


# Sıkma-Uyarma Artık Ağı kullanılarak Beyaz Kan Hücrelerinin Sınıflandırılması

*Araştırma Makalesi/Research Article*

 Hüseyin FIRAT

Bilgisayar Mühendisliği, Dicle Üniversitesi, Diyarbakır, Türkiye

[huseyin.firat@dicle.edu.tr](mailto:huseyin.firat@dicle.edu.tr)

(Geliş/Received:23.02.2023; Kabul/Accepted:06.06.2023)

DOI: 10.17671/gazibtd.1255477

**Özet**— Beyaz kan hücreleri, vücudun parazitler, bakteriler, virüsler gibi mikroorganizmalara karşı korunmasında etkin rol oynayan bağışıklık sisteminin önemli bir bileşenidir. Beyaz kan hücrelerinin yapısal özellikleri, alt türlerinin şekilleri ve sayıları insan sağlığı hakkında önemli bilgiler verebilmektedir. Hastalık teşhisinde doğru beyaz kan hücre tespiti klinik olarak oldukça önemlidir. Bu yüzden, doğru beyaz kan hücre sınıflandırma yöntemi kritik öneme sahiptir. Bu çalışmada, beyaz kan hücre sınıflandırması için Evrişimsel sinir ağı (ESA) tabanlı bir yöntem önerilmiştir. Önerilen yöntem sıkma-uyarma ağı ile artık ağ mimarisinin birleşiminden oluşan hibrit bir yöntemdir. Derin ağ mimarilerinde katman sayısı arttıkça oluşabilecek problemler artık ağ ile çözülebilmektedir. Sıkma-uyarma (SU) bloğunun artık ağ ile birlikte kullanımı, toplam parametre sayısını minimum düzeyde artırırken sınıflandırma doğruluğunu arttırmaktadır. Aynı zamanda, SU bloğunun artık ağ ile birleştirilmesi geleneksel artık ağların performansını da arttırmaktadır. Önerilen yöntemin performansını test etmek için Kaggle veritabanından alınan BCCD veriseti kullanılmıştır. Uygulamalar sonucunda ortalama %99,96 doğruluk, %99,92 kesinlik, duyarlılık ve F1-skoru elde edilmiştir. Bu sonuçlar, literatürden BCCD verisetini kullanan son yıllardaki çalışmalarda yer alan ESA yöntemlerinin elde ettiği sonuçlarla karşılaştırıldı ve önerilen yöntemin daha az eğitilebilir parametre ile daha iyi sonuçlar verdiği görülmüştür.

**Anahtar Kelimeler**— beyaz kan hücresi, sınıflandırma, sıkma-uyarma artık ağı, evrişimsel sinir ağı

## Classification of White Blood Cells using the Squeeze-Excitation Residual Network

**Abstract**— White blood cells (WBCs) are an important component of the immune system that plays an active role in protecting the body against microorganisms such as parasites, bacteria and viruses. The structural features of WBCs, the shapes and numbers of their subtypes can provide important information about human health. Accurate WBC detection is clinically very important in the diagnosis of the disease. Accordingly, an accurate WBC classification method is of critical importance. In this study, a CNN-based method for WBC classification is proposed. The proposed method is a hybrid method consisting of a combination of squeeze-excitation (SE) network and residual network (ResNet) architecture. The problems that may occur as the number of layers increase in deep network architectures can be solved with ResNet. The use of the SE block with ResNet increases the classification accuracy while minimally increasing the total number of parameters. At the same time, combining the SE block with the ResNet improves the performance of traditional ResNets. The BCCD dataset from the Kaggle database was used to test the performance of the proposed method. As a result of the applications, an average of 99.96% accuracy, 99.92% precision, recall and F1-score were obtained. These results were compared with the results obtained by the CNN methods in recent studies using the BCCD dataset from the literature, and it was seen that the proposed method gave better results with less trainable parameters.

**Keywords**— white blood cell, classification, squeeze-excitation residual network, convolutional neural network

## 1. GİRİŞ (INTRODUCTION)

İnsan kanı, oksijen taşıma, yenilenme, pıhtılaşma, bağışıklık vb. gibi vücudun çeşitli işlevlerinden sorumlu olan farklı hücreler içerir. Kanın dört ana bileşeni plazma, kırmızı kan hücreleri (eritrosit), kan pulcukları (trombositler) ve beyaz kan hücreleridir (lökosit) [1]. Beyaz kan hücreleri vücudun savunma sisteminde çok önemli bir role sahiptir. Yabancı patojenlerle savaşmaktan ve vücudu bakterilerden, virüslerden, parazitlerden ve diğer mikroorganizmalardan korumaktan sorumludur [2]. Koronavirüs'e karşı zorlu bir mücadelenin devam ettiği günümüzde, bu tür ölümcül virüslere karşı antikor üretmek oldukça önemli bir görevdir [3]. Beyaz kan hücreleri, bu tür ölümcül enfeksiyonlara karşı mücadelemizin ayrılmaz bir parçasıdır. Bu nedenle kandaki beyaz kan hücrelerinin sınıflandırılması, çeşitli hastalıkların erken teşhisi için tıbbi analizde önemli rol oynamaktadır. Beyaz kan hücreleri, hücrenin boyutu, çekirdeğin şekli, çekirdek loblarının tipi, granüllerin sitoplazma-çekirdek oranı boyama özellikleri ve işlevi gibi çeşitli özelliklere göre beş ana türe ayrılabilir [4]. En yaygın beş tür ve sağlıklı bir insanın kanında bulunan yüzdelik değerleri şu şekildedir: Nötrofil (%50-70), Monosit (%2-10), Eozinofil (%1-5), Bazofil (%0-1), Lenfositler (%20-45) [5]. Tüm bu beyaz kan hücreleri türleri vücudumuzdaki virüs, bakteri, mantar ve diğer her türlü enfeksiyonla mücadelede etkin işleve sahiptir.

Doğru beyaz kan hücreleri analizi ve incelemesi klinik olarak oldukça önemlidir. Bu hücre türlerinin görünüşleri arasındaki benzerlik nedeniyle insan gözü tarafından sınıflandırılması çok zordur [6]. Beyaz kan hücreleri tanımlama, sınıflandırma ve nicel analiz süreci hem manuel hem de otomatik olarak gerçekleştirilebilmektedir. Daha önce hematoloji analizörü tarafından beyaz kan hücre görüntülerini sınıflandırmak için kullanılan manuel işlem ve zaman alıcıydı. Ayrıca hematoloğun deneyimine bağlıydı ve algılamada hatalar getirebilmekteydi [7]. Daha sıklıkla, beyaz kan hücre sınıflandırmasını gerçekleştirmek için klinik olarak otomatik bir beyaz kan hücre analiz cihazı kullanılmaktadır. Bu ticari analizörler, sınıflandırma için segmentasyon ve örüntü tanıma algoritmalarını kullanarak hızlı ve düşük maliyetli analizler gerçekleştirebilir. Bu analizörler, zaman tasarrufuna ve ucuzluğuna rağmen, morfolojik korelasyonların hem güvenilirliği hem de tespiti açısından manuel sınıflandırmadan daha düşük sonuçlar vermektedir [5][8].

Otomatikleştirilmiş beyaz kan hücreleri sınıflandırma algoritmaları, uzun zamandır araştırmalarda ilgi alanı olmuştur. Kenar tespiti, piksel bazında şablon eşleştirme, gri tonlama kontrastı, Gram-Schmidt ortogonalite süreci ve bulanık sapma ve değiştirilmiş eşikleme teknikleri gibi son yirmi yılda çok sayıda teknik önerilmiştir [8]. Daha yakın zamanlarda, geleneksel algoritmalarındaki sınırlamalar ve hesaplamalı işlem gücündeki artış, araştırmaları kan hücreleri sınıflandırması için destek vektör makineleri [9], bayes sınıflandırıcıları [10] ve rasgele orman [11] gibi makine öğrenimi yöntemleri geliştirmeye yöneltti. Bu

makine öğrenimi tekniklerinde, sınıflandırmanın doğruluğunu elde etmeye katkıda bulunan belirli morfolojik beyaz kan hücre özellikleri dikkate alınmıştır. Geometrik, dokusal, istatistiksel, dalgalı özellikleri, girdi görüntülerinden çıkarılmış ve sınıflandırma için rastgele orman, destek vektör makinesi gibi sınıflandırıcılara verilmeden önce özellik seçimine tabi tutulmuştur.

Özellikle Erişimli sinir ağlarını (ESA) içeren derin öğrenme yöntemleri şu anda beyaz kan hücre sınıflandırmasında kullanılmaya başlanmıştır. Geleneksel makine öğrenimi yöntemleri özellikleri manuel çıkarmaktadır. Bu yöntemlerin aksine derin öğrenme özellikleri otomatik olarak çıkararak sınıflandırma doğruluğunu arttırmaktadır [12]. ESA, güçlü kendi kendine öğrenme yetenekleri sayesinde görüntülerde daha güçlü semantik bilgilere sahip derin özellikleri çıkarabilmektedir. Bundan dolayı, son yıllarda beyaz kan hücrelerinin sınıflandırılması için geleneksel sınıflandırıcıların aksine ESA tabanlı çalışmalar yapılmaya başlanmıştır.

Bu çalışmada, beyaz kan hücreleri sınıflandırması için yeni bir ESA tabanlı sınıflandırma modeli önerilmiştir. Önerilen model, modelin eğitim parametrelerini ve modelin aşırı öğrenme riskini azaltmak için artık ağ (Residual network) ve Sıkma-Uyarma (SU) (Squeeze-Excitation-(SE)) bloğu kombinasyonuna dayalı bir modeldir. SU ağının artık ağ ile birlikte kullanımı, toplam parametre sayısını minimum düzeyde artırırken sınıflandırma doğruluğunu arttırmaktadır. Aynı zamanda, SU ağının artık ağ ile birleştirilmesi geleneksel artık ağların performansını da arttırmaktadır. Bu birlikte kullanım ESA tabanlı yöntemimizin performansını diğer ESA yöntemlerinden daha iyi hale getirmektedir. Önerilen yöntemin sınıflandırma doğruluğunu test etmek için literatürde sıklıkla kullanılan ve kaggle'da bulunan BCCD veriseti üzerinde bir dizi uygulamalar gerçekleştirilmiştir. BCCD veriseti, 4 tür beyaz kan hücreleri içerdiğinden dolayı, sınıflandırma bu 4 tür için yapılmıştır. Elde edilen sonuçlar, mevcut en son teknoloji yaklaşımlara kıyasla dört hücre türünden elde edilen değerlerin makro ortalaması alındığında %99,96 sınıflandırma doğruluğuna ulaşan yöntemin üstün performansını göstermiştir.

Çalışmanın geri kalanı şu şekilde organize edilmiştir. Bölüm 2'de, beyaz kan hücre türlerinin sınıflandırılması için literatürde yapılmış araştırmaları çalışmaları yer almaktadır. Çalışmanın teorik arkaplanı, çalışma kapsamında kullanılan veriseti ve çalışmada önerilen derin öğrenme tabanlı yöntem Bölüm 3'de yer verilmiştir. Bölüm 4'te gerçekleştirilen deneylerin sonuçları tartışılmıştır. Son olarak Bölüm 5 olan sonuç bölümünde ise, çalışmanın genel bir değerlendirilmesine yer verilmiştir.

