

UnB - UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
FGA - FACULDADE UNB GAMA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ENGENHARIA
BIOMÉDICA

EIR - Sistema Inteligente Para Detecção e Classificação de
Calcificações em Mamografias

João Paulo Virgílio Marinho Martins

ORIENTADORA: Dra. Lourdes Mattos Brasil
CO-ORIENTADORA: Dra. Janice Magalhães Lamas

DISSERTAÇÃO DE MESTRADO EM ENGENHARIA BIOMÉDICA

PUBLICAÇÃO: 44A / 2016
BRASÍLIA/DF : Fevereiro – 2016

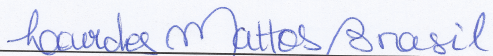
UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
FACULDADE UNB GAMA
ENGENHARIA BIOMÉDICA

**EIR - SISTEMA INTELIGENTE PARA DETECÇÃO E
CLASSIFICAÇÃO DE CALCIFICAÇÕES EM MAMOGRAFIAS**

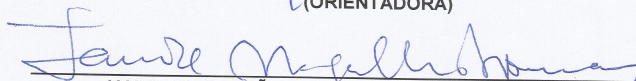
JOÃO PAULO VIRGÍLIO MARINHO MARTINS

DISSERTAÇÃO DE Mestrado submetida à Faculdade UNB Gama da Universidade de Brasília, como parte dos requisitos necessários para a obtenção do título de Mestre em Engenharia Biomédica.

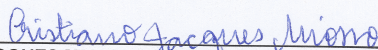
APROVADA POR:



LOURDES MATTOS BRASIL, DRA. - FGA / UNB
(ORIENTADORA)



JANICE MAGALHÃES LAMAS, DRA. - CLÍNICA JANICE LAMAS
(COORIENTADORA)



CRISTIANO JACQUES MIOSSO RODRIGUES MENDES, DR. - FGA / UNB
(EXAMINADOR INTERNO)



FABIANO CAVALCANTI FERNANDES, DR. - IFB
(EXAMINADOR EXTERNO)

BRASÍLIA, 29 DE FEVEREIRO DE 2016

BRASÍLIA/DF , 29 DE Fevereiro DE 2016

FICHA CATALOGRÁFICA

João Paulo Virgílio Marinho Martins
EIR - Sistema Inteligente Para Detecção e Classificação de Calcificações em Mamografias,
[Distrito Federal] 2016.
44A . 109 p., 210 x 297 mm (FGA/UnB Gama, Mestre, Engenharia Biomédica, 2016).
Dissertação de Mestrado - Universidade de Brasília. Faculdade Gama. Programa de Pós-
Graduação em Engenharia Biomédica.
1. *Machine Learning*. 2. Extração de Características
3. Classificação de Características. 4. Sistema CAD
I. FGA UnB Gama/ UnB. II.EIR - Sistema Inteligente Para Detecção e Classificação
de Calcificações em Mamografias

CDU: N° da CDU (biblioteca)

REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

Martins, J.P.M. (2016). EIR - Sistema CAD Para Extração e Classificação de Áreas de Interesse em Mamografia. Dissertação de Mestrado em Engenharia Biomédica, Publicação 44A/2016, Programa de Pós-Graduação em Engenharia Biomédica, Faculdade Gama, Universidade de Brasília, Brasília, DF, 109 p.

CESSÃO DE DIREITOS

AUTOR: João Paulo Virgílio Marinho Martins

TÍTULO: EIR - Sistema Inteligente Para Detecção e Classificação de Calcificações em Mamografias

GRAU: Mestre

ANO: 2016

É concedida à Universidade de Brasília permissão para reproduzir cópias desta dissertação de mestrado e para emprestar ou vender tais cópias somente para propósitos acadêmicos e científicos. O autor reserva outros direitos de publicação e nenhuma parte desta dissertação de mestrado pode ser reproduzida sem a autorização por escrito do autor.

2016.

QI-06, Lote 560.

CEP: 72445-060, Brasília, DF – Brasil

DEDICATÓRIA

Dedico este trabalho a meus pais, por acreditarem em todos os meus sonhos.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Dra. Lourdes Mattos Brasil, por toda atenção e paciência dados ao longo desses 24 meses, mas acima de tudo agradeço-a pela chance dada a um aluno sem grandes feitos na vida acadêmica.

À Dra. Janice Magalhães Lamas, por todas as incontáveis horas de discussão e apoio técnico doadas.

Ao professor Fabiano Cavalcanti, pelo servidor emprestado e por toda a disposição em ajudar este projeto a crescer.

Ao professor Gustavo Nascimento, por ter me incentivado a perseguir o título de mestre.

Ao meu colega Roberto Aguiar Lima, por todas as infinitas aulas de programação doadas e discussões sem as quais este projeto não seria possível.

Ao meu colega Daniel Braga, por todas ideias e conselhos sugeridos.

Ao meu pai, Paulo Sérgio, por ser o meu porto seguro, mesmo em tempos de tormenta.

À minha mãe, Maria Lúcia, por todo apoio e confiança incondicionais depositados em mim ao longo desses anos.

Don't Panic.

The Hitchhiker's Guide to the Galaxy.

RESUMO

EIR - Sistema Inteligente Para Detecção e Classificação de Calcificações em Mamografias

Autor: João Paulo Virgílio Marinho Martins

Orientador(a): Prof(a). Dra. Lourdes Mattos Brasil

Co-orientador(a): Dra. Janice Magalhães Lamas

**Programa de Pós-Graduação em Engenharia Biomédica – Qualificação de Mestrado
BRASÍLIA/DF 2016**

O câncer de mama é o câncer que mais mata mulheres no Brasil. O diagnóstico precoce ainda é a principal arma na luta contra esta doença e para isto o principal exame para identificação de um possível carcinoma é a mamografia de rastreamento. Esse tipo de exame é realizado em mulheres assintomáticas e tem o objetivo de localizar calcificações antes que cresçam e se espalhem na mama. Isso se deve ao fato de que a maioria dos tumores são detectados, mamograficamente, pela presença de calcificações. Porém, a diferenciação entre calcificações malignas e benignas, ainda é uma tarefa bastante complexa devido ao alto nível de ruídos e tecidos mamários presentes em uma imagem mamográfica, podendo acarretar erros de decisão por parte do especialista que analisa a imagem. Para tentar resolver este problema e possibilitar diagnósticos mais eficientes e precisos, sistemas de Computer Aided Diagnosis (CAD) vêm sendo cada vez mais estudados. A proposta deste trabalho é o desenvolvimento de um sistema, denominado de EIR, para localização, extração de características e classificação de áreas de interesse nos mamogramas de mulheres assintomáticas submetidas à rastreamento mamográfico. O sistema foi treinado com 37 imagens mamográficas classificadas na categoria 4 pelo Breast Imaging-Reporting and Data System (BIRADS), todas com suspeição de malignidade, destas imagens, 85 regiões de interesse foram extraídas por um radiologista. Para garantir um melhor treinamento do EIR, o conjunto de dados foi aumentado artificialmente através de transformações afins, gerando um total de 255 imagens de treino. O treinamento do EIR foi avaliado através de diversas métricas, tais como Acurácia, Precisão, Recall e F1 Score. Ao fim do treinamento, EIR atingiu uma taxa de 99% de acurácia, 99% de precisão, uma sensibilidade de 99% e uma taxa de F1 Score de 0.99 no conjunto de testes. Estes resultados indicam uma potencial relevância para auxiliar, como segunda leitura ou suporte, o especialista no diagnóstico do câncer de mama que se manifesta pela presença de calcificações em mamografias. Nas próximas etapas da pesquisa, é pretendido melhorar a qualidade dos modelos utilizados, desenvolver uma interface gráfica amigável para o uso dos especialistas e paralelização do código, para um treinamento e predição mais rápidas.

Palavras-chaves: *Machine Learning*, Extração de Características, Classificação de Características, Sistema CAD.

ABSTRACT

EIR - Intelligent System for Detection and Classification of Calcifications in Mammograms

Author: João Paulo Virgílio Marinho Martins

Supervisor: Prof(a). Dra. Lourdes Mattos Brasil

Co-supervisor: Dra. Janice Magalhães Lamas

**Post-Graduation Program in Biomedical Engineering – Qualify of Master Degree
BRASÍLIA/DF 2016.**

The breast cancer it is the cancer that kills more women in Brazil. The early diagnosis of breast cancer is still the best weapon against this disease and the main technique used for the identification of a possible carcinoma is the screening mammogram. The screening mammogram is used for asymptomatic women, the goal of this exam is to find breast cancer before their growth and spread in the breast. This is due to the fact that most tumors are detected, mammographically by the presence of calcification. Nevertheless a correct diagnosis of a possible calcification is very complex because of the high levels of noise and high density of breast tissues in the mammography, which may cause decision errors by the expert who analyzes the image. To tackle this problem and enable more efficient and accurate diagnosis, Computer Aided Diagnosis Systems (CAD) have been increasingly studied. The main purpose of this work is to develop a CAD system, named EIR, for location, feature extraction and classification of regions of interest in mammograms of asymptomatic women subjected to screening mammogram. The system was trained with 37 mammograms, classified in category 4 of *Breast Imaging-Reporting and Data System* (BIRADS), from these, 85 regions of interest were extracted by a radiologist. To ensure a better training for EIR, the dataset were artificially augmented through affine transformations, generating a total of 255 images for training. The EIR training was evaluated through various metrics, such as accuracy, precision, recall and F1 Score. At the ending of the training phase, EIR achieved a rate of 99% of accuracy, 99% of precision, a sensitivity of 99% and a F1 Score of 0.99 with the test set. These results suggest a potential relevance to assist, as a second opinion or support, the expert in the diagnose of breast cancer that is manifested by the presence of calcifications in mammograms. In the next stages of the research it is intended increase the quality of the used models, develop a user-friendly graphical interface for the use of experts and the parallelization of the code for a faster training and prediction is intended.

Key-words: Machine Learning, Feature Extraction, Feature Classification, CAD System.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	18
1.1	CONTEXTUALIZAÇÃO E FORMULAÇÃO DO PROBLEMA	18
1.2	OBJETIVOS	19
1.2.1	Objetivo Geral	19
1.2.2	Objetivo Específicos	19
1.3	REVISÃO DA LITERATURA	20
2	FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	22
2.1	O CÂNCER DE MAMA	22
2.1.1	Calcificações	23
2.1.2	Tipos de Calcificações	24
2.1.3	Classificação BIRADS	25
2.2	Lógica Fuzzy	26
2.2.1	Sistemas <i>Fuzzy Mandani</i>	26
2.3	MÉTODOS DE AVALIAÇÃO DOS CLASSIFICADORES	27
2.3.1	Validação Cruzada <i>HOLDOUT</i>	28
2.3.2	Validação Cruzada <i>K-fold</i>	28
2.3.3	Métricas para Avaliação	29
2.4	Redes Neurais Artificiais	30
2.4.1	Perceptron de Rosenblatt	30
2.4.2	<i>Multi Layer Perceptron</i>	30
2.4.3	Funções de Ativação	31
2.4.4	Aprendizado <i>Back-Propagation</i>	32
2.5	Máquinas de Vetores de Suporte	33
2.6	Deep Learning	34
2.6.1	Modelos Baseados em Energia	35
2.6.2	Máquinas de Boltzmann	35
2.6.3	Máquinas Restritas de Boltzmann	36
2.6.4	Deep Belief Networks	39
2.6.5	Máquinas Restritas de Boltzmann Convolucionais	41
2.6.6	Stacks de CRBMs	43
2.6.7	Redes Neurais Convolucionais	44
2.6.8	Técnica <i>Dropout</i>	46
2.6.9	<i>Batch Normalization</i>	46
2.7	Tecnologias Utilizadas	47

3	METODOLOGIA	49
3.1	Etapa de Treinamento	50
3.1.1	Coleta de Dados	50
3.1.2	Aumento dos Dados	51
3.1.3	Extração de Características com <i>Stack</i> de CRBMs	51
3.1.4	Classificação de Características com SVM	53
3.1.5	Classificação de Características com MLP	54
3.1.6	Extração e Classificação de Características com Redes Neurais Convolucionais	54
3.2	Etapa Feed Forward	54
3.2.1	Aquisição das Regiões de Interesse Utilizando Lógica <i>Fuzzy</i>	55
3.3	DELIMITAÇÃO DO ESTUDO	58
4	RESULTADOS	59
4.1	Características Extraídas pela <i>stacks</i> de CRBMs	59
4.2	Classificação das Características Extraídas	60
4.2.1	Treinamento SVM	60
4.2.2	Treinamento com MLP	66
4.3	Extração e Classificação de Características com Redes Convolucio- nais Neurais	74
4.4	Demarcação e Extração das ROIs de Entrada	80
4.5	Demarcações de ROIs Fornecidas pelo Sistema	82
4.5.1	Comparação Entre EIR e um Especialista	83
5	DISCUSSÃO E CONCLUSÃO	88
6	TRABALHOS FUTUROS	90
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	91
	ANEXOS	95
	ANEXO A – DECLARAÇÃO CLÍNICA JANICE LAMAS	96
	ANEXO B – CERTIFICADO DE APRESENTAÇÃO CBIS 2014	97
	ANEXO C – CUSTOS COM <i>AMAZON WEB SERVICES</i>	98
	APÊNDICES	99
	APÊNDICE A – ARTIGO COMPLETO CBIS 2014	100

APÊNDICE B – ALGORITMO DE FUNCIONAMENTO EIR (CLASSES NÃO INCLUSAS)	106
---	------------

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Base de Regras desenvolvida.	57
Tabela 2 – Funções de Pertinência de Tons de Cinza	57
Tabela 3 – Saídas Possíveis dos classificadores.	60
Tabela 4 – Parâmetros selecionados para SVM-RBF	61
Tabela 5 – Resultados de classificação das SVMs-RBF	61
Tabela 6 – Matriz de Confusão para SVM-RBF treinada com 10 Bases de características.	62
Tabela 7 – Matriz de Confusão para SVM-RBF treinada com 15 Bases de características.	62
Tabela 8 – Matriz de Confusão para SVM-RBF treinada com 20 Bases de características.	62
Tabela 9 – Parâmetros selecionados para SVM-RBF	63
Tabela 10 – Resultados de classificação das SVMs-RBF para características de primeira camada	63
Tabela 11 – Matriz de Confusão para SVM-RBF treinada com 10 Bases de características da CRBM 1.	65
Tabela 12 – Matriz de Confusão para SVM-RBF treinada com 15 Bases de características da CRBM 1.	65
Tabela 13 – Matriz de Confusão para SVM-RBF treinada com 20 Bases de características da CRBM 1.	65
Tabela 14 – Resultados de classificação das RNAs-MLP para características extraídas	67
Tabela 15 – Resultados de classificação das RNAs-MLP para características extraídas	67
Tabela 16 – Resultados de classificação das RNAs-MLP para características extraídas	67
Tabela 17 – Transformações e Parâmetro utilizados	74
Tabela 18 – Resultados de classificação das RNAs-MLP para características extraídas	76
Tabela 19 – Funções de Pertinência de Tons de Cinza	80
Tabela 20 – Funções de Pertinência de Quantidades de <i>Pixels</i>	80
Tabela 21 – Parâmetros Utilizados nos Operadores Morfológicos	81

