



REDES NEURAS ARTIFICIAIS PARA CLASSIFICAÇÃO DE REGIÕES
SUSPEITAS EM MAMOGRAFIAS

Vinicius Andrioni

Dissertação de Mestrado apresentada ao Programa de Pós-graduação em Engenharia Biomédica, COPPE, da Universidade Federal do Rio de Janeiro, como parte dos requisitos necessários à obtenção do título de Mestre em Engenharia Biomédica.

Orientadores: Wagner Coelho de Albuquerque Pereira
Antônio Fernando Catelli Infantosi

Rio de Janeiro
Junho de 2012

REDES NEURAIIS ARTIFICIAIS PARA CLASSIFICAÇÃO DE REGIÕES
SUSPEITAS EM MAMOGRAFIAS

Vinicius Andrioni

DISSERTAÇÃO SUBMETIDA AO CORPO DOCENTE DO INSTITUTO ALBERTO
LUIZ COIMBRA DE PÓS-GRADUAÇÃO E PESQUISA DE ENGENHARIA
(COPPE) DA UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO DE JANEIRO COMO PARTE
DOS REQUISITOS NECESSÁRIOS PARA A OBTENÇÃO DO GRAU DE MESTRE
EM CIÊNCIAS EM ENGENHARIA BIOMÉDICA.

Examinada por:

Wagner Coelho de Albuquerque Pereira, D.Sc.

Marco Antônio von Krüger, Ph. D.

Carlos Eduardo Pedreira, Ph. D.

RIO DE JANEIRO, RJ - BRASIL

JUNHO DE 2012

Andrioni, Vinicius

Redes Neurais Artificiais para classificação de regiões suspeitas em mamografias / Vinicius Andrioni. – Rio de Janeiro: UFRJ/COPPE, 2012.

XII, 47 p.: il.; 29,7 cm.

Orientadores: Wagner Coelho de Albuquerque Pereira

Antônio Fernando Catelli Infantsi

Dissertação (mestrado) – UFRJ/ COPPE/ Programa de Engenharia Biomédica, 2012.

Referências Bibliográficas: p. 44-47.

1. Redes Neurais Artificiais. 2. Mamografia. 3. Falso-positivo. I. Pereira, Wagner Coelho de Albuquerque Pereira, *et al.* II. Universidade Federal do Rio de Janeiro, COPPE, Programa de Engenharia Biomédica. III. Título

Dedicatória

*A minha esposa Elimara que sempre esteve ao meu lado;
Aos meus pais Odir Andrioni e Luzia Teresa Andrioni, que de certa forma me ajudaram na
caminhada;
Todos bênçãos de Deus para minha vida!*

Agradecimentos

Ao Deus, que tem me amado incondicionalmente, e que tem me confortado, consolado, sustentado, fortalecido em cada passo da minha vida. Que tem colocado os seus anjos para me guardar e me preservar. Pelo seu Espírito Santo que habita em meu ser. Pela fé que me acrescenta a cada dia. Por Jesus Cristo, o meu Salvador e Senhor. Meu verdadeiro amigo!

A minha esposa Elimara Andrioni, por todo amor, compreensão, paciência e apoio durante esse período de estudo.

A minha família que sempre me incentivou em prol do estudo.

A todos os professores do Programa de Engenharia Biomédica que muito contribuíram para o meu desenvolvimento e atuação profissional. Em especial aos meus orientadores Wagner Pereira e Fernando Infantsi, pela exigência e paciência no objetivo deste trabalho.

Ao meu amigo Bruno Guingo que, sempre prestativo, ajudou na elaboração desta dissertação. Ao Cesar Teixeira por contribuir com o algoritmo que disponibilizou o banco de imagem. Ao Francinei Gomes que colaborou com o estudo. Ao Antônio Thomé meus afetivos agradecimentos pelos ensinamentos aplicados. Sou grato a todos aqueles que contribuíram de alguma forma para que este trabalho se tornasse possível.

Às agências CNPq, FAPERJ e CAPES pelo apoio financeiro.

Resumo da Dissertação apresentada à COPPE/UFRJ como parte dos requisitos necessários para a obtenção do grau de Mestre em Ciências (M.Sc.)

REDES NEURAIAS ARTIFICIAIS PARA CLASSIFICAÇÃO DE REGIÕES SUSPEITAS EM MAMOGRAFIAS

Vinicius Andrioni

Junho/2012

Orientadores: Wagner Coelho de Albuquerque Pereira
Antônio Fernando Catelli Infantosi

Programa: Engenharia Biomédica

Sistemas de Diagnóstico Auxiliado por Computador têm sido desenvolvidos com a finalidade de auxiliar a detecção precoce do câncer de mama, pois esse tipo de câncer é considerado uma das principais causas de óbito entre as mulheres. Este trabalho se propõe a desenvolver um módulo classificador, que utiliza técnicas de extração e seleção de características (parâmetros de textura - *gray-level co-occurrence matrix*) como entrada das Redes Neurais Artificiais MLP e RBF para identificar lesões reais em regiões suspeitas que foram previamente detectadas pelo filtro Diferença de Gaussiana em mamografias. O método foi aplicado em 175 mamografias (uma lesão por imagem), obtidas do *Digital Database for Screening Mammography*. Foram detectadas 75,4% das lesões com 3,55 falso-positivos por imagens. Falso-positivos foram reduzidos para 1,03 por imagem, com 0,33 falso-negativo por imagem. O desempenho do método proposto se mostrou comparável, e mesmo superior, a métodos descritos na literatura aplicados a este mesmo propósito.

Abstract of Dissertation presented to COPPE/UFRJ as a partial fulfillment of the requirements for the degree of Master of Science (M.Sc.)

NEURAL NETWORKS FOR CLASSIFYING REGIONS OF SUSPECT IN
MAMMOGRAPHY

Vinicius Andrioni

June/2012

Advisors: Wagner Coelho de Albuquerque Pereira
Antônio Fernando Catelli Infantosi

Department: Biomedical Engineering

Diagnostic Systems Computer Aided have been developed to aid the early detection of breast cancer because this cancer is considered one of the leading causes of death among women. This paper aims to develop a classifier module, which uses techniques of feature extraction and characteristics (texture parameters - gray-level co-occurrence matrix) as input of neural networks MLP and RBF to identify suspicious regions in actual injuries that were previously detected by the difference of Gaussian filter in mammography. The method was applied in 175 mammograms (one lesion per image), obtained from the Digital Database for Screening Mammography. We detected 75.4% of lesions with 3.55 false positives per image. False positives were reduced to 1.03 per image, with 0.33 false-negative imaging. The performance of the proposed method were comparable, if not superior, the methods described in the literature applied to this same purpose.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	1
1.1	OBJETIVO	2
2	FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA.....	3
2.1	MORFOLOGIA MATEMÁTICA.....	3
2.1.1	<i>Abertura e fechamento</i>	4
2.1.2	<i>Abertura e Fechamento por Reconstrução</i>	5
2.1.3	<i>Top-hat</i>	6
2.2	DETECÇÃO DE REGIÕES DE INTERESSE	8
2.2.1	Segmentação e extração de características morfológicas.....	10
2.3	REDES NEURAIS ARTIFICIAIS	13
2.3.1	Principais Funções de Transferência.....	15
2.3.1.1	Função de Transferência <i>Hard-Limit</i>	15
2.3.1.2	Função de Transferência Linear	16
2.3.1.3	Função de Transferência <i>Log-Sigmoid</i> ou sigmoide	16
2.3.1.4	Função de Transferência <i>Tan-Sigmoid</i> ou tangente hiperbólica	17
2.3.2	Redes <i>Multilayer Perceptron</i> (MLPs)	17
2.3.3	Redes de Funções de Base Radial (RBF)	19
2.3.4	Normalizando os dados de entrada e saída	21
2.3.5	Procedimento <i>leave-one-out</i>	22
3	REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	23
3.1	CAD E CÂNCER DE MAMA.....	23
4	MATERIAIS E MÉTODOS	26
4.1	BANCO DE IMAGENS	26
4.2	LOCALIZAÇÃO E SEGMENTAÇÃO DE REGIÕES SUSPEITAS	27
4.3	REDES NEURAIS	31
4.4	AVALIAÇÃO DE DESEMPENHO.....	33
5	RESULTADOS	35
6	DISCUSSÃO E CONCLUSÃO	39
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	44

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 2.1 - Exemplo de <i>abertura</i>	4
Figura 2.2 - Exemplo de <i>fechamento</i>	5
Figura 2.3 - Exemplo de <i>abertura por reconstrução</i>	5
Figura 2.4 - Exemplo de <i>fechamento por reconstrução</i>	6
Figura 2.5 - Exemplo de <i>Top-hat por abertura</i>	7
Figura 2.6 - Exemplo de <i>Top-hat por fechamento</i>	7
Figura 2.7 - O contraste é operado em pequenas regiões na imagem	8
Figura 2.8 - Representação do modelo de filtro DoG.....	9
Figura 2.9 - O filtro DoG.....	10
Figura 2.10 - Exemplo de GLCM.....	11
Figura 2.11 - Neurônio artificial.....	14
Figura 2.12 - Exemplo de representação das entradas e saídas da RNA MLP.....	15
Figura 2.13 - Função de Transferência <i>Hard-Limit</i>	16
Figura 2.14 - Função de Transferência Linear.	16
Figura 2.15 - Função de Transferência <i>Log-Sigmoid</i>	16
Figura 2.16 - Função de Transferência <i>Tan-Sigmoid</i>	17
Figura 2.17 - RNA <i>feed-forward</i>	18
Figura 2.18 - RNA <i>cascade-forward</i>	18
Figura 2.19 - RNA <i>Pattern Recognition Networks</i>	19
Figura 2.20 - Exemplo de um spread de 1.0 para RBF.	20
Figura 4.1 - Imagem original do DDSM	26
Figura 4.2 - Imagem original e após a aplicação da CLAHE.....	27
Figura 4.3 - Aplicação do CLAHE, <i>Top-hat por abertura</i> , Filtro DoG e Binarização.	28
Figura 4.4 - Imagem binarizada e delineamento do contorno de regiões suspeitas.	28
Figura 4.5 - Exemplo de mamografia do DDSM	29
Figura 4.6 - Detalhe das regiões suspeitas.....	29
Figura 4.7 - Exemplo de mamografia do DDSM com a indicação do local da lesão	30
Figura 4.8 - Variação de acurácia de uma RNA com 5 parâmetros	32
Figura 5.1 - As quatro maiores acurácias.....	37
Figura 6.1 - Gráfico de espalhamento	39
Figura 6.2 - Região fora da mama	40
Figura 6.3 - Números de FPs e FNs nas quatro maiores acurácias.....	41

ÍNDICE DE TABELAS

Tabela 2.1 - Exemplo de tratamento dos dados pelo algoritmo de <i>leave-one-out</i>	22
Tabela 4.1- Coeficiente de correlação entre os parâmetros de textura extraídos de 264 ROIs (132 lesões e igual número de falso-positivos).	31
Tabela 4.2 - Tabela de contingência (matriz confusão).....	33
Tabela 5.1 - Desempenho individual e dos melhores conjuntos de parâmetros das redes MLP sem uso do algoritmo <i>leave-one-out</i> , usando, como mérito, acurácia.....	36
Tabela 5.2 - Desempenho individual e dos melhores conjuntos de parâmetros das redes RBF sem uso do algoritmo <i>leave-one-out</i> , usando, como mérito, acurácia.....	36
Tabela 5.3 - Desempenho individual e dos melhores conjuntos de parâmetros das redes MLP com uso do algoritmo <i>leave-one-out</i> , usando, como mérito, acurácia.	36
Tabela 5.4 - Desempenho individual e dos melhores conjuntos de parâmetros das redes RBF com uso do algoritmo <i>leave-one-out</i> , usando, como mérito, acurácia.	36

LISTA DE SÍMBOLOS E SIGLAS

INCa	Instituto Nacional do Câncer
CAD	Diagnóstico auxiliado por computador
IA	Inteligência artificial
RNA	Rede neural artificial
MLP	Multilayer perceptron
RBF	Função de base radial
FP/Im	Falso-positivo por imagem
FN/Im	Falso negativo por imagem
MM	Morfologia Matemática
OM	Operador Morfológico
B	Elemento estruturante
ROI	Região de interesse
$\varepsilon_B(f)$	<i>Erosão</i> morfológica da imagem f com o elemento estruturante B
$\delta_B(f)$	<i>Dilatação</i> morfológica da imagem f com o elemento estruturante B
$\gamma_B(f)$	<i>Abertura</i> morfológica da imagem f com o elemento estruturante B
$\gamma_R^{(n)}(f)$	<i>Abertura por reconstrução</i> da imagem f
$\varphi_B(f)$	<i>Fechamento</i> morfológico da imagem f com o elemento estruturante B
$\varphi_R^{(n)}(f)$	<i>Fechamento por reconstrução</i> da imagem f
$WTH(f)$	<i>Top-hat por abertura</i> da imagem f
$BTH(f)$	<i>Top-hat por fechamento</i> da imagem f
CLAHE	<i>Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization</i>
DoG	Diferença de gaussiana

GLCM	Matriz de co-ocorrência entre os níveis de cinza
<i>con</i>	<i>Contraste</i>
<i>coo</i>	<i>Entropia</i>
<i>std</i>	<i>Desvio-padrão</i>
<i>asm</i>	<i>Segundo momento angular</i>
<i>cor</i>	<i>Correlação</i>
Fa	Limiar
Ft	Função de transferência
VP	Verdadeiro-positivo
FP	Falso-positivo
FN	Falso-negativo
VN	Verdadeiro-negativo
Acc	Acurácia
Sens	Sensibilidade
Spec	Especificidade
DDSM	<i>Digital Database for Screening Mammography</i>
Z	<i>Z-score</i>
<i>newff</i>	<i>Feed-forward network</i>
<i>newcf</i>	<i>Cascade-forward network</i>
<i>newpr</i>	<i>Pattern recognition networks</i>
<i>traingdx</i>	<i>gradient descent with momentum and adaptive learning rate</i>
<i>trainscg</i>	<i>scaled conjugate gradient</i>
<i>trainoss</i>	<i>one-step secant</i>

1 INTRODUÇÃO

O câncer de mama é o segundo em número de ocorrências em termos mundiais e, além disso, é o mais comum entre as mulheres. O Brasil está entre os países com maior incidência deste tipo de câncer, tendo sido previstos aproximadamente 53 mil casos novos, para 2012, com um risco estimado de 52 casos a cada 100 mil mulheres [1].

A prevenção desta neoplasia ainda não é totalmente possível devido à variação dos fatores de risco e as características genéticas que estão abrangidas na sua etiologia, segundo o INCA [1]. Novas metodologias de rastreamento têm sido pesquisadas, pois conforme relatório da Agência Internacional para Pesquisa em Câncer (IARC)/OMS (*World Cancer Report 2008*), o impacto global do câncer mais que dobrou em 30 anos. Assim, é recomendada a mamografia para mulheres com idade entre 50 e 69 anos como um dos métodos efetivos para detecção precoce [1].

Neste contexto, novas metodologias de rastreamento têm sido propostas, como o diagnóstico auxiliado por computador (*Computer-aided diagnosis – CAD*). Segundo a definição proposta por Pietka [2], o CAD é um sistema de análise quantitativa de imagens médicas que visa dar suporte (ou "segunda opinião") na detecção de lesões e na tomada de decisão de diagnóstico de um especialista. Assim, o emprego do CAD visa melhorar a taxa de detecção de lesões, segundo Houssami *et al.* [3]. Estudos destes autores mostraram que o CAD pode melhorar a sensibilidade de um único leitor, com uma taxa adicional de detecção de câncer variando entre 1 e 19%.

