لوسمی‌ها از داده‌های فلوسایتومتری ارائه داده‌اند. همچنین ابزارهایی مانند SOM Flow و CyGate، تکرارپذیری را افزایش داده است. شرکت‌هایی مانند Beckman Coulter نرم‌افزار Cytobank را ارائه داده‌اند که الگوریتم‌هایی مانند t-SNE و UMAP را برای تحلیل خودکار داده‌های فلوسایتومتری پشتیبانی می‌کند (۱۹ و ۲۰).

❑ دستگاه‌های شمارشگر سلولی هوشمند (Smart Cell Counters)

در سال‌های اخیر، هوش مصنوعی از مرحله تحقیقاتی فراتر رفته و به قلب دستگاه‌های تجاری هماتولوژی راه یافته است. این دستگاه‌ها قادر به انجام شمارش کامل سلول‌های خونی (CBC - Complete Blood Count) و افتراقی لکوسیت‌ها با حداقل مداخله انسانی هستند.

برخی از پیشگامان این حوزه عبارتند از:

[Downloaded from labdiagnosis.ir on 2026-10-17]

Sysmex XN-Series: بـا اسـتفاده از الگوریتم‌های هوشمند، سـلول‌های نابالغ و بلاست‌ها را شناسایی و کانال اختصاصی WBC را برای آنالیز سلول‌های پیش‌ساز فراهم می‌کند. یک مطالعه در سـال ۲۰۲۵ نشان داد که سیستم ترکیبی CellaVision DI-60 با XN-9100حساسـیت ۱۰۰٪ در تشـخیص بلاست‌ها دارد و یک الگوریتم ترکیبی مبتنی بر آن می‌تواند به ویژگی ۹۹.۴٪ دست یابد (۲۱) .

Mindray BC-6800 Plus: بـا فناوری SF Cube و پارامترهایی ماننـد(High Fluorescence Cells) HFC% و نشانگرهای هشـدار مبتنی بر هوش مصنوعی، سلول‌های بلاست و عفونت‌هایی مانند مالاریا را تشخیص می‌دهد. این دستگاه قادر به پردازش ۲۰۰ نمونه در ساعت است و نتایج CBC و DIFF پنج بخشـی را با قابلیت اطمینان بالا ارائه می‌دهد (۲۲).

Mindray MC-80: یک آنالایزر تخصصی مورفولوژی مبتنی بـر یادگیری عمیق که در تشـخیص سـلول‌های پاتولوژیـک در بدخیمی‌هـای خونی عملکرد برجسـته‌ای دارد. MC-80 در تشـخیص لنفوسـیت‌های غیرطبیعی و پرومیلوسـیت‌ها ارزش بالینی بالایی دارد. همچنین، دارای حساسیت و ویژگی بالایی برای تشخیص بلاست‌ها می‌باشد (۲۳).

Sysmex CellaVision DI-60: نسخه پیشرفته سری XN که از Artificial neural network (ANN)استفاده می‌کند. زمان پاسخ دهی DI-60 نسبت به روش‌های دستی به طور قابل توجهی کاهش یافته اسـت و در حالت اسکن تمام لام، در تشخیص حساسیت ۱۰۰ درصد دارد (۲۴).

❑ چالش‌ها و چشم انداز آینده

با وجود پیشـرفت‌های شـگفت انگیـز، چالش‌هایی نیز در ایـن زمینه وجـود دارد. تنـوع کم مجموعـه داده‌ها، عـدم تعادل کلاس‌ها و تغییـر در روش‌های رنگ‌آمیزی از جمله این موانع هسـتند. همچنین، مسـئله تفسیرپذیری (Interpretability) مدل‌هـای یادگیـری عمیـق، هنوز یک نگرانـی بالینی جدی اسـت. برای حل این مشـکل، تکنیک‌هـای(XAI (Explainable AI توسـعه یافته که نقشـه‌های حرارتی تولید می‌کنند و نشـان می‌دهند که تمرکز مدل برای ارائه نتیجه به کدام نواحی تصویر سـلول بوده اسـت. با این حال، بسیاری از تکنیک‌های XAI با در نظر گرفتن داده‌های پزشکی توسعه نیافته‌اند و اعتبارسنجی بالینی آن‌ها هنوز محدود اسـت. با ظهـور مدل‌های تولید داده‌هـای مصنوعی مانند GANها (ایـن مدل‌ها با تولید تصاویر آموزشـی بیشـتر از سـلول‌ها به رفع مشکل عدم تعادل کلاس‌ها کمک می‌کنند) و تکنیک‌های XAI، انتظار مـی‌رود که این چالش‌ها در سـال‌های آینده تا حد زیادی مرتفع شوند (۲۵و۲۶).