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – Fases de uma carcinogênese a partir de células neoplásicas (Inspirado em (SCHNEIDER; MILLER, 2005)).	23
Figura 2 – Funcionamento de um Sistema <i>Fuzzy</i> (Inspirado em (LILLY, 2010)).	27
Figura 3 – Exemplo de Validação Cruzada <i>K-fold</i>	29
Figura 4 – Arquitetura de um Perceptron (Inspirado em (HAYKIN, 2009)).	30
Figura 5 – Arquitetura de uma MLP.	31
Figura 6 – Fluxo de sinais por uma MLP (Inspirado em (HAYKIN, 2009))	33
Figura 7 – Como uma SVM separa duas classes no Espaço de Características.	34
Figura 8 – Arquitetura de uma Máquina de Boltzmann (Inspirado em (FISCHER; IGEL, 2012)).	36
Figura 9 – Máquina Restrita de Boltzmann (Inspirado em (FISCHER; IGEL, 2012)).	37
Figura 10 – <i>Contrastive Divergence</i> onde $k = 1$ (Inspirado em (HINTON, 2002)).	38
Figura 11 – Uma <i>Deep Belief Network</i> representada como uma composição de várias <i>Restricted Boltzmann Machines</i>	39
Figura 12 – Treinamento Ganancioso de uma DBN.	40
Figura 13 – Arquitetura de uma CRBM.	42
Figura 14 – Subamostragem utilizando <i>Max-Pooling</i>	43
Figura 15 – Convolutional Neural Network LeNet-5 (LECUN et al., 1998).	44
Figura 16 – Exemplo de uma unidade conectada a um campo receptivo (Inspirado em (LECUN et al., 1998)).	45
Figura 17 – Uma RNA com <i>Dropout</i> (Inspirado em (HINTON et al., 2012)).	46
Figura 18 – Etapa de treinamento do Sistema EIR.	49
Figura 19 – Sistema EIR utilizado para demarcação das imagens.	49
Figura 20 – Uma ROI extraída de uma mamografia.	50
Figura 21 – Uma ROI extraída de uma mamografia.	51
Figura 22 – Arquitetura da <i>stack</i> de CRBMs utilizada neste trabalho.	52
Figura 23 – Exemplo de como os filtros são aplicados na ROI.	53
Figura 24 – Funcionamento do algoritmo <i>fuzzy</i>	55
Figura 25 – Funções de pertinência do universo Tons de Cinza.	56
Figura 26 – Funções de pertinência do universo Quantidade de Pixels.	56
Figura 27 – Características aprendidas pela CRBM 1 de 15 Bases.	59
Figura 28 – Características aprendidas pela CRBM 2 de 15 Bases.	60
Figura 29 – Curva ROC para SVM-RBF treinada com 10 Bases de características.	61
Figura 30 – Curva ROC para SVM-RBF treinada com 15 Bases de características.	62
Figura 31 – Curva ROC para SVM-RBF treinada com 20 Bases de características.	63

Figura 32 – Curva ROC para SVM-RBF treinada com 10 Bases de características da CRBM 1.	64
Figura 33 – Curva ROC para SVM-RBF treinada com 15 Bases de características da CRBM 1.	64
Figura 34 – Curva ROC para SVM-RBF treinada com 20 Bases de características da CRBM 1.	65
Figura 35 – Arquitetura de uma MLP testada.	66
Figura 36 – Arquitetura de uma MLP testada.	67
Figura 37 – Erro do modelo no conjunto de validação.	68
Figura 38 – Acurácia do modelo no conjunto de validação.	68
Figura 39 – Erro do modelo no conjunto de validação.	69
Figura 40 – Acurácia do modelo no conjunto de validação.	69
Figura 41 – Erro do modelo no conjunto de validação.	70
Figura 42 – Acurácia do modelo no conjunto de validação.	70
Figura 43 – Acurácia da MLP ao longo do treinamento com 10 Bases de características.	71
Figura 44 – Acurácia da MLP ao longo do treinamento com 15 Bases de características.	71
Figura 45 – Acurácia da MLP ao longo do treinamento com 20 Bases de características.	72
Figura 46 – Erro de saída da MLP ao longo do treinamento com 10 Bases de características.	72
Figura 47 – Erro de saída da MLP ao longo do treinamento com 15 Bases de características.	73
Figura 48 – Erro de saída da MLP ao longo do treinamento com 20 Bases de características.	73
Figura 49 – Primeira parte da CNN, responsável pela extração de características das ROIs.	74
Figura 50 – Primeira parte da CNN, responsável pela extração de características das ROIs.	75
Figura 51 – Curva ROC para classificação com Rede Neural Convolutiva.	76
Figura 52 – Acurácia da CNN durante o treinamento.	77
Figura 53 – Erro da CNN durante o treinamento.	77
Figura 54 – Acurácia da CNN durante as épocas de validação.	78
Figura 55 – Erro da CNN durante as épocas de validação.	78
Figura 56 – Características aprendidas na segunda camada de convolução.	79
Figura 57 – Características aprendidas na terceira camada de convolução.	79
Figura 58 – Características aprendidas na quarta camada de convolução.	80
Figura 59 – Funções Pertencentes ao Universo Tons de Cinza.	81

Figura 60 – Funções Pertencentes ao Universo Quantidade de <i>Pixels</i>	81
Figura 61 – Imagem binarizada após o uso de operadores morfológicos.	82
Figura 62 – Mamografias com zona de interesse demarcadas.	82
Figura 63 – Mamografias com zonas consideradas malignas.	83
Figura 64 – Demarcação das zonas de interesse pela médica especialista da imagem com laudo FP.	84
Figura 65 – Demarcação das zonas de interesse pela médica especialista da imagem com laudo VP.	84
Figura 66 – Demarcação das zonas de interesse pelo sistema EIR da imagem com laudo FP.	85
Figura 67 – Demarcação das zonas de interesse pelo sistema EIR da imagem com laudo VP.	85
Figura 68 – Demarcação das zonas de interesse pelo sistema EIR da imagem com laudo FP.	86
Figura 69 – Demarcação das zonas de interesse pelo sistema EIR da imagem com laudo VP.	87

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

ACR	<i>American College of Radiology</i>
BIRADS	<i>Breast Imaging Reporting and Data System</i>
BM	<i>Boltzmann Machine</i>
BSD	<i>Berkeley Software Distribution</i>
CA	<i>Center of Average</i>
CAD	<i>Computer Aided Diagnosis</i>
CC	Crânio Caudal
CDBN	<i>Convolutional Deep Belief Networks</i>
CJLR	Clínica Janice Lamas Radiologia
CRBM	<i>Convolutional Restricted Boltzmann Machines</i>
CoG	<i>Center of Gravity</i>
DBN	<i>Deep Belief Networks</i>
DICOM	<i>Digital Imaging and Communications in Medicine</i>
IA	<i>Inteligência Artificial</i>
MEB	Modelos Baseados em Energia
MLO	Médio Lateral Oblíqua
PGM	<i>Portable Gray Map</i>
ReLU	<i>Rectified Linear Unit</i>
RBM	<i>Restricted Boltzmann Machines</i>
RNA	Rede Neural Artificial
tanH	Tangente Hiperbólica
UnB	Universidade de Brasília

LISTA DE SÍMBOLOS

$x(t)$	Entrada para o sistema <i>fuzzy</i>
$y(t)$	Saídas do sistema <i>fuzzy</i>
z	Regra <i>fuzzy</i>
Q^z	Ativação de regra <i>fuzzy</i>
μ^{Q^z}	Pertinência <i>fuzzy</i>
V	Unidades visíveis de uma BM
H	Unidade <i>hidden</i> de uma BM
i	Unidade de uma BM
j	Unidade de uma BM
w_{ij}	Força de conexão entre unidades i e j
s_i	Estado da unidade i
s_j	Estado da unidade j
W	Pesos de uma RBM
b	Unidades bias da camada visível de uma RBM
c	Unidade bias da camada <i>hidden</i> de uma RBM
v_i	Estados binários de uma unidade visível
h_j	Estados binários de uma unidade <i>hidden</i>
Z	Função de partição Z
N_v^2	Tamanho de uma camada visível
K	Grupos de camadas <i>hidden</i>
N_h^2	Número de unidades da camada <i>hidden</i>
N_w^2	Filtro de processamento
N_p^2	Número de unidades da camada de agrupamento
C	Blocos de particionamento

B_α	Blocos de particionamento
p_α	Unidade da camada de agrupamento

Símbolos Gregos

θ_i	Bias da unidade i
ε	Taxa de aprendizagem
σ	Função logística sigmoidal

1 INTRODUÇÃO

1.1 CONTEXTUALIZAÇÃO E FORMULAÇÃO DO PROBLEMA

Há evidências de que o câncer de mama se inicia com mutações em uma única célula tronco presente no ducto-lobular da mama. Então, a partir da origem unicelular é desenvolvido um clone alterado, com desequilíbrio nos seus processos de formação e morte (RUSSO et al., 2006). Esse desequilíbrio se faz presente principalmente no processo de formação, gerando assim um crescimento desordenado dessas células geneticamente alteradas. A tumorigênese em humanos é um processo longo, podendo se arrastar por anos ou décadas. Na carcinogênese mamárias esse processo é unidirecional e pode ser contínuo ou intermitente (FARBER; CAMERON, 1980).

Com 57.120 novos casos, apenas no Brasil no ano de 2014, o câncer de mama é o segundo tipo de câncer mais frequente no mundo entre mulheres (INCA, 2009). No Brasil as taxas de mortalidade para este tipo de câncer continuam elevadas, isso ocorre devido a doença ser diagnosticada já em estágios avançados.

O sucesso no tratamento desta doença está diretamente relacionado à velocidade com que a detecção e o diagnóstico são realizados e, para isso, o método mais efetivo atualmente são as mamografias digitais (PANDA; PANIGRAHI; PATRO, 2009). Os dois principais tipos de mamografias são: mamografia de rastreamento e de diagnóstico. Mamografias de rastreio são utilizadas para detectar câncer de mama em mulheres sem sintomas, ou sinais de doença mamária. Para restringir o número de biópsias desnecessárias, é admitido que apenas 2% das mulheres rastreadas sejam submetidas à biópsia [CITAR ACR 2013]. A taxa de detecção de câncer está entre 8 a 10 por mil mulheres rastreadas [CITAR ACR 2013] Mamografias de diagnóstico são utilizadas para avaliar pacientes com sintomas previamente detectados, ou sinais de alterações mamárias.

Calcificações detectadas em mamografias de rastreamento são, na maioria, os únicos sinais de câncer de mama em estágios iniciais. Porém, a distinção morfológica das calcificações ou na distribuição nos tecidos mamários é uma tarefa de alta complexidade, devido a limitações do olho humano, falta de técnica adequada e inexperiência do radiologista (CHENG; LUI; FREIMANIS, 1998).

Neste contexto, o uso de sistemas de diagnóstico auxiliado por computador, ou do inglês *Computer Aided Diagnosis* (CAD), vem sendo cada vez mais estudado e utilizado (CHENG; LUI; FREIMANIS, 1998). Esse tipo de sistema tem como intuito o suporte ao especialista na identificação e na classificação de calcificações em imagens mamográficas, diminuindo os custos e aumentando a eficácia e velocidade com que os diagnósticos são realizados.

A tarefa de extrair padrões a partir de dados sempre foi de fundamental importância na ciência. Atualmente, os algoritmos de aprendizagem de máquina vêm sendo cada vez mais estudados para realizar este tipo de tarefa. Aprendizado de máquina é uma disciplina científica focada no desenvolvimento de algoritmos que podem aprender a partir de dados (KOHAVI, 1998). Tais algoritmos funcionam de forma dinâmica, construindo modelos a partir dos dados de entrada, gerando assim decisões e previsões com acurácia (BISHOP, 2006). Contudo, uma subcategoria de algoritmos de aprendizado de máquina vem ganhando cada vez mais destaque nos últimos anos, os quais são chamados de *Deep Learning*. Esse tipo de algoritmo explora múltiplas camadas de processamento não linear de informação, de forma supervisionada ou não supervisionada, para extração de características, reconhecimento de padrões e classificação (DENG; YU, 2013).

Este trabalho propõe a criação de um sistema de *Computer Aided Diagnosis* (CAD) para localização, extração de características e classificação de áreas de interesse em mamografias com o apoio da lógica *fuzzy*, algoritmos utilizando técnicas de *Deep Learning* e aprendizado não supervisionado de características.

1.2 OBJETIVOS

1.2.1 Objetivo Geral

Este trabalho tem por objetivo principal o desenvolvimento de um sistema CAD, EIR, para localização, extração e classificação de zonas de interesse em mamografias de rastreamento de forma automática.

1.2.2 Objetivos Específicos

Os objetivos específicos deste trabalho são:

- Coletar dados de calcificações em mamografias com suspeição de malignidade;
- Realizar extração de regiões de interesse com calcificações utilizando lógica *fuzzy*;
- Realizar extração de características das imagens pré processadas;
- Classificar características extraídas;
- Permitir a generalização de imagens utilizadas como entrada para o EIR;
- Fazer o sistema EIR de baixo custo;
- Permitir a realização de diagnósticos consistentes.

1.3 REVISÃO DA LITERATURA

Para este trabalho utilizou-se de ferramentas de pesquisa bibliográfica *web* dos seguintes serviços: Portal de Periódicos da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), *arXiv.org*, *PubMed*, *Association for Computer Machinery (ACM)*, *Institute of Electrical and Electronics Engineers (IEEE)*.

Os termos utilizados para a pesquisa foram: *Convolutional Deep Belief Networks*, *Deep Learning*, *Breast cancer*, *feature extraction in mammograms using deep learning*, *Segmentation of calcifications using fuzzy logic*.

No trabalho de Helena, Miranda e César (2014) é apresentado um sistema de CAD para classificação automática de calcificações em categorias BIRADS modelado utilizando lógica *fuzzy* e um mecanismo de inferência *fuzzy*.