Beneficiado pela automatização dos sistemas, o principal problema não é mais como obter os dados, mas como tratá-los de modo eficaz. Cerqueira *et al.* [4] afirmam que tais sistemas fornecem um grande conjunto de dados, e para que estes sejam convertidos em informação útil, deve-se usar métodos matemáticos e estatísticos modernos e eficientes. Dentre tais métodos destacam-se as Redes Neurais Artificiais (RNA) ([4][5][6][7]). Com o objetivo de auxiliar no diagnóstico de achados mamográficos, diversos trabalhos utilizando técnicas Inteligência Artificial (IA) como as Redes Neurais Artificiais, vêm sendo desenvolvidos, como parte de esquemas CAD. As Redes Neurais Artificiais são frequentemente usadas como classificadores em esquemas CAD [5], e seu desempenho depende de vários estágios anteriores ao processo de classificação da lesão, sendo os principais: a aquisição do padrão, fundamental para o desempenho dos sistemas de

reconhecimento visual, e a extração e seleção de atributos que melhor representam cada classe.

1.1 OBJETIVO

Propõe-se a desenvolver metodologia de identificação de regiões suspeitas a partir de parâmetros de textura utilizados como entrada de redes neurais com função de base radial (*Radial Basis Function* - RBF) e *Multi-Layer Perceptron* (MLP), permitindo classificá-las como sendo ou não lesões.

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

Na maioria dos casos, um sistema CAD é composto por 4 etapas [8]: pré-processamento, segmentação de regiões de interesse (ROI), extração de características morfológicas e/ou de texturas e classificação. A etapa de pré-processamento tem com objetivos principais retirar objetos indesejados da imagem (artefatos) e melhorar o contraste, ou seja, preparar a imagem para ser trabalhada e localizar o objeto a ser estudado [9].

A segmentação das regiões de interesse separa, automaticamente ou não, estruturas na qual se deseja. Este passo é importante, pois, a partir de informações da região segmentada, características de textura poderão ser quantificadas e utilizadas para determinar padrões a seguir e posteriormente classificar novas regiões de interesse. Os métodos mais empregados para tal prática são as redes neurais artificiais [8].

A Morfologia Matemática é uma das ferramentas utilizadas para localização da região de interesse e será vista a seguir.

2.1 MORFOLOGIA MATEMÁTICA

Morfologia Matemática, segundo Soille [10], é o estudo quantificado da forma e estrutura de conjuntos de pontos (no caso de imagens, conjunto de *pixels*), cujo principal objetivo é revelar a estrutura dos objetos formados pelos pontos pela transformação dos conjuntos que os modelam. Isto é realizado por Operadores Morfológicos (OMs). A partir desta estreita relação da Morfologia Matemática com a forma, torna-se natural aplicá-la como técnica de processamento de imagens.

Os OMs utilizam-se apenas da imagem em estudo e de um elemento estruturante (EE), nas aplicações mais simples. O EE é formado por determinado conjunto de *pixels*, cuja forma e tamanho são determinados pela aplicação desejada [10].

Em uma imagem f , as operações morfológicas são construídas a partir de duas operações básicas: a *erosão* e a *dilatação*, definidas respectivamente, como valor mínimo e valor máximo atribuído a um dado *pixel* x , escolhido entre os *pixels* pertencentes ao EE B . A origem do EE é a posição x e b é um *pixel* pertencente ao EE B [10].

A *erosão* ($\varepsilon_B(f)$) reduz o objeto e expande o fundo da imagem, enquanto a *dilatação* ($\delta_B(f)$) faz o oposto.

$$[\varepsilon_B(f)](x) = \min_{b \in B} f(x + b) \quad (2.1)$$

$$[\delta_B(f)](x) = \max_{b \in B} f(x + b) \quad (2.2)$$

2.1.1 *Abertura e fechamento*

Aplicações alternadas da *dilatação* e da *erosão* levam à concepção de duas novas operações denominadas *abertura* e *fechamento*.

A *abertura* morfológica da imagem f é definida como a *erosão* da imagem f com EE B , seguida de uma *dilatação* com o EE transposto. Tem um efeito de alisamento do contorno, eliminando pequenas protuberâncias de uma imagem [11] [12], conforme a Figura 2.1.

$$\gamma_B(f) = \delta_{B^T}[\varepsilon_B(f)] \quad (2.3)$$

O *fechamento* morfológico é definido pela sequência *dilatação* - *erosão* com o EE transposto e preenche pequenos buracos e lacunas no contorno de uma imagem [11] [12], como demonstrado na Figura 2.2.

$$\varphi_B(f) = \varepsilon_{B^T}[\delta_B(f)] \quad (2.4)$$



(A) Original*

(B) *Abertura*

Figura 2.1 - Exemplo de *abertura* (B). Observa-se que há um alisamento do contorno.

*http://wallpapers.free-review.net/42__Coastal_Holiday%2C_Sand_Beach.htm



(A) Original

(B) Fechamento

Figura 2.2 - Exemplo de *fechamento* (B). Elimina-se lacunas no contorno da imagem.

2.1.2 *Abertura e Fechamento por Reconstrução*

A *abertura por reconstrução* ($\gamma_R^{(n)}$) preserva a configuração dos elementos que não foram removidos pela *erosão*, ou seja, apenas as características da imagem que não contêm o EE são removidas [11] [12].

A *abertura por reconstrução* de tamanho n , na imagem f , é definida como a *reconstrução por dilatação* de f sobre o resultado da *erosão* de f , n vezes (Figura 2.3). Dada por:

$$\gamma_R^{(n)}(f) = R_f[\varepsilon^{(n)}(f)] \quad (2.5)$$



(A) Original

(B) *Abertura por reconstrução*

Figura 2.3 - Exemplo de *abertura por reconstrução* (B).

O fechamento por reconstrução ($\varphi_R^{(n)}$) de tamanho n é definido como a reconstrução por erosão de f , a partir do resultado da dilatação de f , n vezes (Figura 2.4):

$$\varphi_R^{(n)}(f) = R_f[\delta^{(n)}(f)] \quad (2.6)$$



(A) Original

(B) Fechamento por reconstrução

Figura 2.4 - Exemplo de fechamento por reconstrução (B).

2.1.3 Top-hat

Soille [10] afirma que, o filtro *Top-hat* usa o conhecimento sobre as formas que não compartilham das estruturas relevantes da imagem e, então se faz *abertura* ou *fechamento* com o EE que não se ajusta as estruturas relevantes da imagem para então removê-las. O sucesso do filtro deve-se ao fato de que algumas vezes é mais fácil remover o que é relevante na imagem do que tentar remover o que não é.

Segundo Parker [11] e Marques [12], o *Top-hat* pode ser mais bem compreendido se a variação espacial da intensidade do sinal da imagem for interpretada como uma superfície topográfica. Essa superfície seria percorrida por um “chapéu” e apenas os objetos na imagem com alto contraste conseguiriam ultrapassar o topo deste e aparecer na imagem resultante. Dessa forma, controlando-se as dimensões do chapéu, ou seja, a abertura e a altura, objetos de diferentes diâmetros e brilho seriam detectados.

Este filtro pode ser do tipo *Top-hat por abertura* ou *branco* (WTH – Figura 2.5), neste tipo de filtro todas as estruturas da imagem aberta que não contém o EE são extraídas no final. Consiste na diferença entre a imagem f original e sua *abertura* (γ) matematicamente [11] [12].

$$WTH(f) = f - \gamma(f) \quad (2.7)$$

O filtro pode ser também do tipo *Top-hat por fechamento* ou *preto* (BTH – Figura 2.6), que consiste na diferença entre o *fechamento* (φ) da imagem f e a própria imagem [11] [12].

$$BTH(f) = \varphi(f) - f \quad (2.8)$$



(A) Original

(B) *Top-hat por abertura*

Figura 2.5 - Exemplo de *Top-hat por abertura* (B).



(A) Original

(B) *Top-hat por Fechamento*

Figura 2.6 - Exemplo de *Top-hat por fechamento* (B).

Quando se utilizam Operadores Morfológicos, o resultado poderá ser o destacamento de uma região específica, assim os tornando capazes de serem utilizados em uma mamografia que apresenta lesão. Se esta lesão é o ponto de interesse com o objetivo de ser detectada e

isolada, quando acontece, é denominada região suspeita, uma vez que antecede o diagnóstico. A detecção de região suspeita exige ser bem formulada, pois se o método não detecta a lesão quando se a tem, gerará um problema.

2.2 DETECÇÃO DE REGIÕES DE INTERESSE

Segundo Costa *et al.* [9], a utilização de uma metodologia específica de pré-processamento afeta a seleção dos valores dos parâmetros do sistema CAD, por isso, se faz necessário o uso de ferramentas eficientes. Assim, por exemplo, Pizer *et al.* [13] propuseram uma metodologia baseada na equalização de histograma utilizando parâmetros locais conhecidos como AHE (*Adaptive Histogram Equalization*).

Posteriormente, em 2008, Papadopoulos *et al.* [14] utilizaram uma outra técnica, CLAHE (*Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization*), que promove o aumento do contraste de imagens médicas. Estes autores afirmam que tal técnica, ao subdividir a imagem em regiões de mesmo contexto, permite aplicar a equalização de histograma a cada uma delas. Para tal, os valores de intensidade da imagem são modificados pela aplicação de metodologia não-linear com vistas a maximizar o contraste para todos os *pixels* da imagem, equilibrando os valores de cinza. A vantagem do CLAHE (Figura 2.7) é utilizar apenas informação regional para melhorar o contraste, no entanto, sua desvantagem é a probabilidade de um aumento excessivo de ruído, o que degrada a qualidade da imagem original. O CLAHE pode ser definido pela expressão:

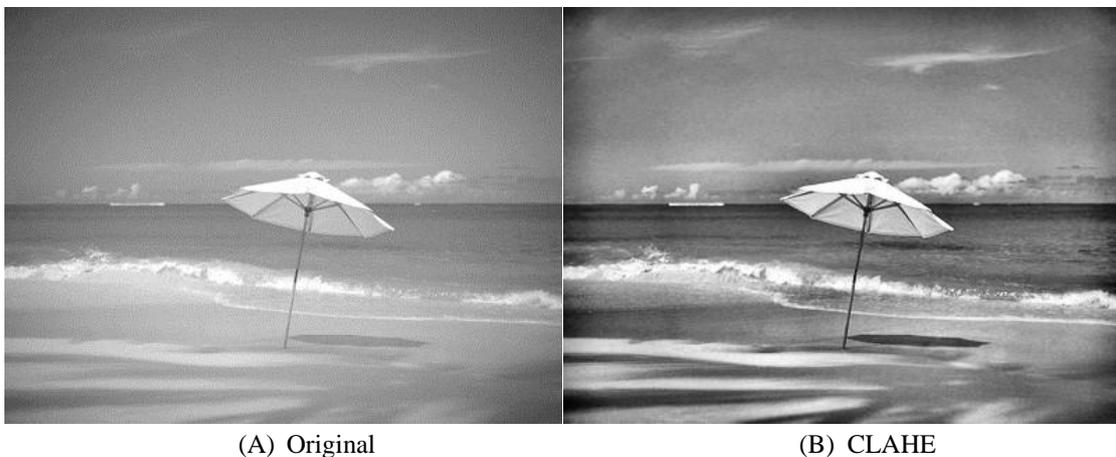


Figura 2.7 – O contraste é operado em pequenas regiões na imagem, ao invés da imagem inteira.

$$\text{CLAHE} = (\text{HistPixel}(\text{sum}) - \text{HistMin}) / (\text{HistMax} - \text{HistMin}) \quad (2.9)$$

onde $\text{HistPixel}(\text{sum})$ é o valor acumulado do histograma e HistMax e HistMin são, respectivamente, o valor máximo e mínimo do histograma.

Uma técnica para localização de ROI, segundo Catarious *et al.* [15], é a aplicação do filtro Diferença de Gaussiana (DoG) que é construído a partir da subtração de duas distribuições gaussianas de mesma média e variâncias distintas. Supondo que as duas distribuições possuam matrizes de covariância da forma $\sigma_1 I$ e $\sigma_2 I$, onde I é a matriz identidade e o escalar de σ_1 é estritamente menor que o escalar de σ_2 , o modelo de filtro DoG é formado por:

$$w = \frac{1}{\sigma_1 \sqrt{2\pi}} \exp\left(-\frac{(x - \mu)^T (x - \mu)}{2\sigma_1^2}\right) - \frac{1}{\sigma_2 \sqrt{2\pi}} \exp\left(-\frac{(x - \mu)^T (x - \mu)}{2\sigma_2^2}\right) \quad (2.10)$$

onde μ é a origem, x é a distância da origem, σ_1 e σ_2 são desvios-padrão e T a transposta.

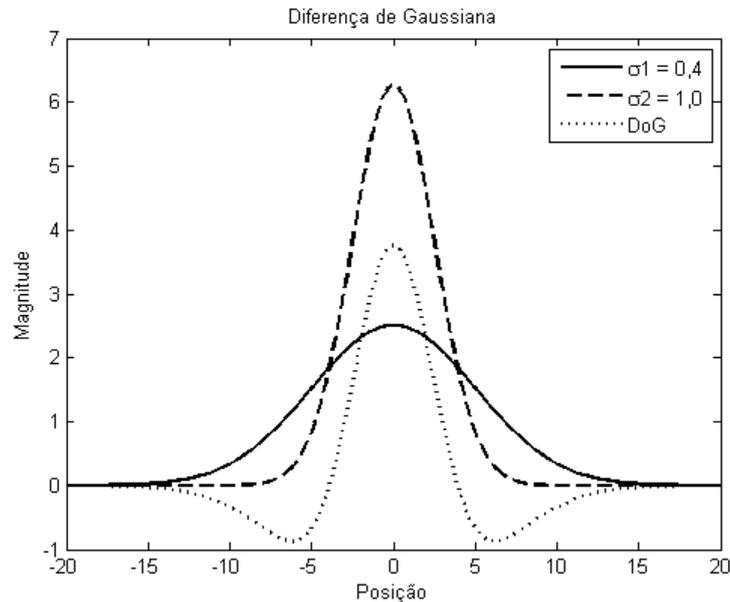


Figura 2.8 - Representação do modelo de filtro DoG que consiste na posição do pixel e sua magnitude. Elimina a continuidade de cinza.

A primeira gaussiana, que inibe apenas as informações de alta frequência, subtraída da segunda, preserva a informação espacial que fica entre a faixa de frequências, por isso, Catarious *et al.* [15] definem o filtro DoG como um filtro passa-banda. Como ilustrado na

Figura 2.8 e pela propriedade do filtro DoG, tem-se o realce das bordas e inibição de níveis de cinza (Figura 2.9).



Figura 2.9 - O filtro DoG (B) destaca as bordas quando há subtração de duas gaussianas de diferentes desvios-padrão.

Uma vez detectado a ROI como suspeita a lesão, o próximo etapa é segmentar e extrair as informações necessárias para padronizar essa região.

2.2.1 Segmentação e extração de características morfológicas

A segmentação das regiões suspeitas, segundo Alvarenga [16], separa, automaticamente ou não, estruturas de interesse, que neste caso são candidatas a lesões, e é mais exigente do que a segmentação de outras imagens naturais ou artificiais, porque as lesões de mama em mamogramas normalmente têm bordas irregulares e de baixo contraste.

Para Shi *et al.* [17], ao se obter informações da região segmentada, características morfológicas e de textura podem ser quantificadas e utilizadas para classificar em falso-positivos (definido como detecção de regiões suspeitas não correspondentes a lesões).

Sobre técnica de extração de características morfológicas, Alvarenga [16] propõe um sistema semiautomático em imagens de ultrassonografias mamárias, o qual se baseia em OM. Este autor utiliza características morfológicas e de textura para a classificação do nódulo quanto ao seu contorno (regular ou irregular) e diagnóstico (benigno ou maligno), demonstrando que tais variáveis são importantes aliadas à classificação correta do nódulo.

