



# SYSTEM FOR CLASSIFICATION OF PATHOLOGICAL CELLS IN CERVICAL

## SISTEMA DE CLASIFICACIÓN DE CÉLULAS PATOLÓGICAS EN CITOLOGÍA CERVICAL

Pablo D. Cuña<sup>1</sup>✉, Rodrigo da S. Guerra<sup>2</sup>

<sup>1</sup> UTEC, Rivera, Rivera, Uruguay

<sup>1</sup> Universidade Federal do Rio Grande, Rio Grande, Rio Grande do Sul, Brasil

<sup>2</sup> Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil

✉ [pablocunatics@gmail.com](mailto:pablocunatics@gmail.com)

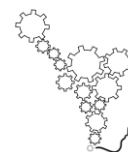
Recebido: 16 novembro 2021 / Aceito: 10 dezembro 2021 / Publicado: 15 dezembro 2021

**ABSTRACT.** Cervical cancer is the fourth most common in women worldwide according to the World Health Organization, although its incidence has decreased through the application of various prevention and screening policies, the main one being the Papanicolaou study. These measures have meant a significant increase in the workload of cytopathologists, leading to an overload and shortage of qualified personnel. Since the observation of microscopic images is the final stage of the study, and the one that most impacts the work of doctors, we propose the application of Deep Learning methods and novel computer vision techniques, in order to provide support to professionals in this task. Although the development of the algorithm that will classify different types of atypia is still under development, we aspire to collaborate in reducing the workload of professionals, with the possibility of also benefiting patients through faster and more reliable diagnoses. In addition, a new data set of diverse liquid-based cytology images is presented, marked and labeled according to the Bethesda system classification.

**Keywords:** Deep Learning, image recognition, cervical cancer, Papanicolaou, data set.

**RESUME.** El cáncer de cuello uterino es el cuarto más frecuente en las mujeres de todo el mundo según la Organización Mundial de la Salud, aunque su incidencia ha disminuido mediante la aplicación de diversas políticas de prevención y tamizaje, siendo la principal el estudio de Papanicolaou. Dichas medidas han significado un aumento importante en la cantidad de trabajo de los médicos citopatólogos, llegando a producir sobrecarga y escasez de personal calificado. Siendo la observación de las imágenes microscópicas la etapa final del estudio, y la que más impacta en el trabajo de los médicos, proponemos la aplicación de métodos de Deep Learning y técnicas novedosas de visión computacional, a efectos brindar apoyo a los profesionales en esta tarea. Aunque el desarrollo del algoritmo que clasificará diferentes tipos de atipias aún se encuentra en etapa de desarrollo, aspiramos a colaborar en una reducción de carga de trabajo de los profesionales, con la posibilidad de beneficiar también a los pacientes mediante diagnósticos más rápidos y confiables. Además, se presenta un nuevo conjunto de datos de imágenes diversas de citología en base líquida, marcadas y etiquetadas según la clasificación del sistema Bethesda.

**Palabras clave:** Aprendizaje profundo, reconocimiento de imágenes, cáncer de cuello uterino, Papanicolaou, conjunto de datos.



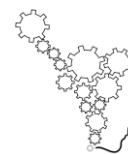
## 1 INTRODUCCIÓN

El cáncer de cuello uterino es, a nivel mundial según la OMS (2020) el cuarto cáncer más frecuente en las mujeres. Según Rodríguez et al. (2019), “en Uruguay, el cáncer de cuello ocupó el tercer lugar con una incidencia promedio de 312 nuevos casos por año; fallecieron 134 mujeres promedio por año en el período 2010-2014”. Si bien se han implementado diversas políticas asistenciales que apuntan a cambiar esta realidad, en el último informe de la Comisión Honoraria de Lucha contra el Cáncer (2020), se publican datos semejantes entre 2012 y 2016, período informado. El estudio de Papanicolaou<sup>1</sup> (PAP) según Sica et al. (2013) sigue siendo la principal herramienta para control de cáncer cérvico-uterino. La aplicación de las políticas de prevención, tuvo como resultado un importante aumento en la cantidad de estudios realizados y requirió que los prestadores de salud reestructuraran su Servicio de Anatomía Patológica y Citología a fin de poder cumplir con la demanda. “La mayoría de los informes de Papanicolaou, 70.000 al año, son realizados por médicos citopatólogos que están al límite de su dedicación para el tamizaje” (Rodríguez et al., 2019, p. 269). Teniendo en cuenta la escasez de profesionales calificados en la tarea, y considerando los costos tanto económicos como de tiempo para el entrenamiento de dichos profesionales, es necesario pensar en la aplicación de tecnologías que puedan mitigar esta situación.