De acordo com Verma e Zakos (2001) é desenvolvido um sistema CAD para extração e classificação de microcalcificações quanto a sua malignidade. É mostrado que um sistema *fuzzy*, com os parâmetros certos, pode ser utilizado para detecção de calcificações e microcalcificações obtendo bons resultados (VERMA; ZAKOS, 2001).

No trabalho de Dheeba (2011) é mostrada uma metodologia consistindo na extração de características de textura das *Regions of Interests (ROIs)* utilizadas e em seguida na classificação das características extraídas. O método foi avaliado utilizando 322 mamogramas e atingindo uma acurácia de 86.1% (DHEEBA, 2011).

Papadopoulos, Fotiadis e Likas (2005) descrevem um sistema para detecção e caracterização de *clusters* de micro calcificações em mamografias digitais é descrito. No primeiro estágio, os *clusters* de micro calcificações são identificados. No segundo estágio as características dos clusters são selecionadas e extraídas, gerando um total de 54 *clusters* de características. Na última etapa, as características extraídas são classificadas por uma Rede Neural Artificial (RNA) e uma *Support Vector Machine (SVM)*, separadamente. A acurácia de cada uma foi de 77% e 81%, respectivamente (PAPADOPOULOS; FOTIADIS; LIKAS, 2005).

Em Agarwal e Carson (2014) os autores apresentam uma Rede Neural Convolutiva (RNC) profunda para prever características semânticas de lesões em mamogramas. Para realizar o trabalho foram testadas diversas redes, variando de 3 a 8 camadas, com o melhor resultado sendo atingido com uma rede de 6 camadas. Com essa metodologia, uma acurácia de 87% foi atingida mostrando que, para esse tipo de problema, a RNC é competitiva quando comparada com outros métodos (AGARWAL; CARSON, 2014).

No artigo apresentado por Hinton, Osindero e Teh (2006) é mostrado uma nova forma de treinar uma RNA *Deep Belief Network* densamente conectada e com muitas camadas *hidden*. Na técnica apresentada, cada conjunto de camada visível-*hidden* é trei-

nada independentemente das outras, usando apenas como dados de entrada as saídas das camadas anteriores. Após essa etapa é realizado um ajuste fino dos pesos onde os estados da camada superior são usados como ativações das camadas inferiores, gerando assim uma fase *top-down* da RNA. Esse tipo de treinamento permitiu reduzir consideravelmente o tempo de treinamento desse modelo de RNA (HINTON; OSINDERO; TEH, 2006).

No trabalho de Norouzi (2009) é apresentado um método especializado para o aprendizado de características hierárquicas em problemas envolvendo visão computacional. O autor desenvolve um modelo denominado *Convolutional Restricted Boltzmann Machines* (CRBM). Este modelo é considerado uma extensão de uma *Restricted Boltzmann Machine* (RBM). No trabalho apresentado, o autor “empilha” diversas camadas de CRBM’s e camadas de sub-amostragem, criando assim um *framework* capaz de aprender características genéricas em imagens (NOROUZI M, 2009).

Uma nova abordagem para o uso de *Deep Belief Networks* serem escaladas para imagens em tamanho natural, ou normal, sem redimensionamento, é apresentado em Lee et al (2009). Para este modelo foi dado o nome de *Convolutional Deep Belief Network* (CDBN). O modelo apresentado no artigo utiliza operações de convolução e uma técnica nova chamada *Probabilistic Max-Pooling*, permitindo unidades de camadas superiores cobrirem áreas maiores das camadas de entrada (LEE et al., 2009).

Nas bases de dados pesquisadas não foram encontrados nenhum registro da RNA CDBN ou CRBMs “empilhadas” sendo utilizadas para extração de características em imagens mamográficas.

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

2.1 O CÂNCER DE MAMA

Há fortes evidências de que o câncer de mama se inicia em uma única célula tronco, geneticamente alterada, presente na unidade ducto-lobular da mama. Essa alteração influencia no seu processo de formação e morte, gerando assim um crescimento desenfreado de células também com alterações em suas cadeias de *Deoxyribonucleic Acid* (DNA) (RUSSO et al., 2006). Segundo o modelo hierárquico de carcinogênese, a célula tronco modificada pode evoluir para duas linhagens de células neoplásicas: uma de células epiteliais luminais e outra de células basais mioepiteliais, formando tumores basaloides ou tumores mioepiteliais (DONTU et al., 2003). Farber e Cameron propuseram a divisão da carcinogênese em três etapas: iniciação, promoção e progressão (FARBER; CAMERON, 1980).

Na fase de iniciação a célula tronco sofre uma alteração em seu DNA, desequilibrando seus processos de formação e morte e dando às células transformadas condições específicas para invadir tecidos adjacentes, impactando um outro órgão à distância. Entre as principais alterações genéticas que podem ocorrer em células tronco iniciadoras do câncer, algumas se destacam (AGUILLAR; BAUAB; MARANHÃO, 2009):

- **Translocação Cromossômica:** Genes, ou parte de genes, inserem-se em outros sítios do cromossomo.
- **Amplificação:** Uma molécula passa a se multiplicar, causando mais transcrição.
- **Deleção:** Perda completa ou parcial de um gene ou de um segmento cromossômico com muitos genes.
- **Mutação Pontual:** Alteração no pareamento das bases nitrogenadas.

Uma vez que as alterações iniciadoras tenham ocorrido, as células modificadas passam a se multiplicar. Essas multiplicações podem ser estimuladas por fatores promotores. Para uma alteração genética vir a se tornar um tumor é necessário que fatores promotores colaborem, colaboração ocorrida ao longo de bastante tempo, em alguns casos até décadas. O fator promotor mais importante para a carcinogênese mamária são os hormônios esteroides. As épocas mais vulneráveis para a promoção do câncer de mama são no intervalo entre 10 anos de idade e a primeira gestação e no período de involução mamárias, na pós-menopausa, quando o tecido epitelial se atrofia (AGUILLAR; BAUAB; MARANHÃO, 2009).

A fase de progressão ocorre quando as células neoplásicas já se desenvolveram a ponto de formar um tumor inicial, passando a invadir a membrana basal subepitelial

atingindo assim o estroma subjacente. A invasão é caracterizada como a passagem do carcinoma *in situ* para infiltrativo, essa invasão depende da interação entre as células malignas e a matriz extracelular. A partir deste ponto, o acesso aos vasos linfáticos e sanguíneos se torna possível (SCHNEIDER; MILLER, 2005). A Figura 1 exemplifica as fases de uma carcinogênese.

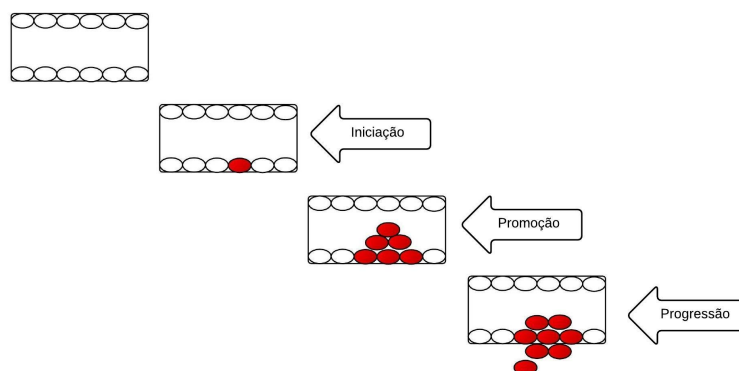


Figura 1 – Fases de uma carcinogênese a partir de células neoplásicas (Inspirado em (SCHNEIDER; MILLER, 2005)).

2.1.1 Calcificações

Em 1951, Raul Leborgne descreveu que calcificações mamárias estavam frequentemente associadas ao câncer de mama. A partir de então calcificações passaram a ser valorizadas como achados mamográficos (LEBORGNE, 1951). O método mais efetivo utilizado para a identificação precoce do câncer de mama são as mamografias digitais (PANDA; PANIGRAHI; PATRO, 2009). E, frequentemente, nesses exames, são encontradas calcificações. As calcificações podem ser caracterizadas como pequenos depósitos radiopacos com sensibilidade aos raios X (KAPPADATH; SHAW, 2012). Esse tipo de alteração ocorre quando depósitos de secreções ricas em cálcio se solidificam com a especialização do tecido mamário durante a produção de leite. Porém, existe a possibilidade da mamografia encontrar alterações que não representam doença (MARTINS; BARRA; LUCENA, 2010).

Calcificações mamárias podem ser encontradas no interior e em torno de ductos mamários, nos ácinos, estruturas vasculares, estroma glandular, gordura e na pele (DANTAS et al., 2002). Esse tipo passa a ser reconhecido pela mamografia com 1 mm de diâmetro e com 1 cm passa a ser passível de diagnóstico por exame físico. Na fase pré-mamográfica, o crescimento tumoral é muito lento, podendo levar em torno de 10 anos para chegar a ter 1 mm. De 1 mm a 1 cm o crescimento tumoral se acelera, levando cerca de 3 anos (AGUILLAR; BAUAB; MARANHÃO, 2009). As suspeitas de malignidade de uma determinada calcificação aumentam ou diminuem baseadas em suas características morfológicas e da distribuição das partículas.

2.1.2 Tipos de Calcificações

As calcificações detectadas em imagens mamográficas são divididas em três grandes grupos, que levam em consideração sua forma, número, tamanho, distribuição, variabilidade e estabilidade na mama da paciente (DANTAS et al., 2002). Esses grupos são:

1. Calcificações Tipicamente Benignas: Calcificações nessa categoria apresentam uma forma grosseira e são facilmente detectáveis na mamografia (ACR, 2005). Calcificações tipicamente benignas podem ser classificadas como:

Cutâneas: Apresentam uma configuração geométrica com centro radiotransparente.

Vasculares: Apresentam aspecto serpentiforme, localizadas ao longo das paredes dos vasos.

Grosseiras: Típicas de fibroadenomas com diâmetro superior a 2-3 mm.

“Em Bastões”: Têm diâmetro acima de 5 mm com centro radio transparente, são resultados de doença secretória ductal.

Redondas: São tipicamente associadas com processo inflamatório benigno, têm forma esférica, lisa, com diâmetro de 0,5 mm ou mais.

“Em casca de ovo”: São calcificações delgadas, secundárias a depósitos de cálcio.

Centro Radiotransparente: São depósitos redondos ou ovoides com superfícies lisas e centros radio transparentes. São associadas a áreas de necrose gordurosa e resíduos calcificados em ductos.

Distróficas: Geralmente apresentam um tamanho superior a 0,5 mm de diâmetro, são irregulares e podem apresentar centro radio transparente.

Fios de Sutura: São filiformes, consistindo em depósitos de cálcio em fios de sutura, geralmente surgem após radioterapia.

2. Calcificações Suspeitas: São calcificações para as quais classificações morfológicas específicas não são possíveis.

Amorfas ou Indistintas: São calcificações suficientemente pequenas e de aparência imprecisa, podendo ser classificadas como benignas.

Heterogêneas Grosseiras: São calcificações irregulares, evidentes, geralmente maiores que 0,5mm, tendendo a coalescer.

3. Calcificações Tipicamente Malignas: Nessa categoria, estão calcificações menores que 0,5 mm, agrupadas em mais de 5 por cm^3 , podendo variar de morfologia (MARTINS; BARRA; LUCENA, 2010). Estas calcificações são classificadas como:

Pleomórficas Finas: São mais visíveis que calcificações amorfas e não são irregulares tipicamente benignas, nem tipicamente malignas. Variam de forma e têm, geralmente, diâmetro menor que 0,5 mm.

Finas Lineares: São calcificações finas, lineares ou curvilíneas, podendo ser descontínuas menores que 0,5 mm em extensão.

2.1.3 Classificação BIRADS

A comunicação eficiente de resultados mamográficos sempre foi uma preocupação muito grande dos médicos radiologistas que realizam mamografias. O atraso da comunicação de resultados pode levar ao retardo do diagnóstico e, conseqüentemente, impedindo o tratamento imediato de alguma possível anomalia.

Buscando um consenso e uma padronização de resultados mamográficos, o Colégio Americano de Radiologia (*American College of Radiology - ACR*) elaborou uma classificação dos sistemática dos achados mamográficos. A este padrão foi dado o nome de Relatório de Imagenologia Mamária e Sistemas de Dados BIRADS (ACR, 2005).

O BIRADS classifica os achados mamográficos conforme o grau de risco para câncer de mama. Essa classificação é feita em seis categorias, que são:

- *Categoria 0:* Nesta categoria estão inclusos os casos que necessitam de avaliação adicional. É indicada a comparação com exames anteriores ou realização de exame de imagem adicional.
- *Categoria 1:* Nesta categoria não há nada a se comentar, não há nódulos, distorção arquitetural, calcificações suspeitas de malignidade ou assimétricas.
- *Categoria 2:* Achados benignos. Estão inclusos nesta categoria fibroadenomas, calcificados involuídos, múltiplas calcificações secretórias, lesões com conteúdo de gordura, tais como cistos oleosos, lipomas, galactoceles e hamartomas de densidades mistas. Todos têm aparência caracteristicamente benigna e podem ser classificados com segurança.
- *Categoria 3:* Achado provavelmente benigno, com menos de 2% de possibilidade de malignidade. É sugerido ao especialista um seguimento mamográfico da mama com o achado em um intervalo de tempo de 6 meses.
- *Categoria 4:* Nessa categoria se encaixam achados com anormalidade suspeita. Tais achados não têm uma aparência clássica de malignidade, possuem probabilidade de malignidade de 2% a 95%. Biópsia deve ser considerada.

- *Categoria 5:* Achados altamente sugestivos de malignidade. Lesões nessa categoria têm uma probabilidade maior que 95% de chance de ser câncer. Biópsia para comparação deve ser realizada.
- *Categoria 6:* Aqui se encaixam achados com malignidade comprovada. A malignidade é comprovada através de biópsia do achado. Nessa categoria é indicada a conduta terapêutica adequada.

2.2 LÓGICA FUZZY

A percepção humana do mundo que o cerca é repleta de conceitos vagos e até mesmo confusos. Por exemplo, uma pessoa não consegue definir exatamente a velocidade na qual está dirigindo um carro, ela sabe se está indo “rápid”, “devagar”, “muito rápido” ou “muito devagar”. E esse tipo de conceito junto a outros fatores, como estar dirigindo em uma pista molhada, ou o sinal estar amarelo, se torna ainda mais complexo. Na tentativa de modelar esse processo de raciocínio humano (ZADEH, 1965) começou a acrescentar variáveis linguísticas à lógica convencional. Com esse tipo de abordagem, sistemas baseados em lógica *fuzzy* são capazes de lidar com imprecisões, podendo assim fazer a análise de conceitos não quantificáveis, que até então eram restritos ao raciocínio humano.