Embora vários parâmetros de textura tenham sido estudados, os mais comuns são aqueles extraídos da matriz de co-ocorrência entre os níveis de cinza (GLCM) [18].

Considerando-se uma imagem $p(i, j)$, com G níveis de cinza, a matriz de ocorrência entre estes níveis é um histograma bidimensional (i, j) , para os quais há um nível de cinza i , espaçado por de uma distância d de um nível de cinza j , ao longo de uma direção θ , conforme a Figura 2.10.

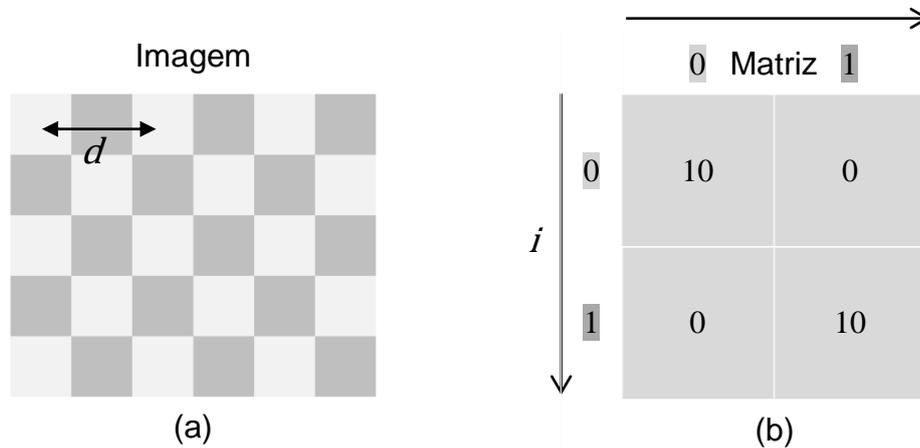


Figura 2.10 - Exemplo de GLCM calculado com dois níveis de cinza, $d = 2$ e $\theta = 0$. O primeiro *pixel* $f(1,1)$ faz o par para $f(1,3)$, ($f(1,1) = 0$, $f(1,3) = 0$), para $d = 2$ e $\theta = 0$, resultando em $p(0,0) = 1$. Movendo para a direita, o próximo *pixel*, $f(1,2)$, faz um novo par ($f(1,2) = 1$, $f(1,4) = 1$), resultando em $p(1,1) = 1$. Da mesma forma, para $f(1,3)$ outro par de *pixels* ($f(1,3) = 0$, $f(1,5) = 0$) é obtida, e $p(0,0)$ passa a ter duas ocorrências $p(0,0) = 2$. Após este procedimento, todos os pares de *pixels* será fornecido por $(f(x, y), f(x, y + d))$, para $x = (1 \dots 6)$ e $y = (1 \dots 5)$, e a matriz GLCM será composto por $p(0,0) = 10$, $p(0,1) = 0$, $p(1,0) = 0$ e $p(1,1) = 10$.

Os seguintes parâmetros podem ser definidos a partir da GLCM [18]:

- **Contraste (*con*)**; mensura a variação local da textura na imagem. [19].

$$con = \sum_{i,j} (i - j)^2 \cdot p(i, j) \quad (2.11)$$

- **Entropia (*coo*)**; Esse parâmetro mede, como o nome sugere, a desordem da imagem. Portanto, essa medida assume valores elevados quando a imagem possui textura não uniforme. A entropia está fortemente relacionada, porém de maneira inversa, com o segundo momento angular [19].

$$coo = \sum_{i,j} p(i, j) \cdot \log[p(i, j)] \quad (2.12)$$

- **Desvio-padrão (*std*)**; refere-se à variabilidade de nível de cinza dos pares de *pixel* [19].

$$std = \sqrt{\frac{1}{G^2} \sum_{i,j} (p(i,j) - \bar{p})^2} \quad (2.13)$$

- **Segundo momento angular (*asm*)**; Esse parâmetro também é chamado de energia e uniformidade. O segundo momento angular mede a uniformidade da textura, ou seja, a quantidade de repetições de pares de pixels. Essa medida terá valores altos quando os valores da matriz de co-ocorrência estiverem concentrados, ou seja, quando houver grande repetição na variação dos níveis de cinza [19].

$$asm = \sum_{i,j} p(i,j)^2 \quad (2.14)$$

- **Correlação (*cor*)**; É a medida da dependência linear dos tons de cinza em uma imagem. Altos valores de correlação implicam uma relação linear entre os níveis de cinza dos pares de pixels [19].

$$cor = \frac{\sum_{i,j} i \cdot j \cdot p(i,j) - m_x m_y}{\sqrt{S_x^2 \cdot S_y^2}} \quad (2.15)$$

onde:

$$m_x = \sum_i i \sum_j p(i,j)$$

$$m_y = \sum_j j \sum_i p(i,j)$$

$$S_x^2 = \sum_i i \sum_j p(i,j) - m_x^2$$

$$S_y^2 = \sum_j j \sum_i p(i,j) - m_y^2$$

2.3 REDES NEURAIIS ARTIFICIAIS

A classificação tem como objetivo principal associar um conjunto de informações pré-definidas com base em atributos e características, que identifique a melhor classe que irá caracterizar o caso em estudo. A tarefa de classificação ocorre em várias áreas da atividade humana e as pesquisas na área têm sido bastante direcionadas à construção de procedimentos automáticos de classificação.

A última fase, que é a de classificação dos achados em, por exemplo, maligno ou benigno, ou, como no presente caso, identificar as regiões como tendo ou não uma lesão, o método mais empregado segundo Cheng *et al.* [8], para tal prática têm sido as Redes Neurais Artificiais (RNAs), frequentemente usadas como classificadores em esquemas CAD.

Azevedo *et al.* [20] e Haykin [6] exemplificam as propriedades típicas das RNAs que aprendem a partir da experiência e generalizam novos exemplos a partir de exemplos prévios, abstraindo características essenciais de entrada, mesmo contendo dados irrelevantes. O procedimento utilizado para realizar o processo de aprendizagem é chamado de algoritmo de aprendizagem, cuja função é modificar os pesos sinápticos da rede de uma forma ordenada para alcançar um objetivo de projeto desejado. Para que uma RNA possa simular o funcionamento de uma Rede Neural Natural (RNN), utiliza-se o processamento paralelo distribuído, composto por unidades de processamento simples, chamadas de nodos [21].

Sabendo que a rede neural baseia-se nos dados para extrair um modelo geral, a fase de aprendizado deve ser rigorosa, a fim de se evitar modelos irrealistas. Assim, de 50 a 90% do total de dados devem ser separados para o treinamento da rede neural, dados estes escolhidos aleatoriamente, a fim de que a rede "aprenda" as regras e não as "decore". O restante dos dados só é apresentado à rede neural na fase de testes, a fim, de que ela possa "deduzir" corretamente o inter-relacionamento entre os dados [21].

Segundo Braga e Carvalho [21] e Haykin [6], o neurônio artificial é a unidade computacional básica que forma a rede neural artificial, e pode ser chamado de unidade de processamento, nó, nodo ou processador. Sua estrutura é composta de uma ou mais entradas (X_1, X_2, \dots, X_n), onde, para cada entrada haverá um peso (W_1, W_2, \dots, W_n) que será multiplicado e a soma (Σ) desses resultados levarão à excitação do neurônio, recebendo o nome de entrada ponderada. Depois de acumulado, o valor somado será comparado com um limiar (Fa), previamente estipulado, e se ultrapassa-lo, será transferido (Ft) para a saída e que poderá afetar a resposta final da rede, ou os neurônios da próxima camada (Figura 2.11).

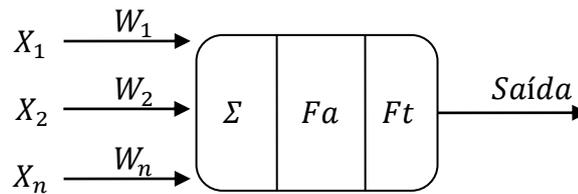


Figura 2.11 - Neurônio artificial. $X_i = \text{Entrada}$, $W_i = \text{Peso}$, $\Sigma = X_i * W_i$, $Fa = \text{Limiar}$ e $Ft = \text{Função de transferência}$.

Os pesos representam o grau de importância de determinada entrada em relação àquele determinado neurônio, ou seja, o sinal que passa pela sinapse depende da intensidade do sinal de entrada e do peso correspondente. Quando uma entrada é bastante estimulada, acaba estimulando também, os pesos correspondentes à sua conexão que irão influenciar o resultado do sinal de saída. A função de ativação repassa o sinal para a saída do neurônio, sendo esta, uma função de ordem interna, cuja atribuição é fazer acontecer um nível de ativação dentro do próprio neurônio. A decisão é tomada pelo neurônio sobre o que fazer com o valor resultante do somatório das entradas ponderadas. Já a função de transferência, também conhecida como limiar lógico (*threshold*), envia para fora do neurônio o valor passado pela função de ativação [21]. A correção dos pesos acontece a cada apresentação à rede de um exemplo do conjunto de treinamento. Cada correção de pesos baseia-se somente no erro do exemplo apresentado naquela iteração. Assim, em cada ciclo ocorrem N correções.

A arquitetura de uma RNA define a forma como seus neurônios estão organizados, podendo ser diferenciadas umas das outras em função do número de camadas e dos arranjos das conexões. Conforme a Figura 2.12, genericamente as RNA possuem: camada de entrada, que é utilizada para captar estímulos externos e repassá-los para a camada intermediária; camadas intermediárias ou escondidas, cujas saídas dos neurônios não são acessadas por procedimentos externos à RNA; e a camada de saída, que retrata o resultado produzido pela RNA em resposta a uma dada entrada [21].

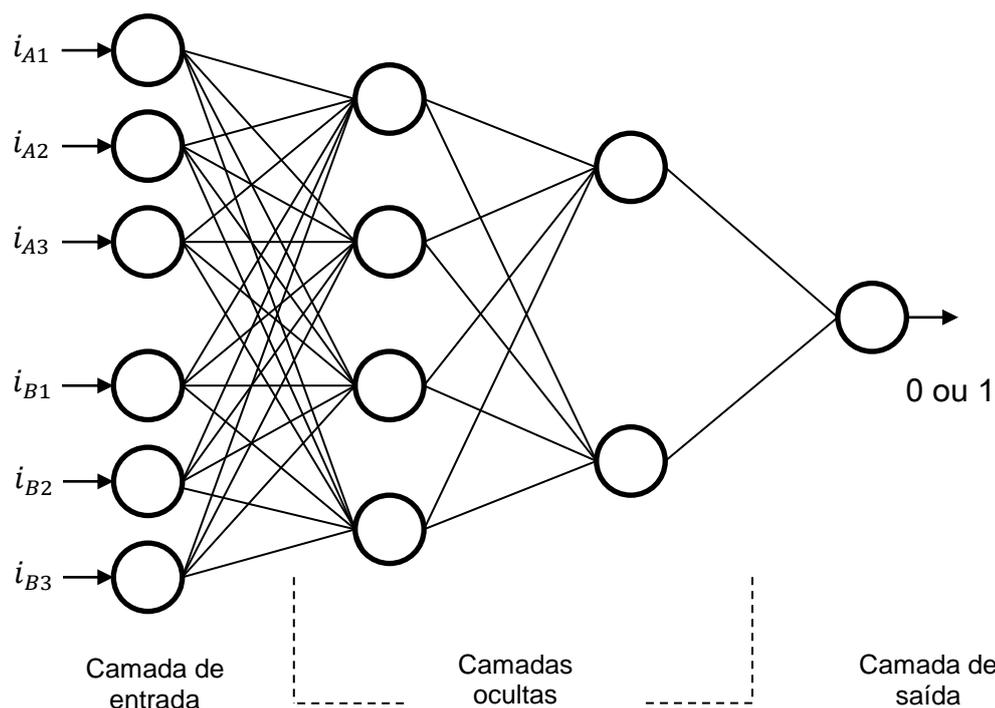


Figura 2.12 – Exemplo de representação das entradas e saídas da RNA Multilayer Perceptron.

Na modelagem da rede podem ocorrer um ou dois efeitos de resposta, conhecido como *overfitting* e *underfitting*. O *overfitting* é uma situação onde há sobreparametrização da rede, ou seja, quando a rede tem mais parâmetros (pesos) do que necessário para a resolução do problema. Por sua vez, o *underfitting* ocorre quando a rede tem menos parâmetros do que necessário. O objetivo do treinamento deve ser então o de encontrar o ajuste ideal na fronteira entre o *overfitting* e o *underfitting* [6].

2.3.1 Principais Funções de Transferência

2.3.1.1 Função de Transferência *Hard-Limit*

A função de transferência *Hard-Limit* limita a saída do neurônio a dois possíveis valores: $a = 0$, se o argumento de entrada n for inferior a zero, ou $a = 1$, se n for maior ou igual a zero. Essa função é representada graficamente na Figura 2.13 [6].

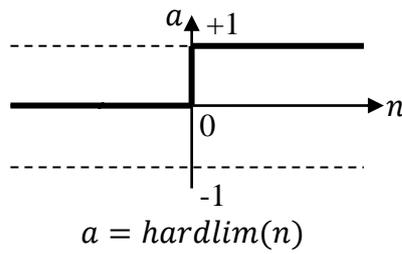


Figura 2.13 - Função de Transferência *Hard-Limit*.

2.3.1.2 Função de Transferência Linear

A função linear é utilizada para aproximação de valores em filtros lineares. O vetor de saída $a = n$ como mostra a representação gráfica na Figura 2.14 [6].

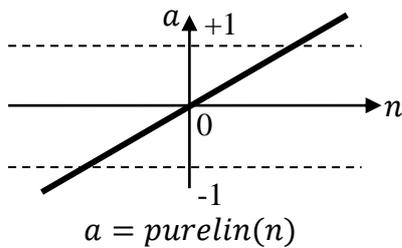


Figura 2.14 - Função de Transferência Linear.

2.3.1.3 Função de Transferência *Log-Sigmoid* ou sigmoide

A utilização da função *Log-Sigmoid* em redes *backpropagation* é muito comum, principalmente por tratar-se de uma função diferenciável. Essa função recebe, como entrada n , qualquer valor entre $-\infty$ e $+\infty$ e comprime a saída a à valores entre zero e um (Figura 2.15) [6].

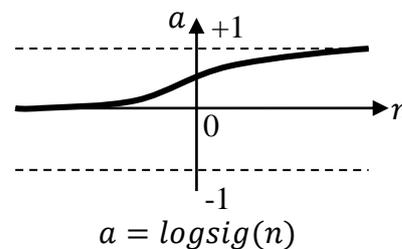


Figura 2.15 - Função de Transferência *Log-Sigmoid*.

2.3.1.4 Função de Transferência *Tan-Sigmoid* ou tangente hiperbólica

Essa função, da mesma forma de a *Log-Sigmoid*, é diferenciável e recebe como entrada n qualquer valor entre $-\infty$ e $+\infty$, porém comprime a saída a à valores entre -1 e 1 (Figura 2.16) [6].

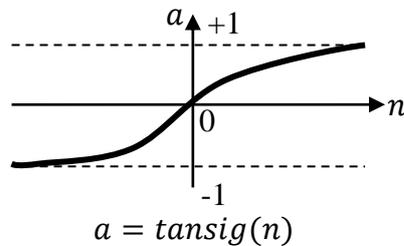


Figura 2.16 - Função de Transferência *Tan-Sigmoid*.

2.3.2 Redes *Multilayer Perceptron* (MLPs)

Uma rede *multilayer perceptrons* é uma rede progressiva, segundo Haykin [6], pois as saídas dos neurônios em qualquer particular camada se conectam unicamente às entradas dos neurônios da camada seguinte, sem a presença de laços de realimentação, conseqüentemente, o sinal de entrada se propaga através da rede, camada a camada, em um sentido progressivo.

