

SISTEMAS DE PROCESSAMENTO DE IMAGENS E CLASSIFICAÇÃO DE ÁREAS DE INTERESSE EM MAMOGRAFIAS

Alexandre de Oliveira Pelinson

Universidade Federal de Juiz de Fora
Instituto de Ciências Exatas
Departamento de Ciência da Computação
Bacharelado em Ciência da Computação

Orientador: Prof. Ilaim da Costa Júnior



JUIZ DE FORA, MINAS GERAIS
DEZEMBRO DE 2009

SISTEMAS DE PROCESSAMENTO DE IMAGENS E
CLASSIFICAÇÃO DE ÁREAS DE INTERESSE EM
MAMOGRAFIAS

Alexandre de Oliveira Pelinson

Monografia submetida ao Corpo docente do Departamento de Ciência da Computação do Instituto de Ciências Exatas da Universidade Federal de Juiz de Fora, como parte integrante dos requisitos necessários para a obtenção do grau de Bacharel em Ciência da Computação.

Aprovada pela banca constituída pelos seguintes professores:

Profº. Ilaim da Costa Júnior – Orientador
M. Eng. de Sistemas e Computação, UFRJ, 2007

Profº. Raul Fonseca Neto
Dr. em Eng. Sist. e Comp, LNCC, 2005

Profº. Custódio Gouvêa Lopes da Motta
M. Sc. em Engenharia Civil, UFRJ, 2000

Juiz de Fora, Minas Gerais
Julho de 2009

AGRADECIMENTO

Agradeço a Deus por ter colocado à minha volta não só conteúdo material e tecnológico, mas principalmente, pessoas honestas e sábias que tanto me ajudaram. Agradeço a Deus pela paciência e boa-vontade concedida ao meu orientador, Ilaim Costa Júnior que me concedeu liberdade para trabalhar sempre apontando a direção que deveria ser tomada nos momentos confusos. Agradeço a Deus pelos conselhos que recebi do professor Tarcísio Lima sem os quais talvez não tivesse chegado até aqui. É certo que os referidos conselhos foram dados já faz algum tempo, mas até então não foram esquecidos. Muitas vezes se apresentaram em meio a palavras ásperas às quais sou muito grato, pois mostraram a preocupação e o zelo desse distinto professor em fazer com que nosso mundo pudesse contar com mais um graduado. Agradeço a Deus pela ajuda recebida do professor Raul que sempre se mostrou aberto e receptivo a me ouvir, entender as minhas necessidades e apontar, com extrema competência, caminhos que muito me ajudaram. Agradeço a Deus por todos os professores do Departamento de Ciências da Computação e do Departamento de Matemática que aceitaram a missão de dividir o conhecimento. Agradeço a Deus pela minha esposa, pela minha mãe, pela minha filha e por todos os familiares que também me apoiaram e contribuíram muito para esse momento. Agradeço a Deus pela ajuda que recebi do Sr. Antonio José Gonçalves da Silva e do Sr. Ênio Lúcio Ferreira Costa, Prefeitos com quem trabalhei, e que também me deram grande apoio. Para finalizar agradeço a Deus pela sua bondade e pelo seu amor para com as nossas vidas.

SUMÁRIO

1	Introdução	1
1.1	Objetivo da Monografia	3
1.2	Metodologia	3
2	Saúde e Anatomia	4
2.1	Anatomia das Mamas	4
2.2	O Câncer	5
3	Mamografia e Diagnóstico	7
3.1	Fatores de Diagnóstico	7
4	Imagens	10
4.1	Definição de Imagem	10
4.2	Representação de Imagens Digitais	10
4.3	Histograma da Imagem	11
4.4	Processamento de Imagens	12
4.4.1	Realce	12
4.4.2	Contraste	12
4.5	Análise de Textura	16
4.5.1	Descritores de Textura	17
4.5.1.1	LBP - <i>Local Binary Pattern</i>	17
4.5.1.2	GLCM- <i>Gray Level Co-Occurrence</i>	18
4.5.1.3	SDH (<i>Sum / Difference Histogram</i>) – Histograma da Soma / Diferença	19
4.6	Segmentação	20
4.6.1	Principais Tipos de Segmentação	21
4.6.1.1	Segmentação Por Região	21
4.6.1.2	Limiarização (<i>threshold</i>)	23
4.6.1.2.1	Determinação do Limiar	24
4.6.1.3	Segmentação Baseada em Bordas	25
4.6.1.3.1	Detecção de Borda por Filtro Sobel	26
4.6.1.3.2	Detecção de Borda por Filtro Laplaciano	27
4.6.1.4	Transformada de wastershed	27
5	Redes Neurais e Sistemas Nebulosos	29
5.1	Características Gerais das Redes Neurais	29

5.2	Processos de Aprendizado	31
5.2.1	Treinamento Supervisionado	31
5.2.2	Treinamento Não-Supervisionado	33
5.2.2.1	O Modelo de Kohonen	33
5.2.2.2	O Mecanismo da Rede Neural	34
5.2.3	A Rede Neural	34
5.2.3.1	O Neurônio	34
5.2.3.2	Os Vizinhos do Neurônio	35
5.2.3.3	A Adaptação dos Neurônios (Ajuste dos Pesos)	36
5.3.4	Iterações	37
5.3.5	O Algoritmo da Rede Neural	37
5.4	Ajuste Fino da Rede Neural	38
5.5	As Redes <i>Multi Layers Perceptron</i> MLPs	39
5.6	Algoritmo <i>K-Means</i> para Partição de Dados	40
5.7	Sistemas Nebulosos	43
5.8	O Modelo Anfis	45
6	Os Modelos Usados em Cada Trabalho	47
6.1	Introdução	47
6.2	Segundo Tese de Doutorado de Michele Fúlvia Ângelo - USP (2007)	47
6.2.1	Processamento de Imagens	47
6.2.2	Sistema Automático de Classificação de Achados Mamográficos	50
6.3	Segundo Angélica Alcoforado. Mascaro – Univ. de Pernambuco (2007)	51
6.3.1	Processamento de Imagens	51
6.3.2	Segmentação dos Tecidos Mamários	58
6.3.3	Testes com Amostras de Doenças	61
6.3.4	Testes com uso do LBP	63
6.3.5	Testes com uso da GLCM	65
6.3.6	Testes Com Redes Neurais de Aprendizado Não Supervisionado	66
6.4	Segundo Tese de F. C. Fernandes. – Univ. Católica de Brasília (2007)	69
6.4.1	Resultados	73
7	Conclusão	75

LISTA DE FIGURAS

Figura 1.1 - Identificação de Lesão na Mama.....	7
Figura 2.1 - Anatomia das Mamas Frontal.....	10
Figura 2.2 - Anatomia das Mamas – Perfil.....	10
Figura 2.3 - Anatomia das Mamas – Frontal 2.....	10
Figura 2.4 - O Câncer e a Célula.....	11
Figura 3.1 - Realização de uma Mamografia.....	13
Figura 3.2 - Presença de Microcalcificações.....	13
Figura 3.3 - Mama Com Alta Densidade.....	14
Figura 3.4 - Mama Com Baixa Densidade.....	14
Figura 3.5 - Classificação BIRADS®	15
Figura 5.1 - Esquema de Processamento de Imagens.....	17
Figura 5.2 - Convenção dos eixos para representação de imagens digitais.....	18
Figura 5.3(a) - Imagem lida no MatLab.....	19
Figura 5.3(b) - Geração do Histograma da Imagem 5.3a gerada no MatLab.....	19
Figura 5.4(a) - Mercado Público - Pelotas/RS.....	20
Figura 5.4(b) - Histograma da Figura 5.4a.....	20
Figura 5.4(c) - Imagem com contraste baixo.....	20
Figura 5.4(d) - Histograma da Figura 5.4c.....	20
Figura 5.5(a) - Imagem original.....	22
Figura 5.5(b) - Histograma da Imagem 5.5a.....	22
Figura 5.5(c) - Imagem Equalizada.....	22
Figura 5.5(d) - Histograma da Imagem 5.5c.....	22
Figura 5.6 - Obtenção do LBP.....	24
Figura 5.7 - GLCM.....	25
Figura 5.8 - Exemplo de Varredura da Imagem para geração do histograma da soma.....	25
Figura 5.9 - Segmentação.....	27
Figura 5.10a - Matriz da Imagem Original.....	27
Figura 5.10b - Resultado da Segmentação com T=3.....	27
Figura 5.10c - Resultado da Segmentação com T=8.....	27
Figura 5.11a - Imagem Original Mostrando Um Ponto Semente.....	29
Figura 5.11b - Estágio Primário de Crescimento de Uma Região.....	29

Figura 5.11c - Estágio Intermediário de Crescimento.....	29
Figura 5.11d - Região Final.....	29
Figura 5.12a - Imagem do Satélite.....	29
Figura 5.12b - Imagem Segmentada.....	29
Figura 5.12c - Mapa Final.....	29
Figura 5.13a - Histograma Particionado Por Um Único Limiar.....	30
Figura 5.13b - Histograma Particionado Por Dois Limiares.....	30
Figura 5.14a - Imagem Original.....	30
Figura 5.14b -Aplicação de um limiar = 10	30
Figura 5.14c - Aplicação de um limiar = 30	31
Figura 5.14d - Aplicação de um limiar = 70	31
Figura 5.15a - Imagem Original.....	32
Figura 5.15b - Sobel Gx.....	32
Figura 5.15c - Sobel Gy.....	32
Figura 5.15d - Sobel.....	32
Figura 5.16- Exemplo de Segmentação Usando Watershed.....	33
Figura 6.1 - Modelo de Rede Neural.....	34
Figura 6.2 - Organização em Camadas.....	35
Figura 6.3 – Esquema de Treinamento do Perceptron.....	37
Figura 6.4 - Funções de Ativação.....	38
Figura 6.5 – Modelo de KOHONEN.....	38
Figura 6.6 – Conexões Sinápticas de Um Neurônio de Saída Ligado a 4 Entradas.....	40
Figura 6.7 - Topologia de Vizinhança em Diferentes Tempos.....	40
Figura 6.8a - Agrupamento.....	47
Figura 6.8b - Separação em 6 Partições.....	47
Figura 6.9 - Função de Pertinência Gaussiana.....	48
Figura 6.10 - Função de Pertinência S.....	48
Figura 6.11 - Função de Pertinência Trapezoidal.....	48
Figura 6.12 - Função de Pertinência Polinomial.....	48
Figura 6.13 – Estrutura de uma ANFIS.....	50
Figura 7.1a - ROI antes do processamento.....	51
Figura 7.1b - ROI Depois do Processamento.....	51
Figura 7.2a - Mama Alta Densidade.....	52
Figura 7.2b - Mama baixa Densidade.....	52
Figura 7.3a - Imagem com as linhas de <i>Watershed</i>	53

Figura 7.3b - Junção com a Imagem Original.....	53
Figura 7.4a - Imagem Segmentada.....	53
Figura 7.4b - Contorno da Imagem 7.4a.....	53
Figura 7.5 - Diagrama Esquemático do Sistema para Detecção de Nódulos.....	54
Figura 7.6 - Esquema do Processo de Classificação de Contornos de Nódulos.....	55
Figura 7.7 - Exemplos de Diferentes Conjunto de Texturas.....	57
Figura 7.8 - <i>Cameraman</i>	58
Figura 7.9a - Imagem “mdb014” da base Mini-MIAS.....	59
Figura 7.9b - Imagem Segmentada Através do Uso do Índice de Fidelidade.....	59
Figura 7.10a - Imagem Segmentada.....	60
Figura 7.10b - Retirada da Borda da Mama.....	60
Figura 7.11a - Imagem Original.....	61
Figura 7.11b - Imagem Segmentada.....	61
Figura 7.12 - Exemplos de Resultados de Limiarização.....	61
Figura 7.13 - Segmentação.....	62
Figura 7.14 - Seleção de Amostra de Tecidos.....	63
Figura 7.15 - Exemplos de segmentação.....	64
Figura 7.16 - Exemplo de Cada Uma Dessas Classes.....	66
Figura 7.17a - Imagem mdb002.....	68
Figura 7.17b - Resultado da Segmentação Utilizando o LBP.....	68
Figura 7.18 - Novas Matrizes de Pesos LBP.....	68
Figura 7.19 - Cálculo do LBP Com as Novas Matrizes.....	69
Figura 7.20 - Experimentos Utilizando o Índice LBP Com 4 Matrizes.....	70
Figura 7.21 - Resultado da Aplicação do Índice de Fidelidade à Matriz GLCM.....	70
Figura 7.22 - Resultados da Segmentação Utilizando os Mapas de Kohonen.....	72
Figura 7.23 - Segmentação de Tumores Através de Rede SOM.....	72
Figura 7.24 - Conjunto de dados de entrada $k = 2$	73
Figura 7.25 - Exemplos de Aplicação do Algoritmo K-Médias.....	73
Figura 7.26 - Sistema CAD.....	74
Figura 7.27a - Mamograma Original.....	74
Figura 7.27b - ROI Correspondente.....	74
Figura 7.28a - ROI Original.....	75
Figura 7.28b - ROI sem ruído.....	75
Figura 7.29a - ROI sem ruído.....	75
Figura 7.29b - ROI Com Equalização Adaptativa de Histograma.....	75
Figura 7.30 - Em Treinamento.....	76
Figura 7.31 - Validação da Rede Treinada.....	76

Figura 7.32 - Comparando as Funções de Pertinência..... 77

LISTA DE TABELAS

Tabela 7.1 - Índices de fidelidade entre as amostras de textura da Figura 7.7.....	58
Tabela 7.2 - Resultados do novo índice de fidelidade para as imagens da Figura 7.8.....	59
Tabela 7.3 - Comparações entre amostras de uma mesma classe.....	67
Tabela 7.4 - Comparação de amostras entre classes.....	67
Tabela 7.5 - Extração dos Descritores.....	75
Tabela 7.6 - Parâmetros de Treinamento da Rede ANFIS.....	76
Tabela 7.7 - Resultados dos testes no modelo ANFIS.....	77

RESUMO

Segundo o INCA (Instituto Nacional de Câncer) o número de casos novos de câncer de mama esperados para o Brasil em 2008 é de 49.400, com um risco estimado de 51 casos a cada 100 mil mulheres. Para mulheres de grupos populacionais considerados de risco elevado para câncer de mama (com história familiar de câncer de mama em parentes de primeiro grau) recomenda-se o exame clínico da mama e a mamografia, anualmente, a partir de 35 anos. Sendo assim, muitas pesquisas estão sendo desenvolvidas visando gerar e aperfeiçoar ferramentas *Computer-Aided Diagnosis* (CAD) ou Auxílio ao Diagnóstico por Computador que visam auxiliar o radiologista melhorando as imagens ou até mesmo oferecendo uma segunda opinião no diagnóstico de mamografias. Neste trabalho são relacionados alguns conceitos sobre o câncer, anatomia das mamas e métodos empregados para superar a complexidade do diagnóstico do câncer de mama. Para isso serão apresentadas definições relacionadas ao tratamento de imagens e ferramentas que permitem ao computador processar e calcular se em uma determinada mamografia apresenta ou não um tumor maligno e como essas ferramentas foram usadas no desenvolvimento alguns trabalhos de pesquisa. O objetivo do presente estudo é, portanto descrever e resumir métodos computacionais utilizados na análise de imagens de mamografia para auxiliar o diagnóstico do câncer de mama. Com a disseminação do uso da tecnologia de mamografias digitais, o uso dos CADs será simplificado uma vez que a aquisição das imagens será mais fácil.

Capítulo 1

Introdução

Segundo o INCA (Instituto Nacional de Câncer) [1] o número de casos novos de câncer de mama esperados para o Brasil em 2010 é de 49.240, com um risco estimado de 49 casos a cada 100 mil mulheres. Na região Sudeste, o câncer de mama é o mais incidente entre as mulheres com um risco estimado de 68 casos novos por 100 mil. O câncer de mama é o segundo tipo de câncer mais freqüente no mundo e o mais comum entre as mulheres (Figura 1.1).

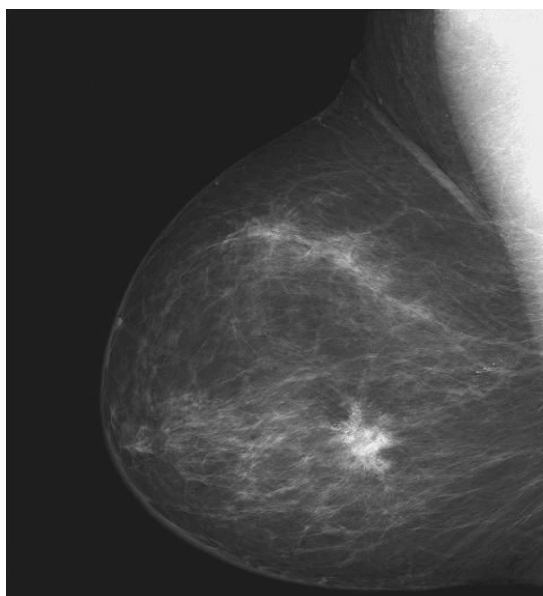


Figura 1.1 – Identificação de Lesão na Mama

A cada ano, cerca de 22% dos casos novos de câncer em mulheres são de mama. No Brasil, o câncer de mama é a maior causa de óbitos por câncer na população feminina, principalmente na faixa etária entre 40 e 69 anos. Um dos fatores que dificultam o tratamento é o estágio avançado em que a doença é descoberta. A maioria dos casos de câncer de mama, no Brasil, é diagnosticada em estágios avançados, diminuindo as chances de sobrevivência das pacientes e comprometendo os resultados do tratamento [1].

A prevenção primária dessa neoplasia ainda não é totalmente possível devido à variação dos fatores de risco e as características genéticas que estão envolvidas

na sua etiologia. No Brasil o Ministério da Saúde recomenda como principais estratégias de rastreamento populacional um exame mamográfico, pelo menos a cada dois anos, para mulheres de 60 a 69 anos e o exame clínico anual das mamas, para mulheres de 40 a 49 anos. O exame clínico da mama deve ser realizado em todas as mulheres que procuram o serviço de saúde, independente da faixa etária, como parte do atendimento à saúde da mulher. Para mulheres de grupos populacionais considerados de risco elevado para câncer de mama (com história familiar de câncer de mama em parentes de primeiro grau) recomenda-se o exame clínico da mama e a mamografia, anualmente, a partir de 36 anos. Apesar de ser considerado um câncer de relativamente bom prognóstico, se diagnosticado e tratado oportunamente, as taxas de mortalidade por câncer de mama continuam elevadas no Brasil, muito provavelmente porque a doença ainda é diagnosticada em estádios avançados. Na população mundial, a sobrevida média após cinco anos é de 61% [1].

Os fatores de risco relacionados à vida reprodutiva da mulher (menarca precoce, nuliparidade, idade da primeira gestação a termo acima dos 30 anos, anticoncepcionais orais, menopausa tardia e terapia de reposição hormonal) estão bem estabelecidos em relação ao desenvolvimento do câncer de mama. Além desses, a idade continua sendo um dos mais importantes fatores de risco. As taxas de incidência aumentam rapidamente até os 60 anos, e posteriormente o mesmo se dá de forma mais lenta. A mamografia é considerada pelos radiologistas o método mais eficiente de rastreamento do câncer de mama na busca de estruturas que possam indicar a presença de anormalidades ou tumores. Dentre estas estruturas podemos destacar as microcalcificações que frequentemente estão associadas a tumores de mama [14]. A imagem mamográfica é analisada, geralmente, apenas por inspeção visual, com o auxílio de uma lupa ou de um negatoscópio (aparelho próprio para visualizar radiografias). O serviço de processamento de mamografias pode auxiliar especialistas da área tanto para satisfazer alguma dúvida, dando-lhe uma segunda opinião, como para confirmar eventuais suspeitas [18].

Um diagnóstico mais preciso ajudaria a diminuir estatísticas como a revelada no trabalho publicado na revista *Computing in Science and Engineering* de que entre 10% a 30% das mulheres que fazem a mamografia e recebem resultado negativo têm, na verdade, câncer de mama. Diagnósticos de baixa precisão podem levar também a efeito inverso, com mulheres sendo submetidas à biópsia desnecessariamente [18]. Por isso, o detalhamento das estruturas que podem estar relacionadas ao câncer de mama, como

nódulos e microcalcificações, a partir de uma mamografia com uma imagem de boa qualidade é uma importante inovação. Podemos encontrar vários artigos referentes ao tema, neles são apresentados métodos interessantes para auxiliar os radiologistas a diagnosticar o câncer de mama.

1.1 Objetivo da Monografia

Fazer um estudo de técnicas computacionais usadas para o auxílio ao diagnóstico de exames mamográficos. Serão apresentados alguns métodos e algoritmos de maneira simples e didática que demonstram a relevância do auxílio ao profissional que interpreta estes exames.

1.2 Metodologia

Depois de várias pesquisas, foram selecionados três trabalhos que juntos abordam técnicas de tratamento, análise e diagnóstico do câncer de mama através de imagens mamográficas. Estes trabalhos foram analisados e resumidos para que pudessem ser apresentados de forma a alcançar o objetivo desta Monografia. Apresentaremos em detalhes os métodos computacionais neles pesquisados. Os referidos trabalhos são descritos a seguir.

O primeiro trabalho, Sistema de Processamento de Imagens Mamográficas e Auxílio ao Diagnóstico via-Internet [16] se destaca pela riqueza bibliográfica e pelo pioneirismo em disponibilizar, de forma gratuita, o primeiro programa brasileiro para o Auxílio ao Diagnóstico por Computador (CAD -*Computer-Aided Diagnosis*), o sistema CAD.net que já está em funcionamento durante 24 horas por dia e pode ser acessado no sítio http://143.107.236.167/CAD_Online/paginas/index.html.

O segundo trabalho, Segmentação de Imagens de Mamografias Digitais [19] apresenta ótimos e claros conceitos sobre imagens.

O último, Sistema Neuro-Fuzzy Para Classificação de Calcificações em Mamografias [21] apresenta conceitos e ferramentas simples sobre o auxílio e diagnóstico e traz resultados significativos a respeito do tema.

Capítulo 2

Saúde e Anatomia

2.1 Anatomia das Mamas

Segundo Dumard [2], a mama contém cerca de 16 a 20 "lobos". Cada "lobo" é composto de um variável número de "lóbulos", os quais consistem de 10 a 100 "ácinos" (sacos em fundo cego). Os ductos mamários formam uma estrutura arborizada, que direciona o leite dos ácinos para o mamilo.

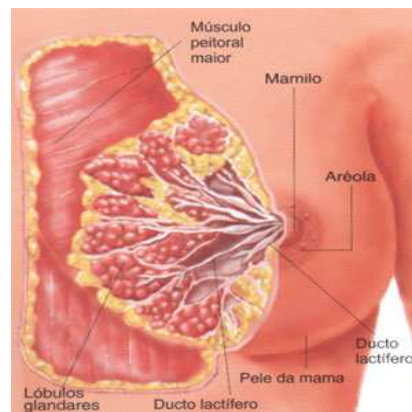


Figura 2.1 – Anatomia das Mamas Frontal [3]

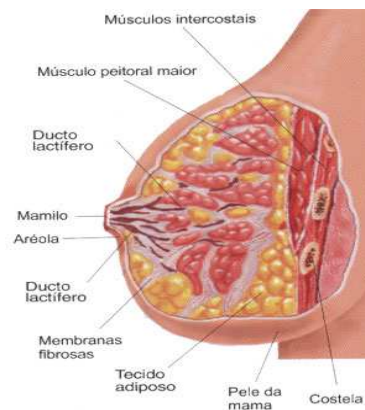


Figura 2.2 – Anatomia das Mamas Perfil [3]

Os ácinos são forrados por uma camada única de células do tipo "epitélio cuboidal", que se funde com o "epitélio colunar" dos ductos menores e finalmente com o "epitélio escamoso estratificado" dos ductos lactíferos maiores (interlobares). Assim, cada lobo pode ser definido como uma unidade de tecido glandular, que é drenado por um único ducto lactífero maior ou principal. O tecido glandular e o tecido ductal constituem o "parênquima mamário". A gordura e o tecido fibrótico, que envolvem e estendem-se aos lóbulos, constituem o "estroma mamário". Ambos (parênquima e estroma) estão

contidos em um saco formado a partir de uma fenda na face peitoral que forma duas pregas de tecido de sustentação: uma anterior (superficial) e outra posterior (profunda), vide figuras 2.1 e 2.2.