Para modelar as incertezas presentes nesses conceitos é necessário o uso de conjuntos *fuzzy*, esse tipo de conjunto pode ser definido como uma coleção de números reais com uma pertinência parcial ao conjunto. Isto entra em contraste com a teoria de conjuntos convencionais na qual um número pertence ou não ao conjunto (LILLY, 2010). Então, um conjunto *fuzzy* é especificado por dois fatores: os membros do conjunto e os graus de pertinência de cada membro no conjunto. Quando um membro do conjunto possui pertinência total a ele será dado o grau de pertinência 1, quando um membro não possui pertinência no conjunto a ele é dado um grau de pertinência de 0 e pertinências parciais possuem graus entre 0 e 1 (LILLY, 2010).

2.2.1 Sistemas *Fuzzy Mandani*

Um sistema *fuzzy* é definido como um sistema que utiliza lógica *fuzzy* para mapear entradas $x(t)$ produzindo assim um valor de saída $y(t)$. A Figura 2 exemplifica o funcionamento deste tipo de sistema.

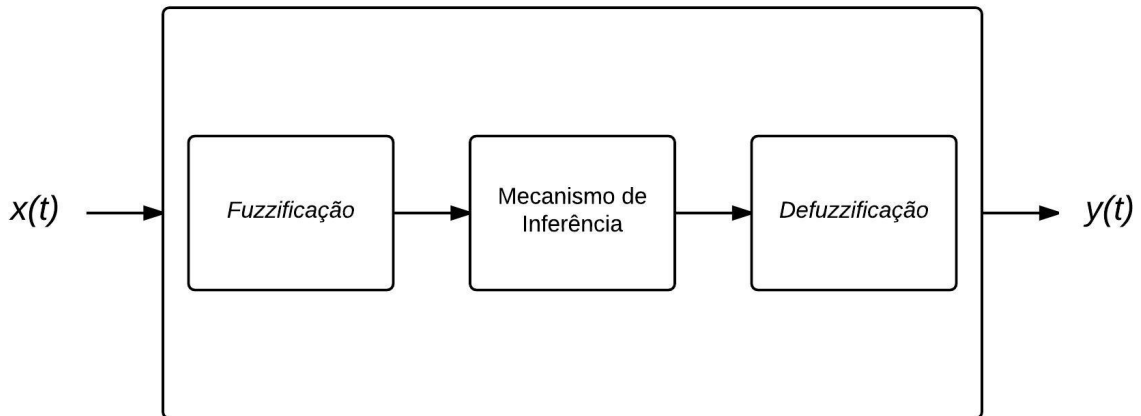


Figura 2 – Funcionamento de um Sistema *Fuzzy* (Inspirado em (LILLY, 2010)).

Na etapa de fuzzificação as quantidades(ou medidas) do processo são transformadas em conjuntos *fuzzy* para serem utilizadas no mecanismo de inferência.

O Mecanismo de Inferência de um sistema *fuzzy* tem como finalidade definir quando uma regra, da base de regras, será ativada e definir o peso com que cada regra de recomendação será ativada, para assim chegar a um resultado final. Basicamente, o Mecanismo de Inferência de um sistema *fuzzy* é o seu componente principal, sendo responsável pelo “raciocínio” com o qual o sistema irá operar.

Na etapa de defuzzificação, todas as recomendações do Mecanismo de Inferência serão transformadas em saídas com valores reais, ou seja, valores utilizáveis no “mundo real”. Existem várias maneiras de realizar uma defuzzificação. O método utilizado neste trabalho é a defuzzificação por Centro de Média (*Center of Average* - CA) (LILLY, 2010). Supondo que o conjunto *fuzzy* consequente da ativação da regra i seja Q^i , caracterizado pela pertinência μ^{Q^i} , então a defuzzificação por CA é dada pela Equação 1.

$$y^{crisp} = \frac{\sum_{i=1}^R q_i \cdot \mu_i(x)}{\sum_{i=1}^R \mu_i(x)} \quad (1)$$

Onde: R é o número total de regras do sistema, x é o valor de entrada e $\mu_i(x)$ é a regra ativada pela entrada x .

2.3 MÉTODOS DE AVALIAÇÃO DOS CLASSIFICADORES

Um classificador é, basicamente, uma função com o objetivo de mapear instâncias de dados não “rotulados” para uma instância de dados “rotulados” (KOHAVI, 1995). Ou seja, um bom classificador deve ser capaz aprender o suficiente sobre o passado para ser capaz de generalizar o futuro (HAYKIN, 2009). Para garantir a escolha do melhor modelo

de classificador disponível para a resolução do problema de classificação algumas métricas devem ser utilizadas.

2.3.1 Validação Cruzada *Holdout*

O processo de treinamento de um classificador supervisionado consiste em ajustar os seus parâmetros para que o modelo se “encaixe” o melhor possível nos dados de treino. Então, para validar um modelo e observar sua capacidade de generalização, o uso de dados do conjunto de treino é inadequado, pelo fato do modelo já estar adaptado a ele. Tendo isto em vista, a forma mais simples de garantir alguma validação do modelo é dividir o conjunto de dados em dois subconjuntos distintos, um para treino outro para teste. Depois dessa divisão inicial, o conjunto de treino é dividido novamente para formar um terceiro conjunto, o de validação (HAYKIN, 2009). Sendo assim, são obtidos três subconjuntos distintos:

- **Conjunto de Treino:** Conjunto utilizado para ajustar os parâmetros do classificador.
- **Conjunto de Validação:** Conjunto utilizado para otimizar os parâmetros do classificador ou para comparar dos modelos diferentes.
- **Conjunto de Testes:** Conjunto utilizado para avaliar um modelo completamente treinado. Os dados do conjunto de testes não devem ter nenhuma influência nos ajustes do classificador, para não influenciar a avaliação métricas de desempenho, que poderiam ser sobrestimadas caso contrário.

2.3.2 Validação Cruzada *K-fold*

Nesta técnica, o conjunto de dados é aleatoriamente dividido em k subconjuntos, onde cada um destes subconjuntos é usado ao menos uma vez para validação enquanto o resto é usada para treino (KOHAVI, 1995). Após esse processo, é feita a média da acurácia de cada fase da validação resultando assim na acurácia total do modelo, como mostrado na Equação 2. Um exemplo desse processo é exibido na Figura 3. Essa separação em subconjuntos de dados é feito para que os dados do conjunto de testes não influencie nos ajustes do classificador, dessa forma, não influenciando nas métricas de avaliação.

$$\text{AcuráciaFinal} = \text{Média}(\text{Experimento1}, \text{Experimento2}, \dots, \text{ExperimentoK}) \quad (2)$$

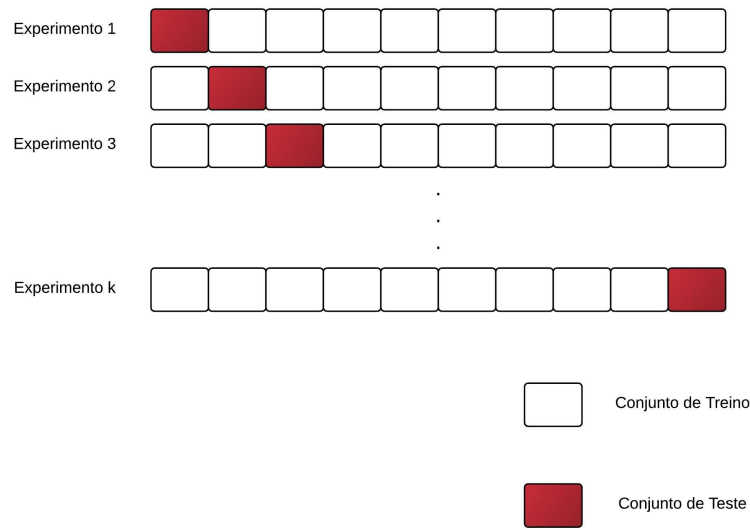


Figura 3 – Exemplo de Validação Cruzada K -fold.

2.3.3 Métricas para Avaliação

Para avaliar o desempenho do modelo diversas métricas foram utilizadas. A curva *Receiver Operating Characteristic* (ROC) (HANLEY; MCNEIL, 1982) é utilizada para uma avaliação visual do desempenho. A *Area Under the ROC Curve* (AUC) é utilizada como critério de desempenho geral do classificador. O valor de AUC varia no intervalo entre 0 e 1, onde o valor 1 simboliza uma performance perfeita.

Outras métricas utilizadas são: Acurácia (ACC), Precisão (P), Sensibilidade (R) e *F1 Score* (F1), que são definidos pelas Equações 3, 4, 5, 6.

$$ACC = \frac{T_P + T_N}{T_P + T_N + F_P + F_N} \quad (3)$$

$$P = \frac{T_P}{T_P + F_P} \quad (4)$$

$$R = \frac{T_P}{T_P + F_N} \quad (5)$$

$$F1 = 2 * \frac{P * R}{P + R} \quad (6)$$

Onde: T_P é o número de verdadeiros positivos, T_N é o número de verdadeiros negativos, F_P o número de falsos positivos, F_N é o número de falsos negativos.

2.4 REDES NEURAIS ARTIFICIAIS

2.4.1 Perceptron de Rosenblatt

A ideia de Redes Neurais Naturais serem modeladas e utilizadas como máquinas computacionais foi primeiro introduzida por McCulloch e Pitts em 1943. Porém, apenas em 1958 a forma mais simples de uma RNA foi apresentada através do Perceptron de Rosenblatt (HAYKIN, 2009). O algoritmo do Perceptron foi inicialmente desenvolvido para a classificação de padrões que podem ser linearmente separáveis. Trata-se basicamente de um neurônio com pesos sinápticos e *bias* ajustáveis (HAYKIN, 2009). O algoritmo de treinamento de um Perceptron tem como função ajustar seus parâmetros livres para buscar uma convergência ótima. A arquitetura de um Perceptron é exibida na Figura 4.

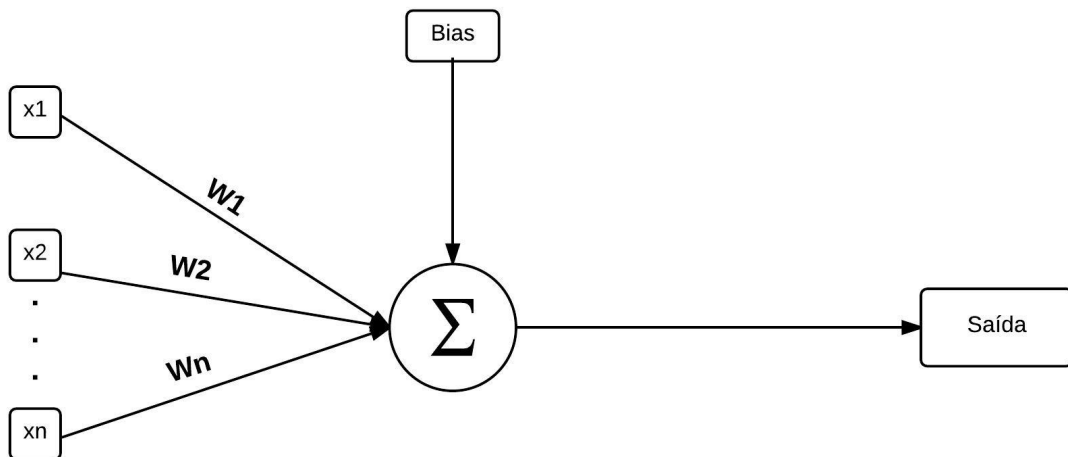


Figura 4 – Arquitetura de um Perceptron (Inspirado em (HAYKIN, 2009)).

Neste modelo, as entradas (x_1, x_2, \dots, x_m) são relacionados com os pesos sinápticos (W_1, W_2, \dots, W_m) através de uma combinação linear, em seguida, o valor de *bias* é acrescentado. Essa relação é exibida na Equação 7.

$$v = \sum_{i=1}^m w_i \cdot x_i + bias \quad (7)$$

Porém, um Perceptron de Rosenblatt, como foi concebido, só pode resolver problemas com classes linearmente separáveis (HAYKIN, 2009).

2.4.2 *Multi Layer Perceptron*

Quando mais de um Perceptron é arranjado em camadas ele se torna capaz de resolver problemas não lineares, consequentemente problemas mais complexos. A essa arquitetura é dado o nome de *Multi Layer Perceptron* (MLP). Uma MLP é basicamente formada por

3 tipos de camadas, uma camada visível que recebe os sinais de entrada dos dados que serão utilizados, uma ou mais camadas ocultas e uma camada de saída. Os neurônios de uma MLP são densamente conectados, ou seja todos os neurônios de uma camada são ligados com todos os neurônios da camada seguinte. A arquitetura de uma MLP é exibida na Figura 5 (HAYKIN, 2009).

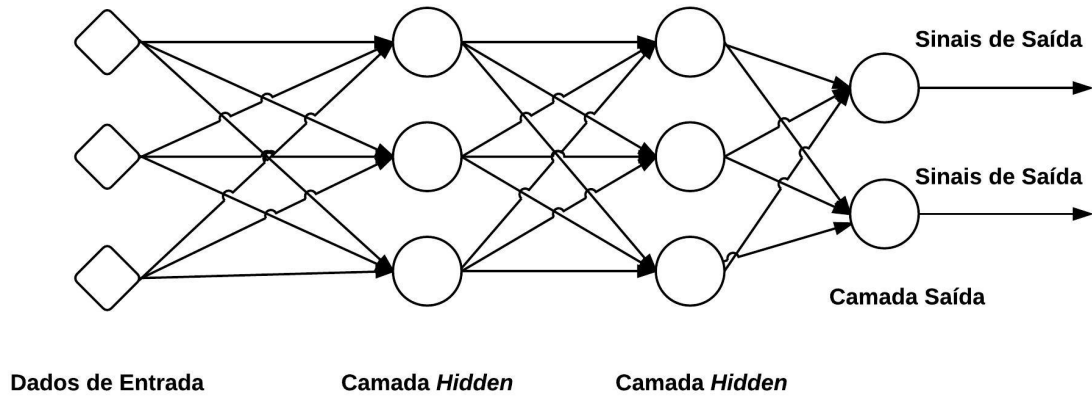


Figura 5 – Arquitetura de uma MLP.

Os neurônios presentes em camadas ocultas agem como **detectores de características**, à medida que o processo de aprendizado avança em uma MLP os neurônios ocultos vão aprendendo a “encontrar” características que se destacam e caracterizam o conjunto de dados utilizado para treino. Esses neurônios realizam isso fazendo transformações não lineares nos dados de entrada e mapeando-os para um **mapa de características** (HAYKIN, 2009).