## 2. İLGİLİ ÇALIŞMALAR (RELATED WORKS)

Son yıllarda kan analizinin hastalarda birçok rahatsızlığı ortaya çıkarması nedeniyle kan hücresi sınıflandırma araştırmaları önem kazanmıştır. Makine öğrenimi ve derin öğrenme tekniklerini içeren Bilgisayar destekli teşhis sistemlerindeki ilerleme, bu araştırmaları yeni boyutlara taşımıştır. Beyaz kan hücrelerinin otomatik olarak algılanması için beyaz kan hücresi türlerinin sınıflandırmasını gerçekleştirmek üzere çeşitli derin öğrenme modelleri geliştirilmiş ve kullanılmıştır. Bu bölümde, beyaz kan hücre türlerinin sınıflandırılmasında derin öğrenme yöntemlerinin yaygın olarak kullanıldığını bildiren bazı literatür çalışmaları sunulmaktadır. Örneğin, Girdhar vd. [1] beyaz kan hücrelerinin sınıflandırılması için ESA tabanlı bir yöntem önerdi. Önerilen yöntemin performansını test etmek için BCCD veriseti kullanıldı. Önerilen ESA'nın genel sınıflandırma doğruluğu %98,55'tir. Liang vd. [13] beyaz kan hücresi sınıflandırması için ESA ve tekrarlayan sinir ağını birleştirerek bir yöntem geliştirdi. Geliştirilen yöntem yaklaşık 60 milyon eğitilebilir parametreye sahiptir. BCCD veriseti kullanılarak gerçekleştirilen uygulamalarda %90,79 sınıflandırma doğruluğu elde edilmiştir. Ekiz vd. [14] yaptıkları çalışmada hem ESA hem de destek vektör makinesini kullanmışlardır. BCCD veriseti ile gerçekleştirilen uygulamalarda ilk olarak sadece ESA kullanılarak %83,91 sınıflandırma doğruluğu bulunmuştur. Daha sonra evrişimsel katmanlardan elde edilen özellikler destek vektör makinesi için uygun hale getirilip eğitim gerçekleştirilmiştir. Bu şekilde de %85,96 doğruluk bulunmuştur. Cheuque vd. [15] beyaz kan hücresi sınıflandırması için Faster R-ESA ile MobileNet'in birlikte kullanıldığı iki aşamalı hibrit bir yöntem sunmaktadırlar. İlk aşamada, mononükleer hücrelerin polimorfonükleer hücrelerden ayrılması ile birlikte beyaz kan hücrelerinin tanımlanması için Faster R-CNN ağı uygulanmaktadır. Ayrılma işleminden sonra, ikinci seviyedeki alt sınıfları tanımlamak için MobileNet yapısına sahip iki paralel evrişimli sinir ağı kullanılmaktadır. Önerilen yöntem 1,093,218 eğitilebilir parametre içermektedir. BCCD veriseti ile gerçekleştirilen uygulamalarda %98,4 sınıflandırma doğruluğu elde edilmiştir. Yao vd. [16] beyaz kan hücresi sınıflandırması için iki modül ağırlıklı optimize edilmiş deforme olabilen evrişimli sinir ağları yöntemini önerdi. Ayrıca önerilen yöntem, sağlamlığın iyileştirilmesi için iki modül transfer öğrenme ve deforme olabilen evrişimli katmanlar olarak karakterize edilmektedir. Önerilen yöntem yaklaşık 60 milyon eğitilebilir parametre içermektedir. BCCD veriseti kullanılarak gerçekleştirilen uygulamalar sonucunda %95,7 F1-skor değeri bulunmuştur. Patil vd. [7] kan hücresi görüntü sınıflandırma görevi için ESA ve LSTM'yi birleştirerek kanonik korelasyon analizi (KKA) tabanlı derin öğrenme mimarisini sunmaktadır. KKA, girdi görüntüsünden çeşitli örtüşen özellikleri çıkarır ve böylece diğer benzer derin öğrenme algoritmalarına kıyasla doğruluk oranını artırır. İnce ayar ve transfer öğrenimi, beyaz kan hücresi verisetini eğitmek için kullanılır. Sunulan yöntem, giriş kan hücresi görüntülerini segmentasyon ve özellik çıkarma aşamaları olmadan sınıflandırır. KKA tabanlı yöntem 23 milyon

eğitilebilir parametreye sahiptir. BCCD veriseti üzerinde gerçekleştirilen uygulamalarda %95,89 sınıflandırma doğruluğu bulunmuştur. Khan vd. [17] kan hücrelerinin mikroskopik görüntülerden otomatik olarak tanımlanması için derin öğrenmeye ve transfer öğrenmeye dayalı etkili bir model tanıttı. Model, önceden eğitilmiş bir AlexNet'e dayalı olarak, farklı katmanlardan çok katmanlı evrişimsel özelliklerin birleştirilmesinden oluşmaktadır. Çeşitli görsel özellikler içeren çoklu derin katmanlar, beyaz kan hücresi sınıflandırma doğruluğunu geliştirmek için kullanıldı ve bu özellikler birleştirildiğinde yüksek boyutlu özellik vektörleri üretildi. Özellik seçme stratejisi, özellik füzyon havuzundan en ayırt edici özellikleri seçmek için kullanıldı. Daha sonra, kan hücrelerinin türü tanımlamanın ayırt edici bir modelini öğrenmek için aşırı öğrenme makinesi kullanıldı. BCCD veriseti ile gerçekleştirilen uygulamalar sonucunda elde edilen sınıflandırma doğruluğu %99,12'dir. Ha vd. [18] beyaz kan hücreleri sınıflandırma görevini yarı denetimli bir şekilde araştırmış ve ince taneli etkileşimli dikkat öğrenimi yaklaşımını önermiştir. Önerilen yöntemin ana ilham kaynağı, yarı denetimli çerçevenin, daha az etiketli örneklerle etiketlenmemiş kan hücresi görüntülerinden bağıntılı bilgileri keşfedebilmesi ve insanların genellikle nesneleri ikili bir şekilde ayırt etmesidir. Çok az miktarda açıklamalı kan hücre görüntüsü ile önerilen yöntem, her kategori için 75 etiketli görüntü verirken BCCD veri setinde ortalama %93,2'lik bir doğruluk elde etmiştir. Baghel vd. [19] beyaz kan hücresi sınıflandırması için ESA tabanlı bir yöntem önermiştir. ESA tabanlı yöntem 519,860 eğitilebilir parametre içermektedir. Önerilen yöntem BCCD verisetini kullanarak %98,9 sınıflandırma doğruluğu elde etmiştir. Kishore vd. [20] parçacık sürüsü optimizasyon algoritması ile optimize edilmiş evrişimli sinir ağı kullanarak beyaz kan hücrelerini sınıflandırmayı önerdi. Bu yöntemde, ESA hiper parametreleri, beyaz kan hücrelerini beş türe ayırmada ağ performansını iyileştirmek için parçacık sürüsü optimizasyon algoritması kullanılarak optimize edildi. BCCD ve LISC verisetleri kullanılarak gerçekleştirilen uygulamalar sonucunda %99,24 sınıflandırma doğruluğu bulunmuştur. Sengür vd. [21] beyaz kan hücresi sınıflandırması için LSTM tabanlı bir yöntem geliştirdi. Bu yöntemin BCCD veriseti kullanıldığında elde edilen sınıflandırma doğruluk değeri %85,7 olarak bulunmuştur. Çınar vd. [22] Hibrit Alexnet-GoogleNet ve destek vektör makinesi kullanılarak beyaz kan hücrelerinin sınıflandırması için bir model geliştirdiler. Sunulan model, önceden eğitilmiş Alexnet ve Googlenet mimarilerine dayanmaktadır. Her iki ESA mimarisinin son havuzlama katmanındaki özellik vektörü birleştirilmiş ve ortaya çıkan özellik vektörü destek vektör makinesi tarafından sınıflandırılmıştır. BCCD ve LISC verisetleri ile gerçekleştirilen uygulamalarda %99,85 ile %98,23 doğruluk değerleri elde edilmiştir. AlexNet, GoogleNet ve destek vektör makinesi kullanılarak BCCD veriseti ile gerçekleştirilen uygulamalarda önerilen yöntem 67 milyon eğitilebilir parametre içermektedir. Ridoy ve Islam [23] beyaz kan hücresi sınıflandırması için özellik çıkarma ve seçme yöntemini otomatikleştirmek ve sonuçları bu alanda yapılan diğer çalışmalarla incelemek için hafif bir ESA modeli önerdiler. Önerilen hafif ESA modeli 407,716 eğitilebilir parametre içermektedir. BCCD

veriseti üzerinde gerçekleştirilen uygulamalarda %95,81 doğruluk elde ettiler. Özyurt [24] sınıflandırma için özellik çıkarıcı olarak önceden eğitilmiş mimariler, yani AlexNet, VGG-16, GoogleNet ve ResNet'i kullandı. Bu mimarilerin son tamamen bağlantılı katmanlarından elde edilen özellikler birleştirildi. Son olarak, ESA mimarilerinden elde edilen verimli özellikler aşırı öğrenen makine kullanılarak sınıflandırılmıştır. BCCD veriseti kullanılarak gerçekleştirilen uygulamalarda %96,03 doğruluk bulunmuştur.

Yapılan literatür incelemesinden sonra beyaz kan hücre türlerinin sınıflandırılma problemi için hala iyi sınıflandırma sonuçlarının elde edileceği ESA tabanlı yöntemlerin geliştirilebileceği sonucuna varılmıştır. Ayrıca literatürde beyaz kan hücrelerinin sınıflandırılması için önerilen ESA tabanlı yöntemlerin eğitilebilir parametre sayıları hala çok yüksektir. Yukarıda belirtilen gerçekler, bizi bir ESA tabanlı yöntem kullanarak bir sınıflandırma tekniği tasarlamaya motive etmiştir.

### 3. MATERYAL VE METOT (MATERIAL AND METHOD)

Bu bölümde önerilen yöntemin teorik arkaplanını oluşturan evrişimsel sinir ağları, artık ağ mimarisi, sıkma-uyarma bloğu detaylı bir şekilde açıklanmıştır. Ayrıca çalışmada kullanılan veriseti ve önerilen yöntemde bu bölümde ele alınmıştır.

#### 3.1. Evrişimsel Sinir Ağı (Convolutional Neural Network)

Bir evrişimli sinir ağı (ESA), çeşitli görüntü işleme uygulamaları için uygun şekilde kullanılan bir derin öğrenme modelidir. Geleneksel görüntü sınıflandırma yöntemlerinden farklı olarak, derin öğrenme yöntemleri ön işleme ve özellik çıkarma adımlarını içermez. Bunun yerine katmanlı bir yapıya sahip olan ESA kullanılarak ön işleme ve özellik çıkarımı yapılmaktadır. Evrişim katmanı sayesinde görüntünün özellikleri elde edilmektedir. İlk katman giriş katmanı, son katman ise sınıflandırma katmanıdır. Ara katmanda evrişim katmanı, havuzlama katmanı, aktivasyon fonksiyonu ve tam bağlantılı katman (Fully connected-FC) katmanı bulunmaktadır.

Giriş katmanı, dört tür beyaz kan hücresini sınıflandırmak için giriş görüntülerini yüklemektedir. Görüntüler, her piksel için genişlik, yükseklik ve RGB kanalı gibi üç ana özellikten oluşmaktadır. Beyaz kan hücresi görüntü örneklerinin renkli görüntüsü 240x320x3 boyutundadır.

Evrişimli katman, ESA mimarisinin merkezi parçasıdır. Önceki katmandan sonraki katmana bağlanan nöronları kullanarak girdi verilerini değiştirmektedir. Ayrıca giriş katmanındaki nöronların küçük kısmı ve ağırlıkları arasındaki çarpımı hesaplar. Evrişimsel katmanda gerçekleştirilen işlem, ESA'nın özellik algılayıcısı olarak bilinmektedir. Özellik algılayıcı, giriş katmanı, çekirdek ve evrişimli özellikler olmak üzere üç ana öğeden oluşmaktadır. Çekirdek, yeni evrişimli özellikler (çıkı) üretmek için giriş kan hücresi görüntüleri boyunca

kaydırılır. Çekirdek, kendi sınırları içindeki girdi veri değerleri ile çarpılan çıktıyı birer birer üretir. Evrişimsel katmandaki ağırlıklar kümesine filtre denir. Bu filtre girdi ile evrişim işlemine tabi tutulur ve özellik haritası oluşturulur. Evrişimli katmanların ana bileşenleri ve parametreleri filtreler, aktivasyon özellikli haritalar, parametre paylaşımı, hiperparametre, adım (stride) ve dolgudur (padding). Evrişim katmanındaki çıktı görüntüsünün ve diğer parametrelerin boyutu aşağıdaki gibi tahmin edilir.

$$O_c = \frac{I_c - K_c + 2P}{S} + 1 \quad (1)$$

$$P_c = K_c^2 \times C_c \times N + B \quad (2)$$

Denklem (1)'de,  $O_c$  çıktı görüntü boyutunu,  $I_c$  giriş görüntü boyutunu,  $K_c$  evrişim katmanında kullanılan çekirdeğin boyutunu,  $P$  evrişim katmanındaki dolguyu ve  $S$  evrişim işleminin adımını belirtmektedir. Denklem (2)'de,  $P_c$  evrişim katmanının farklı parametrelerini belirler.  $C_c$  giriş görüntüsünün kanal sayısıdır.  $N$  çekirdek sayısı ve  $B$  evrişim katmanının bias değeridir. Evrişim katmanında, her bir çekirdeğin derinliği giriş görüntüsündeki kanal sayısı kadardır. Yani, kullanılan her çekirdeğin  $K_c^2 \times C_c$  parametresi vardır ve bu tür  $N$  tane çekirdek vardır [7].