O número de lóbulos por cada lobo mamário e o número de ácinos por cada lóbulo varia com a idade, paridade, e outros fatores individuais.

Durante a adolescência, a mama inicia a sua diferenciação e crescimento. Com a gravidez, o número de ácinos aumenta, a mama é convertida em uma estrutura praticamente sólido-glandular.

Se houver amamentação, essas mudanças persistem por todo o período de lactação. Após a gestação e a lactação, a mama inicia a involução do número de ácinos, de forma a torná-la menos glandular do que quando antes de qualquer gravidez: a mama de uma mulher que se submete ao processo de gestação e amamentação é menos glandular do que a de uma "nulípara" (não teve filhos) de mesma idade.

2.2 O Câncer

Em [1] podemos ver que o Câncer é o nome dado a um conjunto de mais de 100 doenças que têm em comum o crescimento desordenado (maligno) de células que invadem os tecidos e órgãos, podendo espalhar-se (metástase) para outras regiões do corpo. Dividindo-se rapidamente, estas células tendem a ser muito agressivas e incontroláveis, determinando a formação de tumores (acúmulo de células cancerosas) ou neoplasias malignas.

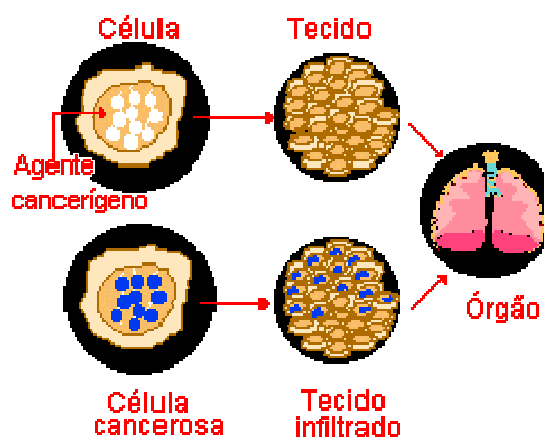


Figura 2.3 – O Câncer e a Célula [1]

Por outro lado, um tumor benigno significa simplesmente uma massa localizada de células que se multiplicam vagarosamente e se assemelham ao seu tecido original,

raramente constituindo um risco de vida. Os diferentes tipos de câncer correspondem aos vários tipos de células do corpo. Por exemplo, existem diversos tipos de câncer de pele porque a pele é formada de mais de um tipo de célula. Se o câncer tem início em tecidos epiteliais como pele ou mucosas ele é denominado carcinoma. Se começa em tecidos conjuntivos como osso, músculo ou cartilagem é chamado de sarcoma. Outras características que diferenciam os diversos tipos de câncer entre si são a velocidade de multiplicação das células e a capacidade de invadir tecidos e órgãos vizinhos ou distantes (metástases).

Capítulo 3

Mamografia e Diagnóstico

Segundo ALESSIO[6], a mamografia é um exame realizado com baixa dose de radiação em um aparelho de raios-x apropriado, chamado Mamógrafo. Ela explica ainda que a paciente coloca os seios entre duas placas de acrílico, que irão comprimir as mamas. A compressão adequada é requisito essencial para o sucesso do exame [6], Figura 3.1.



Figura 3.1 – Realização de uma Mamografia [16]

Por isso, é ideal que a mamografia seja realizada após o período menstrual, quando as mamas estarão menos doloridas. A mamografia é considerada o método mais eficiente de rastreamento do câncer de mama na busca de estruturas que possam indicar a presença de anormalidades ou tumores. Dentre estas estruturas podemos destacar as microcalcificações que freqüentemente estão associadas a tumores de mama [14].

3.1 Fatores de Diagnóstico

Devido ao tamanho reduzido das microcalcificações (da ordem de 0,6mm de diâmetro), sua visualização é muito difícil e exige grande experiência do especialista. Mesmo assim, muitas vezes passam despercebidas, visto que o processo gerador das imagens pode apresentar várias limitações que prejudicam a sua nitidez, como: ruídos aleatórios, variações nas condições de processamento, ponto focal com dimensões inadequadas, presença de artefatos e outras [14].

A mamografia é capaz de detectar lesões suspeitas pequenas e não palpáveis, mas sua eficácia depende de alguns fatores, principalmente a densidade mamária. Quanto menos densa for a mama, o que ocorre naturalmente na mulher com o passar dos anos, pela substituição da glândula por gordura, melhor a visualização das lesões, Figura 3.2.



Figura 3.2 – Mama Com Baixa Densidade [13]

Quanto mais densa for a mama, mais difícil será diferenciar uma lesão no meio do tecido mamário, Figura 3.3, sendo que nestes casos, métodos adicionais (como a Ultra-Sonografia e Ressonância Magnética) são associados.



Figura 3.3 – Mama Com Alta Densidade [13]

Aqui vale lembrar, que as mulheres com mamas densas não devem deixar de realizar sua mamografia anual, porque existe um percentual de neoplasias de mama que se manifestam com o aparecimento de microcalcificações, as quais são diagnosticadas com certa facilidade na mamografia e não no ultra-som. Deve-se notar que vários fatores que influenciam na qualidade da imagem, devem ser respeitados para que o rastreamento seja bem sucedido.

Paralelamente à qualidade do processo gerador da imagem, a precisão do diagnóstico é diretamente dependente da subjetividade na interpretação das imagens radiológicas. O principal fator que leva a um mesmo observador possuir mais de uma interpretação de uma mesma imagem, normalmente está relacionado ao cansaço físico e ao esforço após algumas horas de interpretação ou leitura radiológica. Outro fator de relevância na interpretação de imagens mamográficas está na experiência do observador [14].

Em 1993 o American College of Radiology aprovou o sistema Breast Imaging Reporting and Data System (BIRADS[®]), que propôs uma classificação radiológica para as lesões mamárias com a finalidade de padronizar os achados radiológicos e correlacionar os mesmos com os aspectos histopatológicos das lesões. Esta classificação foi rapidamente aceita e, no momento, amplamente utilizada [14].

Segundo o BIRADS[®], as lesões são definidas de acordo com as suas formas e seus contornos. A Figura 3.5 apresenta algumas das formas e contornos mais comuns para os nódulos em mamografias [14].

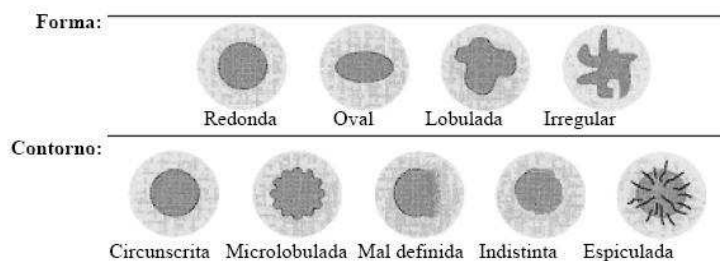


Figura 3.4 – Classificação BIRADS[®]

Capítulo 4

Imagens

Para entendermos como os programas CAD conseguem atuar com relação às imagens, apresentaremos algumas definições importantes.

4.1 Definição de Imagem

Segundo a abordagem que daremos às imagens nesse trabalho, as imagens são processadas segundo o esquema apresentado na Figura 4.1.

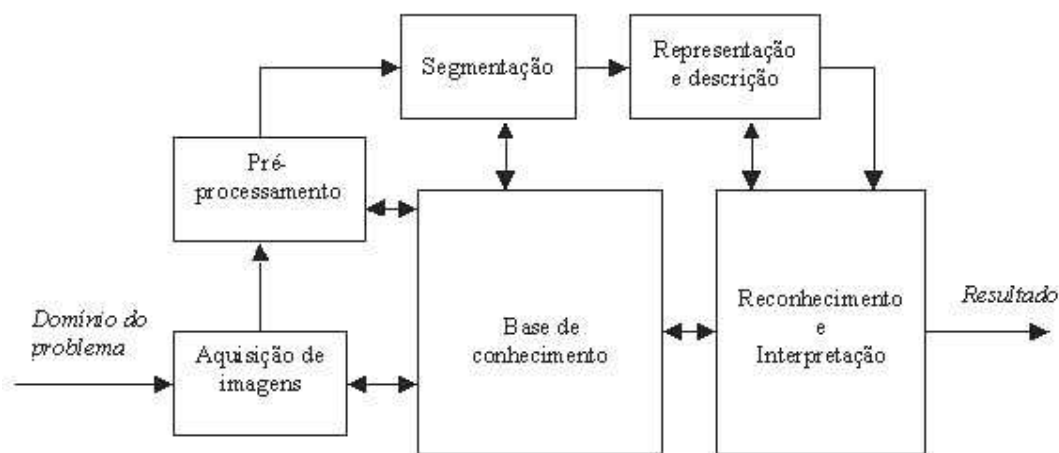


Figura 4.1 – Esquema de Processamento de Imagens [23]

4.2 Representação de Imagens Digitais

Adquirida uma imagem segundo a necessidade de cada domínio, deve-se escolher a melhor maneira de representá-la.

O termo imagem monocromática, ou simplesmente imagem, refere-se à função bidimensional de intensidade da luz $f(x,y)$, onde x e y denotam as coordenadas espaciais e o valor f em qualquer ponto (x, y) é proporcional ao brilho (ou níveis de cinza) da imagem naquele ponto [23].

Às vezes, se torna útil a visualização da função da imagem em perspectiva com um terceiro eixo representando o brilho. Neste caso, uma imagem apareceria como uma série de picos em regiões com numerosas modificações do nível de brilho e regiões planas ou platôs em que os níveis de brilho variam pouco ou são constantes. Usando-se esta convenção para atribuir proporcionalmente valores mais

altos para áreas de maior brilho obtém-se a altura dos componentes da figura proporcional ao brilho correspondente na imagem.

Uma imagem digital é uma imagem $f(x,y)$ discretizada tanto em coordenadas espaciais quanto em brilho. Uma imagem digital pode ser considerada como sendo uma matriz cujos índices de linhas e de colunas identificam um ponto na imagem, e o correspondente valor do elemento da matriz identifica o nível de cinza naquele ponto.

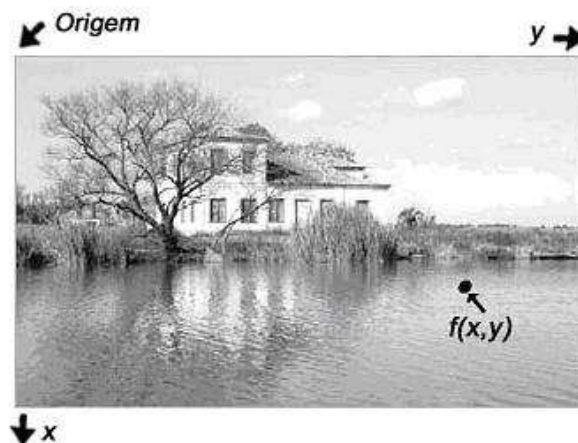


Figura 4.2 Convenção dos eixos para representação de imagens [23].

Os elementos dessa matriz digital são chamados de elementos da imagem, elementos da figura, "*pixels*" ou "*pels*", estes dois últimos, abreviações de "*picture elements*" (elementos de figura). Quanto mais *pixels* uma imagem tiver melhor é a sua resolução e qualidade. A Convenção dos eixos para representação de imagens digitais no Processamento de Imagens é diferente da convenção usada na Computação Gráfica como pode ser visto na Figura 4.2.

4.3 Histograma da Imagem

O histograma de uma imagem fornece informação útil para fazer realce e análise da imagem. Ele revela a distribuição dos níveis de cinza da imagem. É representado por um gráfico que dá o número de *pixels* na imagem para cada nível de cinza. Seja uma imagem digital g de M linhas e N colunas. O histograma da imagem g , H_g , pode, analiticamente, ser definido por:

$$H_g(K) = \frac{nk}{M \cdot N}$$

onde nk é o número de vezes que o nível de cinza K aparece na imagem.

Pode-se utilizar o MATLAB para gerar o Histograma de uma imagem como pode ser visto nas Figuras 4.3a e 4.3b:

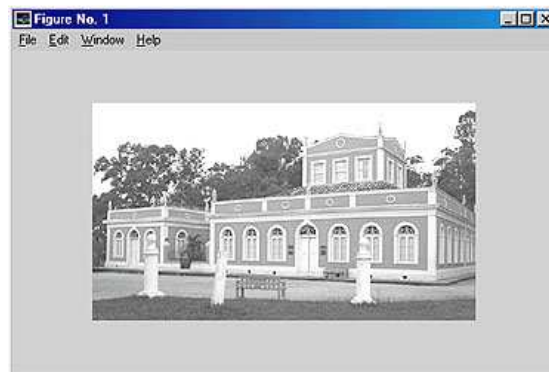


Figura 4.3a – Imagem lida no MatLab [23]

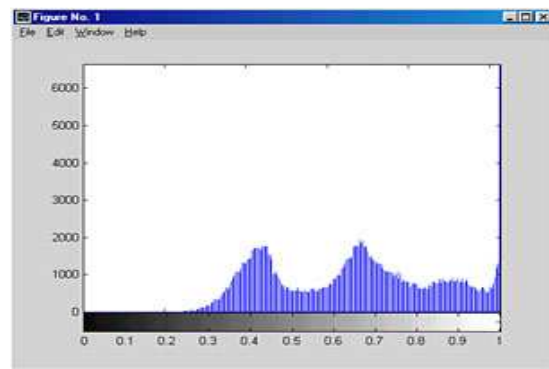


Figura 4.3b – Geração do Histograma da Imagem 5.3a gerada no MatLab [23]

4.4 Processamento de Imagens

4.4.1 Realce

O objetivo principal das técnicas de realce é processar uma imagem, de modo que o resultado seja mais apropriado para uma aplicação específica do que a imagem original [23]. As Técnicas de realce podem ser baseadas em processamento ponto-a-ponto, que modifica o nível de cinza de um pixel independentemente da natureza de seus vizinhos, ou pelo processo de filtragem, onde o novo valor depende também dos valores dos pontos vizinhos do ponto a ser processado.

4.4.2 Contraste

A manipulação do contraste de uma imagem tem como objetivo melhorar a sua qualidade visual sob critérios subjetivos ao olho humano. Esse processo não

aumenta a quantidade de informação contida na imagem, mas torna mais fácil a sua percepção. É normalmente utilizada como uma etapa de pré-processamento [23].

Tipicamente, os sensores são capazes de discretizar os valores recebidos da cena em um intervalo máximo que vai de 0 até 255 (8 bits = 256 possíveis valores). Devido à má iluminação, defeitos do sensor ou mesmo às características da cena, o intervalo de valores de intensidade ocupados pelos pixels presentes em uma imagem, pode ser muito menor que esse intervalo máximo. Diz-se então que a imagem possui baixo contraste, o que torna difícil a sua visualização ou interpretação por um intérprete humano ou um sistema de processamento digital [23].

O contraste de uma imagem pode ser avaliado observando-se o seu histograma. Uma imagem com bom contraste possui um histograma cujas barras são razoavelmente espalhadas ao longo de todo o intervalo da escala. Por exemplo, a imagem da Figura 4.4a (Mercado Público - Pelotas/RS) e seu histograma, Figura 4.4b. Já o histograma mostrado na Figura 4.4c tem uma forma estreita que indica uma escala dinâmica pequena, isto porque corresponde a uma imagem de baixo contraste [23].



Figura 4.4a - Mercado Público - Pelotas/RS [23]

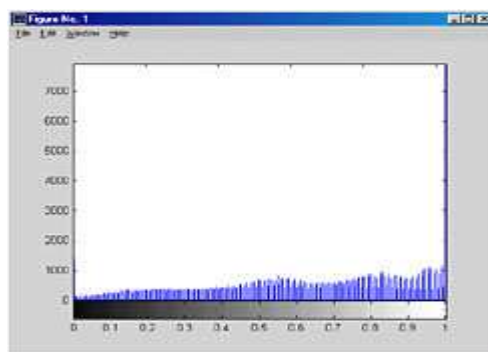


Figura 4.4b - Histograma da Figura 4.4a [23]



Figura 4.4c - Imagem com contraste baixo

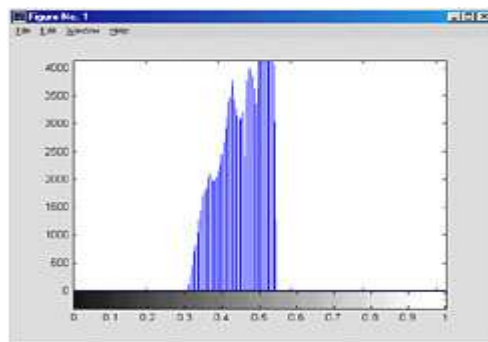


Figura 4.4d - Histograma da Figura 4.4c

Um realçamento de contraste pode ser feito mapeando as variações dentro do intervalo de tons de cinza [V_{min} - V_{max}] da imagem original para a variação máxima do dispositivo de visualização que, geralmente, é [0, 255]. V_{min} e V_{max} são os valores de níveis de cinza mínimos e máximos, respectivamente, presentes na imagem original [23].

O mapeamento é realizado através de uma função de mapeamento. Cada valor de nível de cinza na imagem original é mapeado para um novo valor de acordo com uma função de transferência, que pode ser definida como:

$$y = f(x)$$

onde: x é o nível de cinza original e y é o novo valor correspondente.

A escolha da função f determina qual será o efeito visual obtido, e deve ser escolhida de acordo com a imagem original e o efeito desejado. Em uma transformação linear, os valores de níveis de cinza dos pixels são escalonados de tal forma que todos os *pixels* com valores V_{min} e V_{max} são mapeados para 0 e 255, respectivamente. Da mesma forma, os outros valores de níveis de cinza são mapeados para valores entre 0 e 255 [23].

Normalmente, a forma do histograma da imagem realçada é a mesma da imagem original, pois cada barra do histograma continua tendo a mesma altura, porém em uma posição diferente. No entanto, algumas vezes a função de transferência causa uma sobreposição de valores, ou seja, dois ou mais valores x são mapeados para o mesmo valor y .

Quando muitos valores de intensidade na imagem original são mapeados para o valor mínimo ou máximo na imagem original diz-se que, ocorreu uma saturação (*overflow*) e uma perda de informação, pois os *pixels* que originalmente podiam ser diferenciados na imagem original agora possuem o mesmo valor de intensidade [23].

No entanto isto pode ser um efeito desejado, por exemplo, quando as regiões escuras da imagem com pequenas variações radiométricas correspondem a áreas com o mesmo tipo de cobertura as quais não se deseja diferenciar.

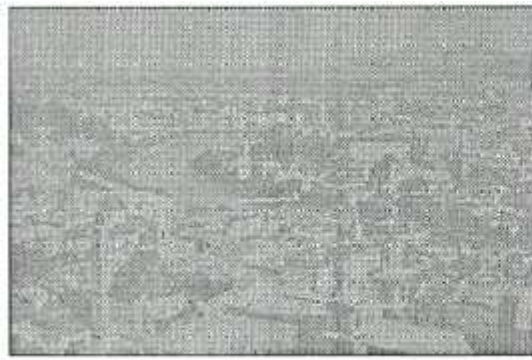
Um procedimento de modificação de contraste útil é o mapeamento linear por partes com a função de mapeamento caracterizada por um conjunto de pontos de quebra, que pode ser escolhido pelo usuário. Funções de mapeamento não-lineares podem ser usadas para realçar detalhes específicos na imagem.

Uma função linear também utilizada é a função negativa. Ela realiza o mapeamento inverso dos níveis de cinza, revertendo a ordem do preto para o branco, de tal forma que pixels com intensidade clara serão mapeados para escuro e vice-versa.

A escolha do mapeamento direto adequado é, em geral, essencialmente empírica, mas existe uma classe de métodos nos quais o mapeamento tem por finalidade produzir uma imagem cujo histograma tenha um formato desejado [23].

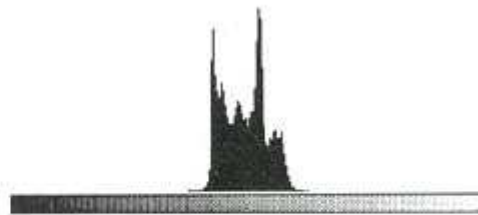
Na equalização de histograma o mapeamento tem por finalidade produzir uma imagem cujo histograma tenha um formato desejado. A equalização modifica o histograma da imagem original de tal forma que a imagem transformada tenha um histograma uniforme, ou seja, todos os níveis de cinza devem aparecer na imagem com a mesma frequência.

Na prática, a obtenção de um histograma perfeitamente uniforme não é possível devido à natureza das imagens digitais de sensoriamento remoto, cujos *pixels* podem assumir somente valores discretos. Existem técnicas para melhorar este problema, mas pode acontecer de áreas homogêneas na imagem original aparecerem "pipocadas", por que tons de cinza iguais são mapeados para níveis de cinza diferentes [23].



(a)

Figura 4.5a - Imagem original [23]



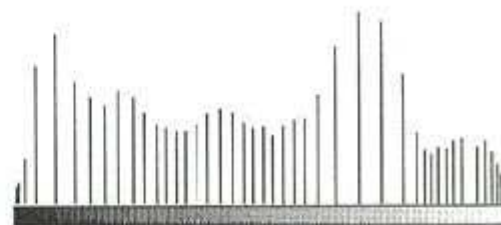
(b)

Figura 4.5b – Histograma da Imagem 4.5a [23]



(c)

Figura 4.5c - Imagem Equalizada [23]



(d)

Figura 4.5d – Histograma da Imagem 4.5c [23]

O processo de equalização pode levar a falsos contornos na imagem, pois o número de níveis de cinza pode ser reduzido. A equalização pode ter um efeito de realce notável da imagem, mas o contraste pode ser muito forte e, por isto a equalização de histograma deve ser usada com muito cuidado. As Figuras 4.5a, 4.5b, 4.5c e 4.5d mostram exemplos de equalização de histograma.

4.5 Análise de textura

Não existe um consenso ou uma definição formal para textura, porém sua maior característica é a repetição de um padrão ou de vários padrões em uma região segundo Parker [26]. Uma definição mais relevante é um atributo representando um arranjo espacial de níveis de cinza dos *pixels* em uma região conforme Castleman [21 *apud* 25]. O padrão pode se repetir com exatidão ou com pequenas variações de tema, possivelmente em função da posição. Existe também um aspecto aleatório da textura que não pode ser ignorado, o tamanho, a forma, a cor e a orientação de elementos do padrão, também chamados de *textons*, podem variar na região. Algumas vezes, a

diferença entre duas texturas está apenas no grau de variação ou na distribuição estatística entre os *textons*.

Textura é a propriedade possuída por uma região que seja suficientemente grande para demonstrar sua natureza recorrente. A mesma textura exibida em diferentes escalas será percebida como diferentes texturas. É improvável que qualquer operação de medida simples possa permitir a segmentação de regiões de textura em uma imagem digital. As linhas de divisão são freqüentemente arbitrárias e são definidas mais em função da percepção humana. Por outro lado, é possível que alguma combinação de operações possa resultar em segmentações razoavelmente boas para vários tipos de texturas de acordo com Parker [21 *apud* 26].

Quando se deseja medir a textura de uma imagem, deve-se quantificar a natureza da variação de nível de cinza em um objeto. O ruído eletrônico induzido por uma câmera e ruído de grão de filme são exemplos de ruídos aleatórios. Nestes casos a variação em nível de cinza no objeto não exibe um padrão reconhecível. As texturas aleatórias são mais comumente caracterizadas por propriedades estatísticas como o desvio padrão do nível de cinza para a medida da amplitude da textura e a largura da autocorrelação, para a medida do tamanho da textura.

A seguir veremos alguns descritores de textura.

4.5.1 Descritores de Textura

4.5.1.1 LBP - Local Binary Pattern

No LBP [19], a descrição da textura é feita por um histograma representando o relacionamento local entre os pixels, como ilustrado na Figura 4.6. Na imagem original em (a), o pixel central é utilizado como um limiar de comparação: a cor do pixel central (6) é comparada à cor de cada pixel ao seu redor. A seguir, uma matriz com valores binários é obtida em (b) indicando os resultados dessa comparação. Essa matriz recebe o valor binário '1' nos elementos que têm valor maior que o pixel central e '0' caso contrário. Em (c) é apresentada uma matriz de pesos utilizada para obtenção do LBP: a matriz binária obtida em (b) é multiplicada pelos valores das células correspondentes em (c), obtendo, então, a matriz (d). Os valores em (d) são então somados e o valor respectivo do histograma LBP é incrementado.