A saída $y_j(n)$ produzida por um neurônio oculto ou de saída é calculado através da Equação 8:

$$y_j(n) = \phi_j\left(\sum_{i=1}^m w_{ji}(n) \cdot x_i(n)\right) \quad (8)$$

Onde: m é o número total de entradas no neurônio j , w_{ji} é o peso que conecta o neurônio j à camada anterior, x_i é a entrada vindo da camada anterior e ϕ_j é a função de ativação do neurônio j .

2.4.3 Funções de Ativação

Uma função de ativação define se um neurônio irá propagar ou não a informação, baseado nos estímulos propagados pela camada anterior. Algumas das principais funções de

ativação não lineares são: Tangente Hiperbólica, *Softmax*, *Rectified Linear Unit* (ReLU) e Sigmoid. As Equações 9, 10, 11 e 12 listam cada uma respectivamente.

$$\text{TanH}(x) = \frac{1 - e^{-2x}}{1 + e^{-2x}} \quad (9)$$

$$h\theta(x) = \frac{1}{1 + e^{-\theta x}} \quad (10)$$

Onde θ representa um vetor de pesos e x é o vetor de entrada.

$$f(x) = \max(0, x) \quad (11)$$

Onde x é o vetor de entrada do neurônio.

$$f(x) = \frac{1}{1 + e^{-x}} \quad (12)$$

Onde x é o vetor de entrada do neurônio.

2.4.4 Aprendizado *Back-Propagation*

O aprendizado de uma MLP é feito através de um algoritmo chamado *Back-Propagation*. Neste algoritmo os pesos w_{ji} de um neurônio são atualizados a uma taxa de Δw_{ji} , que é proporcional a derivada parcial do erro produzido pelos pesos da rede. Então pode-se dizer que a taxa de variação dos pesos de um neurônio é dado pela Equação 13 (HAYKIN, 2009).

$$\Delta w_{ji} = -\eta \frac{\partial E}{\partial w_{ji}} \quad (13)$$

Onde: η é o parâmetro *taxa de aprendizado* e E é o erro produzido na saída do neurônio.

Quando calculado o sinal de erro do *Back-Propagation* é transmitido de maneira inversa na MLP, isso faz com que todos os pesos de todas as conexões sejam atualizados. A Figura 6 exemplifica essa transferência do sinal de erro.

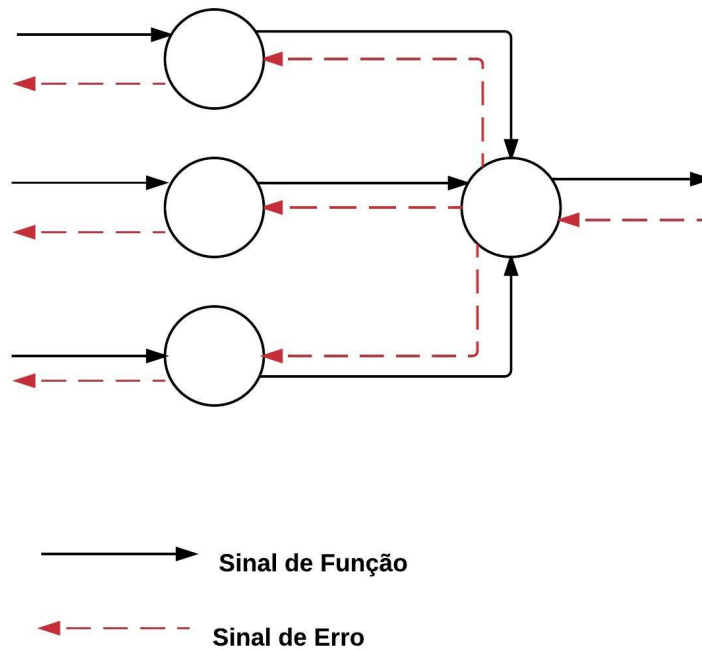


Figura 6 – Fluxo de sinais por uma MLP (Inspirado em (HAYKIN, 2009))

2.5 MÁQUINAS DE VETORES DE SUPORTE

Máquinas de Vetores de Suporte foram inicialmente desenvolvidas para a solucionar o problema de classificação de dados em duas classes diferentes. A ideia por trás desse modelo é maximizar a margem geométrica entre um limite de decisão e dois grupos de classes diferentes em um espaço de características (VAPNIK, 1998). Para que esse limite de decisão seja definido a SVM utiliza exemplos de treino que estão na “fronteira” de suas respectivas classes, tais exemplos são chamados vetores de suporte. A Figura 7 exemplifica o funcionamento de uma SVM linear.

A margem geométrica entre as duas classes é maximizada obedecendo a Equação 14.

$$\sum_{j=1}^{N_j} \alpha_j K(x_i, x_j) + b \geq 0 \quad (14)$$

Onde: x_i são os vetores de suporte, x_j são os pontos de treino, b é um valor constante, α_i é o multiplicador de Lagrange e $K()$ é uma função de *kernel* utilizada para mapear o vetor de entrada em um espaço de características de maior dimensão. Esse mapeamento, e conseqüentemente mudança, no espaço de características é importante para que os pontos no conjunto de treino possuam uma margem maior de separação, em espaços com mais dimensões, facilitando assim o trabalho de otimização da SVM em achar a melhor posição para o limite de decisão. As principais funções de Kernel não lineares são exibidas a baixo.

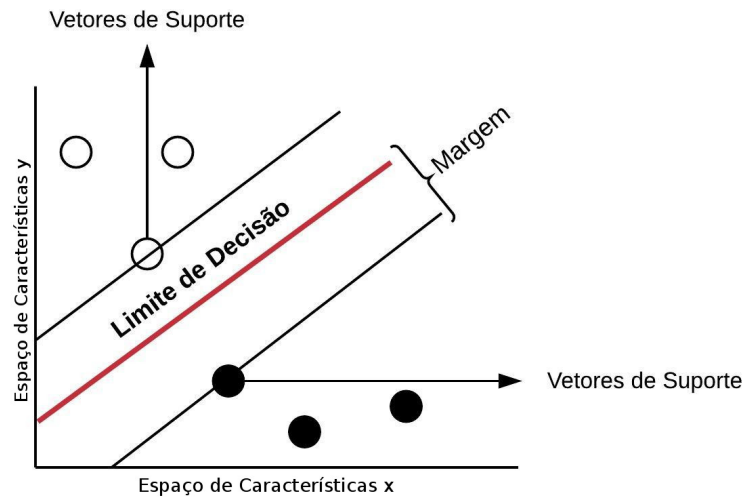


Figura 7 – Como uma SVM separa duas classes no Espaço de Características.

$$K(x_i, x_j) = \exp(-\gamma \|x_i - x_j\|^2) \quad (15)$$

$$K(x_i, x_j) = (\delta(x_i \cdot x_j) + k)^d \quad (16)$$

$$K(x_i, x_j) = \tanh(\delta(x_i \cdot x_j) + k) \quad (17)$$

Onde k , γ e d são parâmetros ajustáveis. O kernel *Radial Basis Function* (RBF) é definido pela Equação 15, o kernel Polinomial é definido pela Equação 16 e o kernel Sigmoidal é definido pela Equação 17.

2.6 DEEP LEARNING

O sonho de criar uma Inteligência Artificial (IA) verdadeira, ou seja, um algoritmo que permita a computadores modelar e entender o mundo que o cerca, vem sendo sonhado a mais de meio século por pesquisadores do mundo todo. Para atingir esse objetivo, esse algoritmo teria que fazer inferência a partir de uma quantidade massiva e complexa de dados. Porém, a maioria dos dados disponíveis não apresenta nenhum tipo de tratamento ou rótulo, ou seja, estão “crus”, dificultando muito o processamento e a eficiência de modelos convencionais. A partir dessa premissa, o mecanismo necessário para um computador conseguir expressar comportamentos complexos a partir dados requer uma grande quantidade de funções matemáticas complexas (BENGIO, 2009). Para realizar este tipo de

processamento, pesquisadores criaram uma nova gama de algoritmos que se aproveitam de “estruturas profundas”, na tentativa de abstrair mais informações a partir de dados crus. A essa nova categoria de algoritmos foi dado o nome de *deep learning*.

Deep Learning pode ser definida como um conjunto de algoritmos cujo o objetivo é extrair características, reconhecer padrões e classificar grandes quantidades de dados de forma supervisionada ou não supervisionada. Esses algoritmos são desenvolvidos com muitas camadas de processamento não linear. Esse tipo de arquitetura tem como objetivo o aprendizado hierárquico, sem intervenção humana significativa, a partir de dados de entrada (DENG; YU, 2013).

2.6.1 Modelos Baseados em Energia

O propósito fundamental da modelagem estatística e aprendizado de máquina é relacionar variáveis de forma a criar dependências entre elas. O objetivo de criar modelos que relacionam essas variáveis é o poder de inferência gerado. Dessa forma, um modelo pode responder questões sobre variáveis desconhecidas a partir de variáveis já conhecidas (LECUN et al., 2006).

Uma das formas de relacionar essas variáveis é através da atribuição de energias escalares a cada configuração diferente dessas variáveis, aonde o termo de energias escalares é utilizado para definir uma “medida de compatibilidade”. O aprendizado destes modelos consiste em criar uma função para minimizar valor da energia quando as variáveis possuem valores corretos e aumentar a energia quando as variáveis possuem valores incorretos. Os modelos responsáveis por esse tipo de inferência são os Modelos Baseados em Energia (MBE) (LECUN et al., 2006).

2.6.2 Máquinas de Boltzmann

Uma máquina de Boltzmann (*Boltzmann Machine* - BM) é um modelo composto por unidades estocásticas bidirecionalmente conectadas, uma BM pode ser interpretada, também, como uma RNA. A principal vantagem deste tipo de modelo é sua capacidade de aprender distribuições probabilísticas desconhecidas, utilizando como base apenas amostras desta distribuição (FISCHER; IGEL, 2012).

Uma máquina de Boltzmann é composta por elementos de processamento chamados unidades que são conectadas bidirecionalmente umas as outras. Uma unidade sempre está em dois estados possíveis, ligada ou desligada. A situação de uma unidade é definida por funções probabilísticas, dependentes dos estados das unidades com as quais se conecta, e também, dos pesos dessas conexões (ACKLEY; HINTON; SEJNOWSKI, 1985). Quando analisada como uma rede neural artificial, as unidades de uma BM são chamadas de unidades visíveis (V) e unidades ocultas (H). Os pesos de uma conexão simbolizam uma fraca limitação à duas hipóteses. Na Figura 8, a arquitetura de uma BM é exibida.

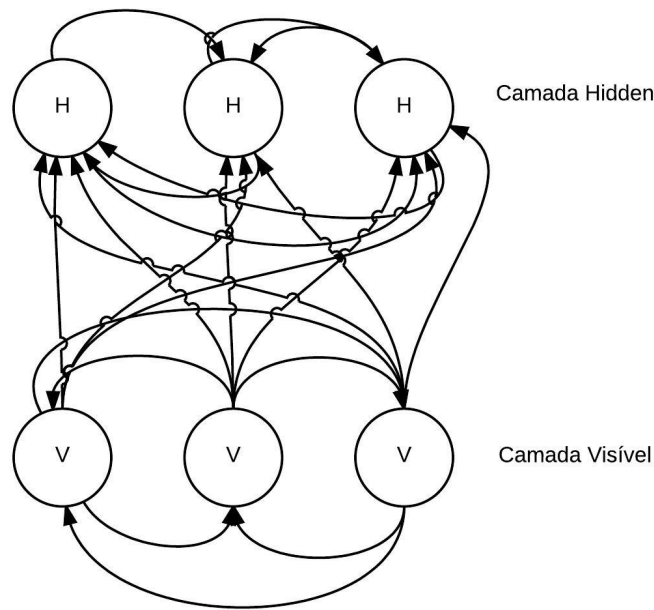


Figura 8 – Arquitetura de uma Máquina de Boltzmann (Inspirado em (FISCHER; IGEL, 2012)).

Essa configuração permite a atribuição de um valor de energia para cada estado da rede, com o treinamento certo, as unidades individuais assumem estados que minimizem esse valor de energia da rede (ACKLEY; HINTON; SEJNOWSKI, 1985), as configurações de energia obedecem a Equação 18:

$$E = - \sum_{i < j} w_{ij} \cdot s_i \cdot s_j + \sum_i \theta_i \cdot s_i \quad (18)$$

Onde w_{ij} é a força de conexão entre as unidades i e j , s_i é o estado da unidade i , s_j é o estado da unidade j e θ_i é o *bias* da unidade i .

2.6.3 Máquinas Restritas de Boltzmann

Máquinas Restritas de Boltzmann (*Restricted Boltzmann Machine* - RBM) são uma variação das BMs. Uma RBM é constituída de um campo aleatório de Markov associada a um grafo bipartido não direcionado (FISCHER; IGEL, 2012), como mostrado na Figura 9. Uma RBM é constituída de m unidades visíveis, correspondentes a componentes de uma observação (ex: uma unidade visível para cada pixel da imagem), e n unidades ocultas, com a finalidade de capturar dependências entre as unidades visíveis. As conexões entre unidades ocultas e visíveis são feitas através de pesos, denominados w . A RBM também conta as unidades b e c , sendo ambas unidades bias conectadas às suas respectivas camadas, visíveis e ocultas.