Los informes de PAP son realizados en base a la observación de imágenes de células en microscopio, y los diagnósticos son emitidos en función a diferentes características observadas en dichas células. El estudio de imágenes mediante técnicas de Inteligencia Artificial (IA) tiene gran relevancia en la actualidad. Según Moratilla (2018), los algoritmos de IA podrán reducir errores de diagnóstico y permitirán un aumento de la productividad en el estudio de imágenes médicas. Además dice que “Las imágenes médicas sufrirán una transformación fundamental en un futuro próximo debido a los últimos métodos de inteligencia artificial, como el Deep learning, basado en redes neuronales artificiales.” Teniendo en cuenta que la sobrecarga de trabajo aplicada actualmente a los profesionales del área puede generar fatiga y propiciar el error humano, lo cual derivaría en diagnósticos equivocados, podemos proponer el uso de técnicas de IA, que permitan brindar apoyo en esta tarea, mediante el análisis automatizado de dichas imágenes.

---

<sup>1</sup> También llamado citología vaginal, es una exploración complementaria que se realiza para diagnosticar el cáncer cervicouterino. [https://es.wikipedia.org/wiki/Prueba\\_de\\_Papanicolaou](https://es.wikipedia.org/wiki/Prueba_de_Papanicolaou)



En consecuencia, el objetivo del presente trabajo es realizar un estudio del estado del arte sobre la aplicación del uso de la Inteligencia Artificial para identificar células comprendidas em las diferentes categorías de atipia acorde al sistema Bethesda<sup>2</sup>, y proponer también en este mismo sentido, el uso de métodos modernos de Deep Learning y visión computacional aplicados a un conjunto de datos nuevo.

Este artículo está organizado de la siguiente forma. En la sección 2 se explica de forma detallada la metodología adoptada. En la sección 3 se exponen algunos resultados obtenidos, salvo aquellos correspondientes a la clasificación de células, ya que el algoritmo aún sigue en desarrollo. En la 4 se realiza una discusión sobre mencionados resultados y en la sección 5 exponemos las conclusiones y consideraciones sobre futuros trabajos.

## 2 MÉTODO

Con la finalidad de alcanzar los objetivos planteados, se llevaron a cabo una serie de actividades que fueron desde un estudio de otros trabajos relacionados a la temática propuesta, la construcción de una nueva base de datos y propuesta e inicio de desarrollo del algoritmo utilizando una red neuronal convolucional (RNC), tal como se explica en los siguientes puntos:

### 2.1 EL ESTADO DEL ARTE

Se realizó una exploración donde se revisaron documentos de trabajos realizados en el área desde el año 2016, atendiendo a la particularidad de que deberían enfocarse en el reconocimiento de atipias en células escamosas de un extendido cervical, mediante el análisis de imágenes microscópicas del estudio de PAP. De este estudio, nos concentramos en cinco propuestas que van desde la segmentación de células superpuestas en un extendido cervical, hasta la aplicación de RNC para diferenciar células anormales y normales.

### 2.2 EL CONJUNTO DE DATOS

También hemos revisado y encontrado escasas bases de datos públicas y que poseen poca cantidad de imágenes, y por lo tanto consideramos pertinente crear una base propia, con

---

<sup>2</sup> Una de las principales referencias a nivel mundial para informar citología cervical.