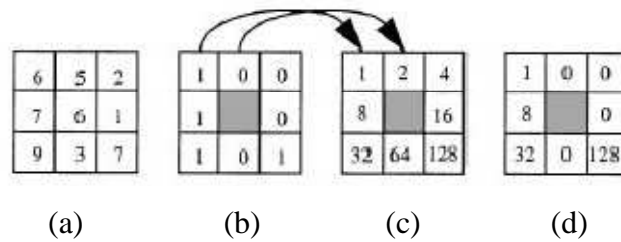


Figura 4.6 - Obtenção do LBP

Em (a) a imagem original. Em (b) uma matriz binária após comparação com pixel central. Em (c) a matriz utilizada para multiplicar as respectivas células dos valores encontrados em (b). E em (d) o resultado dessa multiplicação.

Sendo assim, o “histograma LBP” varia de 0 a 266 (valor máximo alcançado quando todos os valores da matriz binária forem iguais a 1, gerando como resultado a soma dos valores da matriz de peso). No exemplo, o valor resultante será $1 + 8 + 32 + 128 = 169$. Então a posição 169 do histograma LBP deve então ser incrementada de 1. O problema com esse descritor é que ele atribui um peso muito alto a algumas das posições da matriz de pesos. Por exemplo, quando um pixel referente ao peso ‘1’ for ativado, ele terá pouco impacto no valor do LBP final. Enquanto que o pixel referente ao peso ‘128’ terá grande impacto. Além disso, esse descritor não traz nenhuma informação sobre as cores em si dos pixels, apenas do relacionamento entre eles. Isso pode ser útil ou não de acordo com a aplicação [19].

4.5.1.2 GLCM - *Gray Level Co-Occurrence Matrix* (Matriz de Co-Ocorrência de Tons de Cinza)

Esse descritor apresenta uma medida de probabilidade de ocorrência de cores separadas por uma dada distância em uma dada direção. Para uma dada imagem, cada célula (i,j) da matriz de co-ocorrência funciona como um contador e armazena a frequência com que dois pixels ocorrem na imagem separados por uma distância d , um com a cor i , outro com a cor j , como mostrado na Figura 4.7. Nessa Figura, temos, à esquerda, uma imagem de exemplo onde aparecem em duas regiões da imagem as cores 1 e 2 separadas por um pixel de distância. Assim, se $d = 1$, a matriz GLCM tem sua posição (1, 2) incrementada para 2, indicando a ocorrência de 2 pixels com cor 1 e 2 separados pela distância d [16].

A GLCM é uma matriz com $C \times C$ elementos, onde C é o número de diferentes tons que a imagem pode ter. Por exemplo, para uma imagem armazenada em

266 tons de cinza, a GLCM tem dimensão 266x266. Isso traz uma grande desvantagem da GLCM: o grande espaço necessário para seu armazenamento. Além disso, uma imagem pode gerar uma matriz esparsa que é uma matriz com muitos valores iguais a zero. Outro problema na GLCM é o tempo de processamento necessário para seu cálculo. Por isso, outras medidas foram criadas [16].

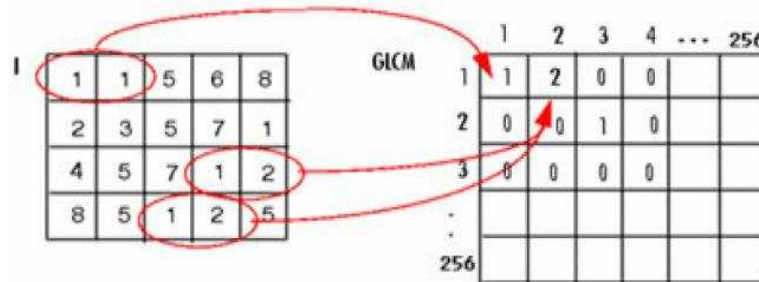


Figura 4.7 – GLCM

À direita a matriz de co-ocorrência é preenchida indicando quantas vezes a cor i e a cor j estão presentes na imagem (à esquerda) separados por uma distância d igual a 1.

4.5.1.3 Histograma da Soma / Diferença (SDH – *Sum/Difference Histogram*)

Esse terceiro descritor, de forma semelhante à GLCM, observa o relacionamento entre os pixels e seus vizinhos separado por uma distância d . No entanto, a forma como armazena essa informação é bem diferente. O *Histograma da soma* depende de deslocamentos dx e dy , e é o histograma das somas de todos os pixels separados por dx e dy . Como ilustrado na Figura 4.8, o histograma da soma varre a imagem e, para cada pixel na posição (i, j) , a sua cor é somada à do pixel da posição $(i+dx, j+dy)$ e a cor correspondente é incrementada no histograma. Com isso, em uma imagem em 266 tons de cinza, o histograma da soma vai de 0 a 610 (resultado da soma de 266 com 266). Analogamente, o Histograma da Diferença calcula a diferença entre os pixels, variando seus valores de -266 a 266. Nesse caso, há uma clara redução no espaço necessário para armazenamento do histograma em comparação com a GLCM. Aqui, para imagens com 266 cores, um vetor com 612 posições é suficiente para representar o SDH. No entanto, notadamente, a GLCM apresenta uma informação mais precisa sobre a distribuição de cores na textura original [16].

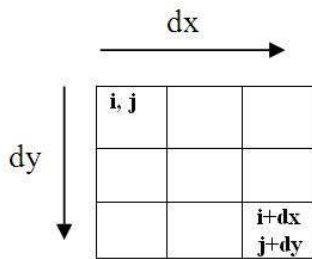


Figura 4.8 - Exemplo do Histograma da Soma

4.6 Segmentação

Segundo Bastos [23], o primeiro passo na análise de imagens é a segmentação que consiste em usar o computador para definir na imagem, recortes automáticos ao redor de objetos de interesse. A segmentação subdivide uma imagem em suas partes ou objetos constituintes. O nível até o qual essa subdivisão deve se realizada, assim como a técnica utilizada, depende do problema que está sendo resolvido.

Segundo Kubiça [13], segmentação de imagem é um processo que particiona o domínio espacial de uma imagem em subconjuntos mutuamente exclusivos, chamados de regiões, onde cada uma destas é uniforme e homogênea com respeito a algumas propriedades, como tom ou textura, e cujos valores destas propriedades diferem em alguns aspectos e significados das propriedades de cada região vizinha.

Algoritmos de segmentação permitem achar diferenças entre dois ou mais objetos, e distinguir as partículas umas das outras e do fundo. Esta distinção permitirá ao programa interpretar pixels contíguos e agrupá-los em regiões. Os algoritmos de segmentação para imagens monocromáticas são geralmente baseados em uma das seguintes propriedades básicas de valores de níveis de cinza: descontinuidade e similaridade [23], veja um exemplo na Figura 4.9.

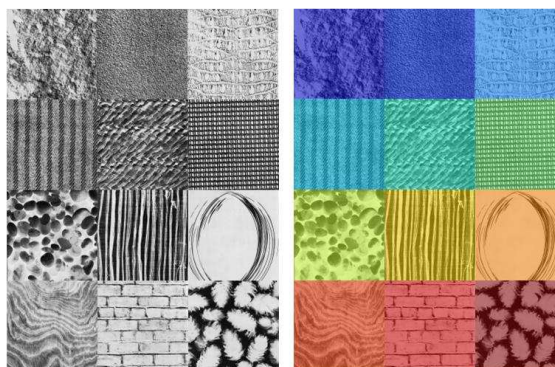


Figura 4.9 - Segmentação

Na descontinuidade a abordagem é particionar a imagem baseado em mudanças bruscas nos níveis de cinza. As principais áreas de interesse são a detecção de pontos isolados, detecção de linhas e bordas na imagem.

Na similaridade as principais abordagens baseiam-se em limiarização e crescimento de regiões.

4.6.1 Principais Tipos de Segmentação

4.6.1.1 Segmentação por região

A detecção de regiões numa imagem pode ser feita com um dos objetivos: extrair uma determinada região ou dividir (particionar) a imagem num conjunto de regiões disjuntas cuja união representa a imagem inteira.

Uma região de uma imagem é um conjunto de pontos "ligados" onde, de qualquer ponto da região pode-se chegar a qualquer outro ponto por um caminho inteiramente contido nessa região. As regiões que se deseja detectar, em geral, são regiões bem "homogêneas", ou seja, apresentam alguma propriedade local aproximadamente constante [16]. Comumente esta propriedade é a continuidade no nível de cinza. Um exemplo de função exprimindo essa propriedade de continuidade sobre uma região $R(x,y)$ pode ser: $R(x,y)$ é homogênea se e somente se, para qualquer dupla de pontos, a diferença entre os níveis de cinza dos dois pontos não for maior que uma constante. É um procedimento que agrupa pixels ou sub-regiões em regiões maiores. A mais simples dessas abordagens é a agregação de pixels, que começa com um conjunto de pontos "semente" e, a partir deles, faz crescer as regiões anexando a cada ponto semente aqueles pixels que possuam propriedades similares (como nível de cinza, textura ou cor). Por exemplo, a Figura 4.10, na qual os números dentro das células representam valores de nível de cinza. Usando os pontos com coordenadas (3,2) e (3,4) como sementes. A utilização de dois pontos iniciais resulta em uma segmentação consistindo de, no máximo, duas regiões: R_1 associada à semente (3,2) e B_2 associada à semente (3,4). A propriedade P a ser usada para incluir um pixel em uma das regiões é se a diferença absoluta entre os níveis de cinza daqueles pixels e o da semente é menor que um dado limiar T .

0	0	5	6	7
1	1	5	8	7
0	<u>1</u>	6	<u>7</u>	7
2	0	7	6	6
0	1	5	6	5

Figura 4.10a - Matriz da Imagem Original

a	a	b	b	b
a	a	b	b	b
a	a	b	b	b
a	a	b	b	b
a	a	b	b	b

Figura 4.10b - Resultado da segmentação com $T=3$

a	a	a	a	a
a	a	a	a	a
a	a	a	a	a
a	a	a	a	a
a	a	a	a	a

Figura 4.10c - Resultado da segmentação usando $T=8$

Qualquer pixel que satisfaça essa propriedade simultaneamente para ambas as sementes é (arbitrariamente) atribuído à região R_1 . A Figura 4.10b mostra o resultado obtido usando $T=3$. Nesse caso, a segmentação consiste de duas regiões em que os pontos pertencentes a R_1 são denotados por "a" enquanto que os pertencentes a R_2 são denotados por "b". Qualquer ponto inicial em qualquer uma das regiões resultantes levaria ao mesmo resultado, mas a escolha de $T=8$ resultaria em uma única região, como mostrado na Figura 4.10c. O exemplo precedente, apesar de simples, mostra algumas dificuldades fundamentais com o crescimento regiões. Dois problemas imediatos são a seleção de sementes que representem adequadamente as regiões de interesse, bem como a seleção de propriedades apropriadas para a inclusão de pontos nas várias regiões durante o processo de crescimento.

A seleção de um ou mais pontos iniciais pode freqüentemente se basear na natureza do problema. Por exemplo, em aplicações militares de imageamento infravermelho, os alvos de interesse são realmente mais quentes (e, portanto, aparecem mais claros) que do fundo [23]. A escolha de pixels mais claros é, portanto, uma maneira natural de iniciar um algoritmo de crescimento de regiões. Quando a informação apropriada estiver disponível, o procedimento é calcular, em cada pixel, o mesmo conjunto de propriedades que será usado para atribuir os pixels às regiões durante o processo de crescimento. Se o resultado de tal cálculo mostrar agrupamentos de valores das propriedades, então os pixels cujas propriedades localizarem-se mais perto do centróide desses agrupamentos poderão ser usados como sementes [23].

A seleção de critérios de similaridade depende não apenas do problema em consideração, mas também dos dados (imagem) disponíveis. Por exemplo, a análise de imageamento por satélite para levantamento de terrenos depende fortemente do uso

de cor. Esse problema poderia ser muito mais difícil de ser tratado com a utilização apenas de imagens monocromáticas, como pode ser visto na Figura 4.11.

Infelizmente, a disponibilidade de imagens multiespectrais e de outros tipos complementares é exceção, em processamento de imagens. Tipicamente, o crescimento de regiões deve ser realizado com um conjunto de descritores baseados em intensidade e em propriedades espaciais (como momentos ou textura) de uma única fonte de imagens. Os descritores sozinhos podem levar a resultados enganosos, se a informação de conectividade ou de adjacência não for levada em consideração no processo de crescimento de regiões [23].

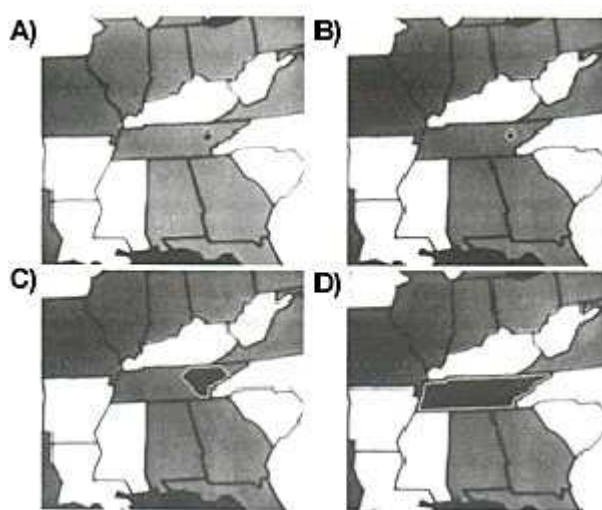


Imagem 4.11 – Segmentação por Região

Na Figura 4.11a vemos a imagem original e um ponto semente. A Figura 4.11b mostra o estágio primário de crescimento da região. Na Figura 4.11c aparece o estágio intermediário de crescimento e na Figura 4.11d a região final segmentada [23].

4.6.1.2 Limiarização (*threshold*)

O princípio da limiarização consiste em separar as regiões de uma imagem quando esta apresenta duas classes (o fundo e o objeto). A limiarização é baseada na utilização de um histograma. No caso de níveis de cinza bem repartidos, dado que o histograma apresenta distintamente as duas classes na forma de dois picos separados por um "vale", a limiarização é trivial [16].

Uma imagem limiarizada $g(x, y)$ é definida como:

$$g(x, y) = \begin{cases} 1, & \text{se } f(x, y) > T \\ 0, & \text{se } f(x, y) \leq T \end{cases}$$

Onde $f(x, y)$ corresponde ao nível, de cinza do ponto, os pixels rotulados com 1 correspondem aos objetos e os pixels rotulados com 0 correspondem ao fundo e T é um valor de tom de cinza predefinido denominado limiar (Figura 4.12) [23].

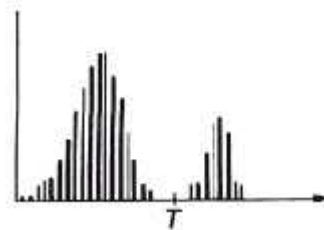


Figura 4.12a - Histograma Particionado Por Um Único Limiar [23]

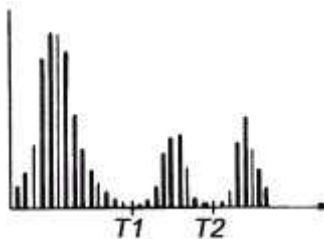


Figura 4.12b - Histograma Particionado Por Dois Limiares [23]

4.6.1.2.1 Determinação do Limiar

Uma das dificuldades da “limiarização” de uma imagem é a melhor determinação do valor de *thresholding*, ou seja, do ponto de separação dos pixels.

Segundo o Método do Vale a análise do histograma estabelece T (valor de *Threshold*) na região de “vale” mais próxima ao meio de escala dos níveis de cinza [23].

A Figura 4.13 nos mostra um teste de limiarização realizado no MatLab.



Figura 4.13a - Imagem Original [23]

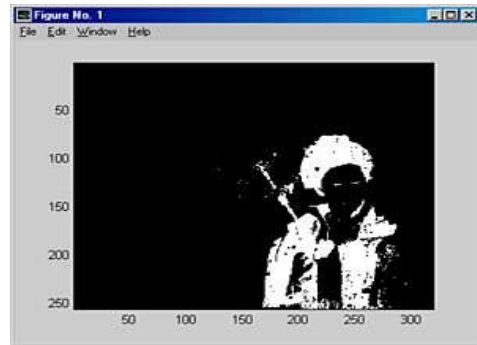


Figura 4.13b -Aplicação de um limiar = 10 [23]

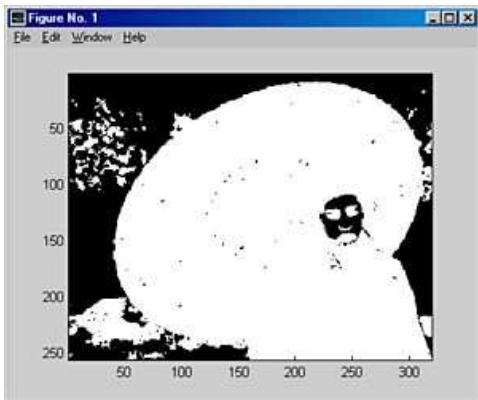


Figura 4.13c-Aplicação de um limiar = 30 [23]

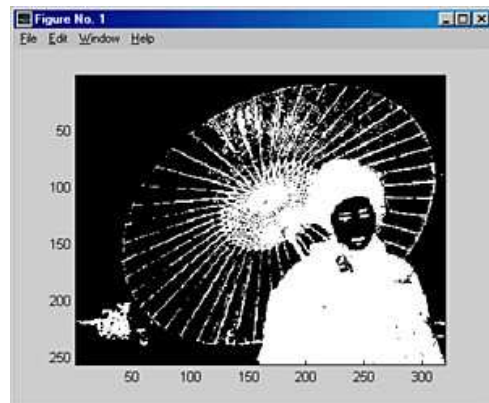


Figura 4.13d - Aplicação de um limiar = 70 [23]

4.6.1.3 Segmentação Baseada em Bordas

Na detecção de bordas, analisamos as discontinuidades nos níveis de cinza. Uma borda é o limite entre duas regiões com propriedades relativamente distintas de nível de cinza. As bordas na imagem caracterizam os contornos dos objetos e são bastante úteis para segmentação e identificação de objetos na cena. Pontos de borda podem ser entendidos como as posições dos pixels com variações abruptas de níveis de cinza. Os pontos de borda caracterizam as transições entre objetos diferentes.

Existem várias técnicas de segmentação baseadas em bordas. As mais simples são aquelas em que as bordas são detectadas pelos operadores gradientes (*Sobel*, e Laplaciano) seguidos de uma limiarização.

4.6.1.3.1 Detecção de Borda por Filtro Sobel

O filtro Sobel é baseado na utilização de duas máscaras que são convoluídas com a imagem. Uma máscara para ressaltar as altas freqüências em X (linhas) e outra para ressaltar as altas freqüências em Y (colunas). Para a aplicação, basta varrer a imagem de tal forma que a posição central da máscara corresponda ao pixel que está sendo processado. Para cada ponto, multiplica-se cada pixel pelos valores das máscaras, somam-se os resultados das duas multiplicações e atribuí-se esse valor ao ponto central. As máscaras do filtro Sobel estão ilustradas abaixo [16].

$$\begin{bmatrix} 1 & 2 & 1 \\ 0 & 0 & 0 \\ -1 & -2 & -1 \end{bmatrix}$$

Gy

$$\begin{bmatrix} 1 & 0 & -1 \\ 2 & 0 & -2 \\ 1 & 0 & -1 \end{bmatrix}$$

Gx



Figura 4.14a - Imagem Original

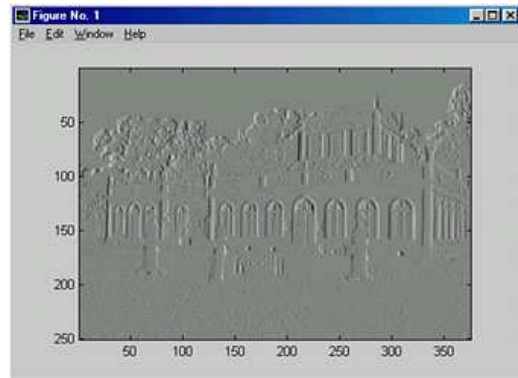


Figura 4.14b - Sobel Gx

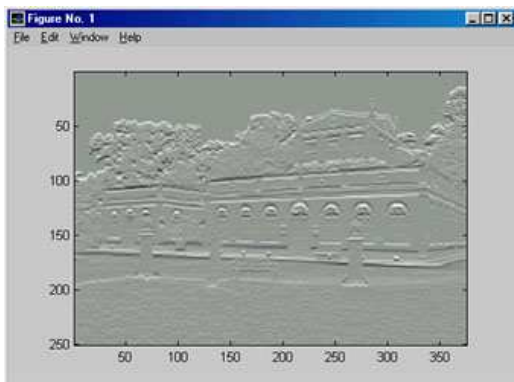


Figura 4.14c - Sobel Gy

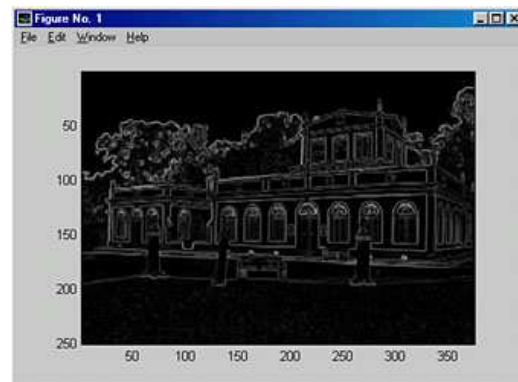


Figura 4.14d – Sobel: $\sqrt{Gx^2 + Gy^2}$

Primeiro varre-se os pixels do eixo x, detectando o gradiente horizontal das bordas, como é mostrado na figura 4.14b [23]. Lembre que a convenção usada para os eixos x e y em processamento de imagem é diferente da convenção usada na computação gráfica,

como já foi citado anteriormente. Depois varre-se o eixo y detectando o gradiente vertical das bordas, conforme é mostrado na figura 4.14c. Por último temos a soma dos módulos gradiente horizontal e vertical de *Sobel*, detectando as bordas da imagem como é mostrado na figura 4.14d [23].

4.6.1.3.2 Detecção de Borda por Filtro Laplaciano

O filtro Laplaciano é baseado na aplicação de uma máscara sobre a imagem em que basta varrê-la sobrepondo-lhe a máscara de tal forma que a posição central da máscara corresponda ao *pixel* que está sendo processado. Para cada ponto, multiplicam-se cada *pixel* pelos valores da máscara e a soma destas multiplicações é atribuída ao ponto central. A máscara laplaciana é apresentada abaixo [16].

$$\begin{bmatrix} 0 & -1 & 0 \\ -1 & 4 & -1 \\ 0 & -1 & 0 \end{bmatrix}$$

Máscara do Filtro Laplaciano

4.6.1.4 Transformada de *watershed*

O operador *watershed* (ou *linha de partição de águas*) é uma das ferramentas de segmentação de imagens mais eficientes e utilizadas dentro da morfologia matemática, pois apresenta considerável desempenho em relação às outras abordagens [16].

A idéia básica do operador *watershed* pode ser exemplificada através da seguinte analogia. Uma imagem em níveis de cinza pode ser vista como uma superfície cujos pontos têm altitudes relativas aos valores dos pixels. Quanto maior o valor do nível de cinza correspondente, maior a altitude. Como as bordas dos objetos já foram ressaltadas pelo operador-gradiente, a superfície seria formada de vales e bacias. Ainda, pode-se imaginar que essa superfície é imersa em água, a partir dos pontos mais baixos. Conforme o nível de água nas bacias e vales aumenta, as águas dessas bacias transbordam e tocam aquelas provenientes de outras bacias. Nesse ponto, são construídas barragens para evitar a união dessas águas, daí o nome de "linha de partição de águas". Exemplo na Figura 4.15.