Doğrultulmuş doğrusal birim (Rectified Linear Unit-ReLU), evrişim katmanından sonra uygulanan bir aktivasyon katmanıdır. Bu katman özellikle ağda düzensizliği ortaya çıkarır. Daha önce, tanh ve sigmoid işlevi gibi doğrusal olmayan işlevler uygulanıyordu. Ancak, son zamanlarda ReLU, derin sinir ağlarına dayalı olarak geliştirilen modellerde en sık kullanılan aktivasyon fonksiyonu olmuştur. Sık kullanılması en büyük nedeni ise, ağın doğruluğunu bozmadan eğitimi hızlandırmasına olanak tanımasıdır. Bu fonksiyonda,  $x$ 'in değeri sıfırdan büyükse  $x$ 'in çıktısı,  $x$ 'in değeri sıfırdan küçük veya ona eşitse çıktısı sıfırdır. ReLU doğrusal olmayan işlevini kullanmanın temel avantajı, sıfırdan büyük tüm girdiler için sabit bir türev olmasıdır. Bu sabit türev, ağ öğrenimini hızlandırır. ReLU Denklem (3)'teki gibi hesaplanmaktadır.

$$f(x) = \begin{cases} 0 & x \leq 0 \\ 1 & x > 0 \end{cases} \quad (3)$$

Havuzlama katmanı, evrişimli katmanların hemen arasına yerleştirilir. Uygulanan görüntülerin boyutunu azaltmak için evrişimli katmanı, aşırı öğrenme sorunlarını kontrol etmeye ve böylece hesaplama maliyetini düşürmeye yardımcı olan havuzlama katmanı takip etmelidir. Havuzlama katmanları, maksimum havuzlama ve ortalama havuzlama olmak üzere iki tiptir. İşlemin çoğu,  $2 \times 2$  filtre adımıyla maksimum havuzlamayı kullanır. Bu katman aynı zamanda aşağı örnekleme katmanı olarak da bilinir. Havuzlama, sabit fonksiyon hesaplama özellikleriyle iyi tanımlandığı için parametreleri içermez.

Tamamen bağlı katman, ağın istenen çıktısına yol açacak nihai sınıflandırmayı hesaplamaktadır. Bu katmandan önce

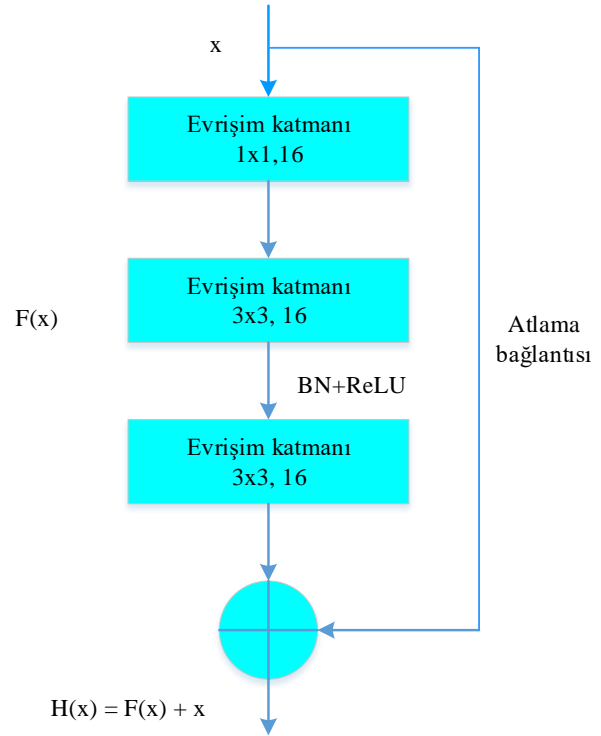
düzleştirme katmanı, ReLU aktivasyon katmanı ile birlikte ilerleyen evrişim ve havuzlama katmanı sonucunda elde edilen çıktıyı dikkate alır ve aynı anda N boyutlu vektör üretir. Tamamen bağlı bir katmandaki her bir nöron ise, bir önceki katmandaki tüm nöronlarla bağlantı kurar ve çıktı değerini sınıflandırıcıya gönderir. Daha sonra, softmax sınıflandırıcı tipik olarak kan hücreleri örnek görüntülerinin kesin bir etikete uygun şekilde olasılığını tahmin etmek için kullanılır. Derin öğrenme mimarilerine dayanan softmax sınıflandırıcı ESA'da yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu sınıflandırıcı, her sınıf için 0-1 arasında olasılıksal değerler üretir. Sonuç olarak en yüksek olasılık değeri model tarafından tahmin edilen sınıfı verir [25].

### 3.2. Artık Ağ ve Sıkma-Uyarma (SU) Bloğu (Residual Network and Squeeze-Excitation (SE) Block)

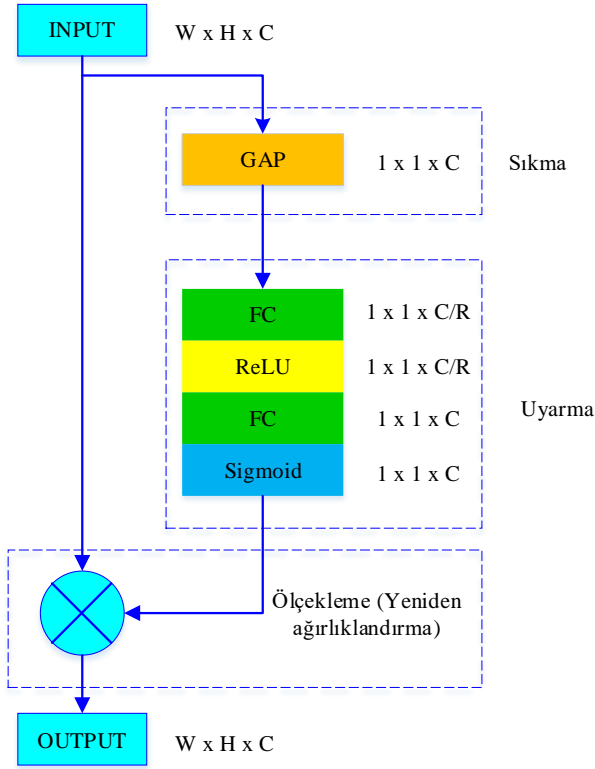
Evrişimli bir ağ oluştururken, ağın derinliği ne kadar yüksek olursa, çıkarılabilecek özellik hiyerarşisi o kadar zengin olur. Ancak, daha yüksek seviyeli özellikler elde etmek için daha derin ağ yapılarını kullanırken, gradyan kaybolması ve ağ bozulması gibi sorunlarla karşılaşmaktadır. Bu sorunları çözebilmek için artık ağ mimarisi geliştirilmiştir. Artık ağ mimarisinin en önemli avantajlarından biri, kimlik eşleme yolu bağlantıları aracılığıyla gradyan kaybolması sorununu çözmesidir. Çok sayıda gizli katmana sahip ağlar için, birkaç hesaplama katmanından sonra, gradyanları kademeli olarak 0'a düşecek ve ağırlıkların güncellenemeyeceği gerçeğiyle sonuçlanacaktır. Artık ağ bu sorunu bir kısayol atlama bağlantısı ile çözmektedir. Atlama bağlantısı, aradaki bazı katmanları atlayarak bir katmanın aktivasyonlarını diğer katmanlara bağlar. Diğer bir ifadeyle, girdinin çıktıya bağlanmasıdır. Atlama bağlantısına aynı zamanda kimlik eşlemede denilmektedir. Bu artık bir blok oluşturur. Artık ağlar, bu artık blokların bir araya getirilmesiyle elde edilir. Artık ağların arkasındaki temel fikir, optimize edilecek genel bir  $H(x)$  amaç fonksiyonunu artık değeriyle, yani  $F(x) = H(x) - x$  ile değiştirmektir. Böylece orijinal fonksiyon, basitçe girişi geri ekleyerek artık bloğun çıktısını yani;  $H(x) = F(x) + x$  elde edilir (Şekil 1). Böylece çıktı katmanına girdi verileri eklenerek geçmiş katmana ait verilerin ileri katmanlara etkin bir şekilde iletilmesi amaçlanmaktadır [26]. Artık blok, 1x1 evrişim katmanları, 3x3 evrişim katmanları, yığın normalleştirme (BN-Batch normalization) katmanları ve ReLU aktivasyon katmanlarını içermektedir.

Sıkma-Uyarma (SU) bloğu [27], ağın bilgilendirici özellikleri seçerek öğrenebildiği ve yararsız olanları kaldırebildiği, kanal bazlı bir dikkat mekanizmasıdır. SU, önemli özellikleri iyileştirmek ve daha az faydalı olan özellikleri devre dışı bırakmak için özellik yeniden kalibrasyonunu gerçekleştirir. Bu blok, belirli ağ yapısının ağ modülünden bağımsızdır ve hesaplama maliyetinde yalnızca küçük bir artışla mevcut ESA ağ modeline gömülebilir, böylece ağ modelinin ağ eğitim performansını geliştirir ve ağın verimliliğini artırır. Şekil 2'de gösterildiği gibi, SU bloğu temel olarak sıkma ve uyarma olmak üzere iki alt modül içerir. Belirli bir girdi ( $W \times H \times$

C) için, bir kanal tanımlayıcısı elde etmek için önce Sıkma işleminden, yani bir küresel ortalama havuzlamadan (Global Average Pooling-GAP) geçirilir. Burada her kanal için özellik haritaları, GAP gibi bir kanal tanımlayıcı işlevi kullanılarak 1 x 1 özellik haritalarına sıkıştırılır. Bu aşama, kanal hakkında genel bilgileri içeren bir skaler değer üretir. Sıkma işleminin amacı, küresel bir alıcı alana sahip olmaktır, böylece ağı alt katmanları da küresel bilgiyi kullanabilir [28]. Ardından, uyarma aşamasında, sıkma aşamasında toplanan kanal tanımlayıcıları kullanılarak kanal bazlı bağımlılıklar incelenir. Bu işlemin amacı, her bir özellik kanalının ağırlığını oluşturmak için parametreleri öğrenerek özellik kanalları arasındaki karşılıklı bağımlılığı modellemektir [28]. Bu, tamamen bağlantılı (Fully connected-FC) katmanlar ve doğrusal olmayan işlevler kullanılarak gerçekleştirilebilir. İlk FC katmanından sonra özellik haritalarının boyutu C'den C/R'ye (R boyutluluk azaltma oranı) değişir. Bundan sonra, ağı daha doğrusal olmayan hale getirmek için ReLU aktivasyon işlevi kullanılır, bu da kanallar arasındaki karmaşık korelasyona daha iyi uyum sağlayabilir. Daha sonra başka bir FC katmanı aracılığıyla özellik boyutları geri yüklenir ve Sigmoid aktivasyon fonksiyonu ile 0 ve 1 arasındaki normalleştirilmiş ağırlıklar elde edilir. Son olarak, normalleştirilmiş ağırlıklar, ölçek işlemiyle her bir kanal özelliği için yeniden ağırlıklandırılır [29]. Nihai ölçek işlemi,  $W \times H \times C$  çıktısına dönüşür. Giriş ve çıkış şekli aynıdır, ancak her konumdaki değerler yeniden kalibre edilir.