O algoritmo de treino quase universalmente utilizado para tanto é o algoritmo de retro-propagação do erro, conhecido na literatura como *Backpropagation Algorithm* ou simplesmente *Backprop* [6].

O algoritmo *backpropagation* baseia-se na heurística do aprendizado por correção de erro (em que o erro é retro-propagado da camada de saída para as camadas intermediárias da RNA). Haykin [6] afirma que, basicamente, esse algoritmo consiste de dois passos através das diferentes camadas do MLP: um passo direto e um passo reverso.

No passo direto, um padrão de atividade do processo a ser aprendido (ou vetor de entrada) é aplicado aos nós de entrada do MLP e o seu efeito se propaga através da rede, camada por camada, produzindo, na camada de saída, a resposta do MLP à excitação aplicada (vetor de saída). Durante o passo direto os pesos sinápticos são todos fixos.

Durante o passo reverso os pesos sinápticos são todos ajustados de acordo com a regra de aprendizado por correção de erro. Especificamente, a resposta do MLP à excitação é subtraída de um padrão de resposta desejado para aquela excitação aplicada, de forma a produzir um sinal de erro. Este sinal de erro é, então, propagado de volta através dos mesmos

neurônios utilizados no passo direto, mas no caminho contrário do fluxo de sinal nas conexões sinápticas - daí o nome *backpropagation*. Os pesos sinápticos são, então, ajustados de forma que a resposta obtida do MLP aproxime-se mais do padrão de resposta desejado [6].

Pelo fato da MLP ser uma rede progressiva, existem várias maneiras de construir diferentes arquiteturas, podendo ser [6] [7]:

- *Feed-forward* → Uma RNA é dita progressiva (*feed-forward*) quando as saídas dos neurônios em qualquer particular camada se conectam unicamente às entradas dos neurônios da camada seguinte, sem a presença de laços de realimentação. Conseqüentemente, o sinal de entrada se propaga através da rede, camada a camada, em um sentido progressivo (Figura 2.17) [7].

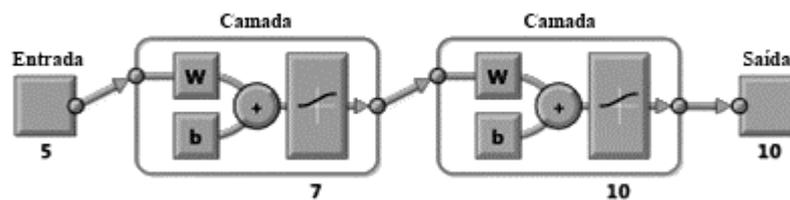


Figura 2.17 - RNA *feed-forward*.

- *Cascade-forward* → São semelhantes às redes *feed-forward*, mas incluem uma conexão da entrada e da camada anterior para a camada seguinte (Figura 2.18) [7].

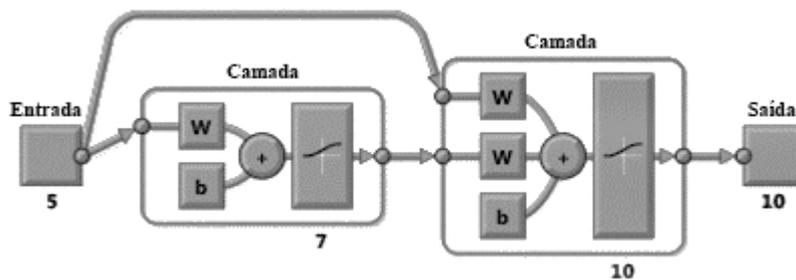


Figura 2.18 - RNA *cascade-forward*.

- *Pattern recognition networks* → São redes *feed-forward* que podem ser treinadas para classificar as entradas de acordo com as classes de saída. Os dados de saída

para as *pattern recognition networks* devem ser constituídos de vetores com valores zero, exceto para i , onde i é a classe que irá representar [7]. (Figura 2.19).

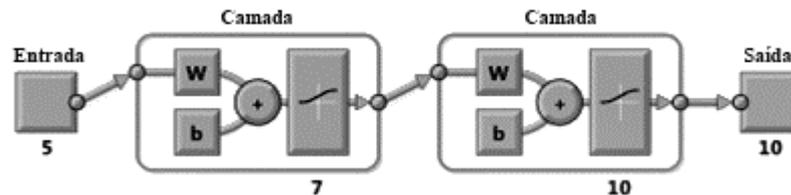


Figura 2.19 - RNA *Pattern Recognition Networks*. É semelhante a RNA *feed-forward*.

2.3.3 Redes de Funções de Base Radial (RBF)

Além dos estudos envolvendo a classificação, outras técnicas vêm sendo estudadas para melhorar a separação de classes, reconhecimento de padrões e tomada de decisões, uma delas é a Rede Neural de Funções de Base Radial (*Radial Basis Function Neural Network* – RBF ou RBFNN).

Von Zuben e Attux [22] afirmam que, nas funções de base radial (RBFs), os neurônios geralmente são funções radiais multivariadas, com vários argumentos de entrada, e com comportamento radial em relação a cada argumento, ou seja, as funções radiais decrescem (ou crescem) monotonicamente à medida que se distanciam do ponto central. São redes supervisionadas, consideradas aproximadoras universais.

A estrutura de uma rede RBF consiste de três camadas de neurônios. A primeira conecta o espaço vetorial de entrada com a segunda camada (camada escondida). Cada um dos neurônios que forma a camada escondida representa um centro (*cluster*) no espaço dos dados de entrada. Sendo assim, esta camada pode ser representada como uma série de tais *clusters* [6].

O projeto de uma rede neural RBF pode ser visto como um problema de ajuste de curvas (ou, dito de outra forma, um problema de aproximação de funções) em um espaço de alta dimensionalidade. De acordo com este ponto de vista, o aprendizado de uma RBF é equivalente a encontrar uma superfície em um espaço multi-dimensional que melhor se ajuste ao conjunto de dados de treinamento, sendo o critério para o "melhor ajuste" medido em algum sentido estatístico [22].

O parâmetro variado para otimização da rede RBF, na simulação, é o *spread*, que caracteriza a largura da função RBF [6], e definido como o valor de entrada para o qual a função vale 0,5, conforme mostrado na Figura 2.20.

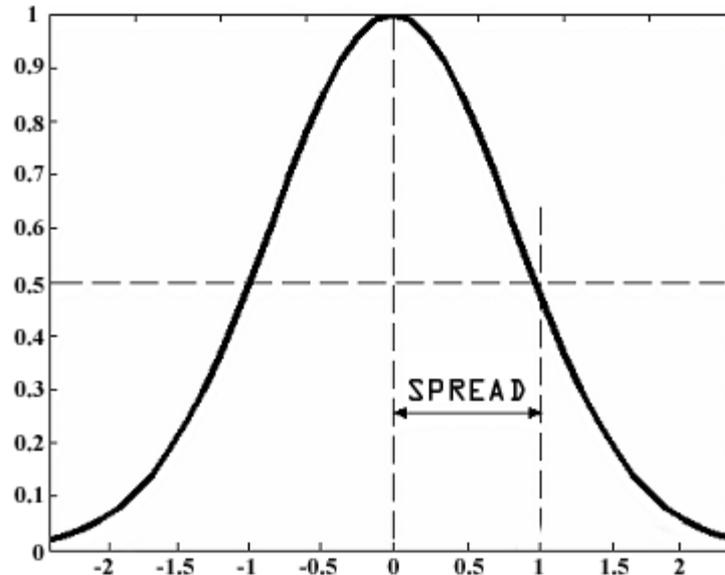


Figura 2.20 - Exemplo de um spread de 1.0 para RBF.

As redes neurais artificiais do tipo *Radial Basis Function* são ferramentas extremamente flexíveis em um ambiente dinâmico. Elas têm a capacidade de aprender rapidamente padrões complexos e tendências presentes nos dados e de se adaptar rapidamente às mudanças. Estas características as tornam especialmente adequadas para predição de séries temporais, especialmente aquelas séries regidas por processos não lineares e/ou não estacionários [6] [22].

É interessante comentar algumas diferenças importantes entre as redes MLPs e as redes RBFs, no contexto de aproximação de funções, sob idênticas condições do ambiente no qual estão inseridas, de uma forma geral pode-se afirmar que [23] [6]:

- Erro final atingido por uma rede RBF é menor do que o erro final atingido por uma rede MLP;
- A convergência de uma rede RBF pode chegar a ser uma ordem de grandeza mais rápida do que a convergência de uma rede MLP;
- A capacidade de generalização de uma RNA MLP é, em geral, superior à capacidade de uma RNA RBF.

Para ambas as redes, MLP e RBF, antes de iniciar o treinamento, faz-se necessário normalizar os dados de entrada na RNA [24]. Essa normalização é muito importante para adequar os dados ao padrão estabelecido pela RNA.

2.3.4 Normalizando os dados de entrada e saída

O processo de normalização é crítico para o resultado de treinamento. Se os valores de entrada e saída não forem da mesma magnitude, os pesos deverão ser ajustados fortemente para compensar estas diferenças, o que não é feito de forma eficiente nos algoritmos de treinamento (por exemplo, retropropagação). Ainda, as funções de transferência típicas não podem distinguir entre valores de magnitude muito grandes.

Para evitar estes problemas, os valores de entrada são normalizados utilizando um dos seguintes métodos [25]:

- Normalizar a (0,1) dividindo pelo valor maior:

$$X_i^N = \frac{X_i}{X_i^{max}} \quad (2.16)$$

Uma limitante deste método é que ele não aproveita integralmente o intervalo de aplicação da função de transferência [25].

- Normalizar o intervalo $[x_{min}, x_{max}]$ a $[0,1]$ utilizando a fórmula:

$$X_i^N = \frac{X_i - X_i^{min}}{X_i^{max} - X_i^{min}} \quad (2.17)$$

Este método é significativamente melhor que o anterior, pois expande o intervalo de definição da variável utilizando todo o intervalo da função de transferência. Ainda, todas as variáveis do conjunto de dados terão a mesma distribuição, o que melhora a eficiência do treinamento [25].

- Normalizar os dados ao intervalo $(-1,1)$, convertendo o valor médio a zero. Este método é chamado de normalização de média zero e é obtido pela fórmula:

$$X_i^N = \frac{X_i - \bar{X}_l}{\max[X_i^{max} - \bar{X}_l, \bar{X}_l - X_i^{min}]} \quad (2.18)$$

onde \bar{X}_i é o valor médio da variável no conjunto de dados. Este método, como o anterior, utiliza todo o intervalo da função de transferência e garante que todas as variáveis têm a mesma distribuição. Mais interessante, segundo Garcia [25], é que este método fornece um significado aos valores das variáveis normalizadas: "0" significa o valor médio e "1" que a variável está no extremo de desvio do valor médio. Isto significa que a RNA está sendo treinada apenas para aprender os desvios dos valores de saída, o que é muito mais eficiente.

- A Normalização por *Z-score* (*Standard score*) baseia-se na curva normal. Mede quanto um determinado resultado (valor) afasta-se da média em unidades de desvio-padrão [25].

$$Z = \frac{x - \bar{x}}{s} \quad (2.19)$$

2.3.5 Procedimento *leave-one-out*

No procedimento *leave-one-out*, $N - 1$ exemplos são usados para treinar o modelo, e este é validado testando-o sobre o exemplo deixado de fora. O experimento é repetido um total de N vezes, cada vez deixando de fora um exemplo diferente para o teste, conforme a Tabela 2.1 [26]. A acurácia, especificidade e a sensibilidade média para todas as N tentativas são utilizadas para avaliar os desempenhos dos modelos de redes utilizados neste trabalho.

Quando são desenvolvidos sistemas, métodos ou testes que envolvem a detecção, diagnósticos ou previsão de resultados, é importante validar seus resultados de forma a quantificar seu poder discriminativo e identificar um procedimento ou método como adequado ou não para determinada análise [25].

Tabela 2.1 - Exemplo de tratamento dos dados pelo algoritmo de *leave-one-out*

1	2	3	...	N
TESTE	TREINAMENTO	TREINAMENTO	...	TREINAMENTO
TREINAMENTO	TESTE	TREINAMENTO	...	TREINAMENTO
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
TREINAMENTO	TREINAMENTO	...	TREINAMENTO	TESTE

3 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1 CAD E CÂNCER DE MAMA

Esquemas CAD têm sido amplamente desenvolvidos por diversos grupos de pesquisas com a finalidade de auxiliar a detecção precoce do câncer de mama, pois a descoberta da doença na fase inicial favorece muito o tratamento. Assim, por exemplo, Giger [27] afirma que, de 10% a 30% de mulheres que tiveram câncer de mama e foram submetidas à mamografia, tiveram seus mamogramas interpretados como normal pelos radiologistas. Além disso, a porcentagem total de câncer de mama detectados por número de biópsias realizadas com base no rastreamento mamográfico varia entre 10% e 50% [28].

A grande dificuldade na identificação de estruturas que possam indicar suspeita da formação de câncer em mamas densas se deve aos tecidos que a compõem que apresentam taxa de absorção aos raios X muito semelhantes, gerando assim, imagens de baixo contraste em que nem sempre o especialista consegue detectar sinais precoces da doença apenas por inspeção visual [3].

Nesse sentido, os esquemas CAD podem ser úteis, pois, a aplicação de técnicas de processamento de imagens permite o realce de áreas suspeitas da imagem. Em geral, esses sistemas possuem técnicas específicas de processamento de imagem para realizar uma detecção refinada de estruturas que possam vir a identificar agrupamentos e classificar estruturas que possam indicar precocemente o câncer de mama.

Dentre essas estruturas, as microcalcificações agrupadas e os nódulos são fortes indicadores da existência de uma lesão em formação. Encontram-se na literatura ([29], [30] e [31]) técnicas de realce e segmentação de imagens que tentam identificar a presença de lesões em imagens mamográficas digitalizadas.

Os parâmetros devem ser escolhidos de forma adequada (Elementos Estruturantes, Operadores Morfológicos, etc...) para garantir o bom funcionamento destes algoritmos. Segundo Soille [10], o problema é que os valores desses parâmetros devem variar de acordo com a imagem a ser processada, o que torna o desempenho dos algoritmos dependente daqueles valores selecionados pelo usuário.

A falha na interpretação e classificação de lesões suspeitas por especialistas implicam um número maior de biópsias desnecessárias. Neste contexto, o aspecto mais importante seria identificar as lesões em que a probabilidade de malignidade é baixa o suficiente para que a

biópsia seja evitada. A interpretação de lesões em um mamograma é uma tarefa complexa para os especialistas, de cuja experiência depende um diagnóstico preciso [32].

Trabalhos recentes utilizam as redes neurais artificiais como mecanismos de reprodução de comportamentos computacionalmente inteligentes, como o reconhecimento de padrões. Glingani [18] propõem um sistema utilizando dois tipos de redes neurais artificiais, uma rede extratora de características e uma classificadora de padrões do tipo MLP. No treinamento das redes neurais foram utilizadas imagens digitais de mamografias classificadas como suspeitas e não suspeitas. Os algoritmos usados no treinamento da rede foram o de competitividade e o algoritmo de retropropagação de erro. O desempenho do sistema foi avaliado com um teste de generalização, utilizando a técnica *leave-one-out*, que demonstrou a capacidade das redes neurais artificiais de aprender, generalizar e classificar coisas para as quais foram escolhidas, conforme visto na literatura [33].

Dheeba [24] trabalhou com uma abordagem para a localização de regiões anormais no tecido mamário em mamografias digitais, quando utilizou uma rede neural denominada *Swarm Optimization*. Seu método para a classificação utilizou texturas extraídas da Região de Interesse (ROI) para capturar informações como a energia.

Leite *et al.* [34] propuseram um sistema auxiliado por computador para analisar o núcleo de células aspiradas com uma fina agulha introduzida na mama (conhecido como “*Fine Needle Aspiration*”). Em uma imagem digital capturada, o núcleo é isolado e delimitado por um algoritmo de segmentação semiautomático conhecido como “*snakes*”. A fim de classificar a lesão, um conjunto de 10 parâmetros foi apresentado a uma rede neural do tipo “*feedforward*”.