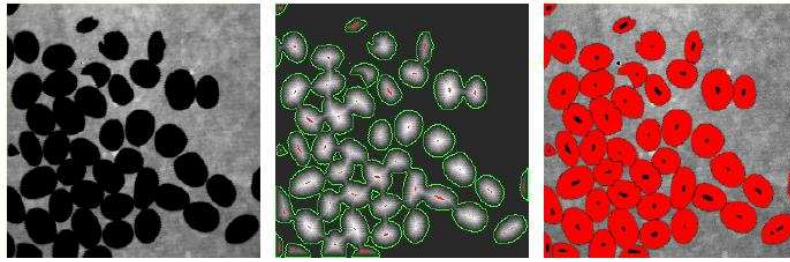


Figura 4.15 – Exemplo de Segmentação usando watershed

Capítulo 5

Redes Neurais e Sistemas Nebulosos

5.1 Características Gerais das Redes Neurais

Os conceitos apresentados aqui estão focados ao que será utilizado no trabalho. Assim, daremos uma visão um pouco mais profunda a alguns temas que serão mais relevantes ao nosso estudo, por exemplo o modelo de KOHONEN e o algoritmo K-MEANS.

Uma rede neural artificial é composta por várias unidades de processamento, cujo funcionamento é bastante simples. Essas unidades, geralmente são conectadas por canais de comunicação que estão associados a determinado peso. As unidades fazem operações apenas sobre seus dados locais, que são entradas recebidas pelas suas conexões. O comportamento inteligente de uma Rede Neural Artificial vem das interações entre as unidades de processamento da rede [29].

A operação de uma unidade de processamento, proposta por McCulloch e Pitts em 1943, pode ser resumida da seguinte maneira [29]:

- Sinais são apresentados à entrada;
- Cada sinal é multiplicado por um número, ou peso, que indica a sua influência na saída da unidade;
- É feita a soma ponderada dos sinais que produz um nível de atividade;
- Se este nível de atividade exceder certo limite (threshold) a unidade produz uma determinada resposta de saída.

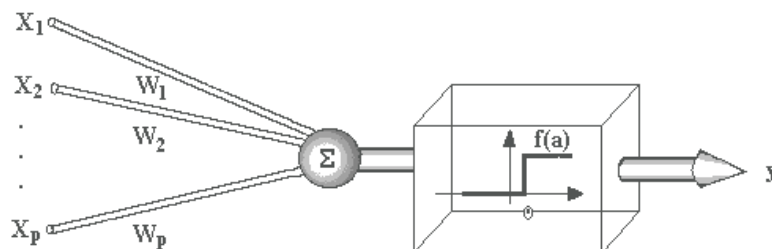


Figura 5.1 – Modelo de Rede Neural

Suponha que tenhamos p sinais de entrada X_1, X_2, \dots, X_p e pesos w_1, w_2, \dots, w_p e limitador t ; com sinais assumindo valores booleanos (0 ou 1) e pesos valores reais.

Neste modelo, o nível de atividade a é dado por:

$$a = w_1X_1 + w_2X_2 + \dots + w_pX_p$$

A saída y é dada por

$$y = 1, \text{ se } a \geq t \text{ ou}$$

$$y = 0, \text{ se } a < t.$$

A maioria dos modelos de redes neurais possui alguma regra de treinamento, onde os pesos de suas conexões são ajustados de acordo com os padrões apresentados. Em outras palavras, elas aprendem através de exemplos [29].

Arquiteturas neurais são tipicamente organizadas em camadas, com unidades que podem estar conectadas às unidades da camada posterior.

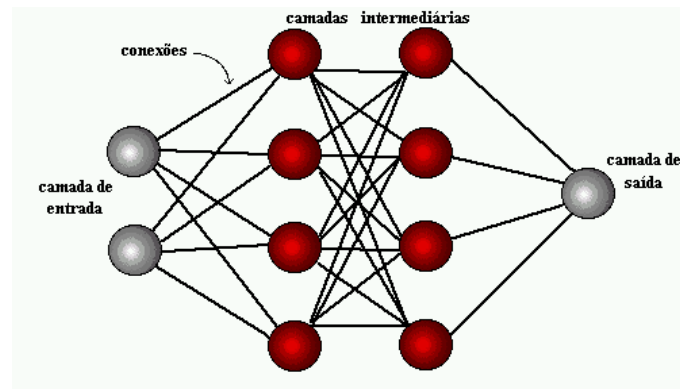


Figura 5.2 - Organização em camadas.

Usualmente as camadas são classificadas em três grupos [29]:

- **Camada de Entrada:** onde os padrões são apresentados à rede;
- **Camadas Intermediárias ou Escondidas:** onde é feita a maior parte do processamento, através das conexões ponderadas; podem ser consideradas como extratoras de características;
- **Camada de Saída:** onde o resultado final é concluído e apresentado.

Uma rede neural é especificada, principalmente pela sua topologia, pelas características dos nós e pelas regras de treinamento. A seguir, serão analisados os processos de aprendizado.

5.2 - Processos de Aprendizado

A propriedade mais importante das redes neurais é a habilidade de aprender de seu ambiente e com isso melhorar seu desempenho. Isso é feito através de um processo iterativo de ajustes aplicado a seus pesos, o treinamento. O aprendizado ocorre quando a rede neural atinge uma solução generalizada para uma classe de problemas [29].

Denomina-se algoritmo de aprendizado a um conjunto de regras bem definidas para a solução de um problema de aprendizado. Existem muitos tipos de algoritmos de aprendizado específicos para determinados modelos de redes neurais, estes algoritmos diferem entre si principalmente pelo modo como os pesos são modificados. Outro fator importante é a maneira pela qual uma rede neural se relaciona com o ambiente. Nesse contexto existem os seguintes paradigmas de aprendizado [29]:

- **Aprendizado Supervisionado**, quando é utilizado um agente externo que indica à rede a resposta desejada para o padrão de entrada;
- **Aprendizado Não Supervisionado** (auto-organização), quando não existe um agente externo indicando a resposta desejada para os padrões de entrada;
- **Reforço**, quando um crítico externo avalia a resposta fornecida pela rede.

Denomina-se ciclo uma apresentação de todos os N pares (entrada e saída) do conjunto de treinamento no processo de aprendizado. A correção dos pesos num ciclo pode ser executada de dois modos:

1) Modo Padrão: 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.

2) Modo Batch: Apenas uma correção é feita por ciclo. Todos os exemplos do conjunto de treinamento são apresentados à rede, seu erro médio é calculado e a partir deste erro fazem-se as correções dos pesos [29].

5.2.1 - Treinamento Supervisionado

O treinamento supervisionado do modelo de rede *Perceptron*, consiste em ajustar os pesos e os *thresholds* de suas unidades para que a classificação desejada seja obtida. Para a adaptação do *threshold* juntamente com os pesos podemos considerá-

lo como sendo o peso associado a uma conexão, cuja entrada é sempre igual à -1 e adaptar o peso relativo a essa entrada. Quando um padrão é inicialmente apresentado à rede, ela produz uma saída. Após medir a distância entre a resposta atual e a desejada, são realizados os ajustes apropriados nos pesos das conexões de modo a reduzir esta distância. Este procedimento é conhecido como Regra Delta.

Deste modo, temos o seguinte esquema de treinamento [29]:

- Iniciar todas as conexões com pesos aleatórios;
- Repita até que o erro E seja satisfatoriamente pequeno ($E = e$)
- Para cada par de treinamento (X,d) , faça:
- Calcular a resposta obtida O ;
- Se o erro não for satisfatoriamente pequeno $E > e$, então:
- Atualizar pesos: $W_{novo} := W_{anterior} + \eta E X$

Onde:

- ✓ O par de treinamento (X, d) corresponde ao padrão de entrada e a sua respectiva resposta desejada;
- ✓ O erro E é definido como: Resposta Desejada - Resposta Obtida ($d - O$);
- ✓ A taxa de aprendizado η é uma constante positiva, que corresponde à velocidade do aprendizado.

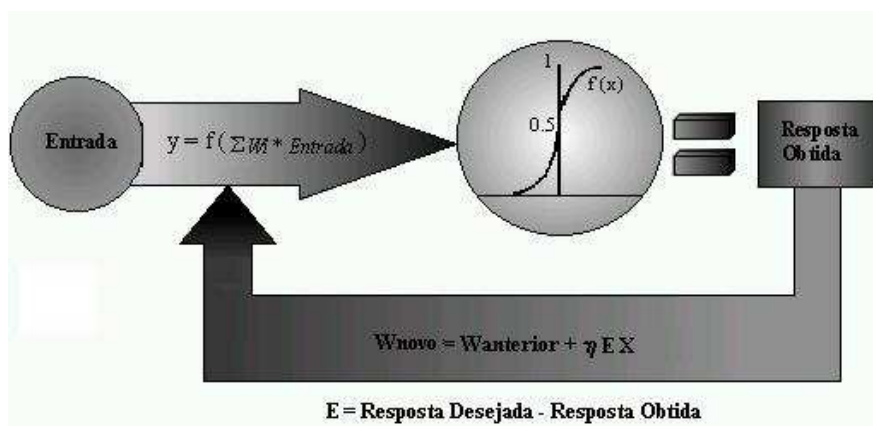


Figura 5.3 - Esquema de Treinamento do Perceptron.

As respostas geradas pelas unidades são calculadas através de uma função de ativação. Existem vários tipos de funções de ativação, as mais comuns são: *Hard Limiter*, *Threshold Logic* e *Sigmoid*, Figura 5.4.

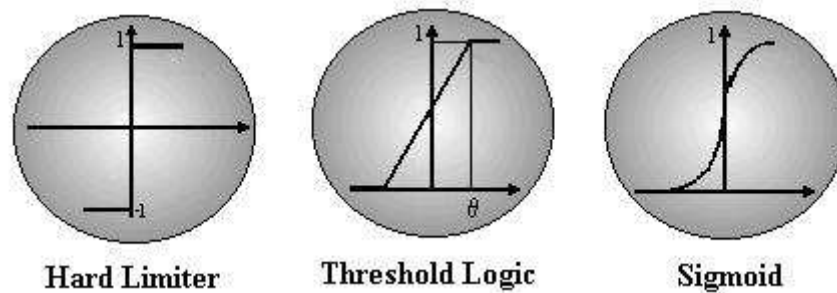


Figura 5.4. – Funções de Ativação

5.2.2 - Treinamento Não-Supervisionado

5.2.2.1 - O Modelo de KOHONEN

O modelo de KOHONEN é uma rede neural tipo *feedforward* não supervisionada que usa simples neurônios adaptativos para receber sinais de um evento espacial, consistindo de medidas ou dados, como frequência ou situação [27 *apud* LIPPMANN, 1987]. Considerando uma rede de duas dimensões, o paradigma de KOHONEN não impõe, em absoluto, nenhuma forma topológica, podendo ser hexagonal, retangular, triangular, etc. Conforme KOHONEN [28], o esquema básico de um modelo de KOHONEN faz com que neurônios da camada de saída disputem entre si a representação da informação apresentada aos neurônios de entrada. Havendo um neurônio vencedor, este é reajustado para responder ainda melhor ao estímulo recebido. Dentro deste modelo não supervisionado, não somente o vencedor, mas também os seus vizinhos (dentro de um senso físico) são ajustados.

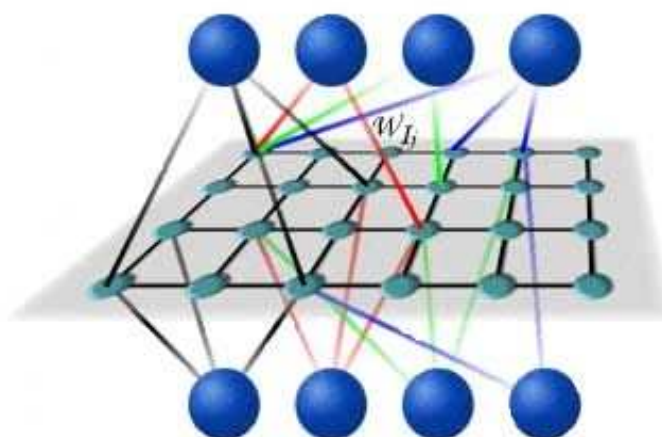


Figura 5.5 – Modelo de KOHONEN

Este "comportamento" tem por objetivo fazer com que a rede simule uma atividade cerebral. Este paradigma é baseado na teoria de que as células nervosas corticais estão arranjadas anatomicamente em relação aos estímulos que recebem dos sensores às quais estão ligadas. Com relação a este tema, vale lembrar que alguns cientistas, rastreando a atividade cerebral, notaram que, apesar de as células nervosas estarem ligadas e coligadas entre si, existem centros de atividade mais intensificados conforme a atividade exercida no momento [27 *apud* KANDEL, 1993].

5.2.2.2 - O Mecanismo da Rede Neural

Sinteticamente o mecanismo de KOHONEN [27 *apud* 28] funciona da seguinte forma: os pesos sinápticos iniciam contendo valores aleatoriamente baixos, e um sinal de entrada x (com valores que representam uma informação qualquer) é provido para a rede sem que se especifique a saída desejada (característica da rede não supervisionada). O sinal de entrada x é descrito como:

$$x = [x_1, x_2, x_3, \dots, x_n]^t$$

Conforme o sinal de entrada, um neurônio de saída y deverá responder melhor para a entrada respectiva, e, então, será o vencedor. Isto faz com que este neurônio seja disparado sempre que essa entrada específica for apresentada à rede neural. O neurônio vencedor y , e seus vizinhos (V_y), terão seus pesos sinápticos ajustados para responder melhor do que antes à entrada x apresentada. A rede é considerada treinada depois de todo o conjunto de treinamento ter sido apresentado à rede, e os critérios de treinamento terem sido satisfeitos. Seguindo a fase de treinamento, temos a fase de teste da rede neural. Essa fase é semelhante à fase de treinamento, só que não serão mais alterados os pesos dos neurônios. Para que o teste seja mais apurado a rede poderá receber, como entrada, além dos fatos que foram apresentados, outros que não fizeram parte do conjunto de treinamento. Reconhecidas as entradas do teste de forma adequada, a rede é considerada treinada com sucesso.

5.2.3 - A Rede Neural

5.2.3.1 - O neurônio

Cada neurônio da rede representa uma saída da rede, ou seja, se a rede possuir um total de 30 neurônios na camada de saída haverá, conseqüentemente, 30 saídas possíveis para qualquer quantidade de entradas que a rede estiver sendo submetida. Outro aspecto fundamental é que o neurônio de saída está amplamente

conectado com as entradas, isso quer dizer que, havendo 10 entradas, haverá, conseqüentemente, 10 conexões sinápticas entre cada neurônio de saída e os 10 pontos da camada de entrada.

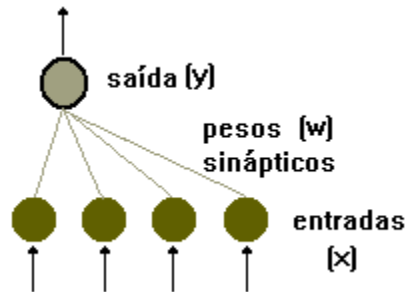


Figura 5.6 - Conexões Sinápticas de Um Neurônio de Saída Ligado a 4 Entradas

No neurônio de saída, especificamente, haverá apenas a resposta do cálculo efetuado entre as entradas e os pesos sinápticos. O conhecimento da rede reside nos pesos de suas conexões [29 *apud* LAWRENCE, 1992].

5.2.3.2 - Os vizinhos do neurônio

Essa propriedade espacial, ou topológica, da rede é determinada pelo modo como são definidos os seus vizinhos. Este é, sem dúvida, um ponto importante na definição da rede. Se, por exemplo, um neurônio for i , seus vizinhos podem, então, ser definidos como:

$$i + 1 \text{ e } i - 1.$$

No início, o conjunto de vizinhos é extenso e não muito bem definido. A melhor auto-organização, conforme observações do próprio KOHONEN [28] ocorre quando o conjunto de vizinhos começa extenso e diminui com o tempo. Assim a vizinhança pode ser definida como tempo-variável.

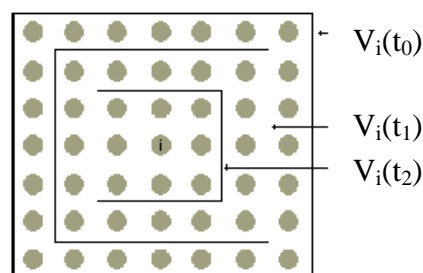


Figura 5.7 – Topologia de Vizinhança em Diferentes Tempos

O conjunto de vizinhos inicia extenso e vagarosamente decresce em seu tamanho:
($t_0 < t_1 < t_2$).

O algoritmo de KOHONEN parte, assim, da auto-organização, processo semelhante ao que ocorre com o cérebro. No algoritmo, as saídas estão amplamente conectadas com as entradas e, depois de muitos fatos terem sido apresentados, os pesos irão especificar grupos ou centros que respondem de forma similar. Esses pesos estarão organizados de modo que, topologicamente, serão sensíveis às entradas. Os neurônios de saída (y) serão ordenados de maneira natural.

5.2.3.3 - A Adaptação dos Neurônios (Ajuste dos Pesos)

A adaptação dos neurônios é crucial para a formação ordenada do mapa, pois, apesar de um neurônio ser afetado independentemente do outro, é o conjunto inteiro que representa a informação [28]. O ajuste dos pesos sinápticos acontece da seguinte forma, primeiro procura-se descobrir qual é o neurônio vencedor para a entrada apresentada, ou seja, qual é o neurônio que possui a menor distância Euclidiana:

$$d_i(t) = \sum_{j=1}^N (x_j(t) - w_{ij}(t))^2$$

onde: t = instante t no tempo / i = indexação do neurônio / j = indexação das entradas e dos pesos

N = número de entradas (quantidade de x e, respectivamente, quantidade de w por neurônio)

$x_j(t)$ = entrada j no tempo t / $w_{ij}(t)$ = peso j do neurônio i no tempo t

$d_j(t)$ = distância do neurônio no tempo t

Em cada passo do aprendizado, o neurônio que melhor responder deverá ser ajustado para responder ainda mais àquela entrada, e, conjuntamente, todos os neurônios dentro da vizinhança V_i serão alterados. Os neurônios que estiverem fora do subconjunto de vizinhança não serão alterados. A adaptação dos neurônios é muito simples. Basicamente, é pegar a diferença entre os dois vetores (x e w) e somar uma fração desta diferença ao vetor de pesos original (w):

$$w_i(t+1) = \begin{cases} w_i(t) + \alpha(t)[x(t) - w_i(t)] & \text{se } i \in V_n(t) \\ w_i(t) & \text{se } i \notin V_n(t) \end{cases}$$

KOHONEN [28] propõe que, na prática computacional, o processamento pode parar quando o termo chegar à zero, pois, automaticamente, não haverá mais alterações nos pesos do neurônio selecionado. O que tem sido feito também é estabelecer períodos de decremento diferentes para em momentos diferentes de t durante o treinamento. Isso quer dizer que pode seguir uma flutuação diferente em um tempo diferente dentro do mesmo treinamento.

5.3.4 - Iterações

Uma medida que tem sido adotada por KOHONEN é de 600 passos para cada neurônio na camada de saída [28]. Isso significa que, havendo 10 neurônios na camada de saída, deverá haver perto de 6000 iterações para que o mapa esteja ordenado adequadamente. Essas 6000 iterações significam passar 6000 vezes o conjunto de treinamento para a rede neural. Entretanto, ressaltamos que esses parâmetros não são regras. São recomendações resultantes da observação de determinados pesquisadores. Nada impede que se obtenha sucesso com menos ou mais iterações.

5.3.5 - O algoritmo da rede neural

Organizando a proposta de uma rede neural de KOHONEN sob a forma de um algoritmo computacional, o número total de passos para o treinamento são 9:

01. Inicializar os pesos dos N neurônios com valores aleatórios baixos (baixos em relação aos valores de entrada).
02. Setar o raio de vizinhança V_i de cada neurônio (inicialmente recomenda-se que V_i seja igual ao tamanho da rede).
03. Apresentar uma entrada à rede.
04. Calcular a distância Euclidiana entre a entrada e os pesos para cada neurônio de saída.

$$d_i(t) = \sum_{j=1}^N (x_j(t) - w_{ij}(t))^2$$

05. Selecionar o neurônio vencedor, ou seja, o neurônio que apresentar a menor distância (o menor $d_j(t)$).

06. Os pesos do neurônio selecionado são atualizados juntamente com todos os neurônios que estão dentro da vizinhança definida por $V_i(t)$.

$$w_{ij}(t + 1) = w_{ij}(t) + \alpha(t)[x_i(t) - w_{ij}(t)]$$

onde $i \in V_i(t)$ e $0 < i \leq N$

O termo $\alpha(t)$ é um termo de avanço que deve ficar entre 0 e 1 ($0 < \alpha(t) < 1$). Recomenda-se iniciar com um valor alto e decrementá-lo com o decorrer do tempo.

07. Se necessário, modificar o raio de vizinhança de todos os neurônios. Essa modificação deverá implicar num decréscimo do raio de $V_i(t)$.

08. Se existir, ainda, algum fato que faça parte do conjunto de treinamento que não foi apresentado à rede voltar ao passo 03.

09. Se o número de iterações realizadas até o momento atingiu o número especificado no início, encerrar essa fase do treinamento; caso contrário, realizar nova iteração do conjunto de treinamento retornando ao passo 03.

5.4 Ajuste Fino da Rede Neural

A rede de KOHONEN pode ainda, após ter sido treinada, passar por um ajuste fino da camada de neurônios. Este método é usado para aumentar a eficiência da rede neural em reconhecer os padrões para a qual foi treinada [28]. Existem diversos tipos de ajustes. O ajuste deve ser feito depois de a rede ter sido treinada (ordenada) e devidamente rotulada. Para tanto, é necessário que se prepare um novo conjunto de treinamento (chamado de conjunto de sintonia) que contenha entradas já conhecidas pela rede. Todos os passos do ajuste devem proceder da mesma forma como foi feito o treinamento inicial, porém, com algumas pequenas diferenças. Procura-se fazer com que o número de iterações do ajuste seja menor que o número de iterações da ordenação da rede neural (fase anterior). O escalar $\alpha(t)$ deve iniciar com um valor baixo visto que a intenção não é mais uma grande ordenação dos neurônios, mas apenas um pequeno ajuste de certas células da rede. Como recomendação do próprio KOHONEN [28], inicia-se o escalar $\alpha(t)$ com 0.01 ou 0.02. A taxa de redução de $\alpha(t)$, durante as iterações do ajuste, deve ser bastante pequena (do tipo taxa de redução = $1/100.000$). A vizinhança deve ser ignorada, permanecendo o resto dos neurônios inalterados. O processo de ajuste é o seguinte:

- ✓ Apresenta-se um fato do conjunto de sintonia;

- ✓ Calcula-se a distância Euclidiana para todos os neurônios;
- ✓ Seleciona-se o neurônio com a menor distância;
- ✓ Compara-se o rótulo do neurônio selecionado s com o rótulo da entrada x apresentada:

Se a entrada x estiver classificada corretamente (rótulos iguais)

$$w_s(t + 1) = w_s(t) + \alpha(t)[x(t) - w_s(t)]$$

onde $w_s(t + 1)$ = novos pesos do neurônio selecionado s

$w_s(t)$ = pesos do neurônio selecionado s

$x(t)$ = entrada apresentada

Se a entrada x estiver classificada incorretamente (rótulos diferentes):

$$w_s(t + 1) = w_s(t) + \alpha(t)[x(t) - w_s(t)]$$

onde $w_s(t + 1)$ = novos pesos do neurônio selecionado s

$w_s(t)$ = pesos do neurônio selecionado s

$x(t)$ = entrada apresentada

Os outros neurônios i não são afetados:

$$w_i(t + 1) = w_i(t)$$

onde $w_i(t + 1)$ = novos pesos do neurônio i

$w_i(t)$ = pesos do neurônio i

- ✓ Continuar o processo de ajuste com as apresentações das outras entradas

5.5 - As Redes Multi Layers Perceptron (MLPs)

Uma rede do tipo MLP é constituída por um conjunto de nós fonte, os quais formam a camada de entrada da rede (*input layer*), uma ou mais camadas escondidas (*hidden layers*) e uma camada de saída (*output layer*). Com exceção da camada de entrada, todas as outras camadas são constituídas por neurônios e, portanto, apresentam capacidade computacional [31].

Duas características de tal estrutura são imediatamente aparentes:

1. É uma rede progressiva (*feedforward*), ou seja, 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 propaga através da rede, camada a camada, em um sentido progressivo.