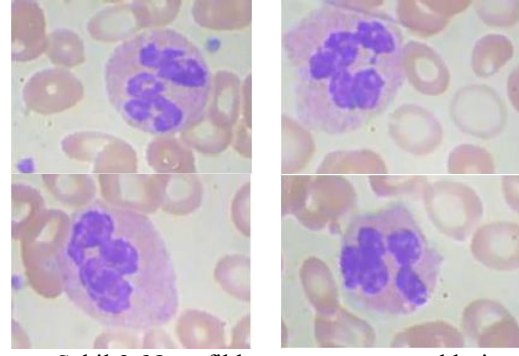
Şekil 1. Artık blok mimarisi (Architecture of residual block)



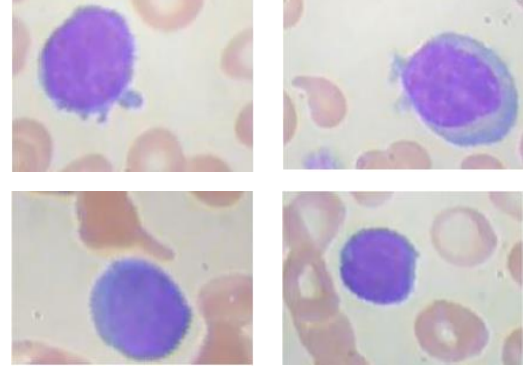
Şekil 2. Sıkma-uyarma blok yapısı  
(Squeeze-excitation block structure)

### 3.3. Veriseti (Dataset)

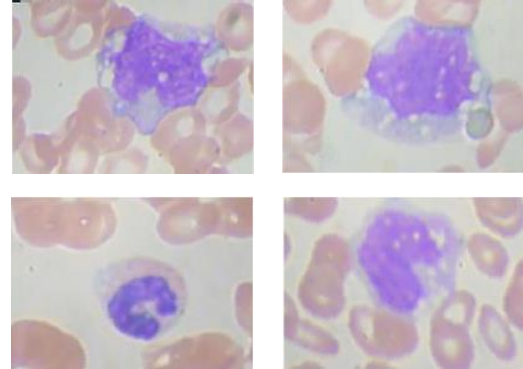
Bu çalışmada, önerilen modelin sınıflandırma performansını test etmek için dört yaygın beyaz kan hücresi türü kullanılmıştır. Spesifik olarak nötrofiller, lenfositler, monositler ve eozinofiller kullanılır, çünkü bunların mikroskopik görüntüleri (Dataset 2-master) genel olarak iki kısımda sağlanır: eğitim ve test [30]. Eğitim görüntüleri için 2497 eozinofil, 2483 lenfosit, 2478 monosit ve 2499 nötrofil ve test görüntüleri için eozinofil için 623, lenfositler için 620, monositler için 620 ve nötrofil için 624 dahil olmak üzere toplam 12444 mikroskopik beyaz kan hücre görüntüsünden oluşur. Tüm görseller  $320 \times 240 \times 3$  boyutunda ve JPEG formatındadır. Her beyaz kan hücresi türü, insan vücudundaki uzamsal karakterlere ve benzersiz bir yapıya sahiptir. Bu nedenle, aşağıda kısa bir açıklama verilmiştir. Nötrofiller: Nötrofillerin üç ile dört loblu bir çekirdeği ve pembe-kumlu, granüler bir sitoplazması vardır. Şekil 3, nötrofil hücre örneklerini göstermektedir. Lenfositler: Lenfositler, yoğun şekilde boyanmış, yoğunlaştırılmış küresel ve tek parça bir çekirdeğe ve küçük bir mavi sitoplazma kenarına sahip küçük hücrelerdir. Örnek görüntüler Şekil 4'te gösterilmiştir. Monositler: Monositler, normal bir periferik (bir bölgenin ya da alanın çeperi) kan yaymasında gözlemlenen en büyük beyaz kan hücreleridir. Genellikle vakuollerle dolu grimsi mavi bir sitoplazmaya ve ayırt edici bir katlanmış çekirdeğe sahiptirler. Örnekler, Şekil 5'te verilmiştir. Eozinofiller: Sitoplazmadaki turuncu granülleri ve karakteristik iki loblu çekirdeği ile tanınırlar. Eozinofil hücrelerinin örnekleri Şekil 6'da verilmiştir.



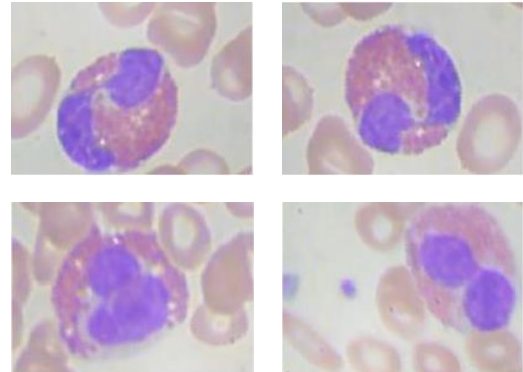
Şekil 3. Nötrofil hücre görüntü örnekleri  
(Examples of Neutrophil cell images)



Şekil 4. Lenfosit hücre görüntü örnekleri  
(Examples of Lymphocytes cell images)



Şekil 5. Monosit hücre görüntü örnekleri  
(Examples of Monocytes cell images)



Şekil 6. Eozinofil hücre görüntü örnekleri  
(Examples of Eosinophils cell images)

### 3.4. Önerilen Yöntem (Proposed Method)

Bu çalışmada, Kan Hücre Sayımı ve Tespiti (Blood Cell Count and Detection - BCCD) [30] veri setinden elde edilen kan yayması görüntülerinde beyaz kan hücre türünü sınıflandırmak için derin öğrenme tabanlı bir yöntem önerilmiştir. Önerilen yöntem Şekil 7’de gösterildiği gibi Sıkma-uyarma bloğu ile artık ağ (SU-AA) mimarisinin birleşiminden oluşmaktadır. Bu yöntemde ağ mimarisinin girişine verilen görüntüye 3 defa ard arda SU-AA uygulanmaktadır. Şekil 7’de görüldüğü gibi SU-AA yönteminde artık blok içerisinde 2B Evrişimler, BN, ReLU, SU bloğu ve atlama bağlantısı yer almaktadır. Önerilen yöntemde artık blok içerisinde, öncelikle girdi görüntüsüne 1x1 çekirdek boyutunda 16 filtreden ve 3x3 çekirdek boyutunda 16 filtreden oluşan 2B evrişim işlemleri uygulanmaktadır. Evrişim işlemi ile girdi görüntüsü üzerinde belirli bir adım değerine göre kayarak özellikler otomatik olarak öğrenilir. Evrişim işlemi, özellik haritalarıyla sonuçlanır. Bu iki evrişim işleminden sonra elde edilen özellik haritasına, eğitim sürecini düzenlemek ve hızlandırmak için BN uygulanır. Ardından elde edilen çıktı ReLU aktivasyon fonksiyonundan geçirilmektedir. ReLU, ESA’da en sık kullanılan aktivasyon fonksiyonu olduğundan dolayı kullanılmaktadır. Eğitim için gradyan iniş teknikleri kullanıldığında ReLU, diğer aktivasyon fonksiyonlarından daha hızlıdır. ReLU’dan sonra elde edilen özellik haritasına 3x3 çekirdek boyutunda ve 16 filtreden oluşan yeni bir 2B evrişim işlemi uygulanmakta ve elde edilen çıktı SU bloğunun girişine verilmektedir. SU, artık ağlarla birleştiğinde, sistem maliyetini çok az artırarak artık ağların sınıflandırma performansını arttırmaktadır. SU bloğunun yapısı Şekil 2’de gösterilmektedir. SU bloğunun çıktısına artık bloklarda kullanılan atlama bağlantıları sayesinde girdi eklenerek elde edilen özellik haritasına sırasıyla BN, ReLU ve maksimum havuzlama uygulanmaktadır. Maksimum havuzlama katmanının görevi aşağı örneklemedir. Hesaplama maliyetini arttırmadan gereksiz özellikleri ve özellik haritasının boyutunu azaltır. Bu çalışmada, MaxPooling2D katmanında, özellik haritasının boyutunu yarıya indirmek için filtre boyutu 2’dir ve adım (stride) 2’dir. Bu işlemler ard arda 3 defa gerçekleştirilmektedir. Tüm bu işlemlerin ardından elde edilen özellik haritasına aşırı öğrenmeyi önlemek için ağda 0,25 oranında bırakma (dropout) katmanı uygulanmaktadır. Bırakma oranı (dropout rate), uygulamalara ve sonuçların optimalliğine göre seçilir. Bırakma katmanından sonra küresel ortalama havuzlama katmanı (Global average pooling-GAP) uygulanmaktadır. GAP, klasik ESA’larda tamamen bağlı katmanları değiştirmek için tasarlanmış bir havuzlama işlemidir. GAP ile son katmandaki sınıflandırma görevinin karşılık gelen her kategorisi için bir özellik haritası oluşturulmaktadır. Özellik haritalarının üstüne tamamen bağlı katmanlar eklemek yerine, her bir özellik haritasının ortalaması alınmakta ve elde edilen vektör doğrudan softmax katmanına aktarılmaktadır. Ayrıca önerilen yöntemde GAP kullanımının avantajı, global ortalama havuzlamada optimize edilecek bir parametre olmaması ve dolayısıyla bu katmanda aşırı öğrenmenin önlenmesidir. GAP’ın çıktısı, özellikleri sınıflandırmak ve beyaz kan hücre türünü tahmin etmek için bir softmax fonksiyonuna

verilir. Softmax, her sınıfa olasılıklar atar ve bu olasılıkların toplamı bire eşit olur. Önerilen yöntem ile ilgili detaylı bilgiler Tablo 1’de verilmiştir. Tablo 1 incelendiğinde önerilen yöntem ile elde edilen toplam parametre sayısı 106,356’dır. Toplam eğitilebilir parametre sayısı 105,908’dir. Ayrıca önerilen modelin keras kütüphanesinin Keras Visualization özelliği kullanılarak şematik olarak gösterimi Şekil 8-10’da gösterilmiştir.

## 4. DENEYSEL SONUÇLAR VE TARTIŞMA (EXPERIMENTAL RESULTS AND DISCUSSION)

Bu bölümde deneylerde kullanılan hiperparametrelerin ayarları ve deneysel sonuçlar yer almaktadır.