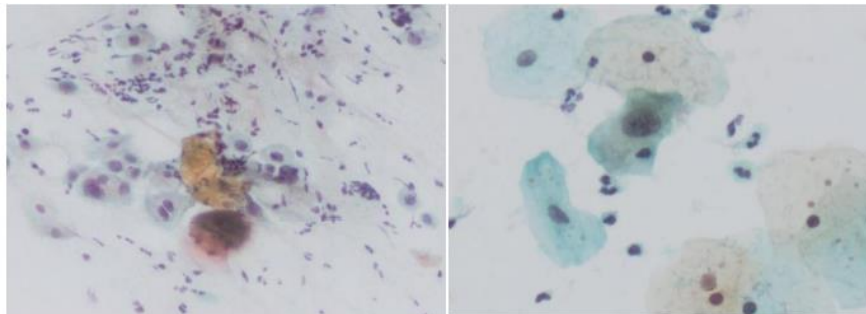


www.relainep.ufpr.br



un número significativo de células etiquetadas. Para ello contamos con la colaboración de un laboratorio de Anatomía Patológica y Citología de la ciudad de Rivera, Uruguay. Las imágenes corresponden a estudios de Papanicolaou realizados en los años de 2018 y 2021. Las muestras se obtuvieron mediante la técnica de citología en base líquida por citocentrifugado, en la cual primeramente introducen la muestra en un medio líquido para evitar su degeneración, y luego la centrifugan “separando las células inflamatorias y la sangre de las células epiteliales. Una pipeta automatizada traslada la muestra libre de elementos perturbadores, a un portaobjetos por gravedad” (Ricci, P., 2004), lo que genera imágenes más claras y con menos ruido. Además, según Arbyn, M. et al. (2008) los citopatólogos prefieren la citología en base líquida porque la dispersión uniforme de las células epiteliales favorece la interpretación microscópica, así como también las imágenes son más apropiadas para dispositivos automáticos de cribado”. En la Figura 1 podemos ver la diferencia entre la técnica convencional (izquierda) y base líquida (derecha).

FIGURA 1 – IMÁGENES DE CITOLOGÍA CONVENCIONAL Y BASE LÍQUIDA



FUENTE: El autor (2021)

Posteriormente una Citotécnica obtiene las imágenes con el uso de un microscopio marca Olympus, modelo CX40RF100, mediante un aumento de 200x y con una cámara Optical Microscope modelo Olympus LC30. Posteriormente son procesadas digitalmente por el software L.Cmicro versión 2.2, año 2017 de Olympus. El marcado manual de los diferentes diagnósticos fue realizado una profesional Anatomopatóloga en conjunto con el autor, mediante la selección cuadros contenedores de imágenes de células con las atipias mencionadas en el sistema Bethesda, utilizando para ello la herramienta de anotación de imágenes LabelImg<sup>3</sup>. El Sistema Bethesda (Nayar, R., & Wilbur, D, 2017) establece diferentes tipificaciones para las anomalías de células epiteliales escamosas, que son ASC-

<sup>3</sup> Herramienta de anotación de imágenes con licencia de software gratuito: licencia MIT, escrita en lenguaje de programación Python.



www.relainep.ufpr.br



US<sup>4</sup>, ASC-H<sup>5</sup>, LSIL<sup>6</sup> y HSIL<sup>7</sup>, acorde a sus siglas en inglés. Cada tipificación corresponde a una clase a ser utilizada para entrenar la red neuronal.

### 2.3 EL ALGORITMO

El desarrollo del algoritmo se realiza en lenguaje de programación Python, mediante el uso de la herramienta Google Colaboratory, la cual “es un entorno de Jupyter Notebook que no requiere configuración y se ejecuta completamente en la nube” (De La Fuente, O., 2019), lo que nos permite contar con alto nivel de procesamiento para trabajar con Deep Learning sin necesidad de invertir en recursos propios. Hasta el momento está compuesto por una función que equilibra la cantidad de etiquetas por clase, otra que separa en forma aleatoria un porcentaje de las imágenes y sus etiquetas correspondientes para entrenamiento y validación, y se encuentra en desarrollo el código para entrenamiento y posterior evaluación del uso de la red.