2. A rede pode ser completamente conectada, caso em que cada nó (computacional ou não) em uma camada é conectado a todos os outros nós da camada adjacente. De forma alternativa, uma rede MLP pode ser parcialmente conectada, caso em que algumas sinapses poderão estar faltando. Redes localmente conectadas apresentam um tipo importante de redes parcialmente conectadas. O termo “local” se refere à conectividade de um neurônio em uma camada da rede com relação a somente um sub-conjunto de todas as possíveis entradas. Na prática, a falta de uma determinada sinapse em um MLP é emulada fazendo-se sua transmitância constante e igual a zero. O número de nós fonte da camada de entrada da rede é determinado pela dimensionalidade de espaço de observação, que é responsável pela geração dos sinais de entrada. O número de neurônios na camada de saída é determinado pela dimensionalidade requerida da resposta desejada. Assim, o projeto de rede MLP requer a consideração de três aspectos:

- a) A determinação do número de camadas escondidas;
- b) A determinação do número de neurônio em cada uma das camadas escondidas;
- c) A especificação dos pesos sinápticos que interconectam os neurônios nas diferentes camadas da rede.

A função das camadas escondidas em um RNA é a de influir na relação entrada-saída da rede de uma forma ampla. Uma RNA com uma ou mais camadas escondidas é apta a extrair as estatísticas de ordem superior de algum desconhecido processo aleatório subjacente, responsável pelo “comportamento” dos dados de entrada, processo sobre o qual a rede está tentando adquirir conhecimento. A RNA adquire uma perspectiva global do processo aleatório apesar de sua conectividade local, em virtude do conjunto adicional de pesos sinápticos e da dimensão adicional de interações neurais proporcionada pelas camadas escondidas [31].

5.6 - Algoritmo *K-MEANS* Para Partição de Dados

O *k-means* constitui um método particional que aplicado sobre um agrupamento de n objetos procura agrupá-los em um número K , previamente determinado, de grupos. Os elementos que compõem os grupos apresentam variância mínima entre si.

O *k-means* busca particionar n objetos de p dimensões em K agrupamentos cada qual contendo n_k objetos. Cada objeto do agrupamento pertence a um único agrupamento. Assim tem-se que:

$$\sum_{k=1}^K n_k = n$$

Cada agrupamento possui um vetor de média ou centróide, dado por:

$$\bar{x}_k = \frac{1}{n_k} \sum_{i=1}^{n_k} u_{ik} \cdot x_i$$

onde u_{ik} representa a pertinência (=1) ou não (=0) do elemento x_i ao agrupamento “ k ”. O valor para u_{ik} é obtido calculando-se a distância Euclidiana entre o objeto x_i e os centros dos agrupamentos \bar{x}_k da seguinte forma:

$$u_{ik} = 1 \Leftrightarrow \|x_i - \bar{x}_k\|^2 < \|x_i - \bar{x}_j\|^2$$

para $k \neq j$; $k, j = 1, 2, \dots, K$

A partir da expressão acima podemos verificar que a matriz u composta por todos os u_{ik} possíveis é uma matriz binária formada por zeros (0's) e uns (1's) de tamanho igual a $n \times K$.

Para indicar que cada grupo possua pelo menos um objeto e cada objeto esteja contido em um único grupo tem-se respectivamente:

$$\sum_{i=1}^n u_{ik} > 0 \text{ e } \sum_{k=1}^K u_{ik} = 1$$

Pela expressão acima temos que o número de objetos por agrupamento é dado por:

$$n_k = \sum_{i=1}^n u_{ik}$$

O erro quadrático associado a cada agrupamento C_k é expresso por:

$$e_k^2 = \sum_{i=1}^{n_k} u_{ik} \cdot (x_i - \bar{x}_k)^T (x_i - \bar{x}_k)$$

O erro quadrático total é dado pela soma dos erros quadráticos associados a cada agrupamento:

$$E_k^2 = \sum_{k=1}^K e_k^2 \Rightarrow E_k^2 = \sum_{k=1}^K \sum_{i=1}^{n_k} u_{ik} \cdot (x_i - \bar{x}_k)^T (x_i - \bar{x}_k)$$

A partir da apresentação das expressões anteriores podemos descrever como o método do *k-means* trabalha:

1. Escolhe-se o número de agrupamentos em que os dados serão particionados. Arbitra-se valores iniciais aleatórios aos centróides \bar{x}_k . Outras variáveis, se necessário, podem ser inicializadas tais como o número máximo de iterações para o método ($I_{máx}$) e/ou o valor da tolerância para o erro quadrático total (ε);
2. Para $I = 1, 2, \dots, I_{máx}$, classifica-se os objetos x_i do agrupamento como pertencentes a um único agrupamento C_k através da expressão anteriormente apresentada:

$$u_{ik} = 1 \Leftrightarrow \|x_i - \bar{x}_k\|^2 < \|x_i - \bar{x}_j\|^2; k \neq j; k, j = 1, 2, \dots, K$$

3. Determina-se o valor para os erros quadráticos $e_k^2(I)$ e $E_k^2(I)$ se forem necessários;
4. Baseado nas informações contidas na matriz u ($u_{ik}(I)$) os centróides, $\bar{x}_k(I)$, são recalculados;
5. Verificar o critério de parada, ou seja, se $I > I_{máx}$ ou se $u(I) = u(I-1)$ ou ainda se $|E_k^2(I) - E_k^2(I-1)| < \varepsilon$. Se os critérios forem satisfeitos o processamento do método termina senão prossegue retornando ao passo 2.

A seguir apresenta-se um exemplo real de execução do algoritmo *k-means* para agrupamento de dados realizado para um número de 5 partições (gráfico colorido) aplicadas sobre os dados de entrada (gráfico em escala de cinza).

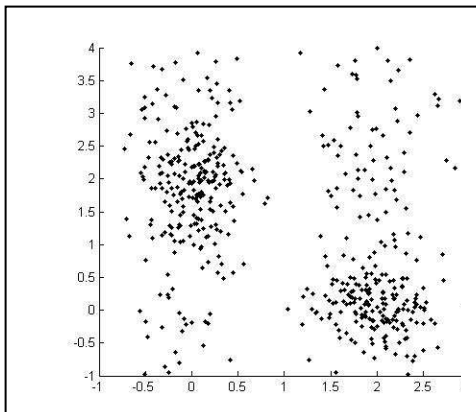


Figura 5.8a – Agrupamento

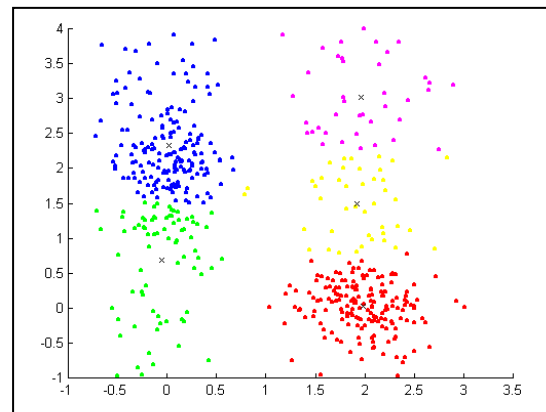


Figura 5.8b – Separação em 5 partições

Resultados numéricos:

K	\bar{X}_1		\bar{X}_2		\bar{X}_3		\bar{X}_4		\bar{X}_5		I
	1.9874	0.0206	-0.0668	0.6903	0.0167	2.3236	1.9208	1.4911	1.9618	3.0243	
5	1.9874	0.0206	-0.0668	0.6903	0.0167	2.3236	1.9208	1.4911	1.9618	3.0243	16

K - número de partições, \bar{X}_n - centróide da classe n (n = 1, 2, 3, 4, 5) e I - número de iterações total

5.7 Sistemas Nebulosos

A dificuldade de se obter todas as informações e de equacionar a realidade imprecisa do mundo levou alguns cientistas a propor lógicas alternativas que seriam mais propícias à representação daquele mundo particular [21 *apud* 29]. A lógica Nebulosa envolve a captura, representação e trabalho com noções lingüísticas, que se relacionam a objetos que possuem fronteiras indefinidas ou imprecisas.

Um conjunto Nebuloso é definido como uma coleção de objetos com valores de pertinência entre 0 (exclusão completa) e 1 (pertinência completa). Os valores de pertinência são expressos em graus de compatibilidade entre os objetos e as propriedades ou características da coleção [21]. O valor de pertinência $A(x)$ quantifica a compatibilidade de x com o conceito da função A , como também expressa a incerteza da informação, onde $A(x)$ representa a probabilidade de x ocorrer dado à ocorrência de A . Basicamente, qualquer função da forma $A: X \rightarrow [0,1]$ descreve uma função de pertinência associada com o conjunto Nebuloso A . As funções de pertinência podem ser determinadas pelo contexto da aplicação, sendo mais ou menos adaptadas às mesmas. A função de pertinência gaussiana é definida na seguinte Equação:

$$A(x) = e^{-k(x-m)^2}$$

onde $k > 0$.

Um exemplo do seu gráfico pode ser visto na Figura 5.9.

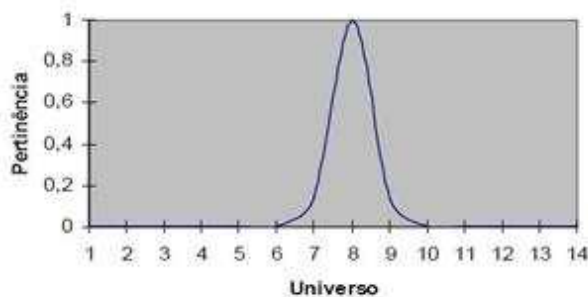


Figura 5.9 - Função de Pertinência Gaussiana

Já a função de pertinência S é definida pela seguinte Equação:

$$A(x) = \begin{cases} 0, & \text{se } x \leq a \\ 2 \frac{(x-a)^2}{(b-a)^2}, & \text{se } x \in [a, m] \\ 1 - 2 \frac{(x-b)^2}{(b-a)^2}, & \text{se } x \in [m, b] \\ 1, & \text{se } x > b \end{cases}$$

Um exemplo do seu gráfico pode ser visto na Figura 5.10.

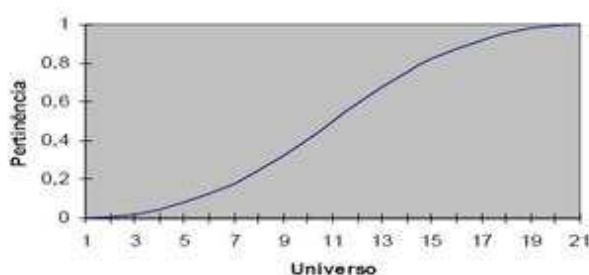


Figura 5.10 - Função de Pertinência S

Ainda podemos ter as funções de pertinência Trapezoidal (Figura 5.11) e Polinomial (Figura 5.12).

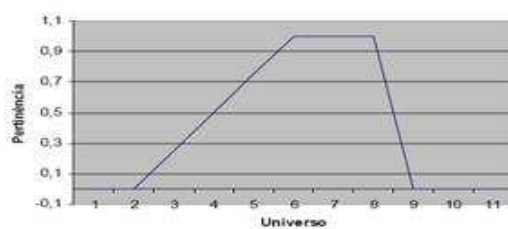


Figura 5.11 - Função de Pertinência Trapezoidal

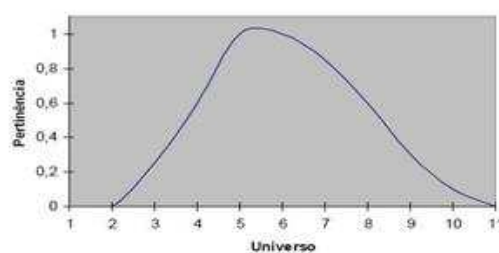


Figura 5.12 - Função de Pertinência Polinomial

5.8 O modelo ANFIS

Um dos primeiros sistemas híbridos neuro-nebulosos para aproximação de funções foi o modelo ANFIS (*Adaptive-Network-based Fuzzy Inference System*). Ele representa um sistema Nebuloso do tipo Sugeno de ordem zero em uma arquitetura de RNA *feedforward* especial de cinco camadas [21]. O modelo ANFIS implementa regras conforme a equação abaixo:

$$\text{Rr: Se } x_1 \text{ é } A_{j1}^{(1)} \wedge \dots \wedge x_n \text{ é } A_{jn}^{(n)} \text{ Então } y = \alpha_0^{(r)} + \alpha_1^{(r)}x_1 + \dots + \alpha_n^{(r)}x_n$$

A base de regras deve ser conhecida anteriormente. O modelo ANFIS ajusta apenas as funções de pertinência dos parâmetros antecedentes e conseqüentes. O seu treinamento pode ser feito em *backpropagation* ou híbrido, que é uma mistura do método *backpropagation* com o método de mínimos quadráticos.

A estrutura da rede ANFIS, mostrada na Figura 5.13, contém η unidades de entrada na camada U0 não computada [21 *apud* Jang (1993)]. As outras camadas (denotadas como U1, ..., U6) têm as seguintes funcionalidades [21 *apud* NAUCK et al., 1997]:

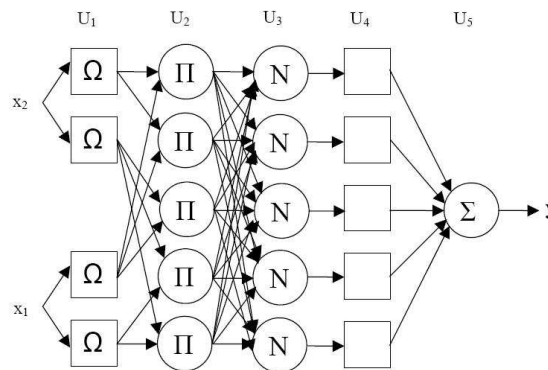


Figura 5.13 – Estrutura de uma ANFIS

- Camada 1: Cada unidade em U1 armazena três parâmetros para definir uma função de pertinência em forma de sino que representa um termo lingüístico. Cada unidade é conectada a exatamente uma unidade de entrada e calcula o grau de pertinência do valor de entrada obtido.
- Camada 2: Cada regra é representada por uma unidade em U2. Cada unidade é conectada àquelas unidades na camada anterior que pertencem aos antecedentes da regra.
- Camada 3: Nesta camada U3, para cada regra Rr existe uma unidade que calcula seu grau relativo de preenchimento.

- Camada 4: As unidades de U4 são conectadas a todas as unidades de entrada (não mostrado na Figura 4) e a exatamente uma unidade em U3.
- Camada 6: A unidade de saída calcula a saída final através da somatória de todas as saídas de U4.

Capítulo 6

Os Modelos Usados em Cada Trabalho

6.1 Introdução

Em seguida vamos apresentar algumas técnicas e conceitos usados para o tratamento de imagens e sistema de classificação automática segundo os pesquisadores dos três trabalhos referenciados nesta monografia. Para isso, vamos contar com algumas definições apresentadas nos capítulos anteriores.

6.2 Segundo Tese de Doutorado de Michele Fúlvia Ângelo - USP (2007).

Na reportagem disponibilizada no sítio da USP [18], podemos ver um exemplo contendo duas ROIs (*Region Of Interest*). Uma sem e outra com processamento, Figura 6.1a e 6.1b.



Figura 6.1a - ROI antes do processamento [18]

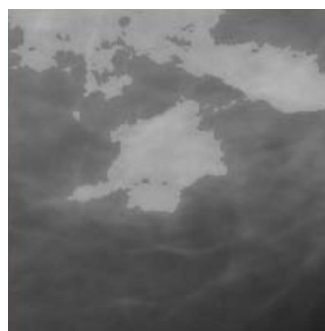


Figura 6.1b - ROI depois do processamento[18]

6.2.1 Processamento de Imagens

Santos [17] desenvolveu um sistema computacional de processamento de imagens, que consiste na detecção de massas nodulares em Região de Interesse. Originalmente, os pacotes de programas desenvolvidos visavam imagens de mamas densas, Figura 6.2a. Por isso, as Regiões de Interesse utilizadas tendiam a apresentar alta densidade, o que reduz o contraste, fazendo com que as estruturas presentes na imagem sejam mascaradas pelos tecidos da mama.

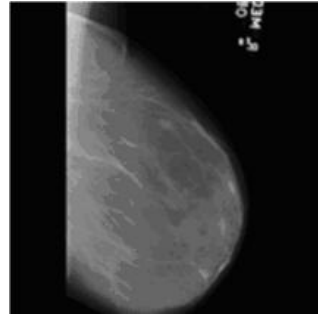
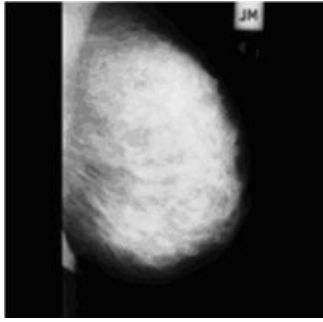


Figura 6.2a – Mama com Alta Densidade

Figura 6.2b–Mama com baixa Densidade

Sendo assim, foi necessária a implementação de uma técnica de pré-processamento para equalização de histograma, a fim de aumentar o contraste da imagem. Em seguida, é aplicada a segmentação, com base na técnica da Transformada “*Watershed*”, que analisa os níveis de cinza do histograma da imagem, baseado no princípio de que as estruturas de interesse correspondem a uma mesma frequência destes níveis, sendo que gradiente e bordas correspondem a altas frequências. Este esquema computacional de detecção de nódulos é composto pelos seguintes passos:

- Cálculo do gradiente interno (objeto) e externo (fundo) para toda a imagem;
- Cálculo e armazenamento dos pixels mais brilhantes, (pontos de mínimo), que serão os marcadores da imagem.
- Inversão do gradiente e cálculo de distâncias (Hit-and-Miss: elimina o objeto para trabalhar com o fundo; Seqüência de tining no fundo; SKIZ: tickening no 1º plano), para montar o esqueleto através da análise da vizinhança, para eliminar pontos, gerando as zonas de influência. Utilizando o valor absoluto do gradiente, constrói-se uma espécie de "topografia". Regiões homogêneas compõem as regiões planas da "topografia";
- "Inundação das regiões baixas", a partir dos pontos de mínimo agindo como pontos sementes para o crescimento de regiões, onde a parada é o gradiente da imagem;
- As áreas marcadas com diferentes "níveis de água" formam os segmentos separados pelas linhas da transformada *Watershed* como podemos ver na Figura 6.3a.
- A imagem é então binarizada e o nódulo destacado do restante da imagem, conforme vemos nas Figuras 6.3b, 6.4a e 6.4b.

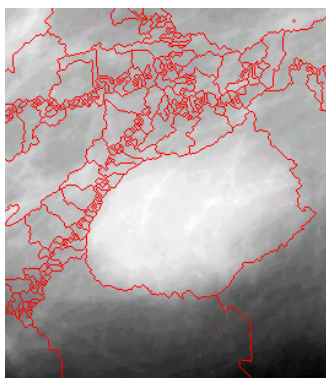


Figura 6.3a

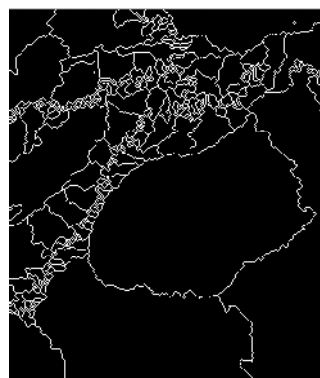


Figura 6.3b

Imagem Com as Linhas de *Watershed*

Junção com a imagem original [17]



Figura 6.4a – Imagem Segmentada [17]



Figura 6.4b – Contorno da Imagem 7.4a

Para corrigir os defeitos residuais, na etapa denominada de pós-processamento, utilizou-se a técnica de rotulação, que atribui uma única cor para pixels pertencentes a uma mesma região conectada. Após a rotulação, a imagem resultante é alinhada à imagem original em níveis de cinza, com o intuito de comparar as duas imagens, destacar o nódulo e chamar a atenção do radiologista para uma área de interesse. O diagrama do esquema completo é apresentado na Figura 6.5.

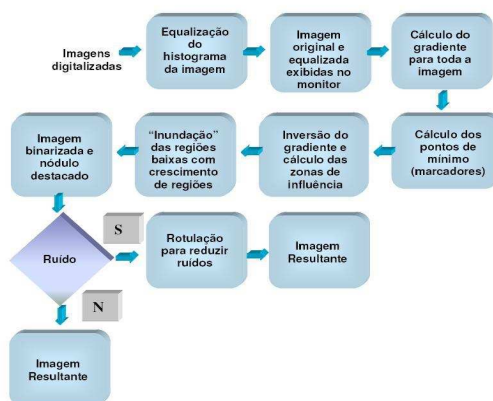


Figura 6.5. Diagrama Esquemático do Sistema para Detecção de Nódulos [17].

Em determinadas circunstâncias, o resultado da segmentação não é adequado, produzindo uma imagem muito ruidosa. Para reduzir tais ruídos é utilizada uma técnica de rotulação [16 *apud* 17]. Inicialmente foram processadas regiões de interesse de 319 mamografias, sendo 166 normais e 164 com presença de nódulos, de acordo com o laudo do radiologista e do ultra-som como exame complementar. Foram obtidos aproximadamente 93% de detecção de nódulos nas imagens onde foi aplicada a técnica de pré-processamento e um Az de 0,91. Aproximadamente 28% destas imagens apresentaram ruídos após a segmentação. Já as mamografias processadas sem o pré-processamento, somente com a transformada *Watershed*, apresentaram apenas 21% de detecção de nódulos, com 79% de falso-negativo, taxa esta muito alta de erro. Os resultados das mamografias processadas utilizando a combinação da técnica de equalização do histograma como pré-processamento e a transformada *Watershed* para segmentação demonstraram que são melhores do que se fosse utilizado apenas a segunda técnica na detecção dos nódulos. Dentre as imagens onde houve a detecção dos nódulos, aproximadamente 28% apresentaram ruído após o processamento. Aplicando a rotulação e eliminação de pixels, o pós-processamento reduziu em até 86% estes ruídos, destacando mais os nódulos detectados.

6.2.2 Sistema Automático de Classificação de Achados Mamográficos

Ribeiro [16] apresenta uma metodologia para classificação de nódulos mamários por contorno (Figura 6.6). O contorno do nódulo apresenta difícil interpretação pelos especialistas, devido à dificuldade de visualização e o baixo contraste das imagens mamográficas. Através das 136 imagens mamográficas digitalizadas foram recortadas Região de Interesse de onde foram extraídos descritores de textura, intensidade e geométricos com o objetivo de caracterizar os padrões de contorno de nódulos. Após a extração desses descritores foram utilizados dois métodos de seleção de atributos, um utilizando Rede Neural *Self-Organizing Map* (SOM) e Gaussianas e outro utilizando Matriz de Covariância. Os atributos extraídos serviram de entrada para duas Redes Neurais a *Multi-Layer Perceptron* (MLP) e SOM, através do qual, foram realizados diversos treinamentos utilizando diferentes entradas, várias topologias e diferentes saídas, devido às várias combinações de classes.

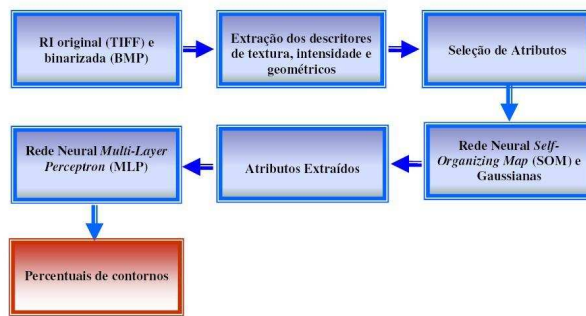


Figura 6.6. Esquema do Processo de Classificação de Contornos de Nódulos [16].

Dentre todos os treinamentos realizados, o treinamento escolhido para compor o Classificador Final foi o conjunto formado pelas 6 classes, obtidas pela Rede Neural MLP com topologia de 20 neurônios de entrada, 40 neurônios na primeira camada intermediária, 20 neurônios na segunda cama intermediária e 6 neurônios na camada de saída, com taxa de aprendizagem igual a 0,9 e erro menor que 0,01. As 20 entradas foram selecionadas através da Rede SOM e Gaussianas. O acerto obtido utilizando 136 ROIs e pesos fixos foi de 89%, Az igual a 0,98, falso negativo igual a 6% e falso positivo igual a 7%.

6.3 Segundo Angélica Alcoforado Mascaro – Universidade de Pernambuco (2007)

A abordagem de imagens recebida nesse trabalho é muito interessante. Uma variação de um índice de fidelidade é usada visando à segmentação e classificação de mamografias utilizando um descritor de texturas: o histograma da soma. O processo é constituído de duas etapas: na primeira delas, é feita a identificação do filme e dos limites da mama, sendo útil para isolar a área a ser analisada na busca por doenças; a segunda etapa consiste em segmentar e classificar a região da mama em termos de seus tecidos mamários.