Bellotti *et al.* [35] utilizaram um amplo banco de imagens digitalizadas de mamografias em seu sistema (3369 imagens). Os autores desenvolveram um algoritmo de localização de lesões utilizando limiares de binarização adaptativos, ou seja, após o pré-processamento da imagem, esta é binarizada em diversos níveis, combinando informações de vários níveis é possível localizar estruturas suspeitas. Em sequência, empregaram redes neurais para a classificação das regiões suspeitas, mais uma vez, características de textura e morfologia são empregadas como parâmetros.

Para a etapa anterior de classificação, a experiência clínica de radiologistas indica que a utilização de duas mamografias com diferentes projeções aumenta a acurácia de detecção de anormalidades na mama. Assim, Paquerault *et al.* [36] propuseram uma abordagem para auxiliar a segmentação de nódulos, utilizando uma fusão de informações sobre a localização

de regiões suspeitas, retiradas de duas imagens diferentes, uma de cada projeção (crânio-caudal e médio-lateral-oblíqua). Timp *et al.* [37] apresentaram uma metodologia semelhante, mas utilizam mamografias de exames anteriores e atuais para a fusão de informações. Sobrepondo as imagens de dois exames, foi possível detectar alterações suspeitas no tecido mamário.

Alvarenga [18] propõe um sistema de segmentação semiautomática de nódulos em imagens de ultrassonografias mamárias. Tal sistema se baseia em Operadores Morfológicos e na Transformada *Watershed*. Alvarenga [18] utiliza características morfológicas e de textura para a classificação do nódulo quanto ao seu contorno e diagnóstico, demonstrando que tais variáveis são importantes aliadas na classificação correta do nódulo.

4 MATERIAIS E MÉTODOS

4.1 BANCO DE IMAGENS

As mamografias utilizadas provêm do banco de imagens *Digital Database for Screening Mammography* (DDSM), disponível na *Internet* [38], do qual foram selecionadas as 175 mamografias que apresentavam uma única lesão, independente do diagnóstico. As imagens foram pré-processadas a fim de reduzir a resolução espacial para 200 μm e 256 níveis de cinza, com vistas a diminuir o tempo de processamento sem, entretanto, comprometer a proposta metodológica.

A seguir, foi separada apenas a região que continha a mama em cada imagem, outros elementos (data do exame e o tipo de projeção radiográfica) foram retirados. As dimensões da imagem foram mantidas, pois a mama ocupa a maior parte da imagem (Figura 4.21).

O método foi implementado utilizando o software MATLAB R2008A (*The Mathworks, Inc*) com sua extensão *Neural Network Toolbox v6.0.4* e o *SDC Morphology Toolbox v1.6*.

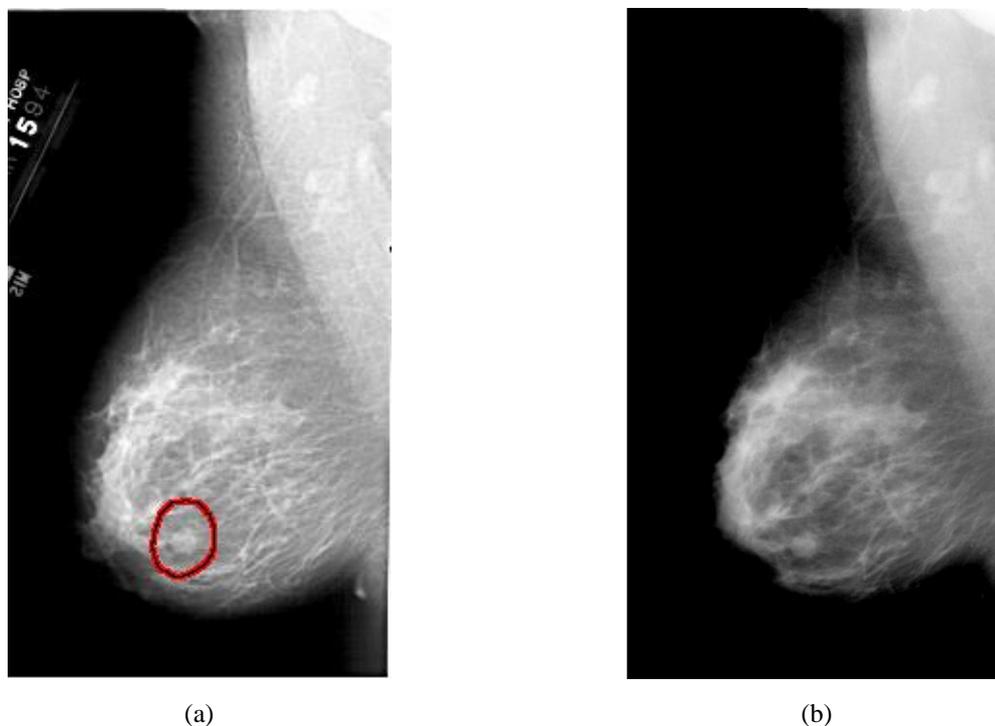


Figura 4.21 – (a) Imagem original do DDSM. Observam-se códigos escritos sobre o tipo de projeção radiográfica. Em todas as imagens podem ser indicadas, por opção, a lesão existente.

4.2 LOCALIZAÇÃO E SEGMENTAÇÃO DE REGIÕES SUSPEITAS

A metodologia de localização dos nódulos consistiu, inicialmente, em se processar a imagem objetivando o realce das regiões suspeitas, utilizando para tal uma equalização adaptativa de histograma (CLAHE - Figura 4.22), conforme a expressão 2.9. Após esta etapa, aplicou-se o operador *Top-hat por abertura* (expressão 2.7) à imagem equalizada, utilizando um EE circular de raio 60 *pixels* (que destaca estruturas menores que 2,4 cm, maior que a maioria dos nódulos 44[9]), obtendo-se a imagem I_1 . Em seguida, aplicou-se novamente à imagem equalizada, o OM *top-hat por abertura*, desta vez com um EE circular de raio 5 *pixels* (que destaca estruturas menores que 0,1 cm resultando na imagem I_2). O processamento foi concluído subtraindo-se I_1 de I_2 , resultando em uma imagem contendo estruturas com raios entre 5 e 60 *pixels* e, deste modo, manter apenas estruturas de tamanhos compatíveis com as lesões de interesse [9].

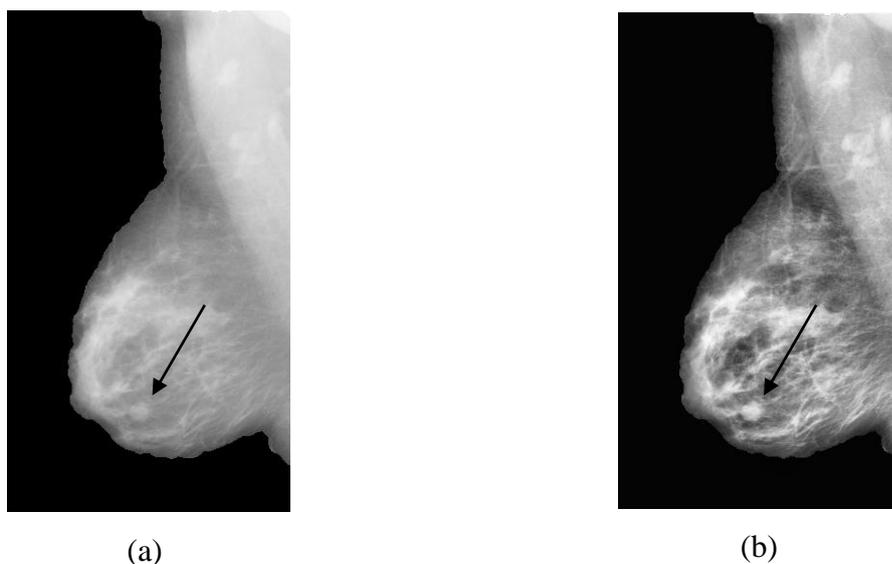


Figura 4.22 – (a) Imagem original. (b) Após a aplicação da equalização de histograma adaptativa (CLAHE). Em ambas as imagens, a lesão está indicada por uma flecha.

Para a localização das regiões suspeitas, sequencialmente, utilizou-se um filtro bidimensional de diferenças de gaussianas (*Difference of Gaussians* – DoG, expressão 2.10), com a finalidade de eliminar as bordas e, ao mesmo tempo, realçar regiões circulares. Inicialmente, escolheram-se duas gaussianas com tamanhos 320 *pixels* e desvios-padrão 20 e 25 *pixels* para convoluir com a imagem processada pelo filtro DoG, fazendo com que regiões circulares de tamanho compatível com o filtro sejam realçadas (Figura 4.23).

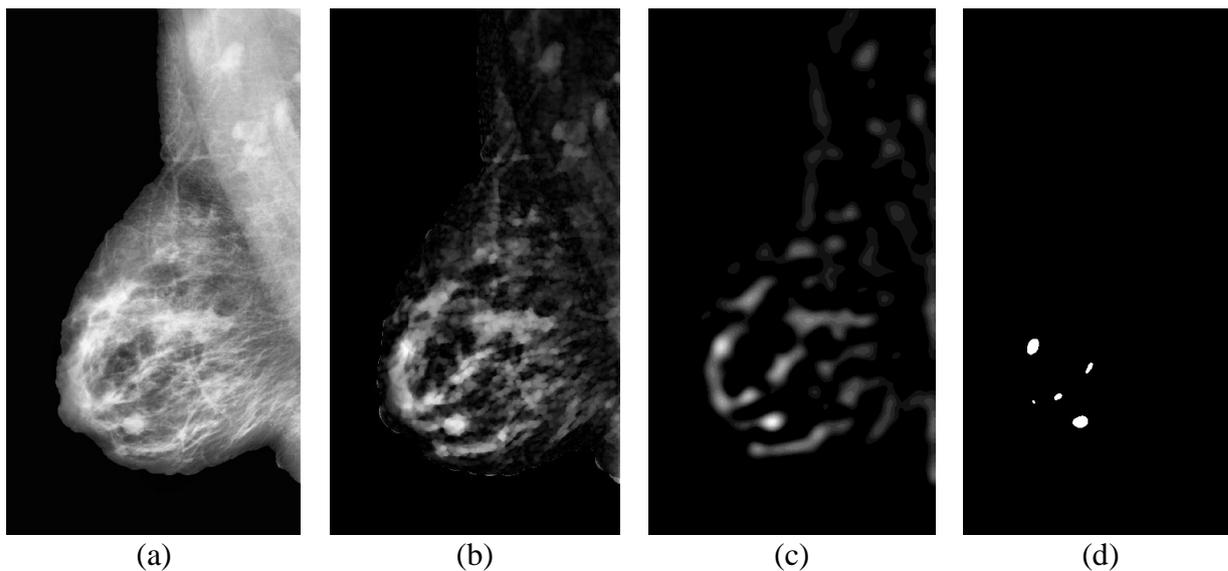


Figura 4.23 – (a) Aplicação do CLAHE. (b) Após o uso do *Top-hat por abertura*. (c) Uso do Filtro DoG (d) Binarização.

A imagem (Figura 4.3.c) foi então binarizada (Figura 4.3.d), utilizando um limiar de nível de cinza igual a 9, definido empiricamente, separando automaticamente regiões de interesse nas áreas suspeitas.

Uma vez que a imagem foi binarizada, o contorno pode ser definido pela diferença da *erosão* da imagem binarizada pela *dilatação* da imagem original (com aplicação do CLAHE), conforme a Figura 4.24.

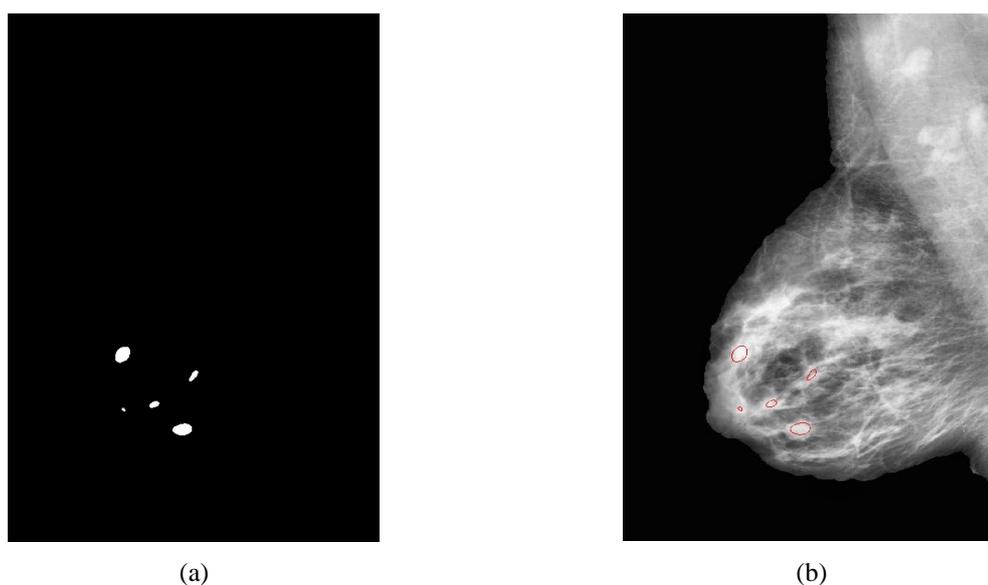


Figura 4.24 – (a) Imagem binarizada. (b) Delineamento do contorno de regiões suspeitas.

A segmentação baseou-se no recurso *bwconncomp* do Matlab que retorna os componentes encontrados na imagem binarizada. O delineamento do contorno de regiões suspeitas na mamografia (Figura 4.4.b) foi feito pela sobreposição do recurso *bwconncomp* na imagem original, permitindo identificar as regiões, inclusive os verdadeiro-positivos (lesão, indicada pelo número 1 na Figura 4.25.b, que correspondem ao delineado em vermelho na mamografia da Figura 4.25.a, tendo, entretanto, resultado também na indicação de não-lesões (falso-positivos, conforme mostrado na Figura 4.25). As regiões suspeitas da Figura 4.5.b podem ser vistas isoladas conforme a Figura 4.6.

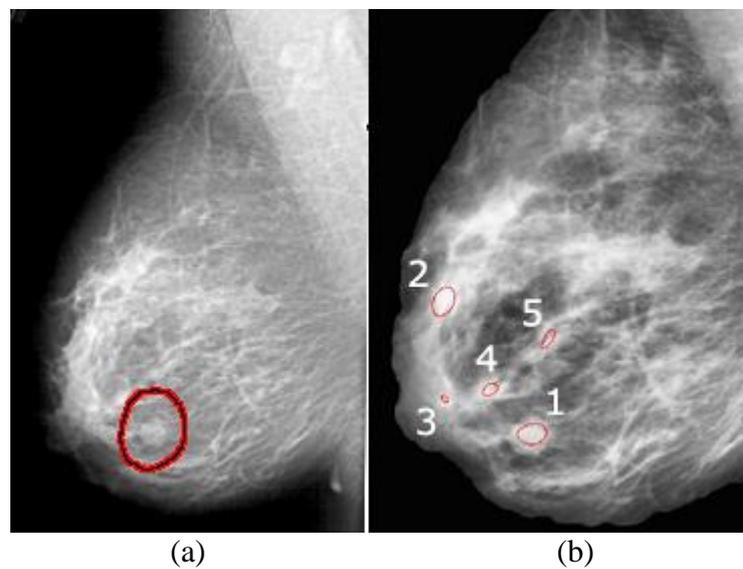


Figura 4.25 - (a) Exemplo de mamografia do DDSM com a indicação do local da lesão. (b) – Imagem da mamografia processada, na qual o contorno da lesão é indicado por 1 e os falso-positivos (2 – 5).