Uma configuração conjunta entre unidades visíveis e unidades ocultas possui uma

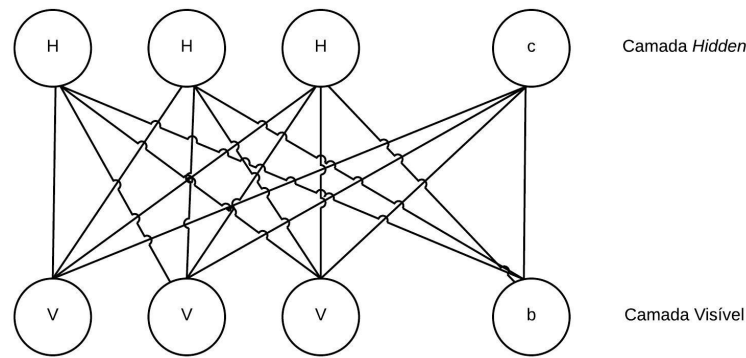


Figura 9 – Máquina Restrita de Boltzmann (Inspirado em (FISCHER; IGEL, 2012)).

energia (HOPFIELD, 1982) dada por:

$$E(v, h) = - \sum_{i \in \text{visible}} b_i \cdot v_i - \sum_{j \in \text{hidden}} c_j \cdot h_j - \sum_{i, j} v_i \cdot h_j \cdot w_{ij} \quad (19)$$

Onde v_i e h_j são os estados binários (ligado ou desligado) da unidade visível i e da unidade oculta j , b_i e c_j são as suas unidades *bias* e w_{ij} é o peso conectando i e j . O modelo atribui uma probabilidade a todas os possíveis pares de visíveis e ocultas através da função de energia:

$$p(v, h) = \frac{1}{Z} e^{-E(v, h)} \quad (20)$$

onde a “função de partição”, Z , é caracterizada como a somatória de todos os possíveis pares de vetores visíveis e ocultas, como mostra a Equação 21:

$$Z = \sum_{v, h} e^{-E(v, h)} \quad (21)$$

A probabilidade atribuída à unidade visível pela rede é dada pela Equação 22:

$$p(v) = \frac{1}{Z} \sum_h e^{-E(v, h)} \quad (22)$$

A probabilidade atribuída pela rede para um valor do conjunto de treinamento pode ser aumentada ajustando os pesos e as unidades bias para diminuir a energia daquele valor e aumentar a energia para outros valores (HINTON, 2010). Os ajustes dos pesos são feitos de acordo com a Equação 23:

$$\Delta w_{ij} = \varepsilon (\langle v_i h_j \rangle_{\text{dados}} - \langle v_i h_j \rangle_{\text{modelo}}) \quad (23)$$

onde ε é a taxa de aprendizagem e os parênteses angulados são usados para denotar expectativas sobre as distribuições.

Dado um valor de entrada, v , o estado binário de cada unidade oculta j é dada como 1 de acordo com a probabilidade apresentada na Equação 24:

$$p(h_j = 1|v) = \sigma(b_j + \sum_i v_i \cdot w_{ij}) \quad (24)$$

onde σx é função logística sigmoidal.

Como não existem conexões entre as unidades visíveis, os estados dessas unidades serão definidos de acordo com a Equação 25:

$$p(v_i = 1|h) = \sigma(c_i + \sum_j h_j \cdot w_{ij}) \quad (25)$$

Aprendizado *Contrastive Divergence*

O treinamento de uma RBM é problemático devido a necessidade do grande número de etapas de amostragem para que uma distribuição estacionária seja atingida em uma Cadeia de Markov Monte Carlo (*Markov Chain Monte Carlo* - MCMC). Isso aumenta exponencialmente o poder computacional necessário para este tipo de treinamento. Porém, foi provado que estimativas obtidas com apenas algumas etapas de uma MCMC seriam suficientes para o treinamento do modelo, a esse novo tipo de treinamento foi dado o nome de *Contrastive Divergence* (CD) (HINTON, 2002).

Este algoritmo consiste em aproximar o segundo termo do gradiente da probabilidade logarítmica ($\langle v_i j_j \rangle_{\text{modelo}}$) utilizando uma cadeia de *Gibbs* por apenas k etapas (usualmente $k = 1$), evitando assim o uso de uma cadeia de Markov até que uma distribuição estacionária seja atingida. A cadeia de *Gibbs* (GEMAN; GEMAN, 1984) é iniciada atribuindo uma amostra do conjunto de treinamento às unidade visíveis, v^0 , cada passo dessa cadeia consiste em amostrar as unidades ocultas, h^0 , a partir da probabilidade $p(h|v^0)$ e em seguida amostrar as unidades visíveis, v^{0+1} a partir da probabilidade $p(v^{(0+1)}|h^0)$. Um exemplo deste método de treinamento é exibido na Figura 10.

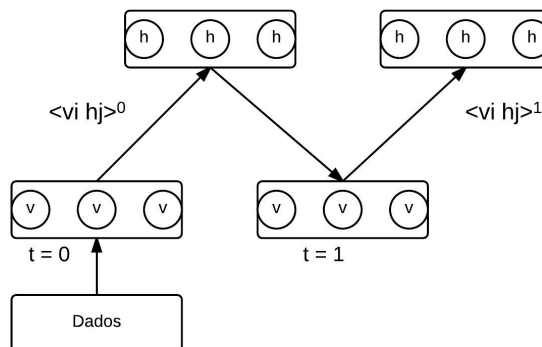


Figura 10 – *Contrastive Divergence* onde $k = 1$ (Inspirado em (HINTON, 2002)).

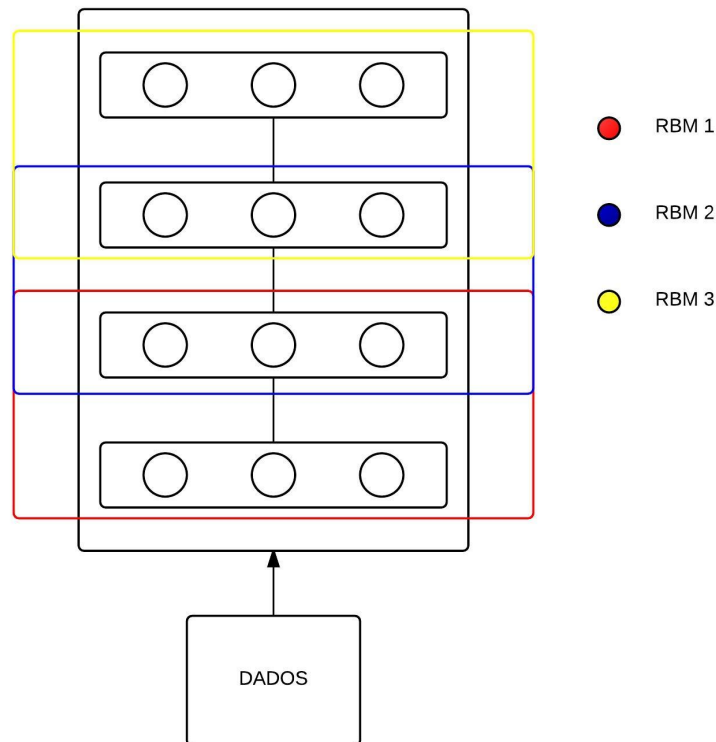


Figura 11 – Uma *Deep Belief Network* representada como uma composição de várias *Restricted Boltzmann Machines*.

2.6.4 Deep Belief Networks

Uma *Deep Belief Network* (DBN) é um modelo gráfico generativo, composta por múltiplas camadas de variáveis ocultas (unidades ocultas) (HINTON; OSINDERO; TEH, 2006). Uma DBN também pode ser vista como uma composição de RBM's, onde cada camada oculta de uma RBM corresponde a camada visível da RBM em sequência. A Figura 11 exibe uma DBN como uma composição de subredes.

Treinamento de uma *Deep Belief Network*

O treinamento de RNAs densamente conectadas com muitas camadas ocultas é difícil pois a inferência das distribuições condicionais das atividades *hidrens*, dado um vetor de dados, se torna problemática (HINTON; OSINDERO; TEH, 2006). Para resolver este problema (HINTON; OSINDERO; TEH, 2006) propôs a combinação de modelos mais simples, treinados sequencialmente, para encontrar a resolução de modelos complexos. Então, o modelo de treinamento ganancioso foi proposto (HINTON; OSINDERO; TEH, 2006).

Neste modelo, uma DBN é vista como uma composição de RBM's, permitindo assim que cada par de camadas sejam treinadas como RBM's isoladas, utilizando como dados de entrada a saída da subrede anterior. O treinamento dessas RBM's é feito utilizando a técnica de aprendizado *contrastive divergence*, permitindo assim uma aproximação

da distribuição dos dados de entrada. Um exemplo deste modelo de treinamento é exibido na Figura 12.

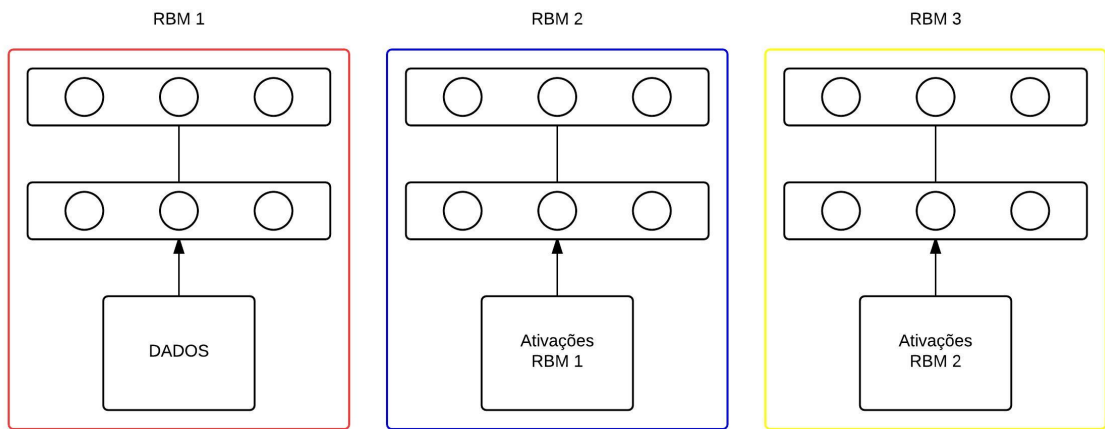


Figura 12 – Treinamento Ganancioso de uma DBN.

2.6.5 Máquinas Restritas de Boltzmann Convolucionais

Em uma RBM comum todas as unidades visíveis estão conectadas com todas as unidades ocultas por diferentes pesos (parâmetros). Por isso, usar uma RBM para extrair características de uma imagem em tamanho real pode se tornar problemático, devido ao poder computacional necessário para lidar com tantas variáveis diferentes. Para lidar com esse problema, e permitir que RBM's sejam utilizadas para extrair características de imagens de forma não supervisionada, com maior facilidade, (LEE et al., 2009) apresenta uma Máquina Restrita de Boltzmann Convolutacional (*Convolutional Boltzmann Machine* - CRBM). A CRBM é um modelo generativo escalável para imagens de tamanho real.

A CRBM se torna escalável para imagens devido ao fato dos pesos entre as unidades visíveis e as ocultas serem compartilhados em todas as partes dos dados de entrada (LEE et al., 2009). A Figura 13 exemplifica a arquitetura de uma CRBM. Esse tipo de modelo é composta de uma camada visível de tamanho $N_v \times N_v$, a camada hidden consiste em K grupos (bases), onde cada grupo é um vetor $N_h \times N_h$. Cada grupo K é associado a um filtro $N_w \times N_w$ que é compartilhado por todas as unidades ocultas do grupo. Acima da camada oculta, existe uma camada de agrupamento composta por um vetor $N_p \times N_p$ de unidades de agrupamento.

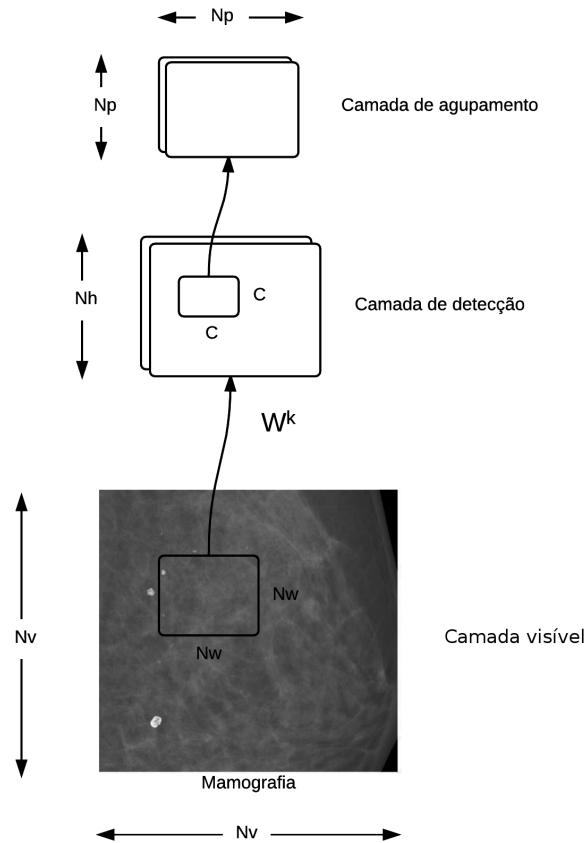


Figura 13 – Arquitetura de uma CRBM.

Usando os mesmos operadores definidos nas equações de uma RBM, a função de energia que caracteriza uma CRBM é exibida na Equação 26:

$$E(v, h) = - \sum_{k=1}^K h^k \bullet (\tilde{W} * v) - \sum_{k=1}^K b_k \sum_{i,j} h_{i,j}^k - c \sum_{i,j} v_{i,j} \quad (26)$$

Assim como RBM's, a amostragem de *Gibbs* de uma CRBM é exibida nas Equações 27 e 28:

$$p(h_{i,j}^k = 1|v) = \sigma((\tilde{W} * v)_{ij} + b_k) \quad (27)$$

$$p(v_{ij} = 1|h) = \sigma((\sum_k \tilde{W} * h_k)_{ij} + c) \quad (28)$$

onde σ é a função sigmóide.

Para realizar o treinamento deste modelo em imagens reais é necessária a criação de campos receptivos que sirvam como dados para uma unidade da camada oculta. Esse campo receptivo trata-se de uma sub imagem extraída da imagem real. Uma vez que os

campos são criados, eles são relacionados com uma unidade oculta, através da operação de convolução, por um filtro de tamanho $Nw \times Nw$. Quando todas as unidades ocultas tiverem sido processadas, elas são então particionadas em blocos de $C \times C$, onde C é um número inteiro, como 2 ou 3, onde cada um desses blocos B_α é conectado com uma unidade de agrupamento p_α^k , na camada de agrupamento. A unidade p_α está conectada em um único potencial com o bloco B_α , isso reforça a regra de que no máximo uma unidade na camada de detecção estará “ligada”, e a unidade de agrupamento estará “ligada” se somente se uma unidade de detecção estiver “ligada” (LEE et al., 2009).

Para realizar a amostragem da camada de detecção H e da camada de agrupamento P , dado a camada visível V as seguintes probabilidades condicionais devem ser seguidas:

$$p(h_{i,j}^k = 1|v) = \frac{\exp(I(h_{i,j}^k))}{1 + \sum_{(i',j') \in B_\alpha} \exp(I(h_{i',j'}^k))} \quad (29)$$

$$p(p_\alpha^k = 0|v) = \frac{1}{1 + \sum_{(i',j') \in B_\alpha} \exp(I(h_{i',j'}^k))} \quad (30)$$

é realizada então uma amostragem utilizando uma distribuição multinomial em cada bloco α .