6.3.1 Processamento de Imagens

Nesse contexto, um dos objetivos é fazer a análise de imagens mamográficas em termos de texturas. Essa análise é feita através de comparação de imagens, com uso de um índice de fidelidade. Um índice de fidelidade avalia a similaridade entre duas imagens. Em [20], é proposto por Z. Wang *et al* um novo índice

de fidelidade que tem resultados significantes quando avalia distorções do tipo impostas por perda de padrão de arquivo JPEG. No entanto, da forma como foi definido, o índice não é apropriado para análise de texturas. Nesse caso, uma variação proposta [8], que utiliza um descritor de textura, (o Histograma da Soma) foi utilizada, atendendo bem ao propósito da comparação entre texturas. Será apresentado então um novo índice, usado para segmentar e classificar uma mamografia.[19]

Como já foi explicado, o índice de Z. Wang não é satisfatório para a análise de alguns casos por não levar em consideração nenhuma informação estrutural das imagens a serem comparadas, nem sua distribuição de cores, tendo, por isso, aplicação muito limitada. Para solucionar esse problema, adicionou-se ao índice uma nova informação: o histograma da soma. Este descritor de textura possibilita a análise das imagens em termos de suas texturas, tornando o índice de Z. Wang mais apropriado para medir o nível de fidelidade entre imagens em diversas aplicações. O objetivo dessa modificação é justamente de ampliar o uso do índice para imagens de texturas, funcionando como uma boa medida de comparação entre imagens dessa natureza. Os experimentos realizados envolveram a aplicação do índice proposto a imagens de mamografias digitais e foi utilizado em duas etapas: primeiro para fazer a segmentação da região de interesse, fazendo a identificação da borda da mama. Em uma segunda etapa, o mesmo índice foi utilizado na segmentação interna da mama, classificando-a nos diferentes tecidos mamários. Durante essa etapa de identificação dos tecidos vários testes foram realizados para ajustar os parâmetros do algoritmo. Foram testados ainda outros descritores de textura, além do histograma da soma e outras modificações propostas para o uso do índice com o LBP (*Local Binary Patt*). Por fim, a terceira etapa dos experimentos envolveu a comparação da segmentação obtida através do índice modificado com a segmentação feita por redes neurais de aprendizado não supervisionado. Para todos os testes, a base utilizada foi a MIAS MiniMammographic Database, composta por 322 imagens de mamografias.[19]

Para verificar a eficácia dessa variação proposta, o índice foi testado em várias imagens com amostras de texturas de papel e de madeira selecionadas, das quais algumas estão expostas na Figura 6.7. Elas foram extraídas de diferentes seções de imagens maiores. Seis classes de amostras de madeira foram usadas nessa etapa.

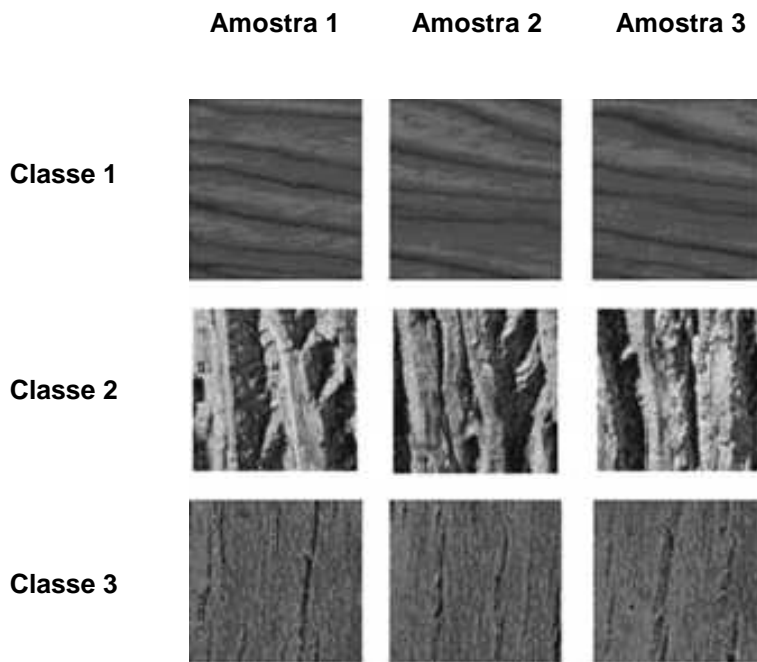


Figura 6.7. Exemplos de diferentes conjuntos de texturas usados na avaliação desse novo índice de fidelidade.

A Tabela 6.1 apresenta os resultados do índice original (chamado de “Z. Wang”) em comparação ao índice proposto (chamado de “Novo”) quando aplicado a cada linha das amostras de texturas expostas da Figura 6.7, utilizando valor 2 nos deslocamentos dx e dy usados para o cálculo do histograma da soma. O comportamento do índice também foi observado numa comparação feita entre as classes. Por exemplo, na comparação da amostra 1 da classe 2 com a amostra 1 da classe 3, o novo índice é igual a 0,0434, o que confirma a diferença. [19]

Tabela 6.1. Índices de fidelidade aplicados entre as amostras de textura da Figura 6.7

	Amostra 1 para Amostra 2		Amostra 1 para Amostra 3		Amostra 2 para Amostra 3	
	Z.Wang	Novo	Z.Wang	Novo	Z.Wang	Novo
Classe 1	-0,066	0,976	-0,089	0,924	-0,066	0,941
Classe 2	0,024	0,671	-0,061	0,776	-0,104	0,748
Classe 3	0,004	0,976	-0,042	0,947	-0,014	0,968

Para o caso da síntese de texturas de papel mostradas na Figura 6.7, o novo índice Q resultante foi 0,8122, ao invés do -0,0016 atingido por Z.Wang. A mesma avaliação da perda de informação em JPEG na imagem do *cameraman* da Figura 6.8, foi repetida com o novo índice.

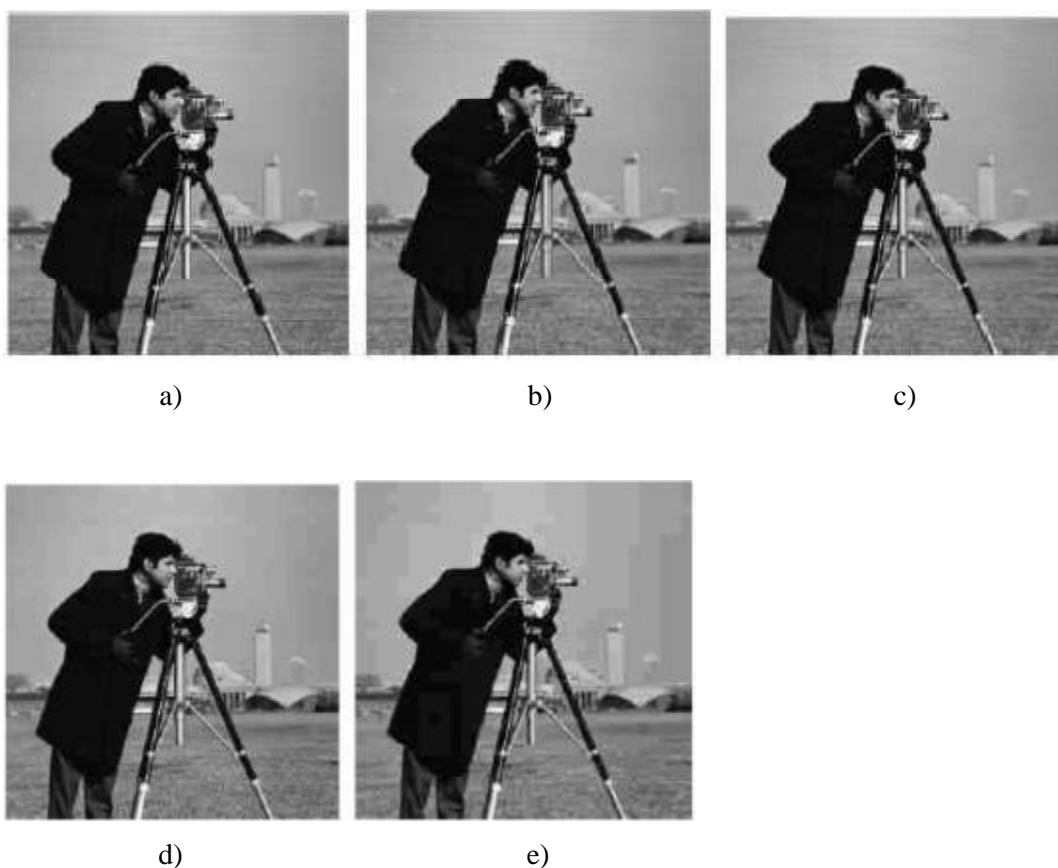


Figura 6.8 – *Cameraman* [19]

Os resultados desses testes estão expostos na Tabela 6.2. Da mesma forma, as imagens com diferentes padrões de perda foram comparadas à imagem original e a queda no valor do índice ainda representou a perda de informação nas imagens.

Tabela 6.2. Resultados do novo índice de fidelidade para as imagens da Figura 6.8 [19]

Imagem	Índice Q
Cameraman 16%	0,9886
Cameraman 30%	0,9777
Cameraman 80%	0,2820
Cameraman 90% sobre 80%	0,1066

Na maioria dos sistemas de processamento de imagens de mamografias, a primeira fase envolve uma separação entre filme (plano de fundo) e região de interesse – a mama. A identificação da borda da mama torna esse processo de extração do filme mais confiável. Para essa finalidade, a imagem deve ser subdividida em regiões (janelas) para aplicação do índice. A seguir, a imagem é varrida buscando semelhanças entre as janelas: as janelas são comparadas entre si e a classificação em grupos de texturas é feita com o auxílio de um valor de corte predefinido. Se o índice resultante da

comparação entre duas janelas estiver acima desse valor de corte, elas são classificadas como sendo pertencentes a uma mesma textura. Caso contrário, são classificadas como texturas diferentes. Ao fim, a identificação das texturas é representada através da coloração das regiões com cores quaisquer. Cada grupo de textura é representado por uma cor diferente [19].

A Figura 6.9 ilustra esses passos. Em (a) a imagem original e em (b) a imagem após a segmentação. É possível notar em (b) a presença dos arcos que delimitam a borda da mama.

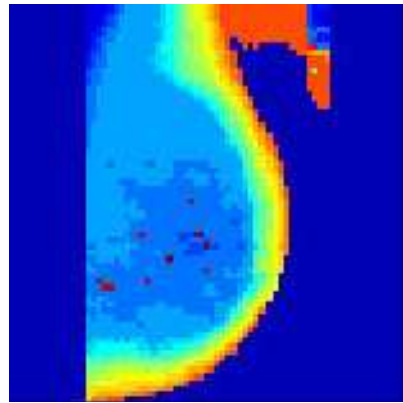
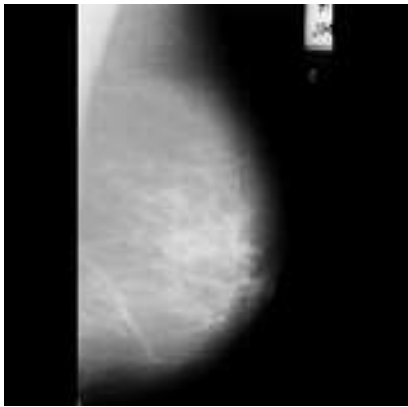


Figura 6.9a - Imagem “mdb014” da base Mini-MIAS

Figura 6.9b - Imagem Segmentada Através do Uso do Índice de Fidelidade [19]

O uso desse algoritmo como segmentação em texturas dentro de uma mesma imagem, sofre ajuste de alguns parâmetros, são eles:

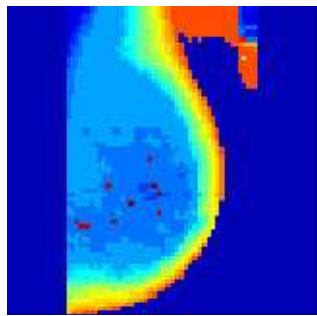
- deslocamentos dx e dy do histograma da soma;
- tamanho da janela de comparação;
- limiar de corte para considerar duas regiões como sendo pertencentes ao mesmo grupo de texturas ou não.

Aumentando o limiar de corte, se torna mais difícil que duas texturas sejam consideradas pertencentes a um mesmo grupo. Conseqüentemente aumenta o número de texturas na imagem.

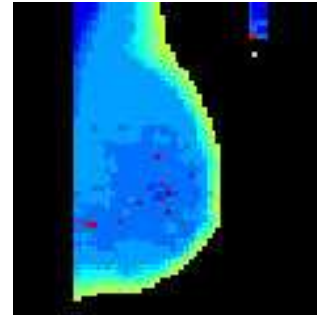
Os melhores valores encontrados para uso nesse trabalho foram de limiar de corte igual a 0,3, deslocamento dx e dy iguais a 1 e janelas de tamanho 16x16 pixels. Esses valores foram encontrados após diversos testes com diferentes tamanhos de janelas, deslocamentos e limiares. A partir dessa segmentação apresentada, o limite da

mama é definido e pode ser automaticamente isolado do resto da mama e conseqüentemente a mama do fundo da imagem. [19]

Para fazer a eliminação também da região da borda, de fora para dentro da região da mama, o sistema elimina as cores que não se apresentam na outra parte da imagem fora desta região. O usuário pode definir o número máximo das cores a serem procuradas.



6.10a – Imagem Segmentada



6.10b – Retirada da Borda da Mama

No exemplo da Figura 6.10, sete cores são eliminadas e as outras são consideradas parte interna da mama. Em (a) a imagem segmentada e em (b) a imagem com a borda da mama retirada. Em (a) imagem original e em (b) a mesma imagem segmentada. Região do filme identificada com mais de uma cor devido à radiação extrafocal alta.

Para reverter esse problema, foi aplicada uma “limiarização” global (*thresholding*) de forma a separar toda a região da mama (inclusive a borda) do filme. Como dito anteriormente, a limiarização não é um método apropriado para esse problema. No entanto, a limiarização nessa fase serviu apenas como pré-processamento para a extração da borda da mama. A Figura 6.11 mostra exemplos do resultado da limiarização. Dessa forma, é possível eliminar as regiões do filme e só depois eliminar a borda da mama.

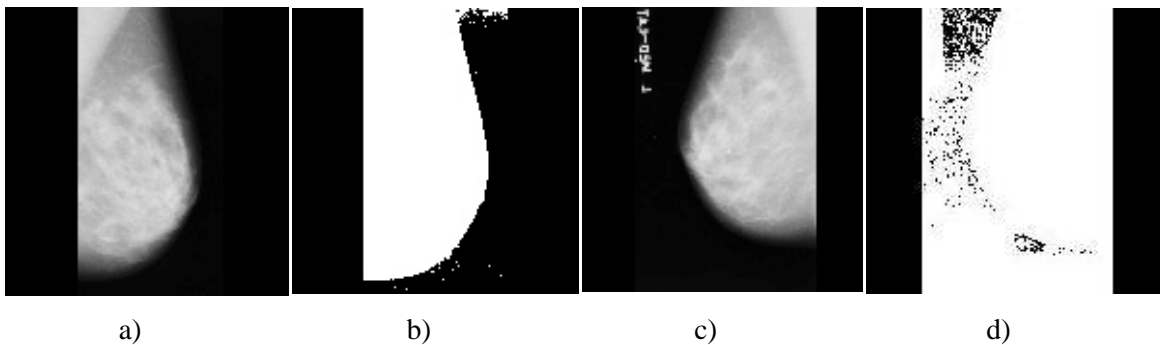


Figura 6.11 – Exemplos de Resultados de Limiarização [19]

Assim, podemos ver através dos Exemplos de limiarização global aplicada às imagens da base Mini-MIAS que possuem 266 cores. A imagem mdb030 em (a) foi limiarizada em (b) com limiar igual a 10. A imagem mdb029 em (c) foi limiarizada em (d) com limiar igual a 6, mostrando os cuidados que devem ser tomados na limiarização já que, nessa imagem, muita informação foi perdida. A dificuldade na limiarização está em definir o ponto de corte ideal. Um limiar muito baixo pode retornar muito da região do filme, como na Figura 6.11d. Já um limiar mais alto pode invadir a região da borda da mama. Aliado a isso, o tom de preto do filme das mamografias varia bastante, de modo que um limiar global fixo para todas as imagens não trouxe bons resultados. Então, para encontrar o limiar ideal para as imagens, foi feita uma avaliação prévia da cor predominante no filme e o melhor limiar a ser usado foi encontrado como sendo 4 valores acima desse valor predominante. Assim, o limiar ideal era definido dinamicamente para cada imagem em particular [19].

Por fim, com o limiar devidamente ajustado, o filme pode ser extraído da imagem e então a borda da imagem pode ser logo depois retirada. Estes passos são ilustrados na Figura 6.12.

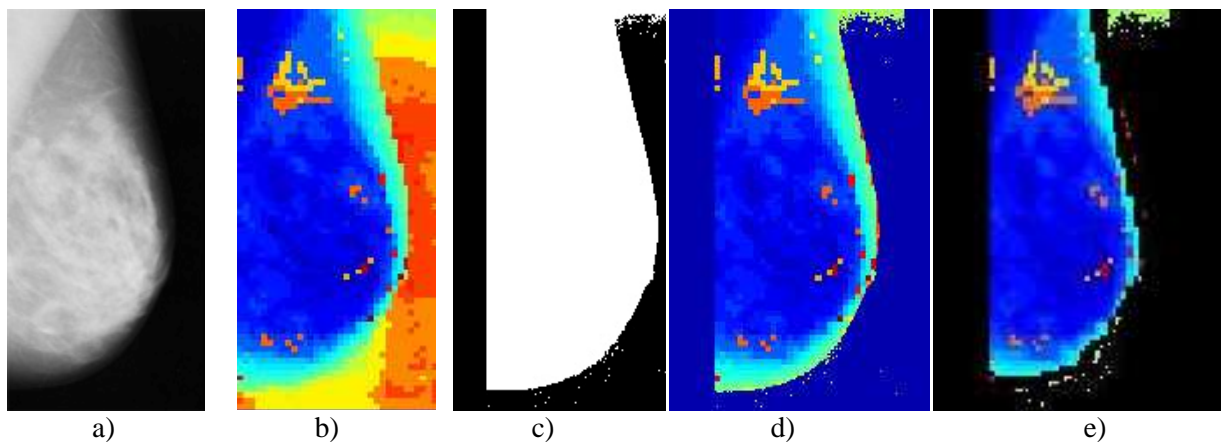


Figura 6.12 [19]

(a) Imagem mdb030 original; (b) imagem segmentada com filme identificado como mais de uma região; (c) limiar global igual a 10 separa o filme da região da mama; (d) imagem com filme homogêneo todo identificado como única cor e (e) imagem com borda da mama extraída [19]. As partes em cores na imagem são consideradas como região de interesse da imagem. Nesse trabalho, essa região é analisada a fim de identificar os tecidos mamários presentes. Esse é o assunto da próxima seção.

6.3.2 Segmentação dos Tecidos Mamários

Para realizar a segmentação da mama em seus tecidos mamários, esta foi novamente subdividida em janelas a serem classificadas de acordo com uma coleção de amostras de imagens de tecidos. Cada uma das janelas foi classificada em um determinado tipo de tecido usando o novo índice de fidelidade descrito anteriormente. Para uma dada janela, a sua classificação era obtida buscando a imagem da coleção de tecidos com maior grau de semelhança com a região da janela. Assim, toda a mama era segmentada de acordo com os tecidos presentes. Pela própria natureza da mamografia, não é possível extrair uma janela da imagem que contenha apenas um tecido mamário, pois a imagem sempre apresenta sobreposição de tecidos. No entanto, é fácil observar regiões com predominância um tipo de tecido. A partir desse tipo de observação sobre a base Mini-MIAS, o banco de amostras foi criado. Esse processo está ilustrado na Figura 6.13, onde janelas das imagens estão em destaque indicando a presença de um tipo de tecido predominantemente. Em (a) está indicado uma amostra de tecido adiposo sendo colhida. Da mesma forma, em (b) uma amostra de tecido glandular e em (c) uma amostra de tecido glandular denso. Um detalhe a considerar é que as amostras em destaque representam, na realidade, uma mistura de tecido glandular e fibroso. Mas, como o tecido fibroso existe em menor quantidade, as regiões são consideradas apenas como tecido glandular. Para construção de um banco de amostras que representasse bem todas as variações dos tecidos, 96 imagens foram separadas das quais as amostras foram extraídas. Dessas 96 imagens, 183 amostras com 120x120 pixels ao todo foram colhidas, separadas da seguinte forma:

- 49 amostras de tecido adiposo (26,78% do total de amostras);
- 66 amostras de tecido glandular (36,06%);
- 68 amostras de tecido glandular denso (37,16%).

Ainda, uma amostra do filme foi adicionada ao banco para classificação dessa região. Para a integração com a etapa anterior de segmentação da borda da mama, a região já identificada como filme era automaticamente mapeada para preto.[19]

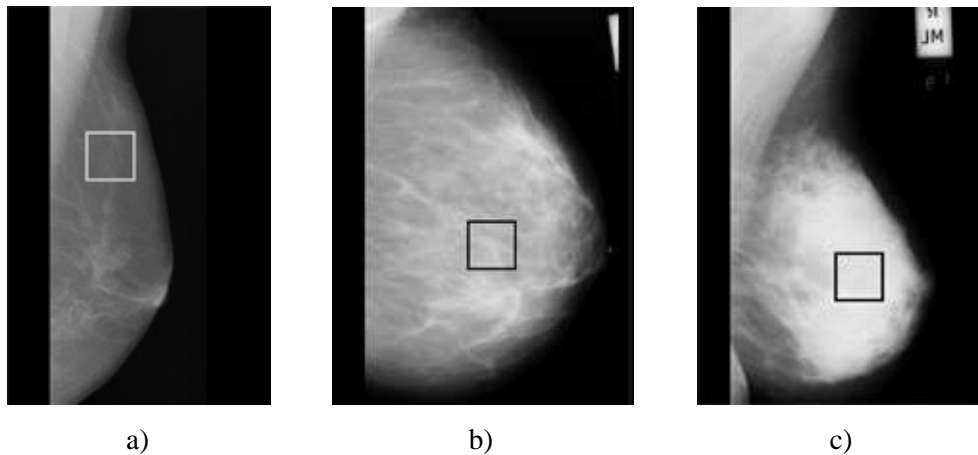


Figura 6.13 [19]. Seleção de amostras dos tecidos nas mamografias. (a) mdb060 – amostra de tecido adiposo; (b) mdb60 – amostra de tecido glandular e (c) mdb172 – amostra de tecido glandular denso.

Como é possível ver na Figura 6.13, em termos gerais, o tecido adiposo aparece escuro na imagem, e aparece como uma região homogênea. Já o tecido glandular aparece como uma região heterogênea, onde na maioria das vezes é possível vê-lo com aspecto de fibras, mais clara que o tecido adiposo. Já o tecido glandular denso, aparece como uma região toda clara, sendo característico de pacientes jovens.