### 4.1. Hiperparametre Ayarları (Hyperparameter Settings)

Tüm uygulamalar için python programlama dili kullanılmıştır. Python kodları Kaggle notebook’ta yazılmıştır. Veri setindeki tüm görüntüler 120x120x3 boyutuna dönüştürülmüştür. Ayrıca verisetinde (Dataset 2-master) bulunan tüm beyaz kan hücre görüntüleri karıştırılmıştır. Ardından karıştırılan bu görüntüler eğitim (train) için %80, doğrulama (validation) için %10 ve test için %10 alınarak uygulamalar gerçekleştirilmiştir. Yani 12444 görüntüden eğitim örneği sayısı olarak 9955, doğrulama örneği sayısı olarak 1245 ve test örneği sayısı olarak 1244 görüntü alınmıştır. Görüntüler RGB oldukları için derin öğrenme mimarisinin girişine 120x120x3 boyutuna sahip görüntüler verilmiştir. Önerilen yöntem, 32 batch size, 50 epoch’ta ve adam optimizer kullanılarak eğitilmiştir. Hiperparametrelere ek olarak, eğitim sürecini optimize etmek için üç özel geri arama (callback) kullanıyoruz. İlk geri arama, doğrulama kaybı iyileşmeyi durdurduğunda öğrenme oranını azaltmak için kullanılan ReduceLROnPlateau geri aramasıdır. Bu, aşırı uyumdan kaçınmaya ve eğitim sürecini stabilize etmeye yardımcı olur. Bu geri aramada öğrenme oranının alt sınırı (min\_learning\_rate) olarak 0,000001 alınmıştır. Ayrıca öğrenme oranının azaltılacağı faktör değeri olarak 0,3’tür. İkinci geri arama, eğitim sırasında belirli aralıklarla model ağırlıklarını kaydetmek için kullanılan ModelCheckpoint geri aramasıdır. Bu, doğrulama doğruluğuna dayalı olarak en iyi modeli kaydetmemize ve ileride kullanmak üzere yüklememize olanak tanır. Üçüncü geri arama ise, EarlyStopping (erken durdurma)’dır. Erken durdurma, model doğruluğundan ödün vermeden fazla uydurmaya azaltmak için kullanılan bir optimizasyon tekniğidir. Erken durdurmanın ardındaki ana fikir, bir model aşırı uyum sağlamaya başlamadan önce eğitimi durdurmaktır. Bu geri aramada, eğitimin durdurulacağı, iyileşme olmayan dönemlerin sayısı (patience değeri) 10 alınmıştır. Önerilen yöntemin sınıflandırma performansını değerlendirmek için karışıklık matrisi ve karışıklık matrisinden elde edilen sınıflandırma değerlendirme ölçütleri kullanılmaktadır. Bu değerlendirme ölçütleri, doğruluk (accuracy), kesinlik (precision), duyarlılık (recall) ve F1 skorudur (F1-score). Bu ölçütler şu şekildedir. Bir karışıklık matrisi Gerçek Pozitif (True Positive-TP), Gerçek Negatif (True Negative-TN), Yanlış Negatif (False Negative-FN) ve Yanlış Pozitif

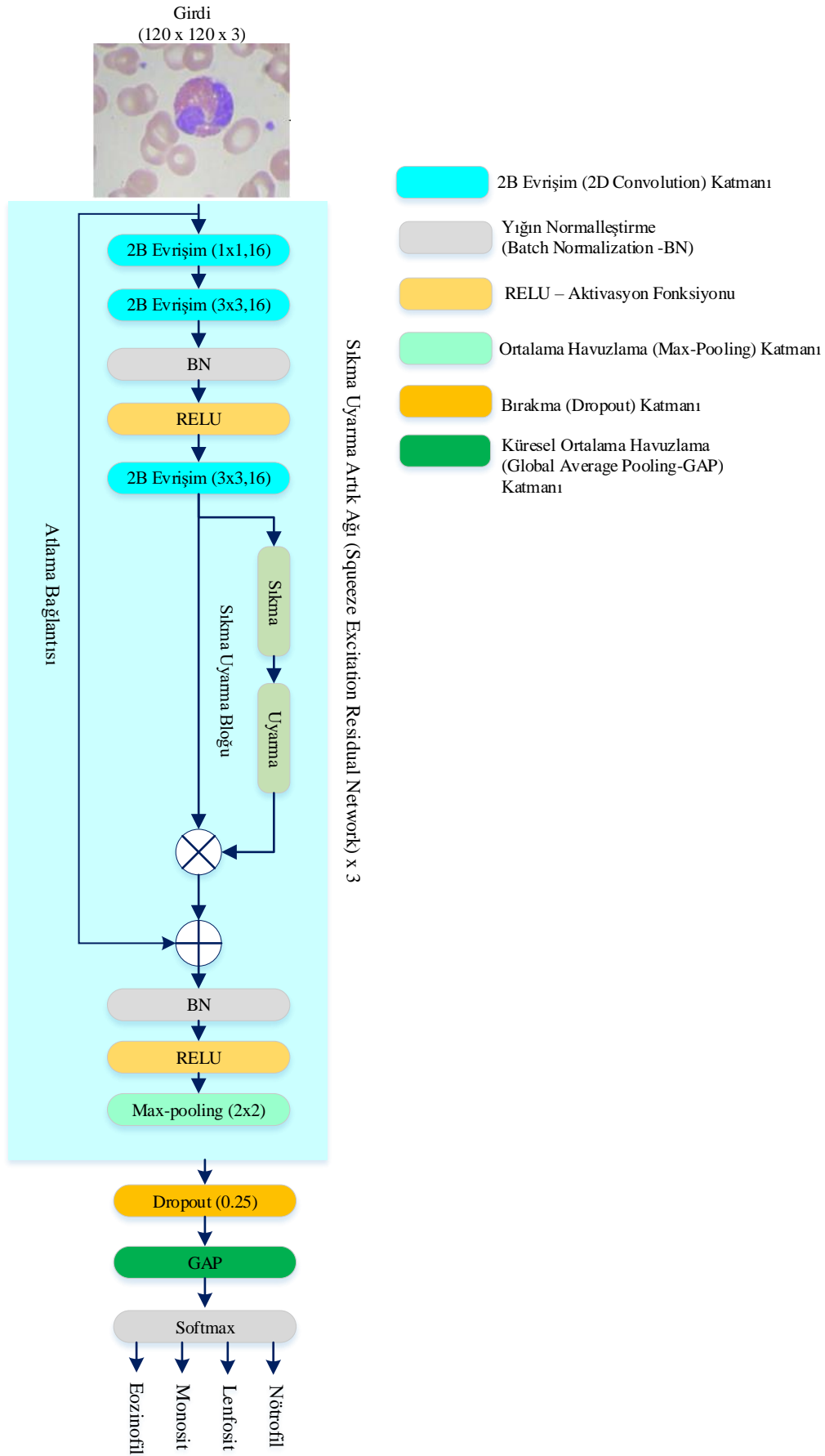
(False Positive-FP) değerlerinden oluşur. Bu çalışmada TP, sınıflandırıcı belirli bir beyaz kan hücresinin sınıfını doğru tahmin ettiğinde gerçekleşir. TN, sınıflandırıcı bir hücre görüntüsünün belirli bir beyaz kan hücresi sınıfına ait olmadığını teşhis ettiğinde gerçekleşir. FP, sınıflandırıcı negatif örneği yanlış bir şekilde pozitif olarak tahmin ettiğinde gerçekleşir. FN, sınıflandırıcı pozitif örneği yanlış bir şekilde negatif olarak tahmin ettiğinde gerçekleşir. Önerilen yöntemin karışıklık matrisi Şekil 11’de verilmiştir. Şekil 11’deki karışıklık matrisi dikkate

alındığında, 327 görüntüden 326 eozinofil görüntüsünün doğru şekilde tahmin edildiğini, 298 lenfosit görüntüsünün tamamının ve 316 monosit görüntüsünün tamamının başarıyla tahmin edildiğini ve 303 görüntüden 303 nötrofil görüntüsünün doğru şekilde tahmin edildiğini göstermektedir. Her beyaz kan hücresi türüne göre doğru şekilde sınıflandırılan test örneklerinin sayısının toplam test örnekleri sayısına oranı, doğrulukla (accuracy) gösterilir ve Denklem (4)’teki gibi hesaplanır.

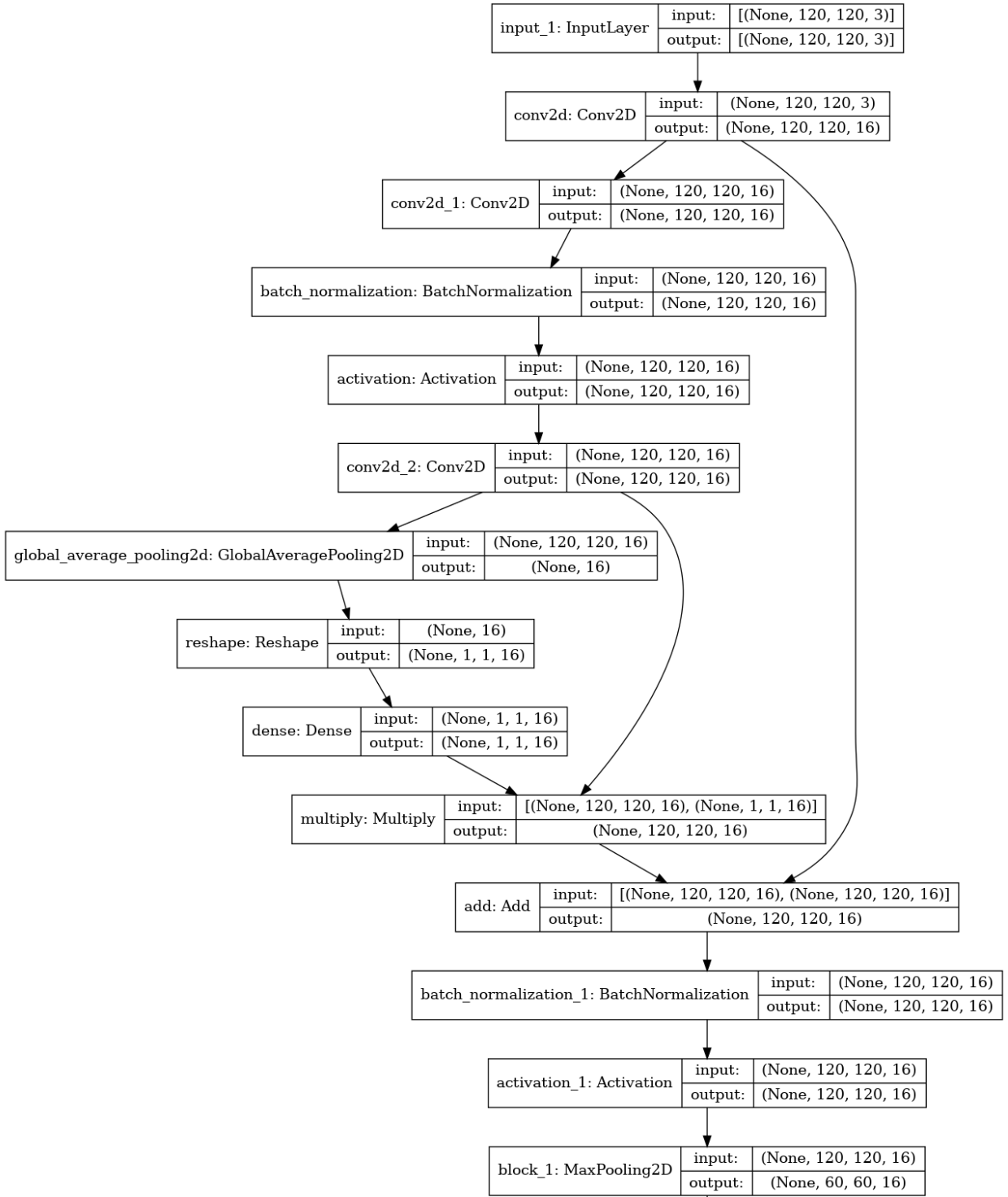
Tablo 1. Önerilen yöntem ile ilgili detaylı bilgiler  
(Detailed information about the proposed method)

Katman	Çıktı Boyutu	Parametre Sayısı	Bağlı olunan Katman
Input	120x120x3	0	-
Conv2D_1	120x120x16	64	Input
Conv2D_2	120x120x16	2320	Conv2D_1
BN	120x120x16	64	Conv2D_2
Activation (ReLU)	120x120x16	0	BN
Conv2D_3	120x120x16	2320	Activation (ReLU)
Global Average Pooling	16	0	Conv2D_3
Reshape	1x1x16	0	Global Average Pooling
Dense	1x1x16	272	Reshape
Multiply	120x120x16	0	Conv2D_3, Dense
Add	120x120x16	0	Conv2D_1, Multiply
BN_1	120x120x16	64	Add
Activation_1	120x120x16	0	BN_1
MaxPooling2D	60x60x16	0	Activation_1
Conv2D_4	60x60x32	544	MaxPooling2D
Conv2D_5	60x60x32	9248	Conv2D_4
BN_2	60x60x32	128	Conv2D_5
Activation_2	60x60x32	0	BN_2
Conv2D_6	60x60x32	9248	Activation_2
Global Average Pooling_1	32	0	Conv2D_6
Reshape_1	1x1x32	0	Global Average Pooling_1
Dense_1	1x1x32	1056	Reshape_1
Multiply_1	60x60x32	0	Conv2D_6, Dense_1
Add_1	60x60x32	0	Conv2D_4, Multiply_1
BN_2	60x60x32	128	Add_1
Activation_3	60x60x32	0	BN_2
MaxPooling2D_1	30x30x32	0	Activation_3
Conv2D_7	30x30x64	2112	MaxPooling2D_1
Conv2D_8	30x30x64	36928	Conv2D_7
BN_3	30x30x64	256	Conv2D_8
Activation_4	30x30x64	0	BN_3
Conv2D_9	30x30x64	36928	Activation_4
Global Average Pooling_2	64	0	Conv2D_9
Reshape_2	1x1x64	0	Global Average Pooling_2
Dense_2	1x1x64	4160	Reshape_2
Multiply_2	30x30x64	0	Conv2D_9, Dense_2
Add_2	30x30x64	0	Conv2D_7, Multiply_2
Activation_5	30x30x64	0	Add_2
BN_4	30x30x64	256	Activation_5
Dropout	30x30x64	0	BN_4
Global Average Pooling_3	64	0	Dropout
Dense_3	4	260	Global Average Pooling_3
Toplam parametre sayısı		106,356	
Eğitilebilir parametre sayısı		105,908	
Eğitilemeyen parametre sayısı		448	