## 3 RESULTADOS

Referente al estudio del estado del arte, podemos mencionar algunos trabajos encontrados que apuntan a la misma problemática aquí planteada, como ser el de Lu, Z. et al. (2016) en el que presentaron y evaluaron tres algoritmos sometidos al desafío de segmentación de imágenes de citología cervical superpuesta. El mismo consistía en segmentar células individuales de grupos de células superpuestas en citología cervical. Esta técnica consistía en un paso previo necesario para poder posteriormente detectar con precisión tanto núcleo como delimitar los citoplasmas superpuestos. Se utilizaron para este desafío un conjunto de 16 imágenes de alta resolución con las cuales posteriormente generaron 945 imágenes sintéticas con número variable de células. Los algoritmos evaluados fueron los propuestos por Ushizima, D. et al. (2015), Nosrati, M., & Hamarneh, G. (2014) y Lu, Z. et al. (2013).

Posteriormente, Phoulady, H. et al. (2017) proponen un Framework<sup>8</sup> para la detección de núcleos y citoplasmas superpuestos, que logra superar los resultados alcanzados con los

<sup>4</sup> Células escamosas atípicas de significado indeterminado. Sistema Bethesda (2017).

<sup>5</sup> Células escamosas atípicas, no se puede descartar una lesión escamosa intraepitelial de alto grado. Sistema Bethesda (2017).

<sup>6</sup> Lesión escamosa intraepitelial de bajo grado. Sistema Bethesda (2017).

<sup>7</sup> Lesión escamosa intraepitelial de alto grado. Sistema Bethesda (2017).



www.relainep.ufpr.br



métodos anteriores mediante una comparación realizada utilizando el mismo conjunto de datos. En esta oportunidad, con técnicas de visión computacional primeramente segmentan los núcleos, luego segmentan agrupaciones de células y finalmente, mediante comparaciones de enfoque entre núcleo y citoplasma, logran realizar una aproximación a los límites del citoplasma para así identificar la célula en su totalidad.

Ante la baja cantidad de imágenes disponibles en conjuntos de datos públicos para evaluar, Phoulady y Mouton (2018), presentan un nuevo conjunto de datos con 93 imágenes de 1280 x 960 píxeles, las cuales contienen un total de 2705 núcleos etiquetados manualmente, clasificados según el sistema Bethesda en negativas, L-SIL y H-SIL, obtenidas por el método de base líquida ThinPrep<sup>9</sup>. También proponen dos métodos para la clasificación de las imágenes. El primero se trata de una versión revisada del algoritmo presentado en Phoulady, H. et al. (2017), y el segundo emplea el uso de Deep Learning por medio del entrenamiento de una RNC, considerando a su criterio contar con una cantidad adecuada de datos a esos efectos.

Araújo, F. (2018) también planteó el uso de una RNC para la clasificación de este tipo de células. Su base de datos estaba compuesta por 194 imágenes de 1392 x 1040 píxeles, de las cuales solamente 108 contenían células patológicas. La arquitectura utilizada corresponde a la RNC “LeNet” con dos capas convolucionales, seguidas cada una por una capa de pooling, finalizando con dos capas totalmente conectadas. Para evaluar el desempeño de la red se utilizaron métricas basadas en la relación entre verdadero positivo, falso negativo, falso positivo y el tiempo empleado en el proceso.