Como dito anteriormente, o índice de fidelidade retorna um valor entre -1 e 1, avaliando a similaridade entre duas imagens. As janelas na mamografia são classificadas como sendo pertencentes à mesma classe da amostra que obtiver maior valor de índice dentre todas as comparações. Dessa maneira, cada janela na mamografia é classificada entre tecido adiposo, glandular ou glandular denso. Alguns resultados estão apresentados na Figura 6.14. A legenda de cores indica qual cor corresponde a cada tipo de tecido. Eles apresentam variação no tamanho da janela de comparação e em todos foram utilizados deslocamentos dx e dy do histograma da soma igual a 1. [19]

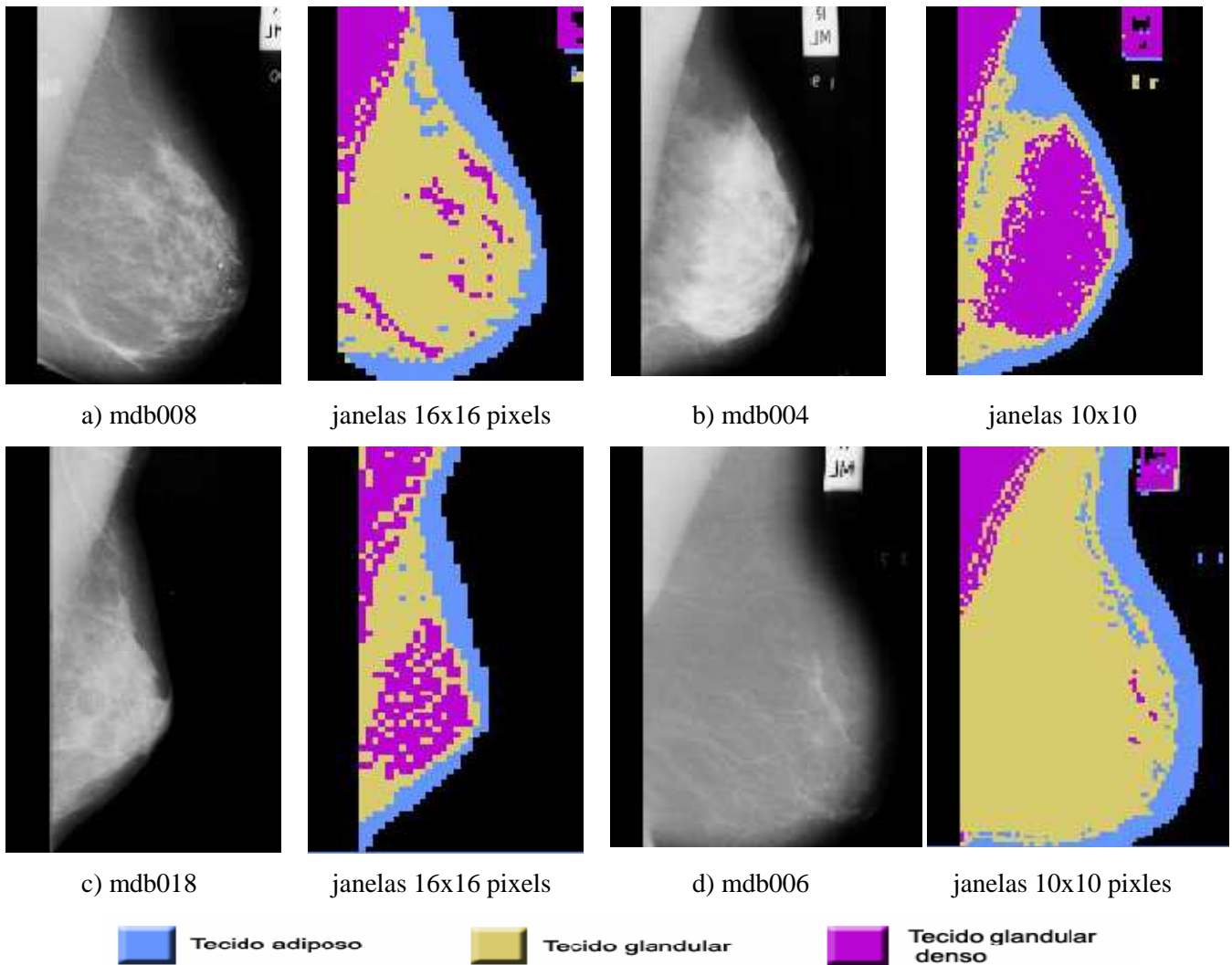


Figura 6.14. Exemplos da segmentação da mamografia em tecidos adiposo, glandular, e glandular denso. [19]

É possível ver nas imagens segmentadas que a borda da mama foi sempre corretamente classificada como tecido adiposo. Da mesma forma, as regiões de tecido glandular e glandular denso também foram identificadas, apresentadas nas mamografias com regiões mais claras. Um ponto a observar é que, embora não faça parte do tecido mamário, o músculo da paciente é visível na mamografia (parte superior esquerda) e também acaba sendo classificada pelo algoritmo. Por semelhança de textura, ela é sempre classificada como tecido glandular denso. O ideal nessa situação seria um outro processamento para identificar essa região de músculo. No entanto, essa atividade foge do escopo desse trabalho e está sugerida como trabalho futuro. O impacto da variação do tamanho da janela e dos deslocamentos dx e dy do histograma da soma sobre o resultado da segmentação foi avaliado através de uma série de testes. Para todas as

variações, os resultados apresentaram-se muito estáveis sob a essas variações. O uso de janelas menores (10x10 pixels) torna o aspecto da segmentação melhor, por reduzir a impressão das janelas quadradas na imagem. Por outro lado, é mais custoso por aumentar o processamento, deixando o algoritmo mais lento.[19]

6.3.3 Testes com Amostras de Doenças

O comportamento do algoritmo descrito anteriormente foi avaliado também para fins de identificação de doenças nas mamografias. Para isso, foram selecionadas amostras de lesões e adicionadas ao banco de amostras já construído. No entanto os resultados não foram satisfatórios apresentando um grande número de falsos positivos. A base mini-MIAS contém em sua documentação as coordenadas do local da lesão na imagem e seu respectivo raio. A base separa as anomalias em 6 classes: [19]

1. CALC: calcificações
2. ARCH: “Distorção arquitetural” (*architectural distortion*).
3. ASYM: assimétrico
4. MISC: outros ou sem definição
6. CIRC: circunscrito
6. SPIC: “espiculado”

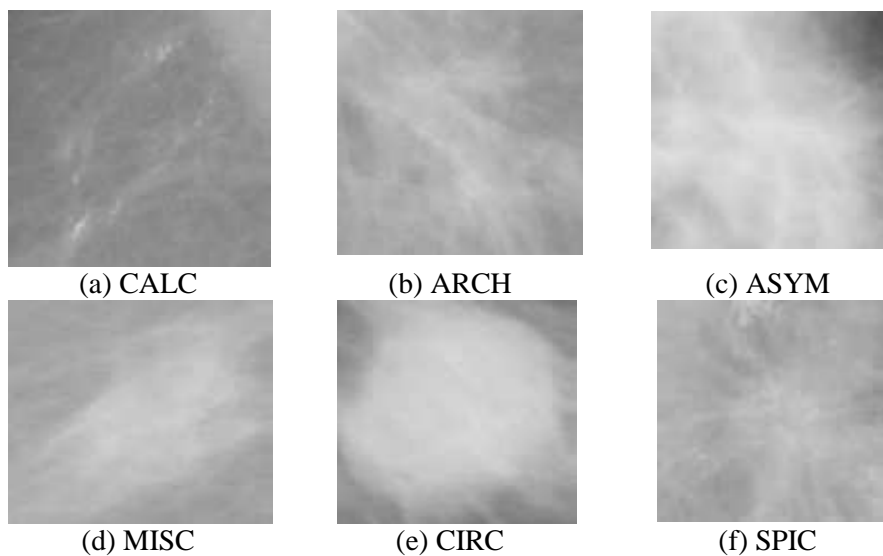


Figura 6.15 Exemplo de Cada Uma Dessas Classes.

Os tumores malignos normalmente possuem contornos irregulares ou espiculados [19], por isso é importante diferenciar o contorno da lesão. As amostras usadas para compor o banco foram retiradas e classificadas de acordo com essa divisão da base mini-MIAS utilizando as informações das coordenadas e raio da lesão. A classe

CALC, referente às calcificações, indica *clusters* de calcificações presente nas imagens. Com exceção da borda da mama que foi identificada corretamente, todos os resultados desses testes foram insatisfatórios, com alto número de falsos positivos mesmo diante da variação dos deslocamentos do histograma da soma. Além desses testes, uma segunda análise foi feita sobre as classes das amostras para avaliar a distinção entre elas através do índice de fidelidade. Para isso, todas as amostras de anomalias foram comparadas entre si de duas formas: internamente a cada classe e entre elas.

A Tabela 6.3 apresenta a média e desvio padrão dos índices de fidelidade (aplicado ao histograma da soma) encontrados nas comparações entre as amostras dentro de uma mesma classe.

Tabela 6.3. Comparações entre amostras de uma mesma classe

Classe	Média	Desvio Padrão
ARCH	0,236990	0,31691
ASYM	0,100760	0,20093
CALC	0,096286	0,20111
CIRC	0,176690	0,24146
MISC	0,240740	0,26142
SPIC	0,107820	0,18207

CALC = calcificações; ARCH = Distorção arquitetural; ASYM = assimétrico;
 MISC = outros ou sem definição; CIRC = circunscrito; SPIC: “espiculado”. [19]

Como esperado, o valor médio dos índices foi razoavelmente baixo para todos os casos, pois as imagens divergem visualmente mesmo dentro de uma classe. No entanto, em todos os casos, a média se apresentou maior que 0. É possível observar ainda que a classe MISC apresentou maior semelhança entre as amostras trazendo maior média. Ainda, a classe CALC apresentou menor média, representando menor semelhança entre as amostras. A Tabela 6.4 apresenta os resultados das comparações entre amostras de classes diferentes. Para cada duas classes comparadas, é exibida a média e o desvio padrão dos índices de fidelidade encontrados. Por esses resultados, é possível ver que os pares “CIRC e MISC” e “ARCH e MISC” apresentaram maior semelhança quando o índice Q é utilizado. Uma outra observação a ser feita é sobre a classe CALC, que contém amostras de calcificações. Esta apresentou um valor médio baixo de índice em comparação com todas as outras classes (média < 0,1) sendo os menores valores médios. [19]

Tabela 6.4. Comparação de amostras entre classes

Classe 1	Classe 2	Média	Desvio padrão
ARCH	ASYM	0,130700	0,19744
ARCH	CALC	0,070970	0,16702
ARCH	CIRC	0,186010	0,22943
ARCH	MISC	0,189830	0,22678
ARCH	SPIC	0,161340	0,22862
ASYM	CALC	0,060429	0,16409
ASYM	CIRC	0,137900	0,21126
ASYM	MISC	0,180720	0,23334
ASYM	SPIC	0,131860	0,21496
CALC	CIRC	0,079491	0,17419
CALC	MISC	0,072866	0,18624
CALC	SPIC	0,069869	0,16873
CIRC	MISC	0,191960	0,24199
CIRC	SPIC	0,148720	0,21911
MISC	SPIC	0,162660	0,23236

CALC = calcificações; ARCH =Distorção arquitetural; ASYM = assimétrico; MISC = outros ou sem definição;

CIRC =circunscrito; SPIC: “espiculado”.

6.3.4 Testes com uso do LBP

Assim como no histograma da soma, o índice de Z.Wang foi aplicado ao LBP (*Local Binary Pattern*) para analisar o desempenho do índice sobre esse outro descritor de textura. Os resultados dessa aplicação não foram significativos ao ponto das regiões na mamografia não serem sequer distinguidas. Alguns desses resultados estão expostos na Figura 6.16. Como é possível observar, a imagem foi quase completamente confundida com região de filme. [19]

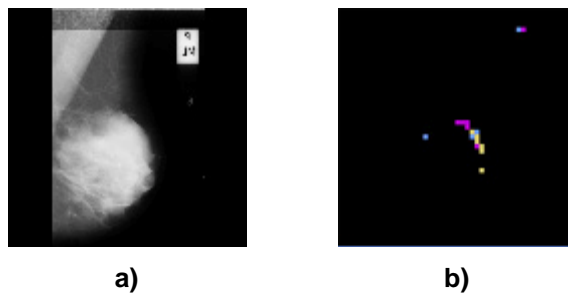


Figura 6.16. (a) Imagem mdb002 e (b) Resultado da Segmentação Utilizando o LBP.

Como descrito anteriormente, o cálculo do histograma LBP é feito comparando cada pixel existente na imagem com cada um dos oito pixels vizinhos para construção de uma matriz binária e posterior multiplicação pela matriz de pesos. Como dito na Seção 4.5.1.1, o problema do LBP é que ele atribui um peso muito alto a

algumas das posições da matriz de pesos e também não leva em consideração nenhuma informação sobre as cores em si dos pixels, apenas do relacionamento entre eles. Para atender essas deficiências, uma modificação foi proposta ao LBP. Para resolver o problema dos altos pesos atribuídos a algumas posições, a modificação proposta consiste em adicionar novas matrizes de pesos de modo a equilibrar o peso de cada posição. A Figura 6.17 apresenta tais matrizes. Em (a) a matriz de pesos original apresentada anteriormente. Em (b), (c) e (d), as matrizes rotacionadas. [9]

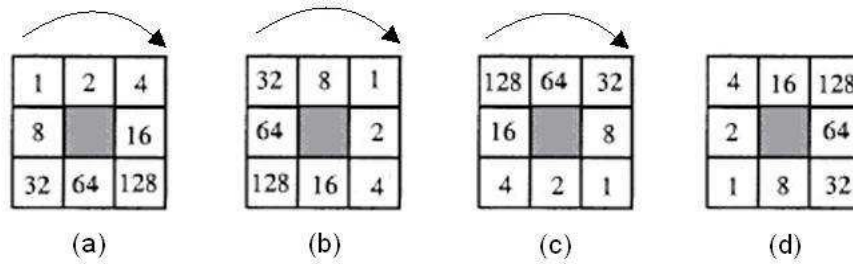


Figura 6.17 – Novas Matrizes de pesos da LPB. Em (a) matriz original e em (b), (c) e (d) as matrizes rotacionadas

O cálculo do histograma LBP com as novas matrizes de pesos é feito simplesmente calculando a média aritmética dos resultados individuais com as 4 matrizes. Para o exemplo da Figura 6.18 o resultado seria: $169 + 228 + 149 + 39 = 686/4 = 146$. Dessa forma, o valor 146 do histograma LBP deve ser incrementado de 1. Assim, os 8 vizinhos recebem mesmo peso.

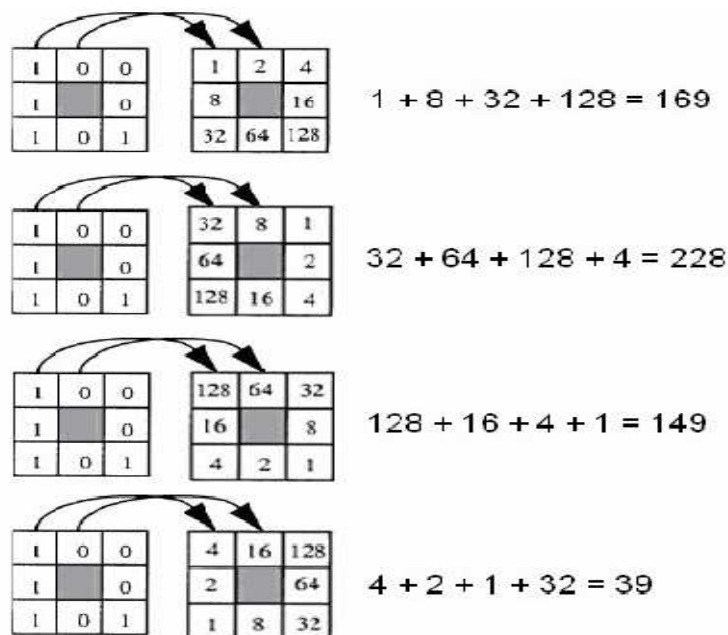


Figura 6.18 - Cálculo do LBP com as Novas Matrizes [9]

Para resolver o problema da falta de informação sobre as cores da imagem, uma segunda modificação consiste em adicionar ao valor do LBP algum elemento que represente a(s) cor(es) da região sendo analisada. Duas abordagens foram testadas:

- adição da cor do pixel central da janela da imagem;
- adição da média aritmética dos 9 pixels da janela da imagem.

Esse valor, adicionado ao valor encontrado após cálculo do valor do LBP das 4 matrizes rotacionadas, passa a compor um histograma que varia de 0 a 612. A Figura 6.19 traz exemplos dessa modificação sendo aplicada à mamografia para a classificação junto ao índice de fidelidade utilizando janelas de 20x20 pixels. Como observado na Figura 6.19, o resultado encontrado com a adição do valor da média dos pixels da janela foi mais significativo, aproximando-se mais do resultado do histograma da soma e identificando os diferentes tecidos mamários. No entanto, a região de tecido adiposo ainda foi confundida com o filme.

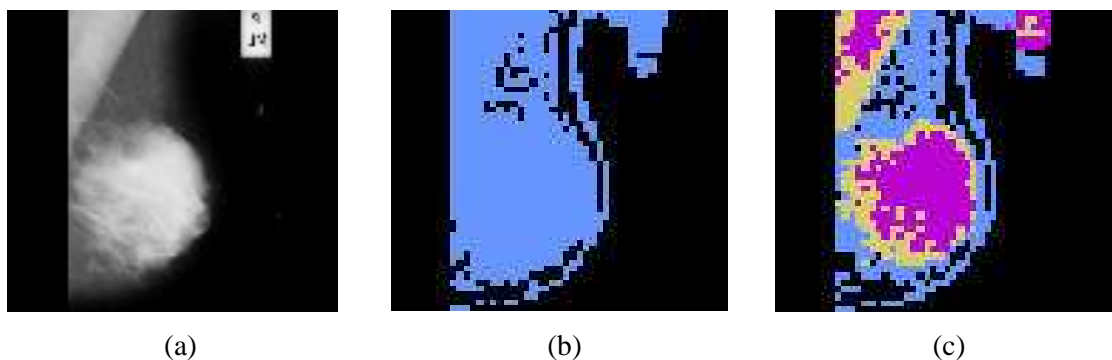


Figura 6.19 - Experimentos utilizando o índice de fidelidade aplicado ao LBP com 4 matrizes rotacionadas e janelas de 20x20 pixels. Em (a) imagem original mdb002. Em (b) LBP somado ao pixel central e em (c) somado à média dos 9 pixels da janela. [9]

6.3.5 Testes com uso da GLCM (Matriz de co-ocorrência de níveis de cinza)

O desempenho do índice na segmentação dos tecidos mamários foi ainda avaliado na aplicação com um terceiro descritor de textura: a GLCM. Como dito anteriormente, esse descritor apresenta uma boa informação sobre a distribuição de cores na textura original e por isso tem sido bastante utilizado na maioria dos trabalhos que envolvem análise de texturas. [9]

A Figura 6.20 apresenta um dos resultados dessa aplicação. Os resultados desses testes mostraram-se semelhantes aos resultados obtidos com uso do histograma da soma.

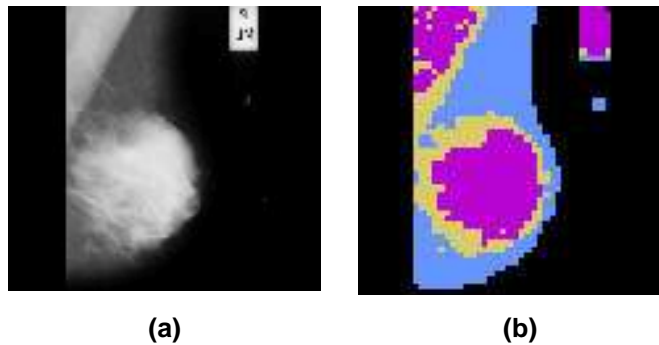


Figura 6.20. Resultado da aplicação do índice de fidelidade à matriz GLCM na imagem mdb002 com janelas de 20x20 pixels. [9]

É importante ressaltar o alto custo computacional associado ao uso da GLCM, já que qualquer processamento utilizando o descritor tem de operar sobre uma matriz com 266x266 elementos, ao invés de um único vetor com no máximo 612 posições, como nos casos anteriores. Isso interferiu bastante na velocidade de processamento das mamografias através do índice de fidelidade. Foi necessário aproximadamente 1000 vezes mais tempo para processar uma imagem através da GLCM do que usando o histograma da soma. Isso dificultou a realização dos testes, tornando a GLCM uma opção muito cara computacionalmente para uso com o índice.

6.3.6 Testes com Redes Neurais de Aprendizado Não Supervisionado

Como forma de avaliar outros métodos de segmentação em mamografias, duas redes neurais de aprendizado não-supervisionado foram utilizadas: o Mapa Auto-Organizável de Kohonen [22] e o K-Médias [22]. A ferramenta utilizada para os testes das redes foi a AnImed [17], software para análise de imagens médicas e biológicas [19].

As redes SOM de Kohonen (*Kohonen's Self-Organizing Maps*) são baseadas no aprendizado competitivo, onde os neurônios competem entre si para serem ativados. A unidade vencedora conseqüentemente terá o direito de atualizar seus pesos. Quando um padrão de entrada é apresentado, a rede procura a unidade mais parecida com esse padrão. Durante o treinamento, a rede aumenta a semelhança do nodo escolhido e de seus vizinhos a esse padrão de entrada. Desta forma, a rede constrói um mapa topológico onde nodos que estão topologicamente próximos respondem de forma semelhante a padrões de entrada semelhantes [19].

A Figura 6.21 apresenta alguns resultados obtidos através da segmentação da mamografia utilizando as redes de Kohonen. Cada cor indica uma região diferente. O

algoritmo sofre ajuste da quantidade de classes desejadas, do número de iterações e da taxa de aprendizado. A Figura ilustra a variação da quantidade de classes de 6 a 26, com número de iterações e taxa de aprendizado fixados em 60 e 0,1, respectivamente. Da esquerda para a direita o nível de detalhamento dos tecidos aumenta devido ao aumento do número de classes. Os contornos minimamente definidos das regiões ocorrem, pois essa é uma abordagem pixel-a-pixel [19].

Os resultados encontrados permitiram ver as redes SOM como uma boa ferramenta para segmentação de mamografias. Com a variação da quantidade de classes, é possível ajustar o nível de detalhamento do tecido desejado. Por exemplo, para um número pequeno de classes, tal qual mostrado na Figura 7.22b, é possível identificar as regiões do músculo, da borda da mama, do tecido adiposo e tecido glandular. Com quantidades altas de classes, cresce o nível de detalhamento, sendo possível identificar estruturas como veias sanguíneas e dutos além de melhorar a definição dos contornos das regiões (Figura 6.21d) [19].

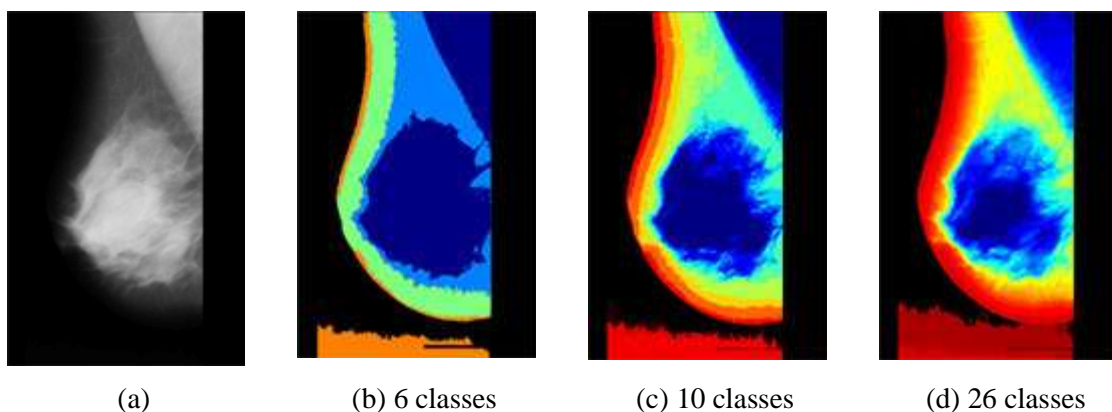


Figura 6.21. Resultados da segmentação de mamografias utilizando os mapas auto organizáveis de Kohonen: em (a) imagem mdb001 original. Em (b) a segmentação com 6 classes, em (c) com 10 classes e em (d) com 26 classes.

O número de iterações e a taxa de aprendizado foram fixados em 60 e 0,1, respectivamente [19]. Isso é importante do ponto de vista de identificação de doenças. Por exemplo, para fins de análise de calcificações, é de grande importância a distinção entre calcificações arteriais e ductais, pois o grau de risco associado a cada uma delas é diferente. Já no caso de nódulos, a discriminação do seu formato é uma tarefa de rotina para os radiologistas, já que tumores com formato espiculado têm maior chance de serem malignos [19]. Esse fato está ilustrado na Figura 6.22 onde a rede SOM de Kohonen foi utilizada para segmentar regiões de tumores nas mamografias. Em (a) o

recorte de um tumor benigno presente na imagem mdb016 da classe CIRC e em (b) a sua segmentação usando 6 classes. Observa-se que a segmentação enfatiza seu formato circunscrito. Em (c) o recorte de um tumor maligno da classe SPIC original da imagem mdb181 e em (d) sua segmentação com 6 classes. Também nesse caso, a segmentação enfatiza o contorno, dessa vez espiculado (espinhado), característico dos casos malignos.