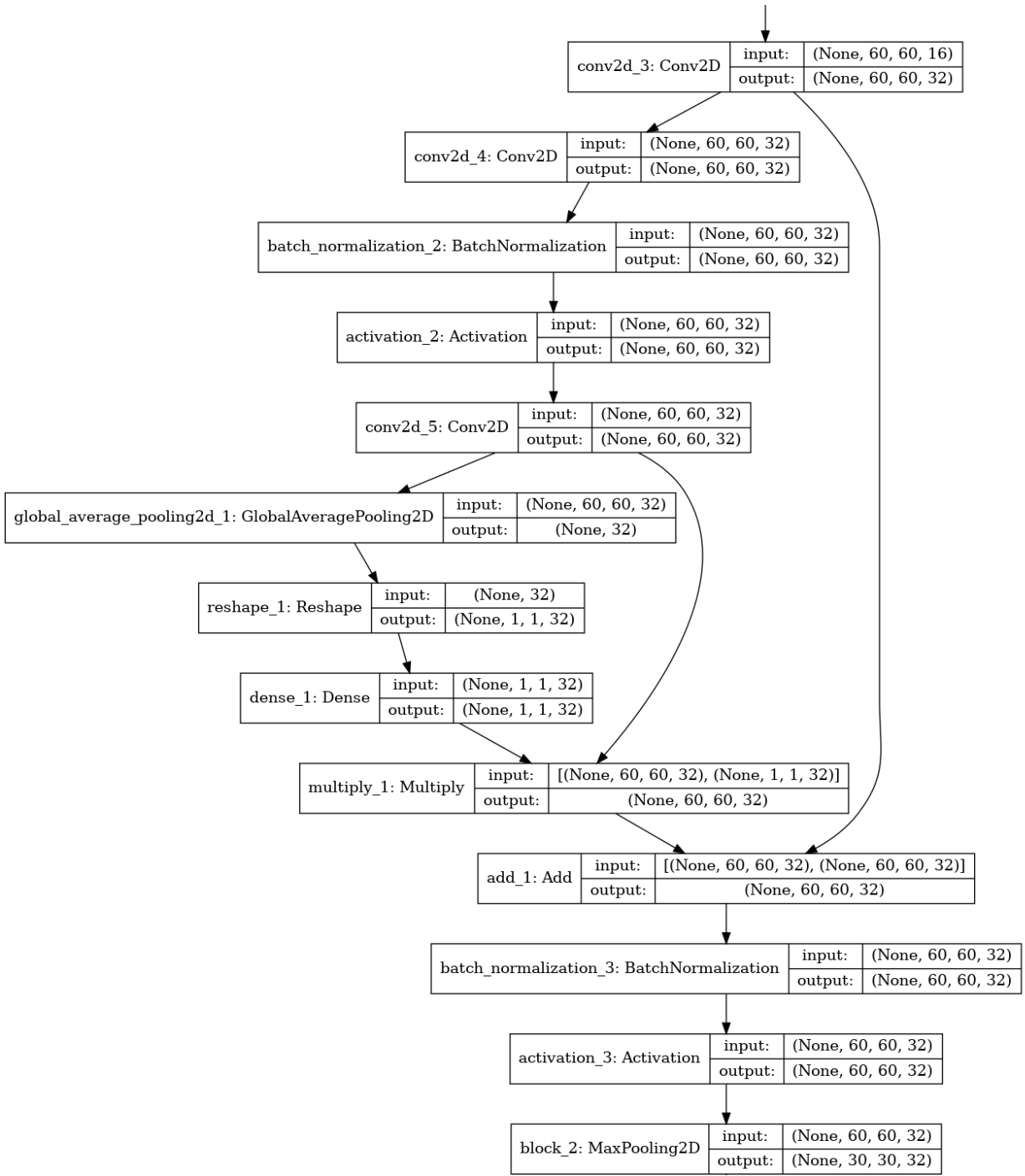




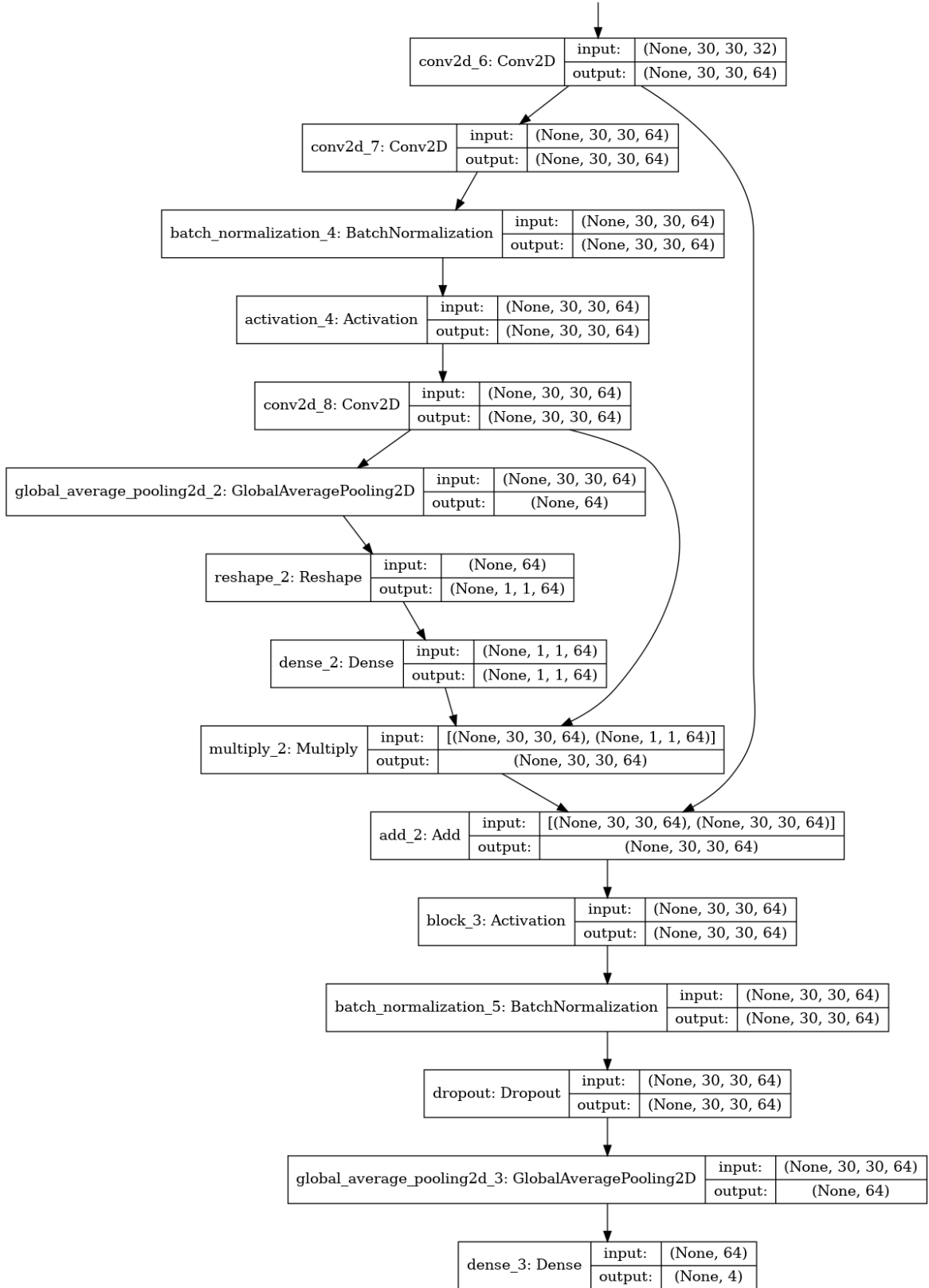
Şekil 7. Beyaz kan hücresi sınıflandırması için önerilen yöntem mimarisi  
(Proposed method architecture for white blood cell classification)



Şekil 8. Önerilen modelin şematik olarak gösterimi  
(Schematic representation of the proposed model)



Şekil 9. Önerilen modelin şematik olarak gösterimi (Devamı)  
(Schematic representation of the proposed model- Continued)



Şekil 10. Önerilen modelin şematik olarak gösterimi (Devami)  
(Schematic representation of the proposed model- Continued)

$$\text{Doğruluk (Accuracy)} = \frac{TP + TN}{TP + FP + FN + TN} \quad (4)$$

Her bir beyaz kan hücresi türü tarafından doğru bir şekilde sınıflandırılan pozitif örneklerin sayısının gerçek gözlenen pozitif örneklerin sayısına oranı, duyarlılık (recall) ile belirtilir ve Denklem (5)'teki gibi hesaplanır.

$$\text{Duyarlılık (Recall)} = \frac{TP}{TP + FN} \quad (5)$$

Her bir beyaz kan hücresi türü tarafından doğru şekilde sınıflandırılan pozitif örneklerin sayısı ile pozitif örnekler olarak sınıflandırılan örneklerin sayısı Kesinlik tarafından belirlenir ve Denklem (6)'daki gibi hesaplanır.

$$\text{Kesinlik (Precision)} = \frac{TP}{TP + FP} \quad (6)$$

F1-skor, kesinlik ve duyarlılık oranının harmonik ortalamasına karşılık gelir. F1-skoru, 0-1 arasında bir değer alır, her bir beyaz kan hücre sınıflandırma modelinin daha iyi performansı, daha yüksek bir F1-skoruna karşılık gelir ve Denklem (7)'deki gibi hesaplanır.

$$\text{F1 - skor} = \frac{2 \times \text{Precision} \times \text{Recall}}{\text{Precision} + \text{Recall}} \quad (7)$$

Eozinofil	326	0	0	1
Lenfosit	0	298	0	0
Monosit	0	0	316	0
Nötrofil	0	0	0	303
	Eozinofil	Lenfosit	Monosit	Nötrofil

Şekil 11. Önerilen yöntemin karışıklık matrisi  
(Confusion matrix of the proposed method)