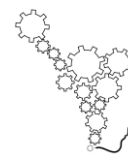
Sanyal, P. et al. (2019) utilizaron una RNC con una arquitectura de cuatro capas convolucionales seguidas de una capa de pooling cada una y con dos capas totalmente conectadas al final, en una base compuesta por 551 imágenes de 1280 x 720 píxeles obtenidas por el método de base líquida SurePath<sup>10</sup>, conteniendo solamente 89 de ellas células patológicas. Estas imágenes posteriormente fueron cortadas generando 2816 nuevas imágenes de 256 x 256 píxeles para entrenar la RNC. Las métricas utilizadas para evaluar los resultados fueron semejantes al trabajo anterior.

---

<sup>8</sup> Entorno o marco de trabajo

<sup>9</sup> Citología cervical en base líquida para detectar alteraciones incipientes del cuello uterino.

<sup>10</sup> Test de PAP en base líquida.



La base de datos que estamos desarrollando, cuenta actualmente con 334 imágenes de alta definición de 2048 x 1532 píxeles y sus archivos de etiquetas correspondientes con el marcado de células de las distintas atipias organizadas en sus diferentes clases, identificando 1774 células cervicales. En la siguiente tabla podemos ver una comparación entre las bases de datos utilizadas en trabajos anteriores y la que presentaremos. La columna 1 refiere al trabajo y su respectiva base de datos, la 2 a la cantidad de estudios de PAP de los que se extrajeron las imágenes, la 3 muestra la técnica utilizada para obtener el extendido, la 4 el aumento óptico del microscopio, la 5 corresponde a la cantidad de imágenes de la base, la 6 al tamaño en píxeles de las imágenes y la 7 a las tipificaciones marcadas según el sistema Bethesda.

TABLA 1 – COMPARACIÓN DE BASES DE DATOS

Trabajo	Cant. PAP	Técnica	Aumento	Cant. Imágenes	Tamaño	Tipificación
Lu, Z. et al	4	AutoCyte Prep	40 X	16	2560 X 1440	-
Phoulady, H. et al.	4	AutoCyte Prep	40 X	16	2560 X 1440	-
Phoulady y Mouton	-	ThinPrep	40 X	93	2560 X 1440	Normal, L-Sil, H-SIL
Araujo, F	-	-	40 X	194 (108 con atipia)	1392 X 1040	Anormal, otra
Sanyal, P. et al.	36	SurePath	-	551 (89 con atipia)	1280 X 720	Normal, L-Sil, H-SIL
El autor	73	Citocentrifugado	200 X	334 (334 con atipia)	2048 X 1532	Normal, ASC-US, ASC-H, L-SIL, H-SIL

FUENTE: El autor (2021)

Con el objetivo de lograr mejores resultados en la clasificación e identificación de células anormales, nos encontramos actualmente en etapa de desarrollo experimentando con RNC más profundas que las mencionadas en los trabajos que anteceden, de las cuales se esperan mejores resultados.

#### 4 DISCUSIÓN

Realizando un análisis de los resultados obtenidos en los trabajos que se detallan en el estado del arte, notamos que, en el caso de Lu, Z. et al. (2016), llegaron a la conclusión de que los tres métodos son efectivos siempre que las superposiciones no se generen en grupos mayores a tres células, y por tanto no se podrían aplicar a la generalidad de los casos, considerando también la baja cantidad de imágenes reales utilizadas.



El Framework de Phoulady, H. et al. (2017) presenta problemas cuando tratan áreas pequeñas o de bajo contraste, y al aplicarlo en imágenes reales pierde una cantidad considerable de células. Además de ello, estos métodos dan una referencia de resultados patológicos, en base a la relación núcleo-citoplasma, pero sin identificar el tipo atipia.

Phoulady y Mouton (2018) concluyen que el primer método aplicado en su trabajo falla cuando intenta segmentar áreas muy agrupadas y de bajo contraste, pese a contar con un mayor y mejor conjunto de datos. Los resultados con la RNC fueron mejores en la detección de núcleos, pero igualmente presentaron una pérdida de aproximadamente 10 % de núcleos debido a que se encontraban cerca de los límites o estaban superpuestos, así como el factor tiempo fue un problema al probar imágenes nuevas. Los autores proponen el uso de arquitecturas más sofisticadas para mejorar estos resultados.