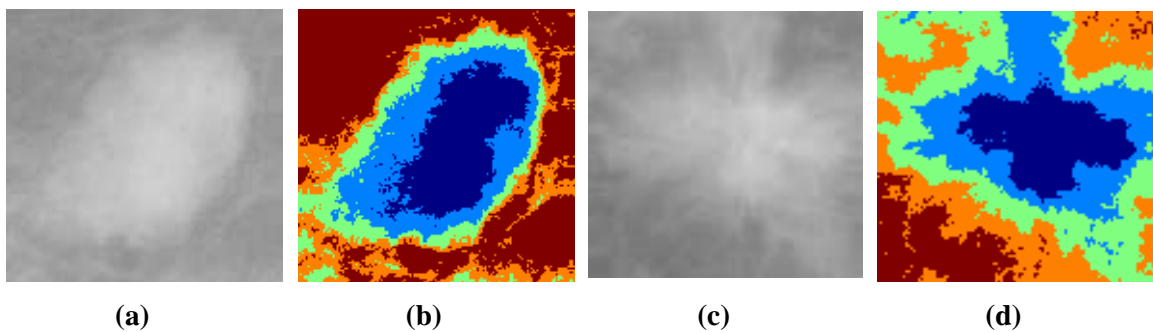


Figura 6.22. Segmentação de tumores através de rede SOM:

(a) Tumor benigno da classe CIRC; (b) 6 classes; (c) Tumor maligno da classe SPIC e (d) 6 classes.

O segundo algoritmo de aprendizado não-supervisionado usado nos testes foi o algoritmo de agrupamento de K-Médias. Esse algoritmo reparte o conjunto fornecido de pontos de dados em subgrupos, cada um dos quais sendo tão homogêneo quanto possível, ou seja, com características similares entre si. Podemos ilustrar isso na Figura 6.23, onde um conjunto de entrada de 8 dados com 2 atributos é rotulado considerando-se um número de médias $k = 2$ [19].

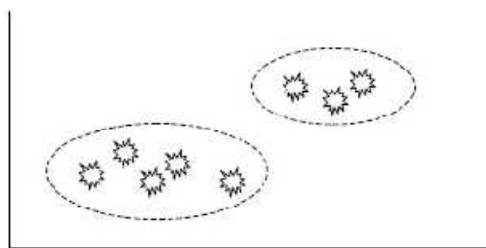


Figura 6.23. Conjunto de dados de entrada rotulado em duas classes definindo-se $k = 2$ [19].

O K-Médias apresentou-se como uma boa opção para a segmentação das mamografias. Não foram encontradas diferenças entre os resultados exibidos pelo K-Médias e aqueles obtidos com as redes SOM. A Figura 6.24 apresenta alguns desses resultados. Essa rede apresentou-se como uma opção menos custosa computacionalmente com resultado equivalente ao da rede SOM que possui um algoritmo mais complexo. É interessante

observar na Figura 6.25c a presença de um tumor benigno, indicado pela seta. Na versão segmentada dessa imagem (Figura 6.25d) é possível observar o destaque dessa região.

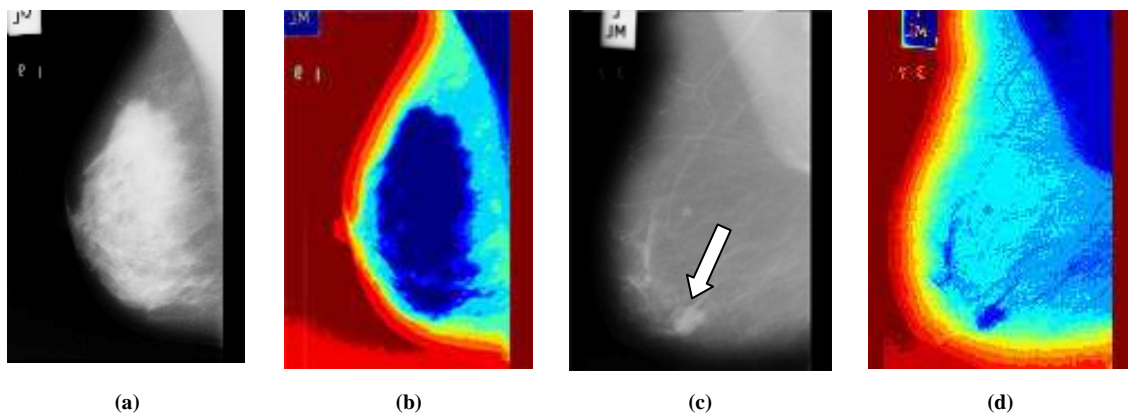


Figura 6.24. Exemplos de aplicação do algoritmo K-Médias às imagens de mamografias utilizando 16 classes, 60 iterações e taxa de aprendizado igual a 0,1. (a) Imagem mdb003 e (b) 16 classes encontradas para essa imagem; (c) imagem mdb006 e (d) as 16 classes encontradas para essa imagem.

Um ponto a destacar é que, por terem abordagens pixel-a-pixel, a precisão obtida por esses algoritmos no contorno das margens entre as regiões é bastante satisfatório. Isso é uma vantagem em relação ao método utilizado anteriormente para utilização do índice de fidelidade.

Como forma de melhorar a fase de identificação dos tecidos previamente apresentada, uma alternativa seria utilizar a rede K-Médias ou a rede SOM para usufruir da boa segmentação das regiões para, a seguir, efetuar a classificação dessas regiões em seus diferentes tecidos mamários através do índice de fidelidade.

6.4 Tese de Cavalcanti Fernandes – Universidade Católica de Brasília (2007)

O sistema proposto consiste de três estágios: pré-processamento, extração de características e classificação, mostrados na Figura 6.25.

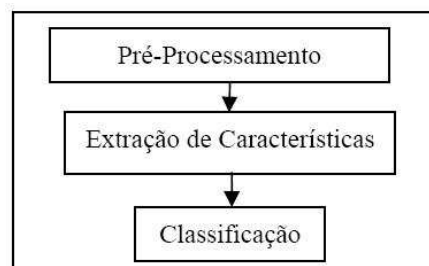


Figura 6.25 – Sistema CAD [21]

Na fase de pré-processamento, as imagens utilizadas foram provenientes da base de dados Mini-MIAS, as quais são selecionadas pelo critério de apenas conter microcalcificações, resultando em um total de 27 casos.

Utilizando um procedimento pseudo-aleatório, as imagens são divididas em dois grupos, um de treinamento e outro de validação ou testes. Em seguida, de cada imagem de mamograma é extraída a ROI, localização indicada pela base de dados Mini-MIAS e extraída utilizando-se a função *imcrop* da linguagem Matlab (2003), conforme podemos observar adiante nas Figuras 6.26a e 6.26b [21].

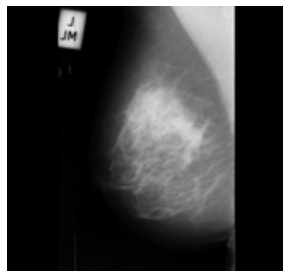


Figura 6.26a - Mamograma Original.



Figura 6.26b - ROI Correspondente

Com cada ROI é realizada uma redução de ruído utilizando-se um filtro de mediana *medfilt2* da linguagem Matlab (2003) que reduz o ruído e preserva os flancos da imagem, conforme Figuras 6.27a e 6.27b .

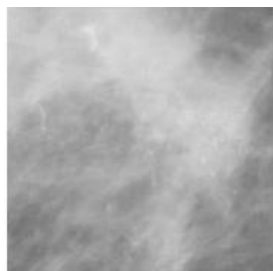


Figura 6.27a - ROI Original



Figura 6.27b - ROI Sem Ruído

Em seguida, cada ROI sem ruído recebe uma equalização de histograma adaptativo, *adapthisteq* da linguagem Matlab (2003) que amplia o contraste da imagem, mostrado nas Figuras 6.28a e 6.28b.



Figura 6.28a – ROI sem ruído

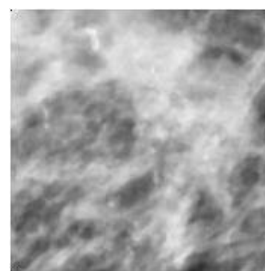


Figura 6.28b - ROI com Equalização Adaptativa de Histograma

Na fase de extração de características são extraídos os descritores texturais de todas as 27 Regiões de Interesse, mostradas parcialmente na Tabela 6.5.

Tabela 6.5 - Extração dos Descritores

Imagem	Entropia	Contraste	Energia	Homogeneidade
I_211	6.373	124.863	0.001	0.181
I_212	1.021	8.689	0.025	0.360
I_218	6.115	48.001	0.003	0.252
I_219	6.707	584.209	0.001	0.109
I_222	6.319	201.359	0.001	0.160
I_223	6.801	593.822	0.002	0.109

A classificação é realizada criando-se a partir dos conjuntos de treinamento e de testes, arquivos com os descritores de textura mostrados na Tabela 6.5, referenciando como saída da rede ANFIS a benignidade com o valor numérico 0 e a malignidade com o valor numérico 1. Em seguida, a aprendizagem da rede é feita submetendo o arquivo do conjunto de treinamento ao *Anfisedit*, que é uma implementação do modelo ANFIS (Matlab, 2003), variando os parâmetros de função de pertinência, neurônios de entrada, método de treinamento e épocas para se obter o melhor desempenho.

Tabela 6.6 – Parâmetros de Treinamento da Rede Anfis

Função de Pertinência	<i>psigmf</i>
Épocas	10
Método de otimização	Híbrido
Neurônios de entrada	4
Neurônios de Saída	1

A Figura 6.29 mostra um exemplo de treinamento com os parâmetros especificados na Tabela 6.6. O EMQ (Erro Médio Quadrático) da rede ANFIS permanece estável a partir da segunda época de treinamento, mostrado na Figura 6.30.

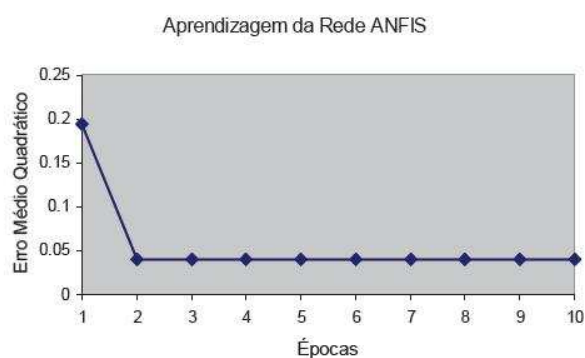


Figura 6.29 – Em Treinamento

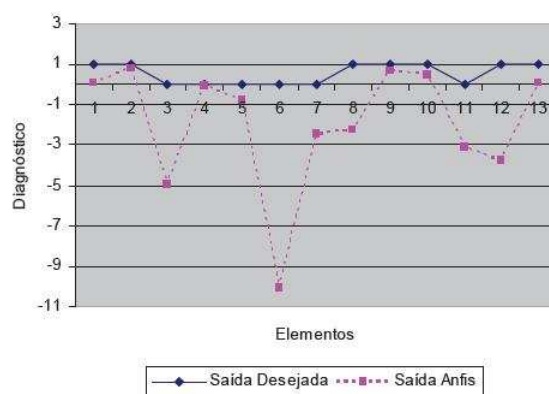


Figura 6.30 – Validação da Rede Treinada

Observa-se um ajuste da rede aos dados e um valor baixo de EMQ. Em seguida é realizada a submissão do conjunto de testes à rede treinada onde a rede ANFIS acerta

bem para alguns elementos e erra muito para outros elementos, apresentando um valor mais alto de EMQ.

7.4.1 Resultados

Nesta seção vários experimentos foram realizados utilizando a abordagem proposta, variando-se as funções de pertinência do modelo ANFIS. A função de pertinência *trimf* é uma coleção de três pontos formando um triângulo e a *trapmf* é uma função trapezoidal.

A função de pertinência *pimf* é uma curva polinomial assimétrica. As funções *gaussmf* e *gbellmf* são funções gaussianas e de sino.

A função *psigmf* é uma função de pertinência produto de duas funções sigmoidais. A Tabela 6.7 mostra os resultados dos testes.

Tabela 6.7. Resultados dos testes no modelo ANFIS

Função de Pertinência	Quantidade de neurônios de entrada	Treinamento	Épocas	Taxa de classificação
<i>psigmf</i>	3	híbrido	1000	87,5%
<i>trapmf</i>	3	híbrido	1000	72,3%
<i>gbellmf</i>	3	híbrido	1000	77,9%
<i>gaussmf</i>	3	híbrido	1000	75,8%
<i>pimf</i>	3	híbrido	1000	75,7%
<i>trimf</i>	3	híbrido	1000	71,7%

A taxa de classificação foi calculada para cada experimento pela divisão do número de classificações corretas pelo número total de imagens do conjunto referente, correlacionada ao EMQ. Cada classificador foi treinado com um número diferente de iterações. A função produto de duas funções sigmoidais *psigmf* associada a nove regras foram utilizadas, pois produziram um melhor resultado se comparado com outros parâmetros. Resultados também foram melhores com o treinamento híbrido a partir de 100 épocas se comparado ao treinamento em *backpropagation* com épocas acima de 10.000. A Figura 6.32 mostra comparações baseadas nos dados da Tabela 6.7.

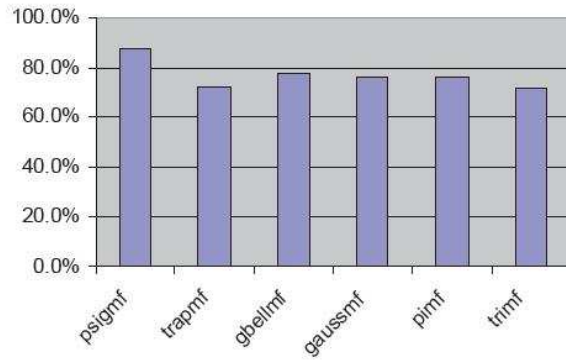


Figura 6.32 – Comparando as Funções de Pertinência

O modelo neuro-*nebuloso* ANFIS se mostrou adequado atingindo índices de acerto de até 87,6%. A avaliação do sistema atual foi realizada utilizando-se a base de dados Mini-MIAS.

Capítulo 7

Conclusão

Neste trabalho tivemos a oportunidade de acompanhar processos e metodologias computacionais de auxílio ao diagnóstico do câncer de mama. Foram apresentados conceitos de imagens, lógica nebulosa e de redes neurais que são requisitos necessários para quem quer entender o funcionamento dos sistemas estudados aqui. Em meio a tantos métodos apresentados em cada trabalho citado nessa monografia, é necessário que seja feita uma comparação mais objetiva dos mesmos. A proposta da Dra. Michele se baseia em aperfeiçoar a imagem usando uma técnica de pré-processamento para equalização de histograma, a fim de aumentar o contraste da imagem e só então segmentá-la e classificar os achados. Na Tese de Pós Graduação *Strictu Sensu* de Fabiano Cavalcanti Fernandes, encontramos uma proposta semelhante à proposta da Dra Michele, já que também é usada a fase de pré-processamento da imagem. Uma vez feito o pré-processamento, o trabalho da Dra. Michelle alcança a segmentação de maneira automática, o que não ocorre com o trabalho do Graduado Fernandes cuja segmentação deve ser feita manualmente utilizando ferramentas oferecidas pelo Matlab. Encontradas enfim as regiões de interesse, vemos que a Dra. Michele adotou como classificador final dos achados uma Rede Neural *Multi-Layer Perceptron* com pesos fixos alcançando, segundo seus dados, um acerto de 89%, Az igual a 0,98, falso negativo igual a 6% e falso positivo igual a 7% utilizando 136 regiões de interesse. Fernandes, por sua vez, optou em usar um modelo Neuro-Nebuloso implementado pelo ANFIS do Matlab. Quando usada a função de pertinência *psigmf* com *backpropagation* e 10.000 épocas, foi alcançada, segundo o autor, uma taxa de acerto de 87,6% sobre a base de dados Mini-MIAS.

O trabalho de Mestrado de Angélica Alcoforado Mascaro não fez parte da comparação anterior por apresentar uma metodologia diferente – a autora preferiu trabalhar com texturas para segmentar as imagens. Essa linha de raciocínio se mostrou ineficaz em alguns momentos, e o método computacional caro para segmentar áreas contendo tecidos de amostra de doenças. Contudo, conseguiu segmentar a maior parte dos tecidos mamários de maneira satisfatória. A autora também fez testes usando algoritmos neurais. Um resultado significativo foi alcançado usando o algoritmo K-Médias utilizando 16 classes, 60 iterações e taxa de aprendizado igual a 0,1.

Ficou clara a complexidade do assunto ao nos depararmos com situações em que uma determinada ferramenta funcionava bem para uma situação, mas se mostra ineficaz para outra. E assim a humanidade vem travando suas batalhas contra o câncer onde participamos de vitórias e derrotas, mas o importante é que as pesquisas não param. Sem dúvida, é um grande progresso o desenvolvimento de um sistema CAD brasileiro uma vez que os sistemas CAD atualmente comercializados são importados, de uso bem restrito e custam em torno de U\$ 160 mil [24]. A disseminação do uso da tecnologia de mamografias digitais, o uso dos CADs será simplificado uma vez que a aquisição das imagens será mais fácil.

Neste estudo fica demonstrada a importância de ferramentas computacionais que auxiliem no diagnóstico do câncer principalmente em estágios iniciais nos quais a possibilidade de cura é estatisticamente maior.

Referências Bibliográficas

- [1] INCA. **O que é o Câncer?** Disponível: site INCA (16 nov. 2008).
URL: http://www.inca.gov.br/conteudo_view.asp?ID=322
- [2] DUMARD, Carlos Henrique. **Possíveis Complicações no Pós Cirúrgico.** Disponível: site Fisioweb WGate (16 nov. 2008).
URL: http://www.wgate.com.br/conteudo/medicinaesaudefisioterapia/cancer/cancer_mama_2.htm
- [3] CLINIMATER. **Conheça seu Corpo.** Disponível: site Clinimater (16 nov. 2008).
URL: <http://www.clinimater.com.br/anatomia.htm>
- [4] LABIEM - Laboratório de Imagem e Instrumentação Eletrônica. Disponível: site Labiem (16 nov. 2008).
URL: http://www.labiem.cpgei.cefetpr.br/Members/humberto/disciplinas/pdi/imagens/mamografia.jpg/view?set_language=pt-br
- [5] PIRES, Silvio Ricardo *et al*, Radiologia Brasileira, **Banco de imagens mamográficas para treinamento na interpretação de imagens digitais.** Disponível: site Scielo (16 nov. 2008)
URL: http://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100-39842004000400006&script=sci_arttext
Alessandra B. Rovaris, 16 nov. 2008 URL:
- [7] ITAPEVINOTICIAS. **São Paulo fará mutirão de mamografia.** Disponível: site Itapevinoticias (16 nov. 2008)
URL: <http://www.itapevinoticias.jor.br/saude/2007/11/so-paulo-far-mutiro-de-mamografia.html>
- [8] HIGHNAM, R.; BRADY, M. **Mammographic Image Analysis.** Computational Imaging and Vision. 1. ed. Dordrecht, Boston, Londres: Kluwer Academic Publishers, 1999. 392 p.
- [9] MASCARO, ANGELICA ALCOFORADO. **Monografia Segmentação de Imagens de Mamografias Digitais.** Escola Politécnica de Pernambuco - Universidade de Pernambuco, 2007 13p.
- [10] ALMEIDA, CARLOS WILSON DANTAS DE *et al*. **Análise de Formas Baseada no Método da Curvature Scale Space Para Tumores de Câncer de Mama.** IV SBQS – V Workshop de Informática Médica.
- [11] LETHELIER EDOUARD *et al*, ethelier Edouard - **Processamento de imagens de documentos - Parte IV.** PUC – PR. Disponível: site Governo do Paraná (24 nov 2008).
URL: <http://www.pr.gov.br/batebyte/edicoes/1999/bb91/imagens.htm>
- [12] FACON, Jacques. **Processamento e Análise de Imagens.** PUC-Pr, 1998. (Curso de Mestrado em Informática Aplicada)
- [13] KUBIÇA, Stefano. **Gerenciamento eletrônico de documentos.** *Bate Byte*, Curitiba, n. 90, p. 29, set. 1999. Disponível: site Governo do Paraná (10 nov 2008)
URL: <http://www.pr.gov.br/batebyte/edicoes/1999/bb91/imagens.htm>
- [14] O'GORMAN, Lawrence. **Document image analysis.** Los Alamitos : IEEE Computer Society Press, 1996.

- [15] GRACIANO, ANA BEATRIZ VICENTIM. **Estudo de técnicas para suavização de bordas detectadas na segmentação de imagens em seqüências de vídeo**. Relatório Final do Projeto de Iniciação Científica PIBIC – CNPq. Disponível: site USP (24 nov 2008).
<http://www.ime.usp.br/~abvg/rfinal/node20.html>
- [16] ANGELO, MICHELE FÚLVIA. **Sistema de Processamento de Imagens Mamográficas e Auxílio ao Diagnóstico via-Internet**. 2007. Tese de Doutorado em Engenharia Elétrica, Escola de Engenharia de São Carlos da Universidade de São Paulo - USP, São Carlos.
- [17] SANTOS, W. **Análise de Imagens Digitais em Patologia utilizando Morfologia Matemática e Lógica Nebulosa**. 2003. Dissertação de Mestrado em Engenharia Elétrica, Universidade Federal de Pernambuco - UFPE, Recife.
- [18] GIGER, M.L. **Computer-aided diagnosis of breast lesions in medical images**. Computing in Science & Engineering, v2, n.5, p.39-45, 2000.
- [19] MASCARO, ANGÉLICA ALCOFORADO. **Segmentação de Imagens de Mamografias Digitais**. 2007. Trabalho de Conclusão de Curso em Engenharia da Computação, Escola Politécnica de Pernambuco – Universidade de Pernambuco. Recife.
- [20] WANG, Z., BOVIK, A.; LU, L. **Why is image quality assessment so difficult?**, IEEE International Conference on Acoustic, Speech and Signal Processing (ICASSP) 2002, Flórida, p.3313-3316, 2002.
- [21] FERNANDES, CAVALCANTI FABIANO, **Sistema Neuro-Fuzzy Para Classificação de Calcificações em Mamografias**. 2007. Programa de Pós-Graduação *Strictu Sensu* em Gestão do Conhecimento e da Tecnologia da Informação. Universidade Católica de Brasília.
- [22] HAYKIN, S. **Redes Neurais: Princípios e Práticas**. 2. ed. Porto Alegre: Bookman, 2001.
- [23] BASTOS, PARODES VANESSA. **Técnicas de Segmentação de Imagens para Recuperação de Informações Visuais**. 2002. Trabalho de Conclusão de Curso em Análise de Sistemas, Universidade Católica de Pelotas – Escola de Informática. Pelotas RS.
- [24] JORNAL DA CIÊNCIA. **Software confere maior precisão à mamografia**. 2007. Disponível: site Jornal da Ciência (13 dez 2008).
URL: <http://www.jornaldaciencia.org.br/Detalhe.jsp?id=48238>
- [25] CASTLEMAN, K. R. **Digital Image Processing**. New Jersey, USA: Prentice Hall, 1996.
- [26] PARKER, J. R. (1996). **Algorithms for image processing and computer vision**. Wiley Press. USA.
- [27] TAFNER, M. Anderson, **Reconhecimento de Palavras Faladas Isoladas Usando Redes Neurais Artificiais**. 1996. Dissertação (Mestrado em Engenharia de Produção) – UFSC, Florianópolis, 1996. Disponível: site UFSC (01 jan 2009)
URL: <http://www.eps.ufsc.br/disserta96/tafner/cap6/cap6.htm#61>
- [28] KOHONEN, Teuvo. **Self-Organization and Associative Memory**. 2a ed. USA: Springer-Verlag, 1989.
- [29] AZEVEDO, F. M; BRASIL, L. M; OLIVEIRA, R. C. L. **Redes Neurais com Aplicações em Controle e em Sistemas Especialistas**. Florianópolis, SC : Bookstore, 2000.

[30] CARVALHO, André Ponce de Leon F. de, **Redes Neurais Artificiais**. 2009. Disponível: site da Universidade de São Paulo, São Carlos. (01 jan 2009)
URL: <http://www.icmc.usp.br/~andre/research/neural/index.htm#cara>

[31] CASTRO et al. **Redes Neurais Artificiais**. Metrado em Engenharia Elétrica. PUCRS, 2007.