ادغـام هـوش مصنوعـی و یادگیری ماشـین در طبقه‌بندی لکوسـیت‌ها، انقلابی در هماتولوژی ایجاد کـرده اسـت. از الگوریتم‌های کلاسـیک بخش‌بندی تا مدل‌هـای یادگیری عمیق ماننـد DeepLabV3 و U-Net، دقـت تشـخیص بـه طور قابـل توجهی افزایش یافته اسـت. مهم‌تر از همه، ظهور نسل جدید دسـتگاه‌های Smart Cell Counter نشان می‌دهد کـه هوش مصنوعی از مرحله تحقیق خارج و به عنوان یک ابزار بالینی قدرتمند و ضروری تثبیت شده است. این فناوری نه تنها زمـان و هزینه را کاهش می‌دهد، بلکه بـا دقت بالا و تکرارپذیری عالی، مسـیر را برای تشـخیص زودهنـگام و دقیق‌تـر بیماری‌های خونی هموار می‌کند.

[Downloaded from labdiagnosis.ir on 2026-10-17]

References:

1- Ware AD. The complete blood count and white blood cell differential. Contemporary practice in clinical chemistry: Elsevier; 2020. p. 429-44.

2- Rocca GL. Knowledge based engineering: Between AI and CAD. Review of a language based technology to support engineering design. Advanced Engineering Informatics. 2012;26(2):159-79.

3- Maryoosh AA, Pashazadeh S. Leukemia detection using machine learning algorithms: current trends and future directions. MJPAS. 2024;2(3):33-49. doi:10.47831/mjpas.v2i3.76.

4- Jardim S, António J, Mora C. Image thresholding approaches for medical image segmentation-short literature review. Procedia Comput Sci. 2023;219:1485-1492. doi:10.1016/j.procs.2023.01.468.

5- Abrol V, Dhalla S, Gupta S, Singh S, Mittal A. An Automated Segmentation of Leukocytes Using Modified Watershed Algorithm on Peripheral Blood Smear Images. Wireless Pers Commun. 2023:1-19. doi:10.1007/s11277-023-10456-7.

6- Bendiabdallah MH, Settouti N. A comparison of U-net backbone architectures for the automatic white blood cells segmentation. WSNI. 2021;4.

7- Benaissa I, Zitouni A, Sbaa S, Aydin N, Megherbi AC, Sellam AZ, Taleb-Ahmed A, Distante C. Gated Attention-Augmented Double U-Net for White Blood Cell Segmentation. J Imaging. 2025 Nov 1;11(11):386. doi: 10.3390/jimaging11110386. PMID: 41295103; PMCID: PMC12653411.

8- Revanda AR, Fatichah C, Suciati N. Classification of Acute Lymphoblastic Leukemia on White Blood Cell Microscopy Images Based on Instance Segmentation Using Mask R-CNN. IJIEE. 2022;15.

9- Chen LC, Zhu Y, Papandreou G, Schroff F, Adam H. DeepLabV3+: Encoder-decoder with atrous separable convolution. ECCV 2018. doi:10.1007/978-3-030-01234-2_1.

10- Shahzad M, Ali F, Shirazi SH, Rasheed A, Ahmad A, Shah B, Kwak D. Blood cell image segmentation and classification: a systematic review. PeerJ Comput Sci. 2024;10:e1813. doi:10.7717/peerj-cs.1813.