Si bien este método propuesto por Araújo, F. (2018) obtuvo mejores resultados que otros ya mencionados, también presenta problemas en la superposición de células y ante la presencia de otros elementos en la imagen que no corresponden a células escamosas. También aquí se concluye que posiblemente el uso de una RCN más profunda pueda llegar a minimizar estos problemas.

En el trabajo de Sanyal, P. et al. (2019) solamente se indica si la imagen posee células anormales o no, sin diferenciar el tipo de anormalidad. También presentó algunos problemas con la superposición de núcleos, proponiendo como solución un mayor entrenamiento de la red con un conjunto de datos más amplio y diverso.

Existe entonces la necesidad de contar con un conjunto de datos más amplio y completo, que contemple mayor cantidad de tipificaciones dentro de las clasificaciones disponibles en el sistema Bethesda, así como la utilización de una potente RNC, que permita precisión y velocidad como proponen varios autores, a efectos de facilitar la tarea del personal médico que realiza el diagnóstico del cáncer de cuello uterino.

## 5 CONCLUSIÓN

En este trabajo realizamos un estudio del estado del arte respecto a diferentes propuestas que si bien muestran distintos enfoques que buscan dar solución a un mismo problema, en su gran mayoría concluyen en que un conjunto de datos mayor, y con más diversidad de tipificaciones lograría alcanzar mejores resultados, así como la implementación





de un algoritmo con una red neuronal artificial más profunda seguramente logre una clasificación más adecuada de las diferentes atipias, llegando a la posibilidad de un diagnóstico seguro. En virtud de ello, presentamos una nueva base de datos, que demuestra características superiores y también proponemos el uso de una RNC profunda para la clasificación de células. Como continuidad de esta investigación, ya se encuentra en etapa de desarrollo el sistema de clasificación con mencionada red neuronal y además consideramos pertinente la posibilidad futura de integrar estos trabajos con una solución robótica que permita automatizar también la obtención de las imágenes microscópicas.

## RECONOCIMIENTOS

Reconocemos el trabajo de la Médica Anatomopatóloga Virginia Pachiarotti, directora técnica del Laboratorio de Anatomía Patológica y Citología de la ciudad de Rivera, quien colaboró con el presente trabajo en la identificación, diagnóstico y etiquetado de células con atipias que hicieron posible la construcción de nuestra base de datos.

Además, reconocemos también la colaboración de la Citotécnica Emilia Guidotti responsable por la obtención de las imágenes que componen la base de datos.

## CONTRIBUCIÓN DE LOS AUTORES

- CUÑA, P. concibió la idea, conceptualizó y diseñó el estudio y elaboró el primer borrador, revisó y elaboró la versión final. Fue responsable de la extracción y tratamiento de datos, así como de la escritura del manuscrito. Responsables de la concepción y diseño de la investigación, hizo la recopilación de datos, análisis, interpretación y análisis estadístico. Desarrolló parte del algoritmo.
- DA SILVA, R. orientó en la investigación e hizo una revisión crítica del manuscrito en cuanto al contenido. Desarrolló parte del algoritmo.
- Todos los autores leyeron y aprobaron la versión final del artículo.

## REFERENCIAS

- ARAÚJO, F. **Convnets na caracterização, recuperação e ranqueamento de células**, 2018. 107 f. Tesis (Doutorado em Engenharia de Teleinformática)–Centro de Tecnologia, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2018.
- ARBYN, M., BERGERON, C., KLINKHAMER, P., MARTIN-HIRSCH, P., SIEBERS, A. G., & BULTEN, J. **Liquid compared with conventional cervical cytology: a systematic review and meta-analysis**, 2008. *Obstetrics & Gynecology*, 111(1), 167-177.
- BARRIOS, E.; GARAU, M.; ALONSO, R.; MUSETTI, C. V **Atlas de Incidencia del Cáncer en el Uruguay. Periodo 2012-2016 [Internet]. Montevideo: Comisión Honoraria de Lucha Contra el Cáncer**, 2020. Disponible en:



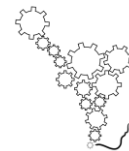
www.relainep.ufpr.br



- <<https://www.comisioncancer.org.uy/Ocultas/V-Atlas-de-Incidencia-del-Cancer-en-el-Uruguay-Periodo-2012-2016-uc250>>
- DE LA FUENTE, O. **Google Colab: Python y Machine Learning en la nube**, 2019. Disponible en: <<https://www.adictosaltrabajo.com/2019/06/04/google-colab-python-y-machine-learning-en-la-nube/>>
- LU, Z., CARNEIRO, G., & BRADLEY, A. P. **Automated nucleus and cytoplasm segmentation of overlapping cervical cells**, 2013. In International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (pp. 452-460). Springer, Berlin, Heidelberg.
- LU, Z., CARNEIRO, G., BRADLEY, A. P., USHIZIMA, D., NOSRATI, M. S., BIANCHI, A. G., ... & HAMARNEH, G. **Evaluation of three algorithms for the segmentation of overlapping cervical cells**, 2016. IEEE journal of biomedical and health informatics, 21(2), 441-450.
- MORATILLA, J. J. **Añadiendo valor con la inteligencia artificial a la imagen médica diagnóstica**, 2018. I+ S: Revista de la Sociedad Española de Informática y Salud, (132), 16-22.
- NAYAR, R., & WILBUR, D. **El sistema Bethesda para informar la citología cervical**, 2017. Buenos Aires. Ediciones Journal.
- NOSRATI, M., & HAMARNEH, G. **A variational approach for overlapping cell segmentation**, 2014. ISBI overlapping cervical cytology image segmentation challenge, 1-2.
- OMS. **Papilomavirus humanos (PVH) y cáncer cervicouterino**, 2020. Disponible en: <[https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/human-papillomavirus-\(hpv\)-and-cervical-cancer](https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/human-papillomavirus-(hpv)-and-cervical-cancer)>
- PHOULADY, H. A., GOLDFOG, D., HALL, L. O., & MOUTON, P. R. **A framework for nucleus and overlapping cytoplasm segmentation in cervical cytology extended depth of field and volume images**, 2017. Computerized Medical Imaging and Graphics, 59, 38-49.
- PHOULADY, H. A., & MOUTON, P. R. **A new cervical cytology dataset for nucleus detection and image classification (Cervix93) and methods for cervical nucleus detection**, 2018. arXiv preprint arXiv:1811.09651.
- RODRÍGUEZ, G., GARCÍA, L., BERACOCHEA, A., ALONSO, R., CASERTA, B., PÉREZ, N., ... & HERNÁNDEZ, M. L. **Tamizaje del cáncer de cuello uterino con test de HVP. Primeros resultados en el sistema público de Uruguay**, 2019. Revista Médica del Uruguay, 35(4), 267-280.
- RICCI, P., PERUCCA, E., KOLJANIN, J., & BAERISWYL, E. **Citología de base líquida: revisión de la historia y los estudios al respecto**, 2004. Revista chilena de obstetricia y ginecología, 69(3), 256-262.
- SANYAL, P., BARUI, S., DEB, P., & SHARMA, H. C. **Performance of a convolutional neural network in screening liquid based cervical cytology smears**, 2019. Journal of cytology, 36(3), 146.
- SICA, A., RAFAEL, A., & RODRÍGUEZ, G. **Manual de procedimiento de los laboratorios de Citología y Ginecología**, 2013. Comisión Lucha contra el Cáncer.



www.relainep.ufpr.br



USHIZIMA, D. M., BIANCHI, A. G., & CARNEIRO, C. M. **Segmentation of subcellular compartments combining superpixel representation with voronoi diagrams (No. LBNL-6892E)**, 2015. Lawrence Berkeley National Lab.(LBNL), Berkeley, CA (United States).