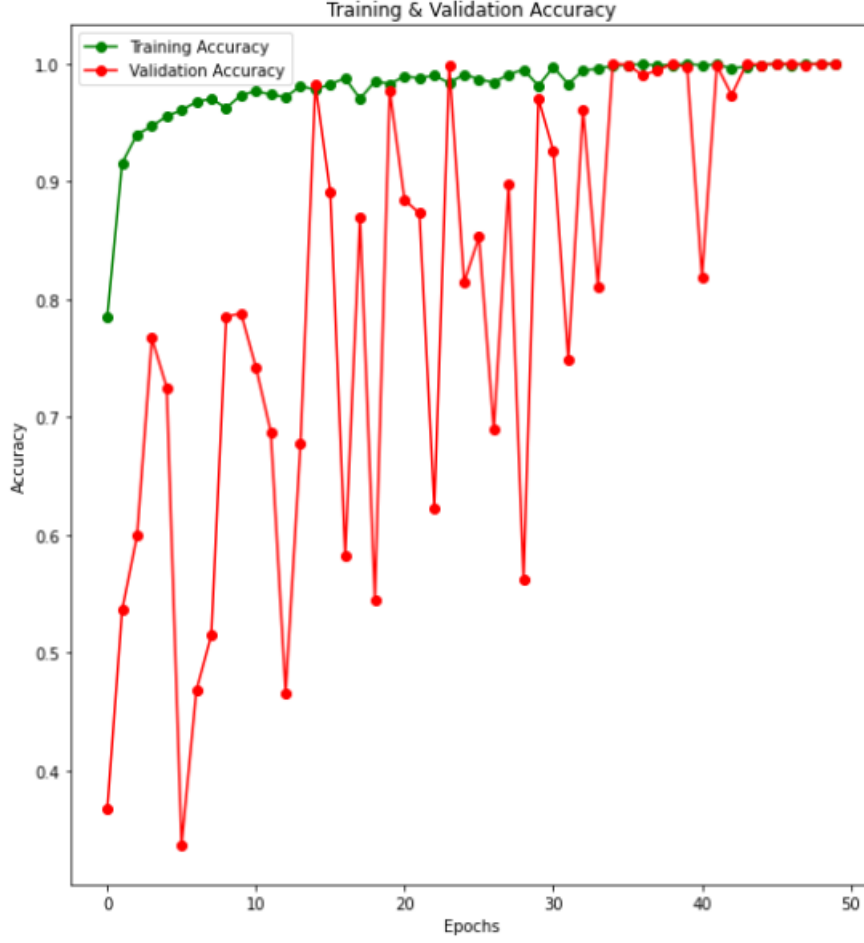
#### 4.2. Deneysel Sonuçlar (Experimental Results)

Karışıklık matrisine göre önerilen yöntemin her bir beyaz kan hücresi türüne göre doğruluk, kesinlik, duyarlılık ve F1-skor değerleri Tablo 2'de verilmiştir. Tablo 2 incelendiğinde Lenfosit ve Monosit görüntülerinin %100, Eozinofil ve Nötrofil görüntülerinin %99,92 doğru

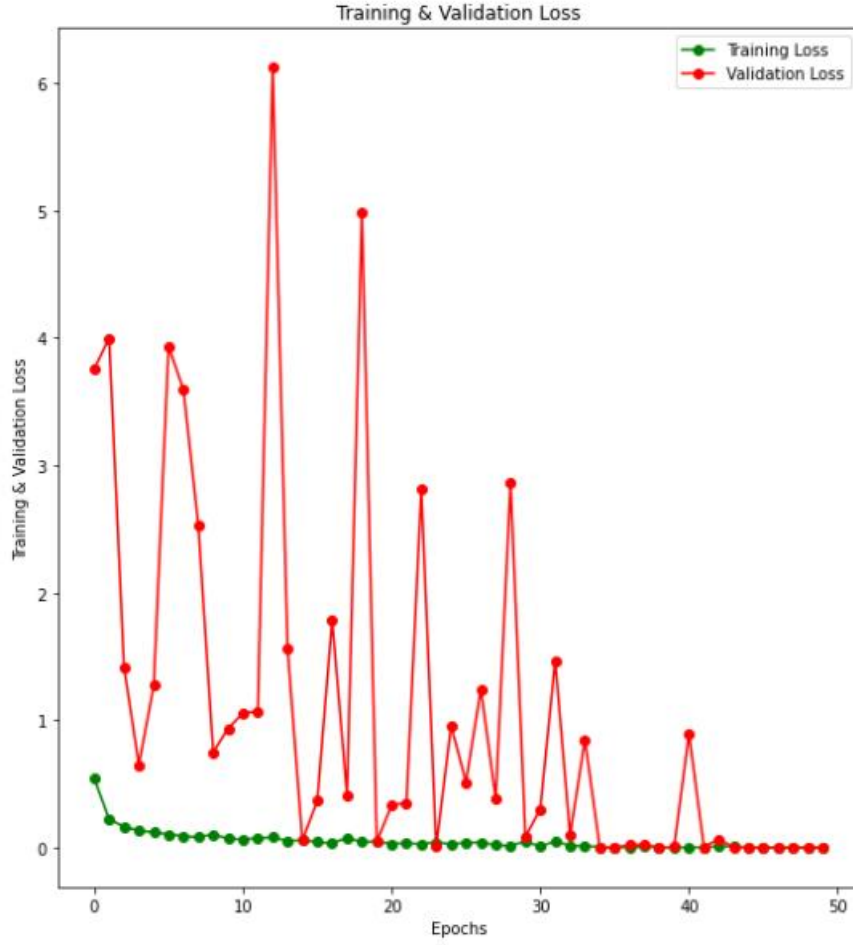
sınıflandırıldıkları görülmektedir. Dört hücre türünden monosit ve lenfositler en yüksek doğruluk, kesinlik, duyarlılık ve F1-skor değerine sahiptir. Bu dört hücre türünün makro ortalama sınıflandırma doğruluk değeri %99,96, kesinlik, duyarlılık ve F1-skor değeri %99,92'dir. Makro ortalama doğruluk, kesinlik, duyarlılık ve F1-skor değerleri sınıf başına tüm doğruluk, kesinlik, duyarlılık ve F1-skor değerlerinin aritmetik ortalaması kullanılarak hesaplanmaktadır. Önerilen görüntü sınıflandırma yönteminin sınıflandırma performansı, Tablo 3'te gösterildiği gibi doğruluk, kesinlik, duyarlılık ve F1-skor açısından son yıllardaki ESA tabanlı yöntemler ile karşılaştırılmıştır. Tüm yöntemlerde her bir beyaz kan hücresi türü için hesaplanan değerlendirme ölçütlerinin ortalama değerleri alınarak karşılaştırmalar yapılmıştır. Önerilen yöntem %99,96 doğruluk ve %99,92 kesinlik, duyarlılık, F1-skor değeri ile en iyi sınıflandırma performansına sahiptir. Önerilen yöntem en yakın sonuçlar %99,85 doğruluk, %99,75 kesinlik, duyarlılık ve F1-skoru ile Çınar vd. [22] tarafından önerilen yöntemde elde edilmiştir. Diğer yöntemlerden önerilen yöntem en yakın sonuçlar sırasıyla %99,5 doğruluk, %99 kesinlik, duyarlılık ve F1-skoruna sahip Nahzat vd. [31] ile %99,12 doğruluk ve kesinlik değeri, %99,10 duyarlılık ve %99,11 F1-skoruna sahip Khan vd. [32] tarafından önerilen yöntemlerdir. En düşük sınıflandırma doğruluğu %90 doğruluk ve duyarlılık ile %91 kesinlik ve F1-skor değerine sahip Liang vd. [13] tarafından önerilen yöntemde elde edilmiştir. Tüm yöntemleri karşılaştırmak için kullanılan bir diğer parametre ise toplam eğitilebilir parametre sayısıdır. Tüm yöntemler dikkate alındığında önerilen yöntemin 105,908 ile en düşük parametre sayısına sahip olduğu görülmektedir. Sınıflandırma performansı açısından önerilen yöntem en yakın sonuç Çınar vd. [22], Nahzat vd. [31], Khan vd. [32] tarafından önerilen yöntemlerde elde edilmiştir. Bu yöntemlerin genelinde %99'dan daha yüksek doğruluk değerleri elde edildiği görülmektedir. Ancak bu yöntemlerin parametre sayıları sırasıyla 67 milyon, 1,494,628 ve 100 milyondur. Bununla birlikte, bu yöntemlerin daha fazla sayıda eğitilebilir parametreye sahip olduğu ve bunun da hesaplama maliyeti açısından bir dezavantaj olduğu belirtilmelidir. Önerilen yöntem ile elde edilen parametre sayısına en yakın 126,000 parametre ile Hosseini vd. [33] ve 133,000 parametre ile Banik vd. [34] yöntemlerinde elde edilmiştir. Ancak Tablo 3 dikkate alındığında bu yöntemlerin doğruluk, kesinlik, duyarlılık ve F1-skor değerleri önerilen yöntem ile elde edilen değerlerden düşüktür. Tablo 3'teki tüm değerler ele alındığında, önerilen yöntem düşük eğitilebilir parametre sayısına sahip olmakla birlikte en iyi sınıflandırma sonuçlarını elde etmiştir. Önerilen yöntemin beyaz kan hücre sınıflandırmasında ele alınan diğer derin öğrenme tabanlı yöntemlere kıyasla yalnızca daha iyi sınıflandırma doğruluğu değil, aynı zamanda daha iyi hesaplama verimliliği de sunduğu görülmektedir. Eğitim (train)-doğrulama (validation) doğruluğu Şekil 12'de ve eğitim-doğrulama kaybı (loss) 50 epoch için Şekil 13'de verilmiştir. Epoch değeri arttıkça, hem eğitim seti hem de doğrulama setindeki doğruluk değerleri artmaktadır. Eşzamanlı olarak, eğitim ve doğrulama kayıp eğrileri, epoch değeri arttıkça düşüş göstermektedir.

Tablo 2. Test setinde önerilen yöntemin performans ölçümleri  
(Performance measures of proposed method on the test set)

Performans metrikleri	Eozinofil	Lenfosit	Monosit	Nötrofil	Makro Ortalama
TP	326	298	316	303	
TN	917	945	927	940	
FP	1	0	0	0	
FN	0	0	0	1	
Doğruluk (Accuracy)	%99,92	%100	%100	%99,92	%99,96
Keskinlik (Precision)	%99,69	%100	%100	%100	%99,92
Duyarlılık (Recall)	%100	%100	%100	%99,67	%99,92
F1-skor (F1-score)	%99,84	%100	%100	%99,83	%99,92



Şekil 12. Eğitim-doğrulama doğruluk eğrisi  
(Training-validation accuracy curve)



Şekil 13. Eğitim-doğrulama kaybı eğrisi  
(Training-validation loss curve)

Tablo 3. Beyaz Kan Hücresi sınıflandırma sonuçlarının en son yöntemlerle karşılaştırılması  
(Comparison of White Blood Cell classification results with state-of-the-art methods)

Çalışma	Doğruluk (%)	Kesinlik (%)	Duyarlılık (%)	F1-skor (%)	Parametre Sayısı
Patil vd. [7]	95,9	95,8	95,8	95,8	23x10 <sup>6</sup> (Xception)
Liang vd. [13]	90	91	90	91	59,621x10 <sup>6</sup>
Cheuque vd. [15]	98,36	98,37	98,37	98,37	1,093,218
Yao vd. [16]	95,7	95,7	95,7	95,7	59,654,540
Baghel vd. [19]	98,9	97,59	97,70	97,63	519,860
Çınar vd. [22]	99,85	99,75	99,75	99,75	67x10 <sup>6</sup> (AlexNet+GoogleNet)
Ridoy vd. [23]	95,81	91,75	91,5	91,6	407,716
Baydilli vd. [35]	96,9	92,50	92,50	92,50	8,238,608
Nahzat vd. [31]	99,5	99	99	99	1,494,628
Banik vd. [34]	97,95	96,25	96	96,12	133,000
Banik vd. [36]	95,19	92,25	90,5	91,37	1,202,000
Hedge vd. [37]	98,7	99	99	99	60x10 <sup>6</sup> (AlexNet)
Khan vd. [32]	99,12	99,12	99,10	99,11	100x10 <sup>6</sup> (AlexNet+ELM)
Hosseini vd. [33]	97	95	94	95	126,000
Pang vd. [38]	94	91	88	89	27,215x10 <sup>6</sup>
Kutlu vd. [39]	97	97	99	98	26x10 <sup>6</sup> (ResNet50)
Proposed Method	99,96	99,92	99,92	99,92	105,908