2.6.6 Stacks de CRBMs

Para fazer um aprendizado local e hierárquico de características (NOROUZI M, 2009) desenvolveu um modelo onde diversas CRBMs são “empilhadas” e treinadas de modo ganancioso semelhantemente à *Deep Belief Networks* (ver Seção 2.3.4). Porém, o modelo de CRBMs utilizado por (NOROUZI M, 2009) possui uma diferença do modelo apresentado por (LEE et al., 2009), no modelo de Norouzi a sub amostragem de uma CRBM é feita de forma determinística, utilizando *Max-Pooling* em regiões não sobrepostas da camada oculta. A Figura 14 exemplifica uma sub amostragem utilizando *Max-Pooling*.

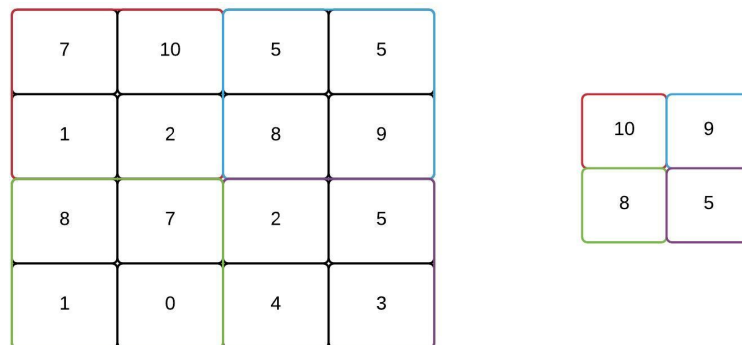


Figura 14 – Subamostragem utilizando *Max-Pooling*.

Como dito anteriormente, *stacks* de CRBMs são treinadas de forma gananciosa semelhante à *Deep Belief Networks*. Na primeira etapa de treinamento a primeira CRBM

é treinada no conjunto de imagens de treinamento, as probabilidades de ativações das unidades ocultas são calculadas e uma subamostragem em regiões não sobrepostas utilizando *max-pooling* é feita na camada de amostragem. Em seguida, a segunda CRBM é treinada tendo como dados de entrada (Camada Visível) a camada de *max-pooling* da CRBM anterior (NOROUZI M, 2009). Quando o treinamento desta última CRBM é concluído, os K grupos de camadas *max-pooling*, aprendidos pela última CRBM, são concatenados em um único *array* para servir como dados de entrada para o classificador.

2.6.7 Redes Neurais Convolucionais

A maioria dos sistemas de reconhecimento de padrões são construídos combinando algoritmos de aprendizagem automática e características extraídas a mão, contendo conhecimento prévio específico para o problema. Na tentativa de construir sistemas baseados mais em aprendizado automático e menos em heurísticas previamente adquiridas, (LECUN et al., 1998) propõem as Rede Neurais Convolucionais (*Convolutional Neural Networks*) (CNN). Esse tipo de RNA foi biologicamente inspirada por sistemas visuais de gatos e combina três ideias arquiteturais diferentes para garantir invariâncias à iluminação, orientação, escala e distorção, que são: campos receptivos locais, pesos compartilhados e subamostragem espacial ou temporal (LECUN et al., 1998). A arquitetura de uma CNN utilizada para reconhecimento de caracteres escritos a mão é apresentado na Figura 15.

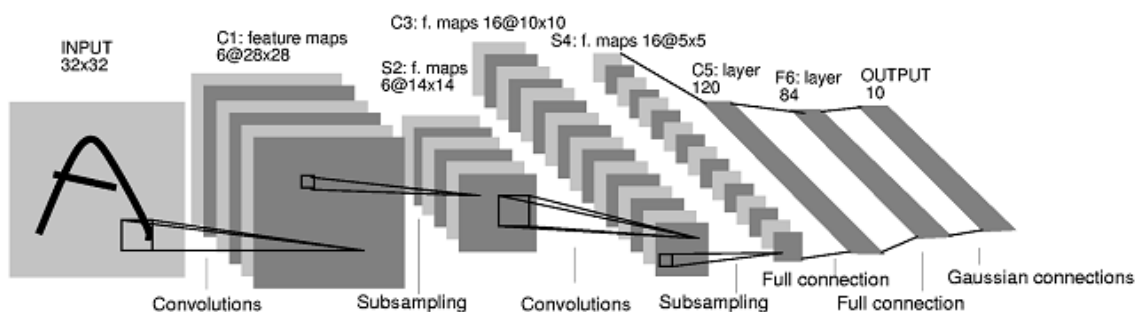


Figura 15 – Convolutional Neural Network LeNet-5 (LECUN et al., 1998).

Uma CNN é constituída basicamente de *convolutional layers* sobrepostas, essa arquitetura tem a finalidade de dar a rede um aprendizado hierárquico de características. Uma *convolutional layer* é composta de uma ou mais camadas ocultas organizadas em planos, denominados de *feature maps*. Cada *feature map* possui um peso de conexão diferente que é compartilhado por todas as suas unidades, isso faz com que essas unidades realizem a mesma operação em diferentes partes da imagem. Com isso, cada *convolutional layer* aprende múltiplas características em todos os locais da imagem. As unidades em cada *feature map* são conectadas a *campos receptivos*, uma sub região da camada anterior de tamanho pré definido, através de pesos atribuídos à *feature map* na qual a unidade pertence. A Figura 16 exemplifica o funcionamento de um campo receptivo conectado a

uma unidade em uma *feature map* (LECUN et al., 1998). O uso de campos receptores permite que a rede aprenda características locais em uma imagem.

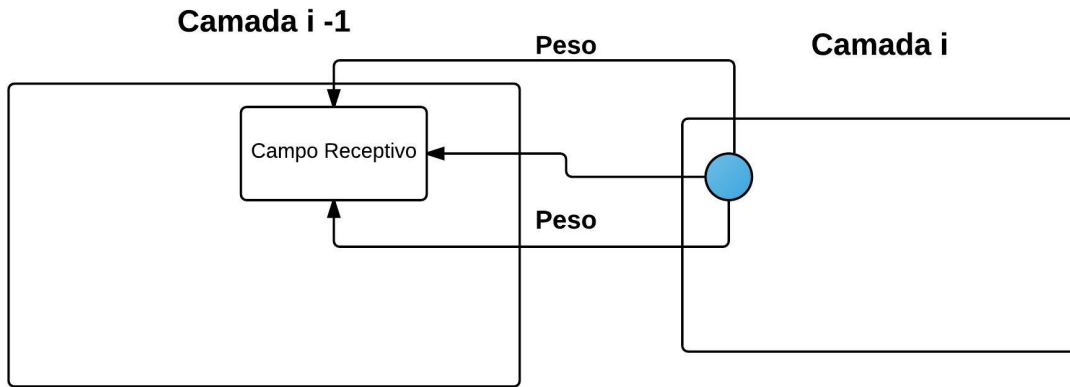


Figura 16 – Exemplo de uma unidade conectada a um campo receptivo (Inspirado em (LECUN et al., 1998)).

Como dito anteriormente, cada unidade em uma *feature map* é ligada a seu campo receptivo compartilhando o mesmo conjunto de pesos. Esse conjunto de pesos é modificado a cada *feature map* fazendo com que cada uma extraia características locais diferentes da mesma imagem.

O processamento de uma unidade em uma *feature map* é feita através da operação de convolução entre um campo receptivo de entrada e um conjunto de pesos seguido da adição de uma unidade *bias* e de uma função não linear (JURASZEK, 2014). Então a saída de uma unidade pode ser definida como mostrado na Equação 31.

$$h_{i,j}^k = \sigma((\tilde{W} * v)_{ij} + b_k) \quad (31)$$

Onde: $h_{i,j}^k$ é a unidade ativada, W^k é o peso atribuído, v é o campo receptivo, b_k é a unidade *bias* e σ é a função não linear.

Após cada unidade em uma *feature map* ter sido processada a camada de sub amostragem é ativada, nesta etapa é calculada a média ou o máximo de regiões não sobrepostas, de tamanho previamente determinado, da camada anterior. Nesta etapa a resolução e a sensividade das saídas a distorções e variâncias são reduzidas (LECUN et al., 1998). A camada de sub amostragem é composta pelo mesmo número de *feature maps* da camada anterior. Um exemplo de uma operação de sub amostragem onde a ativação máxima de uma região é extraída pode ser vista na Figura 14.

Após o término das etapas convolucionais e de sub amostragem, os *feature maps* são concatenados formando um vetor de 1 dimensão e usados como entrada para uma RNA densamente conectada usada para classificação das características aprendidas.

2.6.8 Técnica *Dropout*

Quando uma RNA de arquitetura profunda é treinada em um conjunto de dados pequeno, é natural que sua performance seja ruim no conjunto de testes (*overfitting*) (HINTON et al., 2012). Além desse fato, o tempo necessário de treinamento para RNAs com um grande número de parâmetros é extenso, dificultando o teste com outras arquiteturas.

Para tentar solucionar este problema a técnica de *Dropout* foi desenvolvida. Nesta técnica cada unidade oculta ou visível tem uma chance de ser “desligada” temporariamente durante o treinamento. Quando uma unidade é “desligada”, suas conexões de saída e chegada também são, deixando seus valores igual a 0. A chance de um desligamento ocorrer em uma unidade é definida por uma probabilidade p (HINTON et al., 2012). Um exemplo de como *Dropout* funciona é exibido na Figura 17.

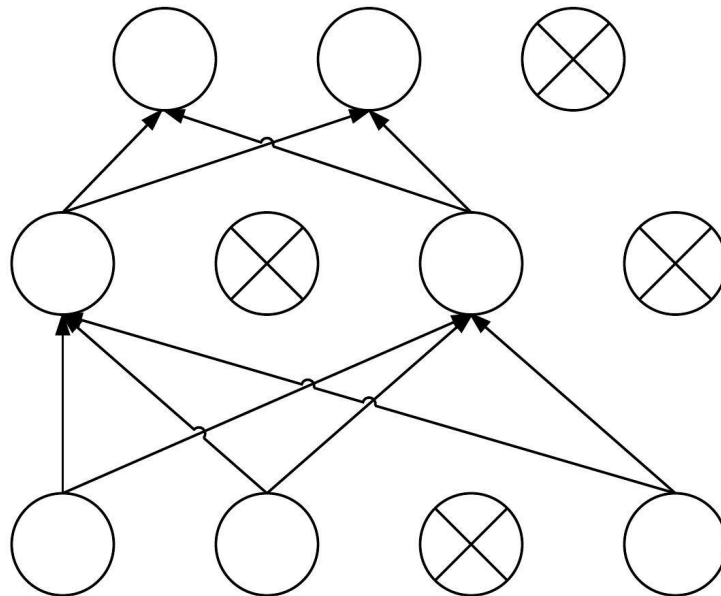


Figura 17 – Uma RNA com *Dropout* (Inspirado em (HINTON et al., 2012)).

2.6.9 *Batch Normalization*

Um dos motivos que podem dificultar o treinamento de uma rede neural profunda é a mudança na distribuição dos dados de entrada ocorrida em cada camada durante o treinamento. Essa mudança ocorre devido ao ajuste dos parâmetros que controlam a rede (IOFFE; SZEGEDY, 2015). Isso reduz a velocidade devido a exigência de taxas de aprendizado menores e inicialização de parâmetros mais cuidadosas. Para esse fenômeno é dado o nome de **mudança covariável interna**.

Uma das maneiras de evitar esse problema é fazendo a normalização dos dados em cada *mini-batch* de treino, tornando a normalização parte da arquitetura da rede (IOFFE;

SZEGEDY, 2015). Para essa técnica é dada o nome de *batch normalization*. Na primeira etapa da *batch normalization* a média do *mini-batch* é calculada através da Equação 32.

$$\mu_b = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m x_i \quad (32)$$

Em seguida a variância do *mini-batch* é calculada, através da Equação 33.

$$\sigma_b^2 = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m (x_i - \mu_b)^2 \quad (33)$$

Na etapa seguinte o *mini-batch* é normalizado, seguindo a Equação 34, e por último é feito uma escala e mudança obedecendo a Equação 35.

$$\hat{x}_i = \frac{x_i - \mu_b}{\sqrt{\sigma_b^2 + e}} \quad (34)$$

$$y_i = \gamma \hat{x}_i + \beta \quad (35)$$

Onde $b = x_1, \dots, x_m$ são os valores presentes em um *mini-batch*; γ e β são parâmetros a serem aprendidos durante o treinamento.

2.7 TECNOLOGIAS UTILIZADAS

Python (Versão 2.7) é uma linguagem de programação *open-source* criada no anos 1990 por Guido van Rossum na Holanda. É de alto nível, interpretada, orientada a objetos e funcional (BASH, 2015). *Python* se estabeleceu como uma das principais linguagens para computação científica devido a sua natureza interativa e a sua grande coleção de bibliotecas e usuários (PEDREGOSA et al., 2012).

O projeto *Scikit-Learn* começou em 2007 por David Cournapeau, é um projeto *open-source* voltado para a criação de bibliotecas estado da arte para *machine learning* e processamento de dados (PEDREGOSA et al., 2012). *Scikit-Learn* se destaca das outras por estar sob licença *Berkeley Software Distribution* (BSD) e por estar focada em programação imperativa (PEDREGOSA et al., 2012).

Scikit-Image é uma biblioteca, para *Python*, focada em processamento de imagens. Esta biblioteca conta com algoritmos e utilidades focada para pesquisa, educação e aplicações industriais (WALT et al., 2014). Foi lançada sob a licença BSD modificada e possui uma rica documentação.

Keras é uma biblioteca minimalista, altamente modular e escrita em *Python*. *Keras* foi desenvolvida voltada para a criação e prototipagem rápida de RNA dos mais variados

tipos. Seus princípios são: modularidade, minimalismo e facilidade de extensão (CHOLLET, 2014).

3 METODOLOGIA

A metodologia adotada para a criação do EIR pode ser dividida em duas etapas distintas. A primeira etapa é constituída pelo treinamento do extrator de características e do classificador utilizado. Essa etapa pode ser subdividida em 5 passos como mostrado na Figura 18. O primeiro passo da etapa de treinamento é a seleção das mamografias junto a um especialista. Nesta parte apenas imagens que se encaixam na categoria 4 do BIRADS são selecionadas. Essa categoria foi escolhida devido a dificuldade de classificação das calcificações inerentes a ela. Em seguida, a partir das imagens previamente selecionadas, as ROIs são extraídas manualmente por um especialista. No terceiro passo, o conjunto de dados é artificialmente aumentado. No quarto passo, um extrator de característica é treinado, buscando extrair características que melhorem a classificação. No quinto e último passo, as características extraídas no passo 4 são classificadas.