11- Haralick RM, Shanmugam K, Dinstein I. Textural features for image classification. IEEE Trans Syst Man Cybern. 1973;3(6):610-621. doi:10.1109/TSMC.1973.4309314.

12- Wang X, Liu L, Du X, Zhang J, Liu J, Ni G, et al. Leukocyte recognition in human fecal samples using texture features. J Opt Soc Am A. 2018;35(11):1941-1948. doi:10.1364/JOSAA.35.001941.

13- SVM-based detection of acute lymphoblastic leukemia using microscopic blood images. Biomed Signal Process Control. 2021;66:102425. doi:10.1016/j.bspc.2021.102425.

14- Saikia R, Devi SS. White Blood Cell Classification based on Gray Level Co-occurrence Matrix with Zero Phase Component Analysis Approach. Procedia Comput Sci. 2023;218:1977-1984. doi:10.1016/j.procs.2023.01.174.

15- Achir A, et al. Advances in Leukemia detection and classification: A Systematic review of AI and image processing techniques. F1000Res. 2024;13:1536. doi:10.12688/f1000research.159318.2 PMID: 41200664.

16- Verma S, Patel A, Singh R. Designing an Explainable AI Framework for Leukemia Diagnosis: Integrating Customized CNN-SVM Models with Optimized Deep Learning. In: 2025 International Conference on Advances in Computing, Communication and Control (ICAC3N). IEEE; 2025. doi: 10.1109/ICAC3N61671.2025.10862311.

17- Ullah T, Khan A, Shin H, et al. Fuzzy logic and deep learning approach for automated white blood cell detection and classification via multi-CNN feature fusion. Sci Rep. 2025;15:30466. doi: 10.1038/s41598-025-95910-9.

18- Wang S, Li J, Zhang Y. MARVIN: A Deep Generative Model for Flow Cytometry Analysis Informed by Biological Assumption. bioRxiv. 2026. doi: 10.1101/2026.02.01.598211.

19- Lu Z, Morita M, Yeager TS, Lyu Y, Wang SY, Wang Z, Fan G. Validation of Artificial Intelligence (AI)-Assisted Flow Cytometry Analysis for Immunological Disorders. Diagnostics (Basel, Switzerland). 2024;14(4).

20- Na S, Choo Y, Yoon TH, Paek E. CyGate Provides a Robust Solution for Automatic Gating of Single Cell Cytometry Data. Analytical Chemistry. 2023;95(46):16918-26.

21- Corrente F, Puzzolo MC, Pierandrei S, Antonelli M, Vitillo M. Diagnostic algorithm for the detection of blasts in peripheral blood based on morphological flags from the integrated Sysmex XN-9100 system. Riv Ital Med Lab. 2025;21(2):160-170.

22- Wang N, Jiang J, Wang J, He Y, Wen N, Liu Y, et al. Detection of nucleated red blood cells using the Mindray BC-6800Plus hematology analyzer: a clinical performance evaluation. J Clin Lab Anal. 2021;10(8):8808817.

23- Sacchetti S, et al. Comparative Analysis of the Performance of Automated Digital Cell Morphology Analyzers for Leukocyte Differentiation in Hematologic Malignancies: Mindray MC-80 Versus West Medical Vision Hema. Int J Lab Hematol. 2025;47(4):643-650. doi:10.1111/ijlh.14470 PMID: 40148102.

24- Advantages of AI-based whole blood film scanning for blast detection in markedly leucopenic blood films. Ann Hematol. 2025. doi:10.1007/s00277-025-06434-x.

25- Roy K. Explainability in Biomedical XAI: A Systematic Review of Techniques and Real-World Deployment. TechRxiv. 2025. doi:10.36227/techrxiv.176539522.26131796/v1.

26- Momenian M, Ghassemi N, Samadzadeh A, et al. Advancing WBC Classification: A Hybrid ConvNextV2-Swin Transformer Framework with R3GAN Data Balancing and CLAHE Preprocessing. J Imaging Inform Med. 2025. doi: 10.1007/s10278-025-01740-y PMID: 41331659.

[Downloaded from labdiagnosis.ir on 2026-10-17]