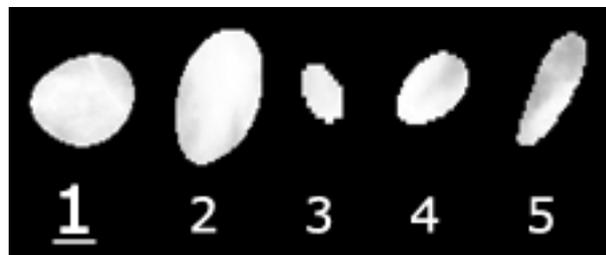


Figura 4.26 - Detalhe das regiões suspeitas identificadas pelo procedimento de segmentação aplicado a mamografia da Figura 4.25.a.

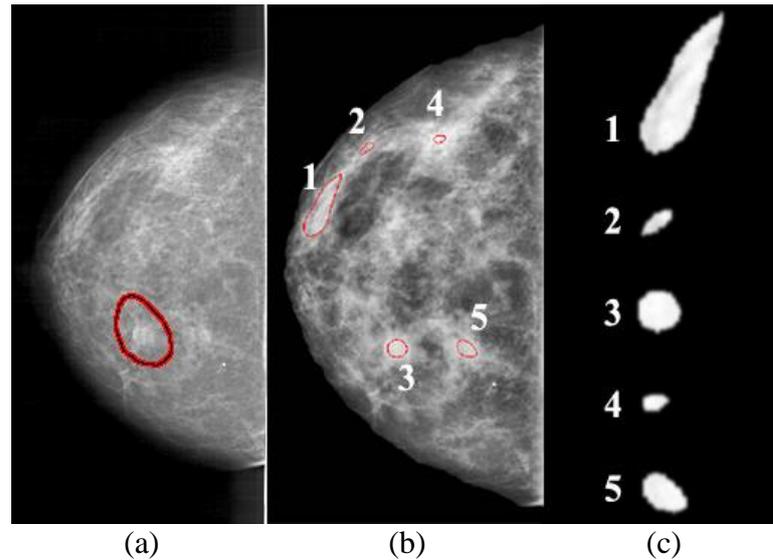


Figura 4.27 - (a) Exemplo de mamografia do DDSM com a indicação do local da lesão. (b) Imagem da mamografia processada, onde se nota o contorno da lesão (indicado por 3) bem como dos falso-positivos (1, 2, 4 e 5). (c) Para cada ROI foram retiradas características da região interna e separada em uma matriz.

Após a etapa de segmentação, na qual as regiões suspeitas foram identificadas, conforme também exemplificado na Figura 4.27.b e mostradas em detalhe na Figura 4.27.c, a matriz GLCM foi construída a partir dos *pixels* destas regiões (uma matriz para cada ROI). O recurso *regionprops*, também do Matlab, mensurou um conjunto de propriedades de cada componente encontrado na imagem binarizada, para que características referentes à sua textura fossem quantificadas e utilizadas na etapa de classificação.

Para cada região interna foram extraídos os seguintes parâmetros de textura: **contraste** (*con* - expressão 2.11), **entropia** (*coo* - expressão 2.12), **desvio-padrão** (*std* - expressão 2.13), **segundo momento angular** (*asm* - expressão 2.14) e **correlação** (*cor* - expressão 2.15).

Foram identificadas 132 lesões nas 175 mamografias (cada uma contendo apenas uma lesão), com estas, formou-se o banco de lesões. Como há localização de regiões que não correspondem a lesões, formou-se também o banco de não-lesões, retirando uma não-lesão aleatoriamente de cada imagem. Por isto, cada mamografia contribuiu com duas ROIs, uma confirmada como lesão e uma segunda como não-lesão. No presente trabalho, serão utilizadas estas 132 e igual número de não-lesões, totalizando 264 regiões suspeitas.

Avaliou-se o coeficiente de correlação (mostrado na Tabela 4.1), estimado entre cada um dos cinco parâmetros de textura extraídos de 264 regiões suspeitas de 132 mamografias distintas. Nesta tabela nota-se, por exemplo, o baixo coeficiente de correlação entre o parâmetro (*cor*) com todos os demais parâmetros.

Os valores de parâmetros de textura, extraídos da segmentação, foram normalizados pelo procedimento “*Z-score*” (expressão 2.19), a fim de serem utilizados na próxima etapa.

Tabela 4.1- Coeficiente de correlação entre os parâmetros de textura extraídos de 264 ROIs (132 lesões e igual número de falso-positivos)

	<i>con</i>	<i>coo</i>	<i>std</i>	<i>asm</i>	<i>cor</i>
<i>con</i>	1	0,112	0,209	-0,028	0,086
<i>coo</i>		1	0,565	-0,514	-0,082
<i>std</i>			1	-0,193	0,043
<i>asm</i>				1	0,024
<i>cor</i>					1

4.3 REDES NEURAIS

Para a classificação das ROIs em “lesão” ou “não-lesão” utilizaram-se dois tipos de redes, a MLP e a RBF. Em ambas, utilizou-se o seguinte procedimento:

- A camada de entrada variou quanto ao número de parâmetros de textura e suas combinações, sendo que só foram utilizados na combinação de dois parâmetros aqueles cujo coeficiente de correlação entre os parâmetros fosse menor que 0,1 (Tabela 4.1).
- Na camada de saída utilizou-se somente um neurônio com função sigmoide, tendo sido classificados como lesão, valores de saída maiores que 0,5, e como não-lesão, valores menores que 0,5.
- Para o treinamento da rede, foram utilizadas 100 ROIs representadas por lesões distintas, bem como igual número de não-lesões das mesmas imagens. As RNAs foram testadas com 32 lesões e 32 não-lesões de outras 64 ROIs, totalizando as 264 ROIs.
- Trabalhou-se com e sem algoritmo *leave-one-out*.

Na primeira rede, do tipo MLP, diversas arquiteturas foram empregadas: *Feed-forward network (newff)*, *Cascade-forward network (newcf)*, *Pattern recognition networks (newpr)*.

Por ser um problema de classificação de padrões, utilizou-se uma única camada oculta, conforme sugerido por Maren *et al.* [39]. Em todas as RNA, esta camada tinha inicialmente três neurônios, tendo sido acrescentado progressivamente mais um neurônio, até no máximo

10, evitando-se assim, o *overfitting* (memorização dos dados de treinamento) e o *underfitting* (a rede não converge durante o seu treinamento) [6].

Para o treinamento das RNAs utilizou-se o algoritmo “*backpropagation*” [6], com momento e taxa de aprendizado adaptativa, variando de 0,1 a 0,5, em passos de 0,1. O número de iterações variou de 200 a 4000, em passos de 200 (valores heurísticos). A atualização dos pesos, que está ligada ao método de treinamento, foi feita em etapas, pelas funções: “*traingdx*” (*gradient descent with momentum and adaptive learning rate*), “*trainscg*” (*scaled conjugate gradient*) e “*trainoss*” (*one-step secant*).

Na segunda rede, do tipo RBF, foram realizados testes do valor (heurístico) do *spread* para o intervalo de 1 a 10 em passos de 1 e de 15 a 50 em passos de 5.

Para cada tipo de RNA adotou-se 20 reiniciações com pesos aleatoriamente diferentes. Inicialmente, a MLP e a RBF (sem utilização do algoritmo *leave-one-out*) com um único neurônio de entrada foi treinada 20 vezes para cada parâmetro de textura. Aquela que resultou em maior acurácia dentre estas 20 foi tomada como representativa para o parâmetro em análise. Procedimento similar foi adotado para duas até cinco entradas.

Importante frisar que o número 20 pode ser considerado adequado, pois valores superiores a este não resultaram em acurácia maior, conforme exemplificado na Figura 4.28.

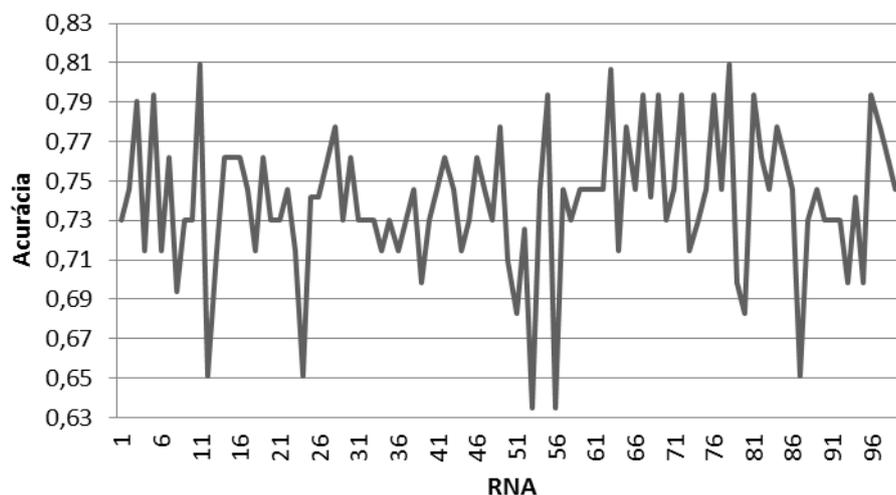


Figura 4.28 - Variação de acurácia de uma RNA com 5 parâmetros (*con*, *cor*, *asm*, *std* e *coo*) de entrada, em função do número de treinamentos.

Para a rede com maior desempenho em acurácia, com desempate em maior sensibilidade (método de avaliação será visto a seguir), um novo teste será feito. 334 não-lesões que nunca foram relacionadas com a rede escolhida serão entradas como método para avaliar o desempenho.

4.4 AVALIAÇÃO DE DESEMPENHO

O treinamento de todas as redes será testado e avaliado conforme o desempenho de confirmar quando se tem, ou não, a lesão.

A Tabela 4.2 relaciona o valor verdadeiro (confirmado pelo diagnóstico) com o valor predito pela rede. Quando o método prevê corretamente, ou seja, indica como positivo ou negativo, a lesão que de fato o era, este acerto é contabilizado na diagonal principal da matriz. Por outro lado, quando o método erra, isto é, indica como positivo um resultado de diagnóstico negativo, tem-se um falso-positivo, ou então indica como negativo um diagnóstico que seria positivo, tem-se um falso-negativo. Estes últimos casos são contabilizados na diagonal secundária [20].

Tabela 4.2 - Tabela de contingência (matriz confusão)

		Valor Verdadeiro (confirmado pelo diagnóstico)	
		positivos	Negativos
Valor Previsto (predito pela rede)	positivos	VP verdadeiro-positivo	FP falso-positivo
	negativos	FN falso-negativo	VN verdadeiro-negativo

A partir da Tabela 4.2 pode-se definir os seguintes indicadores de desempenho:

- **Acurácia:** medida entre os valores estimados da rede e os valores confirmados pelo diagnóstico, ou seja, mede o quanto a estimativa obtida é relacionada com o "valor real" da lesão.

$$ACC = \frac{VP + VN}{P + N} \quad (4.20)$$

- **Sensibilidade:** capacidade da rede prever as lesões confirmadas pelo diagnóstico [25].

$$SENS = \frac{VP}{VP + FN} \quad (4.21)$$

- **Especificidade:** capacidade da rede prever os casos negativos confirmados pelo diagnóstico [25].

$$SPEC = \frac{VN}{VN + FP} \quad (4.22)$$

Pode-se afirmar que na área da saúde, especificamente, sensibilidade é a capacidade do método em reconhecer os doentes, enquanto especificidade é a capacidade do método em reconhecer os saudáveis.

5 RESULTADOS

As Tabelas 5.1 a 5.4 referem-se respectivamente, as MLPs sem o algoritmo *leave-one-out*, as RBFs sem o algoritmo *leave-one-out*, as MLPs com o algoritmo *leave-one-out* e as RBFs com o algoritmo *leave-one-out*. Em todas essas citadas, se sumariza o desempenho das RNAs com somente um parâmetro de textura na entrada, bem como as RNAs que resultaram em maior acurácia quando conjunto de dois até cinco parâmetros eram empregados na entrada da rede.

Nas quatro tabelas, as RNAs com somente um parâmetro, o *contraste* obteve a maior acurácia, bem como o menor número de FP/Im.

Segundo a Tabela 5.11 (MLPs sem o algoritmo *leave-one-out*), para as duas melhores combinações de dois e três parâmetros, embora os valores para a acurácia sejam iguais, a RNA com o par *con-asm* reduziu FP/Im, porém em detrimento de FN/Im, enquanto que a RNA com o trio *con-asm-std* resultou na diminuição de ambos. A rede com cinco e a com quatro parâmetros apresentaram acurácia 0,81, sendo que esta última apresentou valores de sensibilidade e especificidade próximos entre si, ou seja, 81,25% e 80,65%, respectivamente. Por outro lado, a RNA com cinco parâmetros apresentou maior sensibilidade (90,63%), porém com menor especificidade (70,97%).

Para a Tabela 2.2 (RBFs sem o algoritmo *leave-one-out*), as duas melhores combinações de dois e três parâmetros, tiveram acurácia iguais (77,78%) e a maior entre todas da mesma tabela, sendo que, a RNA com o par *con-asm* apresentou a menor sensibilidade e a maior especificidade da Tabela 2.2. Entretanto a RNA com o trio *con-asm-std* apresentou um equilíbrio entre sensibilidade (78,13%) e especificidade (77,42%). A rede com quatro e cinco parâmetros apresentaram um decréscimo da acurácia, assim como na redução do número de FP/Im.

No uso do algoritmo *leave-one-out*, seja a rede MLP (Tabela 5.3) ou RBF (Tabela 5.4), a maior acurácia aconteceu na combinação de três parâmetros, porém inferior aos mesmos, três parâmetros quando não se usou o *leave-one-out*. Para a rede MLP, em todos os casos, a sensibilidade foi maior que a especificidade, o que não ocorreu para a RBF.