## 5. SONUÇ (CONCLUSION)

Beyaz kan hücresi testi, kandaki beyaz kan hücrelerinin miktarı hakkında bilgi sağlamaktadır. Beyaz kan hücrelerinin sayısı normal aralığın dışındaysa, çeşitli hastalıkların ortaya çıkmasına yol açabilmektedir. Bu hücre türlerinin görünüşleri arasındaki benzerlik nedeniyle insan gözü tarafından sınıflandırılması çok zordur. Son yıllarda bu görüntülerin sınıflandırılması için ESA tabanlı yöntemler kullanılmaya başlanmıştır. Bu çalışmada, kan görüntülerinde dört tür (eozinofil, lenfosit, monosit ve nötrofil) beyaz kan hücresini sınıflandırmak ve sınıflandırma performansını iyileştirmek için ESA tabanlı bir sınıflandırma tekniği önerilmiştir. Önerilen ESA tabanlı yöntem sıkma-uyarma bloğu ile artık ağırlık birleşiminden oluşan hibrit bir yöntemdir. Ağ derinleştikçe ortaya çıkan gradyan kaybolması ve ağ bozulmaları sorunlarını gidermek için artık ağırlık bağlantıları kullanılmaktadır. Sıkma-uyarma bloğu ise ağırlık bilgilendirici özellikleri seçerek öğrenebildiği ve yararsız olanları kaldırdığı bir yapı sunmaktadır. Bu blok neredeyse hiçbir ek işlem maliyeti gerektirmez. Sınıflandırma görevlerinde performans artırıcı özelliğinden dolayı herhangi bir modele kolay bir şekilde eklenebilmektedir. Son olarak önerilen yöntemde sınıflandırma katmanından önce tam bağlı katmanlar yerine global ortalama havuzlama katmanı kullanılmıştır. Bu katmanın kullanımının avantajı, optimize edilecek bir parametre olmaması ve dolayısıyla bu katmanda aşırı öğrenmenin önlenmesidir. Önerilen yöntemin performansını değerlendirmek için literatürde sıklıkla kullanılan Kan Hücresi Sayımı ve Tespiti (Blood Cell Count and Detection - BCCD) veriseti kullanılmıştır. Bu veriseti kullanılarak önerilen yöntem ile dört hücre türünün ortalaması alındığında %99,96 doğruluk ve %99,92 kesinlik, duyarlılık, F1-skor değerleri elde edilmiştir. Ayrıca beyaz kan hücre görüntü sınıflandırması için literatürde son yıllarda çalışılan ESA modellerinin performansları ile karşılaştırmalı bir bakış sunulmuştur. Hem literatür hem de elde edilen sonuçlar göz önüne alındığında, önerilen yöntemin dört tür beyaz kan hücre sınıflandırmasında diğer yöntemlerden daha iyi sonuç verdiği görülmüştür. Bu sonuçlara göre önerilen yöntemin beyaz kan hücre sınıflandırması için beyaz kan hücre özelliklerini yüksek verimlilik ile doğru bir şekilde çıkarabildiğinden dolayı, klinik uygulamalar için alternatif bir yöntem olarak kullanılabilirliği sonucu çıkarılabilmektedir. Gelecekteki çalışmalarda ise önerilen yöntemin diğer beyaz kan hücresi verisetlerine aktarılabilirliği araştırılacaktır.

## KAYNAKLAR (REFERENCES)

- [1] A. Girdhar, H. Kapur, and V. Kumar, "Classification of White blood cell using Convolution Neural Network", *Biomedical Signal Processing and Control*, 71, 103156, 2022.
- [2] W. Stock and R. Hoffman, "White blood cells I: Non-malignant disorders", *Lancet*, 355, 1351–1357, 2000.
- [3] A. Girdhar, H. Kapur, V. Kumar, M. Kaur, D. Singh, and R. Damasevicius, "Effect of COVID-19 outbreak on urban health and environment", *Air Quality, Atmosphere & Health*, 14(3), 389–397, 2021.
- [4] W. L. Tai, R. M. Hu, H. C. W. Hsiao, R. M. Chen, and J. J. P. Tsai, "Blood cell image classification based on hierarchical SVM", *IEEE International Symposium on Multimedia (ISM)*, California, USA, 129–136, 2011.
- [5] N. Ramesh, B. Dangott, M. E. Salama, and T. Tasdizen, "Isolation and two-step classification of normal white blood cells in peripheral blood smears", *Journal of Pathology Informatics*, 3(1), 13, 2012.
- [6] S. Vathavanavaro, S. Tungjitnob, and K. Pasupa, "White Blood Cell Classification: A Comparison between VGG-16 and ResNet-50 Models", *6th Joint Symposium on Computational Intelligence (JSCI6)*, Bangkok, Thailand, 2018.
- [7] A. M. Patil, M. D. Patil, and G. K. Birajdar, "White Blood Cells Image Classification Using Deep Learning with Canonical Correlation Analysis", *Irbm*, 42(5), 378–389, 2021.
- [8] F. Long, J. J. Peng, W. Song, X. Xia, and J. Sang, "BloodCaps: A capsule network based model for the multiclassification of human peripheral blood cells", *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 202, 2021.
- [9] X. Zheng, Y. Wang, G. Wang, and J. Liu, "Fast and robust segmentation of white blood cell images by self-supervised learning", *Micron*, 107, 55–71, 2018.
- [10] D. M. U. Sabino, L. Da Fontoura Costa, E. G. Rizzatti, and M. A. Zago, "A texture approach to leukocyte recognition", *Real-Time Imaging*, 10(4), 205–216, 2004.
- [11] P. Ghosh, D. Bhattacharjee, and M. Nasipuri, "Blood smear analyzer for white blood cell counting: A hybrid microscopic image analyzing technique", *Applied Soft Computing Journal*, 46, 629–638, 2016.
- [12] B. Dayı, H. Üzen, İ. B. Çiçek, and Ş. B. Duman, "A Novel Deep Learning-Based Approach for Segmentation of Different Type Caries Lesions on Panoramic Radiographs", *Diagnostics*, 13(2), 202, 2023.
- [13] G. Liang, H. Hong, W. Xie, and L. Zheng, "Combining Convolutional Neural Network With Recursive Neural Network for Blood Cell Image Classification", *IEEE Access*, 6, 36188–36197, 2018.
- [14] A. Ekiz, "ESA ve Kon-DVM Modelleri Kullanarak Beyaz Kan Hücrelerinin Sınıflandırılması", *29th Signal Processing and Communications Applications Conference (SIU)*, İstanbul, Türkiye, 2021–2024, 9-11 June, 2021.



- [15] C. Cheuque, M. Querales, R. León, R. Salas, and R. Torres, “An Efficient Multi-Level Convolutional Neural Network Approach for White Blood Cells Classification”, *Diagnostics*, 12(2), 2022.
- [16] X. Yao, K. Sun, X. Bu, C. Zhao, and Y. Jin, “Classification of white blood cells using weighted optimized deformable convolutional neural networks”, *Artificial Cells, Nanomedicine Biotechnology*, 49(1), 147–155, 2021.
- [17] A. Khan, A. Eker, A. Chefranov, and H. Demirel, “White blood cell type identification using multi-layer convolutional features with an extreme-learning machine”, *Biomedical Signal Processing and Control*, 69, 102932, 2021.
- [18] Y. Ha, Z. Du, and J. Tian, “Fine-grained interactive attention learning for semi-supervised white blood cell classification”, *Biomedical Signal Processing and Control*, 75, 103611, 2022.
- [19] N. Baghel, U. Verma, and K. K. Nagwanshi, “WBCs-Net: type identification of white blood cells using convolutional neural network”, *Multimedia Tools and Applications*, 81, 42131–42147, 2021.
- [20] K. Balasubramanian, N. P. Ananthamoorthy, and K. Ramya, “An approach to classify white blood cells using convolutional neural network optimized by particle swarm optimization algorithm”, *Neural Computing and Applications*, 34(18), 16089–16101, 2022.
- [21] A. Sengur, Y. Akbulut, U. Budak, and Z. Comert, “White Blood Cell Classification Based on Shape and Deep Features”, **2019 International Artificial Intelligence and Data Processing Symposium (IDAP)**, Malatya, Türkiye, 21-22 September, 2019.
- [22] A. Çınar and S. A. Tuncer, “Classification of lymphocytes, monocytes, eosinophils, and neutrophils on white blood cells using hybrid Alexnet-GoogleNet-SVM”, *SN Applied Sciences*, 3(4), 1–11, 2021.
- [23] M. A. R. Ridoy and M. R. Islam, “An automated approach to white blood cell classification using a lightweight convolutional neural network”, **2020 2nd International Conference on Advanced Information and Communication Technology (ICAICT)**, Dhaka, Bangladesh, 480–483, 28-29 November, 2020.
- [24] F. Özyurt, “A fused CNN model for WBC detection with MRMR feature selection and extreme learning machine”, *Soft Computing*, 24(11), 8163–8172, 2020.
- [25] M. Türkoğlu, K. Hanbay, I. S. Sivrikaya, and D. Hanbay, “Derin Evrimsel Sinir Ağı Kullanılarak Kayısı Hastalıklarının Sınıflandırılması”, *BEÜ Fen Bilimleri Dergisi*, 9(1), 334–345, 2020.
- [26] H. Fırat, M. E. Asker, and D. Hanbay, “Depthwise Separable Convolution Based Residual Network Architecture for Hyperspectral Image Classification”, *Gazi Üniversitesi Fen Bilimleri Dergisi Part C Tasarım ve Teknoloji*, 10(2), 242–258, 2022.
- [27] J. Hu, L. Shen, and G. Sun, “Squeeze-and-Excitation Networks”, **Proceedings of the IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition**, USA, 7132–7141, 2018.
- [28] Y. Chen, Zhihao Zhang, and Lei Zhong, “Three-Stream Convolutional Neural Network with Squeeze-and-Excitation Block for Near-Infrared Facial Expression Recognition”, *Electronics*, 8(4), 385, 2019.
- [29] J. Wu et al., “WBC Image Segmentation Based on Residual Networks and Attentional Mechanisms”, *Computational Intelligence and Neuroscience*, 1610658, 2022.
- [30] Internet: P. Mooney, Kaggle - Blood Cell Images. [www.kaggle.com/paultimothymooney/blood-cells](http://www.kaggle.com/paultimothymooney/blood-cells) (erişim tarihi: Jan. 30, 2022).
- [31] S. Nahzat, F. Bozkurt, and M. Yağanoğlu, “White Blood Cell Classification Using Convolutional Neural Network”, *Journal of Science Technology and Engineering Research*, 3(1), 32–41, 2022.
- [32] A. Khan, A. Eker, A. Chefranov, and H. Demirel, “White blood cell type identification using multi-layer convolutional features with an extreme-learning machine”, *Biomedical Signal Processing and Control*, 69, 102932, 2021.
- [33] M. Hosseini, D. Bani-Hani, and S. S. Lam, “Leukocytes Image Classification Using Optimized Convolutional Neural Networks”, *Expert Systems with Applications*, 205, 117672, 2022.
- [34] P. P. Banik, R. Saha, and K. D. Kim, “An Automatic Nucleus Segmentation and CNN Model based Classification Method of White Blood Cell”, *Expert Systems with Applications*, 149, 113211, 2020.
- [35] Y. Y. Baydilli and Ü. Atila, “Computerized Medical Imaging and Graphics Classification of white blood cells using capsule networks”, *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 80, 2020.
- [36] P. P. Banik, R. Saha, and K. D. Kim, “Fused Convolutional Neural Network for White Blood Cell Image Classification”, **2019 International Conference on Artificial Intelligence in Information and Communication (ICAIIIC)**, Okinawa, Japan, 22–24, 11-13 February, 2019.
- [37] R. B. Hegde, K. Prasad, and H. Hebbar, “Comparison of traditional image processing and deep learning approaches for classification of white blood cells in peripheral blood smear images”, *Integrative Medicine Research*, 39(2), 382–392, 2019.
- [38] S. Pang, A. Du, M. A. Orgun, and Z. Yu, “A novel fused convolutional neural network for biomedical image classification”, *Medical & Biological Engineering & Computing*, 57, 107–121, 2019.
- [39] H. Kutlu, E. Avcı, and F. Özyurt, “White blood cells detection and classification based on regional convolutional neural networks”, *Medical Hypotheses*, 135, 109472, 2020.