Tabela 5.1 - Desempenho individual e dos melhores conjuntos de parâmetros das redes MLP sem uso do algoritmo *leave-one-out*, usando, como mérito, acurácia

Parâmetros	Acurácia (%)	Sensibilidade (%)	Especificidade (%)	FPs/Im	FNs/Im	Função/Treinamento
<i>con</i>	70,49	70,97	70,00	1,07	1,03	newcf / trainscg
<i>coo</i>	58,73	62,50	54,84	1,60	1,33	newcf / traingdx
<i>std</i>	63,49	75,00	51,61	1,72	0,89	newff / traingdx
<i>asm</i>	63,49	68,75	58,06	1,49	1,11	newff / trainscg
<i>cor</i>	60,32	62,50	58,06	1,49	1,33	newcf / traingdx
<i>con e asm</i>	79,37	62,50	96,77	0,11	1,33	newff / trainscg
<i>con, asm e std</i>	79,37	81,25	77,42	0,80	0,67	newff / trainoss
<i>con, asm, std e coo</i>	80,95	81,25	80,65	0,69	0,67	newff / traingdx
<i>con, cor, asm, std e coo</i>	80,95	90,63	70,97	1,03	0,33	newcf / trainscg

Tabela 2.2 - Desempenho individual e dos melhores conjuntos de parâmetros das redes RBF sem uso do algoritmo *leave-one-out*, usando, como mérito, acurácia

Parâmetros	Acurácia (%)	Sensibilidade (%)	Especificidade (%)	FPs/Im	FNs/Im	Spread
<i>con</i>	68,25	65,63	70,97	1,03	1,22	20
<i>coo</i>	57,14	56,25	58,06	1,49	1,55	1
<i>std</i>	55,56	75,00	35,48	2,29	0,89	8
<i>asm</i>	60,32	90,63	29,03	2,52	0,33	5
<i>cor</i>	53,97	81,25	25,81	2,63	0,67	1
<i>con e asm</i>	77,78	65,63	90,32	0,34	1,22	2
<i>con, asm e std</i>	77,78	78,13	77,42	0,80	0,78	10
<i>con, asm, std e coo</i>	76,19	81,25	70,97	1,03	0,67	15
<i>con, cor, asm, std e coo</i>	61,90	56,25	67,74	1,15	1,55	4

Tabela 5.3 - Desempenho individual e dos melhores conjuntos de parâmetros das redes MLP com uso do algoritmo *leave-one-out*, usando, como mérito, acurácia

Parâmetros	Acurácia (%)	Sensibilidade (%)	Especificidade (%)	FPs/Im	FNs/Im	Função/Treinamento
<i>con</i>	61,68	62,10	61,25	1,38	1,35	newcf / trainscg
<i>coo</i>	51,39	54,69	47,99	1,85	1,61	newcf / traingdx
<i>std</i>	55,55	65,63	45,16	1,95	1,22	newff / traingdx
<i>asm</i>	55,55	60,16	50,80	1,75	1,41	newff / trainscg
<i>cor</i>	52,78	54,69	50,80	1,75	1,61	newcf / traingdx
<i>con e asm</i>	66,54	71,97	61,07	1,38	1,00	newff / trainscg
<i>con, asm e std</i>	71,48	75,76	67,18	1,17	0,86	newff / trainoss
<i>con, cor, asm e std</i>	67,30	71,97	62,60	1,33	1,00	newff / traingdx
<i>con, cor, asm, std e coo</i>	68,06	74,24	61,83	1,36	0,91	newcf / trainscg

Tabela 5.4 - Desempenho individual e dos melhores conjuntos de parâmetros das redes RBF com uso do algoritmo *leave-one-out*, usando, como mérito, acurácia

Parâmetros	Acurácia (%)	Sensibilidade (%)	Especificidade (%)	FPs/Im	FNs/Im	Spread
<i>con</i>	57,88	54,69	61,07	1,38	1,61	20
<i>coo</i>	57,14	56,25	58,06	1,49	1,55	1
<i>std</i>	50,57	68,18	32,82	2,38	1,13	8
<i>asm</i>	50,26	71,48	29,03	2,52	1,01	5
<i>cor</i>	50,19	76,52	23,66	2,71	0,83	1
<i>con e asm</i>	68,80	61,83	75,76	0,86	1,36	2
<i>con, asm e std</i>	71,10	81,06	61,07	1,38	0,67	10
<i>con, cor, asm e std</i>	60,84	71,97	49,62	1,79	1,00	8
<i>con, cor, asm, std e coo</i>	67,30	78,03	56,49	1,54	0,78	15

Todas as RNAs da Tabela 5.1 e Tabela 5.3 (MLP) foram obtidas com momento e taxa de aprendizado adaptativa em 0,4, oito neurônios na camada escondida e 2400 iterações. Além disso, estas RNAs foram desenvolvidas com *Feed-forward network (newff)* e *Cascade-forward network (newcf)* treinadas por “*traingdx*” e “*trainscg*”.

Para rede RBF (Tabela 2.2 e Tabela 5.4) que teve as maiores acurácias, o *spread* variou de 1 a 20, ou seja, é dispensável o processamento para um *spread* maior que 20.

A capacidade de generalização da MLP foi superior à capacidade de generalização da RBF, concordando com Bishop [23] e Haykin [6].

Considerando todas as redes, as quatro maiores acurácias (Figura 5.29) são providas da rede MLP sem o algoritmo *leave-one-out* (dois e três parâmetros 79,37%; quatro e cinco parâmetros 80,95%, Tabela 5.1). A maior redução de falso-positivos também é da rede MLP sem o algoritmo *leave-one-out*. Quando se utilizou o par *con - asm*, obteve-se 96,77% de redução, ou seja, 0,11 FP/Im (Tabela 5.1).

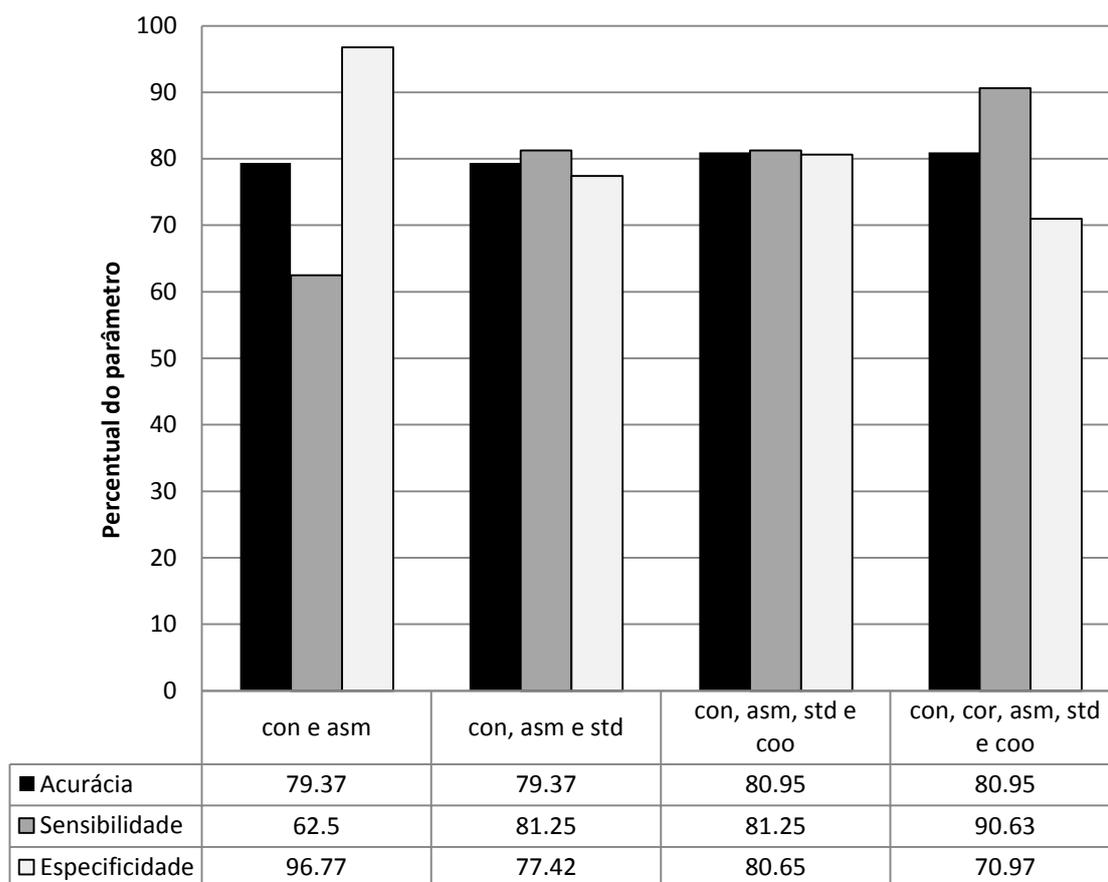


Figura 5.29 - As quatro maiores acurácias, entre todas as redes, a são providas da rede MLP sem o algoritmo *leave-one-out*.

O uso dos cinco parâmetros em combinação seja dois a dois, três a três, quatro a quatro ou todos os parâmetros, em qualquer tipo de rede (MLP ou RBF), com ou sem algoritmo *leave-one-out*, resultou em redução de falso-positivos para um número menor que dois.

Com a rede de 5 parâmetros, MLP sem *leave-one-out*, utilizou-se 334 não-lesões que nunca foram relacionadas como entradas e resultou em 223 verdadeiro-negativos, ou seja, em 67% classificou corretamente as não-lesões.

6 DISCUSSÃO E CONCLUSÃO

Este trabalho consistiu basicamente de duas etapas. A primeira dedicada à localização e segmentação de ROIs e a segunda, à diminuição de falso-positivos, detectadas na etapa anterior. Na primeira etapa do trabalho, o algoritmo de detecção resultou em um valor médio de 3,55 FPs/Im, portanto próximo do valor obtido por Costa *et al.* [9] (3,22 FPs/Im).

A Figura 6.1 representa quatro exemplos de espalhamento dos parâmetros das ROIs, onde se pode notar que as lesões e não-lesões formam praticamente um único agrupamento.

A análise discriminante linear (LDA) foi aplicada nos dados para fins de comparação com as redes neurais aqui desenvolvidas. O melhor resultado ocorreu para o par: *cor-asm* (56,94% de acurácia 81,06% de sensibilidade e 32,82% de especificidade), que tem desempenho apenas comparável com parâmetros isolados na RNA (Tabela 2.2, Tabela 5.3 e Tabela 5.4).

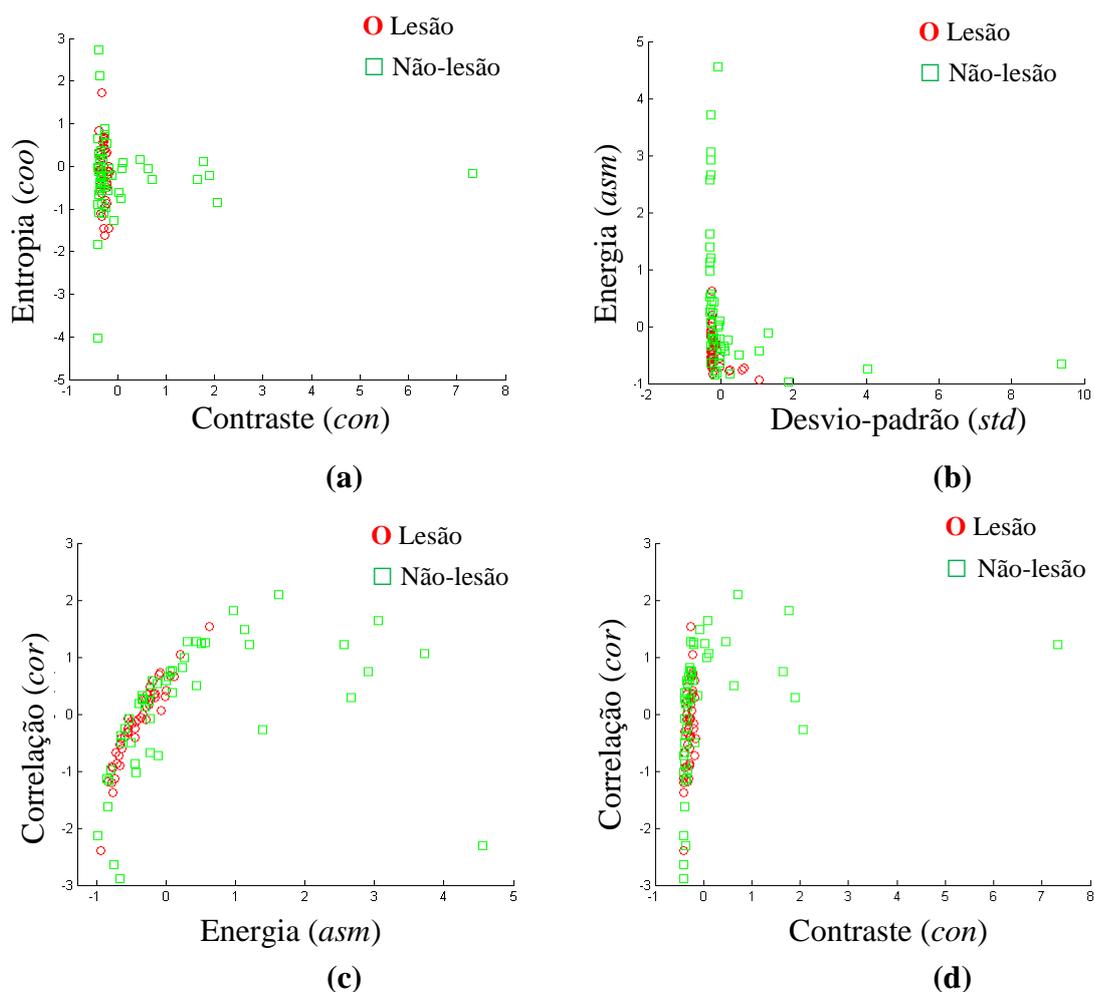


Figura 6.1 – Exemplos de gráficos de espalhamento para parâmetros de regiões suspeitas (50 lesões e 50 não-lesões selecionadas aleatoriamente). (a) parâmetros *coo-con*, (b) parâmetros *asm-std*, (c) parâmetros *cor-asm*, (d) parâmetros *cor-con*.

A não-superposição de não-lesão está relacionado a possíveis regiões localizadas fora da região da mama. Os níveis de cinza (brilho, contraste, etc...) são visivelmente diferentes, confirmado pela Figura 6.30. É importante usar as não-lesões que não fazem parte da mama porque é comum na etapa de localização, e necessariamente, a RNA deverá aprender a eliminar esses tipos de casos.

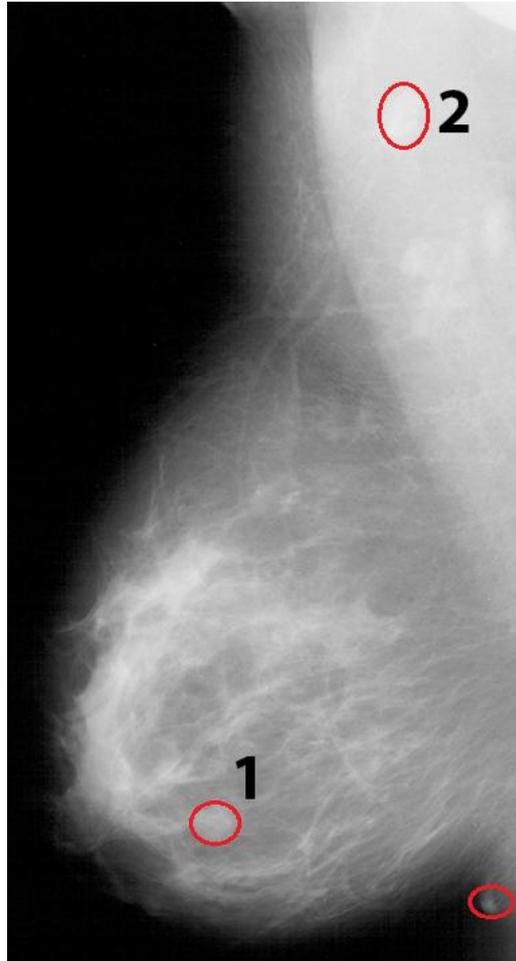


Figura 6.30 – A etapa de localização pode destacar uma região fora da mama (indicado pelo número 2), além da lesão (número 1) confirmada pelo diagnóstico. Pode-se observar visualmente a diferença de cinza entre 1 e 2.

Na segunda etapa, foram implementados quatro tipos de rede neural, tendo como entrada, cinco parâmetros de texturas, assim como a combinação destes. As redes foram avaliadas quanto a sua capacidade para redução de FP/Im.

O parâmetro *contraste*, segundo a Tabela 5.1 (MLP sem *leave-one-out*), conseguiu, isoladamente, distinguir o maior número de não-lesões (70%), isso porque artefatos (e não-lesões) contribuem para diferença entre os níveis de cinza médios dos objetos. Este parâmetro obteve comportamento similar para as outras três redes implementadas.

À medida que outros parâmetros foram inseridos, a tendência foi de aumentar a capacidade de detectar lesão (em média de 17,8% para cada acréscimo de parâmetro na rede MLP sem *leave-one-out*, segundo a Tabela 5.1. Para a rede MLP e RBF com *leave-one-out* foi de, respectivamente, 8,2% e 9,7% para cada acréscimo de parâmetro, confirmados pela Tabela 5.3 e Tabela 5.4). Da mesma maneira, à medida que outros parâmetros foram inseridos, a tendência foi de diminuir a possibilidade de detectar não-lesão.

O *segundo momento angular*, combinado com *contraste*, foram responsáveis pela maior não-lesão em três das quatro redes (97% - Tabela 5.1, 90% - Tabela 2.2 e 76% - Tabela 5.4), assim, entende-se que, a textura da não-lesão também não apresenta grande repetição na variação dos níveis de cinza conforme a característica do *asm*.

O uso do *leave-one-out* foi de grande importância para demonstrar que o número de amostras (ROIs) é consistente. Pela proximidade dos resultados com e sem o algoritmo *leave-one-out*, pode-se afirmar que as amostras foram suficientes para o aprendizado e generalização da rede quando não se utilizou esse tipo de algoritmo, uma vez que se recomenda a validação cruzada quando o número de amostra é pequeno [6].

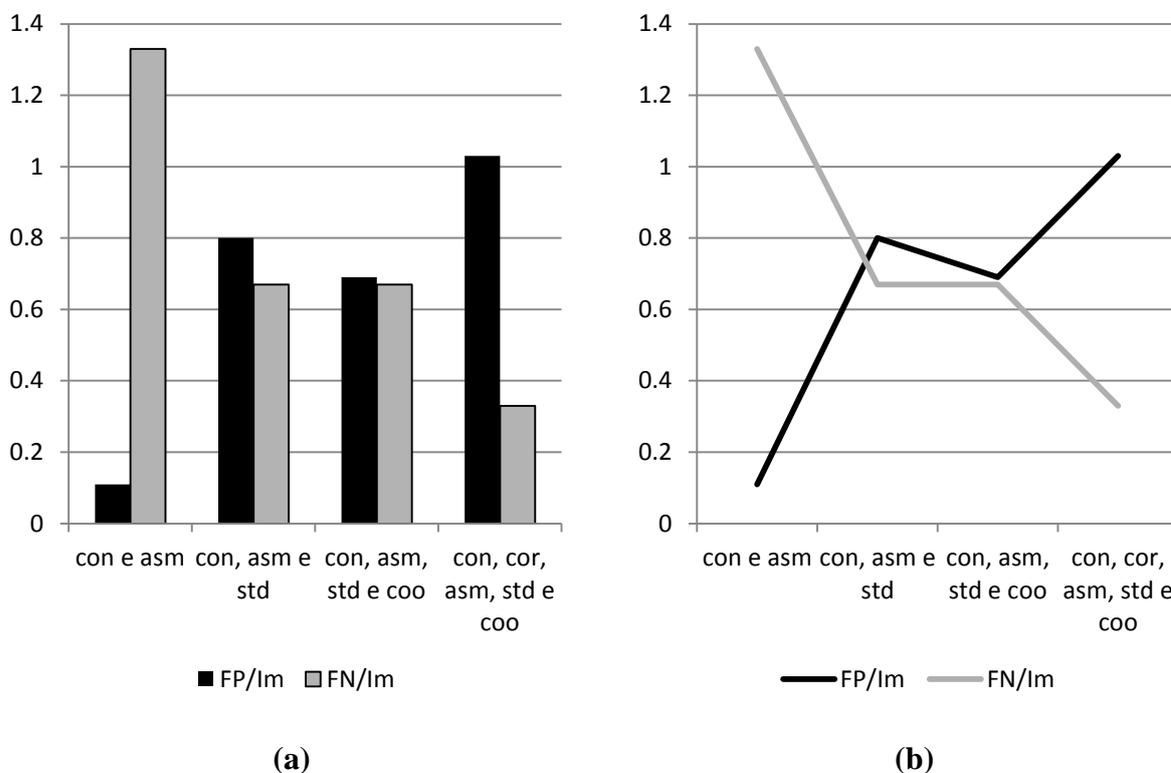


Figura 6.31 – Os gráficos (a) e (b) demonstram, os números de falso-positivos e falso-negativos nas quatro maiores acurácias, entre todas as redes.

O *spread*, que é o raio (σ_i) das várias funções de base, é de fundamental importância para o projeto da rede RBF. Quando este parâmetro foi maior que 20, a rede generalizou demais (*underfitting*). Isto equivale a dizer que obteve-se um elevado grau de superposição entre as funções de base, aumentando a suavidade da resposta da rede, porém diminuindo a sua precisão.

Apesar de haver redes com maior capacidade em reduzir o número de falso-positivos, p. ex., a que usa o par *con - asm* - 97% (Tabela 5.1) e *con - asm* - 90% (Tabela 2.2), adotou-se como a RNA mais relevante, a MLP sem o algoritmo *leave-one-out* que utilizou os cinco parâmetros, pois resultou na redução de falso-positivos (1,03 FPs/Im), e em elevada sensibilidade (0,33 FNs/Im). Essencial observar que, de uma forma geral, é mais importante ter um número menor de falso-negativos (há lesão, mas no diagnóstico não se detecta) do que falso-positivos (não há lesão, mas no diagnóstico se detecta). Convém lembrar que já houve uma perda de sensibilidade durante o método de detecção, que não é o objeto deste trabalho.

A proposta deste trabalho é inédita, entretanto é possível compará-la com alguns autores. A metodologia proposta resultou em desempenho melhor do que os reportados na literatura, p. ex., o algoritmo proposto por Bellotti *et al.* [35] que, utilizando uma etapa de redução de falso-positivos baseada em características morfológicas e de textura, obtiveram 80,0% dos nódulos foram localizados (75% neste trabalho), e 1,31 FPs/Im (comparável a 1,03 FPs/Im neste trabalho).

Park *et al.* [40] combinando dois classificadores, sendo um de RNA, obtiveram 86,8% de sensibilidade e detectaram 80,3% de falso-positivos em 400 casos (200 lesões e 200 não lesões). Sahiner *et al.* [41] obtiveram 90% de sensibilidade e 31% de especificidade em 168 lesões, quando utilizaram parâmetros de textura para classificação de massa em tecido mamário.

Neste trabalho pôde-se comprovar que o uso das diversas funções, tipos de treinamentos e configurações das redes, melhorou o resultado da acurácia, em média, 5% quando os parâmetros foram fixos (arquitetura progressiva - *feed-forward*, momento em 0,5, taxa de aprendizado adaptativa em 0,3, 2000 iterações, 10 neurônios, função de treinamento *traingdx.*) em comparação do trabalho onde não houve variação de parâmetros [42]. O método proposto cumpriu com o objetivo de diminuir a taxa de falso-positivos, de 3,55 FPs/Im para 1,03 FPs/Im (71% de redução).

Este trabalho também pôde demonstrar a importância dos parâmetros de textura na caracterização das regiões suspeitas, quando normalmente a literatura dá mais atenção aos parâmetros de forma.

Os números de falso-negativos ainda precisam ser diminuídos, esta proposta servirá como modelo para o aperfeiçoamento na localização, segmentação e classificação em lesão e não-lesão em mamografias.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] INSTITUTO NACIONAL DE CÂNCER. Ministério da Saúde. Estimativa da incidência e mortalidade por câncer no Brasil. Rio de Janeiro, 2012. Em: <http://www.inca.gov.br/estimativa/2012/index.asp?ID=5> - Acesso em: 1 de Junho de 2012.
- [2] PIETKA, E.; *Information Technologies in Biomedicine (Advances in Soft Computing) (Advances in Intelligent and Soft Computing)*, Springer 1 edition, p.47, 2008.
- [3] HOUSSAMI, N.; GIVEN-WILSON, R.; CIATTO, S.; Early detection of breast cancer: Overview of the evidence on computer-aided detection in mammography screening. *Journal of Medical Imaging and Radiation Oncology*, v. 53, n. 2, p. 171-176. doi: 10.1111/j.1754-9485.2009.02062.x, 2009.
- [4] CERQUEIRA, E. O. D.; ANDRADE, J. C. D.; POPPI, R. J.; MELLO, C.; *Redes neurais e suas aplicações em calibração multivariada*. Química Nova, v. 24, n. 6. 2001.
- [5] BILSKA-WOLAK, A. O.; FLOYD, C. E.; LO, J. Y.; BAKER, J. A., *Computer Aid for Decision to Biopsy Breast Masses on Mammography: Validação on New Cases*. *Academic Radiology*, Junho, v. 12, no. 6, pp. 671-680. 2005.
- [6] HAYKIN, S.; *Neural Networks*, 2nd ed., Prentice Hall, Upper Saddle River, New Jersey, 1999.
- [7] KOVÁCS Z. L.; *Redes Neurais Artificiais*, Editora Acadêmica São Paulo, São Paulo, 1996.
- [8] CHENG, H. D.; SHI, X. J.; MIN, R.; *Approaches for automated detection and classification of masses in mammograms*, *Pattern Recognition*, vol. 39, p. 646–668. 2006.
- [9] COSTA, G. G.; PEREIRA, W. C. A.; ALVARENGA, A. V.; INFANTOSI, A. F. C.; *Detecção automática de nódulos em mamografias utilizando diferença de gaussianas e morfologia matemática*. *Anais do XXI Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica*. Bahia: CBEB, v. 1. 2008.
- [10] SOILLE, P.; *Morphological Image Analysis*, Heidelberg: Springer -Verlag 2^o edition, 2003.
- [11] PARKER, J. R.; *Algorithms for Image Processing and Computer Vision*. New York, John Wiley & Sons, 1997.
- [12] MARQUES F. O.; VIEIRA N. H.; *Processamento digital de Imagens*. Rio de Janeiro, Brasport, 1999.
- [13] PIZER, S. M.; AMBURN, E. O. P.; AUSTIN, J. D.; *Adaptive histogram equalization and its variations*, *Comput. Vision Graphics Image Process* 39, pp. 355–368, 1987.

- [14] PAPAPOPOULOS, A.; FOTIADIS, D.; COSTARIDOU, L.; Improvement of microcalcification cluster detection in mammography utilizing image enhancement techniques. *Computers in Biology and Medicine* 38, 1045-1055 2008.
- [15] CATARIOUS, D. M.; BAYDUSH, A. H.; FLOYD, C. E.; "Characterization of difference of Gaussian filters in the detection of mammographic regions", *Medical Physics*, vol. 33, n. 11 p.4104-4114, 2006.
- [16] ALVARENGA, A. V.; Quantificação das características morfométricas e de textura de tumores de mama em imagens por ultra-som e a avaliação da sua contribuição diagnóstica. Tese de Doutorado, Programa de Engenharia Biomédica – COPPE, UFRJ, Rio de Janeiro, Brasil. 2005.
- [17] SHI, J.; Characterization of Mammographic Masses Based on Level Set Segmentation with New Image Features and Patient Information, 2008.
- [18] ALVARENGA, A. V.; PEREIRA, W. C. A.; INFANTOSI, A. F. C.; AZEVEDO, C. M.; Complexity curve and grey level co-occurrence matrix in the texture evaluation of breast tumor on ultrasound images. *Medical Physics*, v. 34, n. 2, p. 379-387, 2007.
- [19] BARALDI, A.; PARMIGGIANI, F.; An Investigation of the Textural Characteristics Associated with Gray Level Co-occurrence Matrix Statistical Parameters, 1995 – *IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing*, 33(2) p.293–304
- [20] AZEVEDO, F. M. de; BRASIL, L. M.; OLIVEIRA, R. C. L. de; *Redes Neurais com Aplicações em Controle e em Sistemas Especialistas*. Florianópolis, ed. Visual Books, 401p. 2000.
- [21] BRAGA, A. P.; CARVALHO, A. C. P. L. F.; *Redes Neurais Artificiais: Teoria e Aplicações*. Rio de Janeiro: LTC Editora, 262 p. 2000.
- [22] VON ZUBEN, I. A.; ATTUX, R. R.; *Redes Neurais com Funções de Ativação de Base Radial*. DCA/FEEC/Unicamp, 2001.
- [23] BISHOP C. M.; *Neural Networks for Pattern Recognition*. Oxford University Press, 1997.
- [24] DHEEBA J, SELVI S.T. A Swarm Optimized Neural Network System for Classification of Microcalcification in Mammograms. *J Med Syst*, 2011
- [25] GARCIA, L. O.; *Elementos de estatística: estatística descritiva, noções de probabilidade*. Universidade do Texas: Editora Rio, 1975. 2008.
- [26] BURNHAM K. P.; ANDERSON D.; *Model Selection and Multi-Model Inference*. Berlin: Springer; 2004.
- [27] GIGER, M. L.; Computer-aided diagnosis of breast lesions in medical images. *Computing in Science & Engineering*, v.2, n.5, p. 39-45. 2000.

- [28] SIVARAMAKRISHNA, R.; OBUCHOWSKI, N. A.; CHILCOTE, W. A.; CARDENOSA, G.; POWELL, K. A.; Comparing the performance of mammographic enhancement algorithms: a preference study. *American Journal of Roentgenology*, v. 175, n. 1, p. 45, 2000.
- [29] GOES, C. E.; SCHIABEL, H.; NUNES, F. L. S.; Evaluation of microcalcifications segmentation techniques for dense breast digitized images - *Journal of Digital Imaging*, v. 15, suppl. 1, p. 231- 233, 2002.
- [30] NUNES, F. L. S.; SCHIABEL, H.; ESCARPINATI, M. C.; BENATTI, R.; Comparisons of different contrast resolutions effects on a computer-aided detection system intended to clustered microcalcifications detection in dense breasts images. *Journal of Digital Imaging*, v. 14 (2), suppl.1, p. 217-219, 2001.
- [31] NUNES, F. L. S.; SCHIABEL, H.; Método RFP: redução de falsos-positivos na detecção de agrupamentos de microcalcificações em imagens de mamas densas. In: XVIII Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica, 2002, São José dos Campos, 2002.
- [32] CALAS, M.; ALMEIDA, R.; GUTFILEN, B.; PEREIRA, W.; Intraobserver interpretation of breast ultrasonography following the BI-RADS classification. *European Journal of Radiology*. doi: 10.1016/j.ejrad.2009.04.015, 2009.
- [33] GLINGANI F. A.; AMBRÓSIO, P. E.; Sistema de Análise Computadorizada para Auxílio à Detecção de Lesões de Mama Baseado em Redes Neurais Artificiais. XXIX Congresso da Sociedade Brasileira de Informática em Saúde, 2009.
- [34] LEITE, L.; GARCIA, L. G. U.; CALÔBA, L.P.; Classificação de Lesões da Mama usando Parametrização e Redes Neurais. XV Congresso Brasileiro de Automática, 2004.
- [35] BELLOTTI, R.; DE CARLO, F.; TANGARO, S.; A completely automated CAD system for mass detection in a large mammographic database. *Medical Physics*, v. 33, n. 8, p. 3066-3075, 2006.
- [36] PAQUERAULT, S., PETRICK, N., CHAN ,H., SAHINER, B., HELVIE, A., 2002, "Improvement of Computerized Mass Detection on Mammograms: Fusion of two-view Information", *Medical Physics*, vol. 29, n. 1,p. 238-247.
- [37] TIMP, S., SASKIA, K., NICO, 2005, "Regional Registration Method to Find Corresponding Mass Lesions in Temporal Mammogram Pairs", *Medical Physics*, vol. 32, n. 6, p. 2629-2638.
- [38] University of South Florida, Digital Mammography at: <http://marathon.csee.usf.edu/Mammography/Database.html>. Acesso em: 10 de Janeiro de 2011.
- [39] Maren A.; Harston C.; Pap R.; *Handbook of Neural Computing Applications*, Academic Press, Inc. 1999.

- [40] PARK S. C., PU J., ZHENG B.; Improving performance of computer-aided detection scheme by combining results from two machine learning classifiers, *Acad Radiol* 16, p. 266–274, 2009.
- [41] SAHINER B., et al.; Classification of mass and normal breast tissue: a convolution neural network classifier with spatial domain and texture images, *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 15, n. 5, pp. 598-610, 1996.
- [42] ANDRIONI, V.; GUNGO, B. C.; PEREIRA, W. C. A.; INFANTOSI, A. F. C.; Rede neural artificial para redução de falso-positivos em mamografia detectados por diferença de gaussianal *Anais do XXII Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica*. Tiradentes: v.1. 2010.