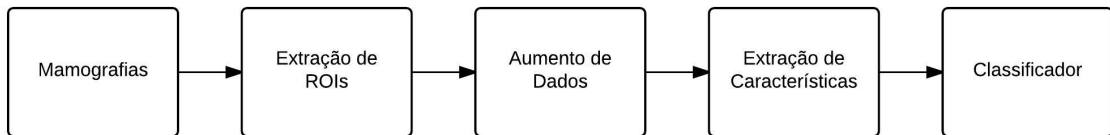


Figura 18 – Etapa de treinamento do Sistema EIR.

A segunda etapa utilizada é o EIR em si. Esta etapa é subdividida em 4 etapas, como mostrado na Figura 19. Na primeira etapa, o usuário fornece a imagem a ser analisada pelo sistema. Em seguida o subsistema *Fuzzy* extrai “pacotes” de interesse da imagem, esses pacotes são extraídos com tamanho de 200 x 200 *pixels*. Na terceira sub etapa esses pacotes são usados como entrada para o modelo, previamente treinado na etapa anterior, do extrator de características. Por último, as características extraídas são classificadas por um classificador, também previamente treinado.

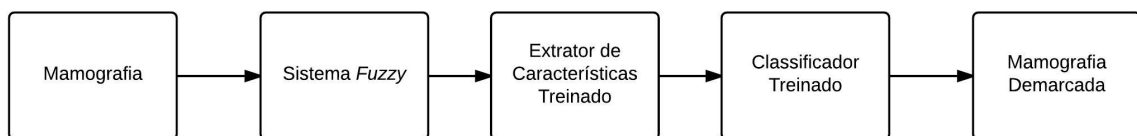


Figura 19 – Sistema EIR utilizado para demarcação das imagens.

3.1 ETAPA DE TREINAMENTO

3.1.1 Coleta de Dados

Os dados utilizados neste trabalho foram extraídos de mamografias de rastreamento no formato *Digital Imaging and Communications in Medicine* (DICOM). As imagens e os laudos mamográficos foram cedidos pela Clínica Janice Lamas Radiologia (CLJR). Os diagnósticos utilizados neste trabalho foram todos feitos através de biópsia. A amostra na primeira etapa da pesquisa foi constituída por 37 imagens em projeções Perfil, Médio Lateral Oblíqua (MLO) e *Spot* com ampliação das áreas de interesse. As imagens foram feitas no período de 2006 até 2015. A seleção das mamografias foi baseada nos critérios adotados pelas classificações BIRADS das calcificações presentes na imagem. Para este trabalho, a amostra foi constituída de mamografias de rastreamento cujas calcificações foram classificadas em categoria 4 pelo BIRADS, possuindo duas classes de classificação: Verdadeiro Positivo (VP), Falso Positivo (FP). A classificação das mamografias nas duas classes foram feitas através de biópsia.

Destas 37 imagens foram extraídas 85 regiões de interesse (*Regions of Interest*) (ROIs) com tamanho de 200 x 200 *pixels*. Esse tamanho de imagem foi escolhido para demonstrar a habilidade do modelo de lidar com imagens em tamanho real. Destas 85 ROIs, 34 foram diagnosticadas, através de biópsia, como FP e 51 como VP. A Figura 20 exemplifica uma ROI extraída.

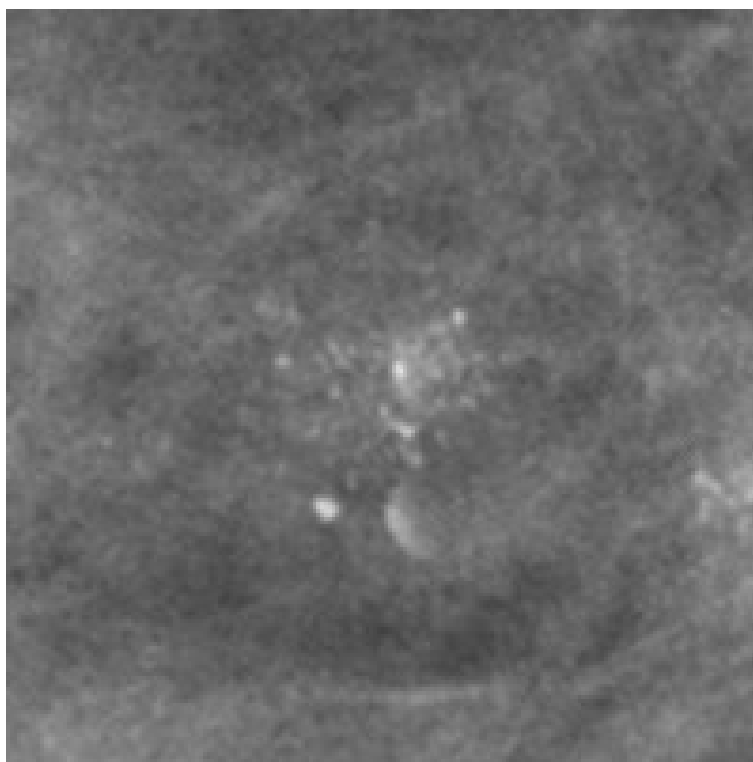


Figura 20 – Uma ROI extraída de uma mamografia.

Antes de a imagem ser processada pelo EIR ela é convertida do formato DICOM para o *Portable Gray Map* (PGM). Uma imagem em PGM representa uma imagem em tons de cinza. Esse formato foi escolhido pois a conversão de DICOM para PGM é feita sem perdas de qualidade e devido a sua facilidade de manipulação em programas. A conversão da imagem também é importante para preservar a identidade das pacientes, pois dados pessoais vêm inclusos no formato DICOM. A mudança de formato elimina todos esses dados.

3.1.2 Aumento dos Dados

Para aumentar o desempenho do modelo, na etapa de treinamento, e evitar um possível *overfitting*, o conjunto de dados foi artificialmente aumentado. Esse aumento foi feito utilizando transformações afins (SIMARD; STEINKRAUS; PLATT, 2003). As transformações utilizadas são listadas a seguir:

- Rotação;
- Redimensionamento;

Com isso, o conjunto de dados de ROIs foi aumentado para 255 imagens. Um exemplo das transformações afins aplicadas na imagem é exibida na Figura 21.

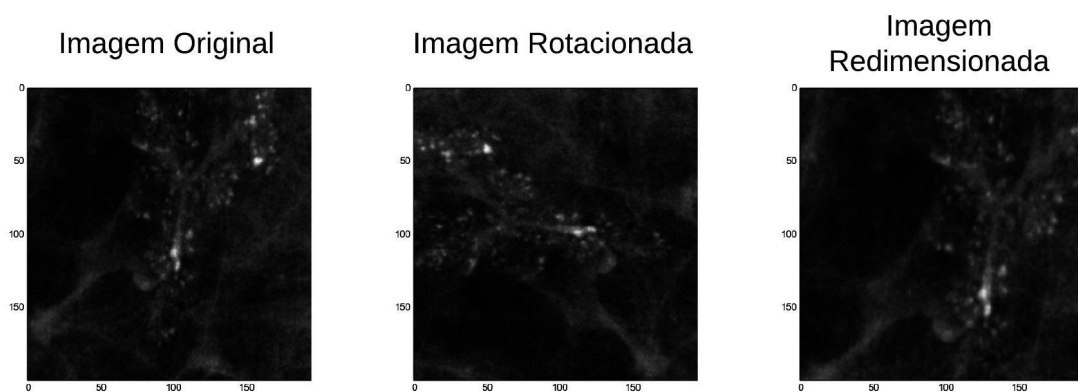


Figura 21 – Uma ROI extraída de uma mamografia.

Para realizar esta tarefa, foi utilizada a biblioteca em *Python 2.7* chamada *Scikit-Image*. Essa biblioteca foi escolhida por sua facilidade de implementação, velocidade de processamento e por possuir código aberto.

3.1.3 Extração de Características com *Stack* de CRBMs

Na tentativa de melhorar o poder de classificação do sistema EIR, uma *stack* de CRBMs é utilizada para extração de características hierárquicas de forma não supervisionada. O

uso deste método é necessário para uma melhor solução do problema devido a grande dimensionalidade e a reduzida quantidade de imagens disponíveis para treino.

Neste trabalho, a arquitetura da *stack* é constituída de duas camadas de CRBMs conectadas. A Figura 22 exemplifica a arquitetura utilizada.

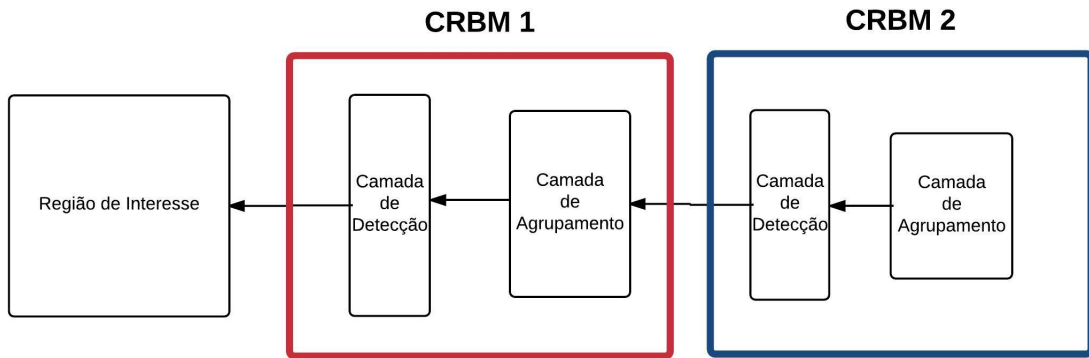


Figura 22 – Arquitetura da *stack* de CRBMs utilizada neste trabalho.

Foram realizados diversos testes, com diferentes configurações de *stacks*. No primeiro deles, a camada de detecção da CRBM 1 foi treinada com 15 grupos de filtros com tamanho 10×10 *pixels* com uma sobreposição de 5 *pixels* por filtro. Um exemplo de como os filtros funcionam na imagem é exibido na Figura 23. A camada de detecção da CRBM 2 foi igualmente treinada com 15 grupos de filtros, porém com tamanho de 8×8 *pixels*. A camada de agrupamento em ambas as redes foi feita com uma taxa de 2×2 em regiões não sobrepostas das camadas de detecção.

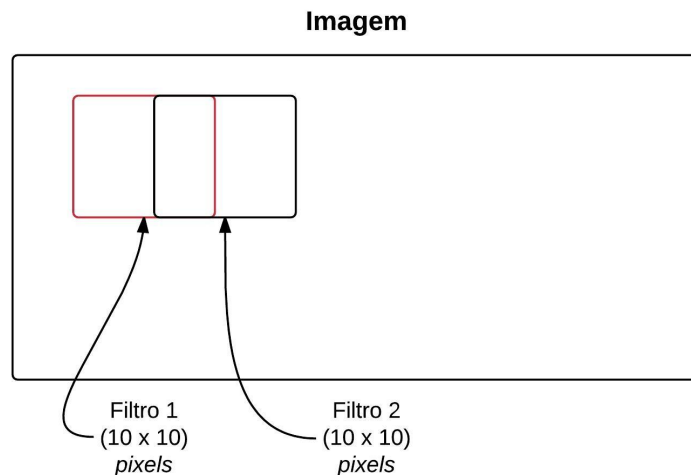


Figura 23 – Exemplo de como os filtros são aplicados na ROI.

No segundo teste, a *stack* foi treinada com 10 grupos. A camada de detecção da CRBM 1 foi treinada com filtros de tamanho 10×10 *pixels* com sobreposição de 5 *pixels* por filtro. A camada de detecção da CRBM 2 foi treinada com 10 grupos de filtros com tamanho de 8×8 . Ambas as camadas foram agrupadas com regiões não sobrepostas de tamanho 2×2 . No terceiro teste, a *stack* foi treinada com 20 grupos e utilizando as mesmas configurações de filtros do teste anterior.

As *stacks* utilizadas foram treinadas com todo o conjunto de dados disponível. Após o treinamento das *stacks*, em cada teste, os grupos da camada de agrupamento em cada CRBM 2 foram concatenadas em um vetor de uma dimensão e usadas como entrada para um classificador.

Para realizar o treinamento dos modelos classificadores, as características extraídas das ROIs foram padronizadas para adquirirem propriedades de uma distribuição normal padrão com $\mu = 0$ e $\sigma = 1$. Onde μ é a média e σ é o desvio padrão de cada ponto no conjunto de dados.

3.1.4 Classificação de Características com SVM

Para a classificação das características extraídas na etapa anterior, este trabalho faz o uso de uma SVM com um *kernel* RBF (SVM-RBF). Este modelo de *kernel* foi escolhido

devido a sua capacidade de performar com dados de natureza não linear. No treinamento da SVM, o conjunto de saídas da *stack* de CRBMs é dividido em conjunto de treino e conjunto de teste, aleatoriamente.

Os parâmetros da SVM-RBF foram selecionados através de uma busca exaustiva em um espaço de parâmetros. Para validar a busca de parâmetros e o treinamento do modelo, a técnica de Validação Cruzada *K-fold* foi usada. O espaço de parâmetros utilizado para a realização da busca foi $C = [1^3, 5^3, 1^4, 5^4, 1^5]$ e $\gamma = [0.0001, 0.0005, 0.001, 0.005, 0.01, 0.1]$.

Para a criação e o treinamento da SVM a linguagem *Python 2.7* e a biblioteca *Scikit-Learn* foram utilizadas.

3.1.5 Classificação de Características com MLP

Outro método utilizado na classificação de características extraídas pela *stack* de CRBMs foi uma RNA-MLP. Camadas de *Dropout* foram adicionadas à arquitetura da RNA com intuito de regularizar a RNA. Para o treinamento da MLP, o conjunto de características usado como entrada foi dividido em conjuntos de treino, validação e teste, segundo a Validação Cruzada *Holdout*. O treinamento do modelo foi feito utilizando 1000 épocas.

As RNAs-MLP foram implementadas utilizando as bibliotecas *Keras* e *Scikit-Learn*.

3.1.6 Extração e Classificação de Características com Redes Neurais Convolucionais

Na tentativa de atingir melhores resultados para o EIR e para comparação de métodos, uma CNN também foi treinada a partir do conjunto de imagens de treino disponível. Diferentes arquiteturas também foram testadas para ela. Para acelerar o processamento e regularizar a CNN camadas de *Batch Normalization* foram adicionadas a arquitetura. Neste modelo, também é utilizado a Validação Cruzada *Holdout*.

Para o treinamento da CNN se tornar viável, foi necessário o aluguel de instâncias do serviço *Amazon Web Services* (AWS). O tipo de instância selecionada foi uma *g2.2xlarge* que conta com uma *Graphics Processing Unit* (GPU) NVIDIA de alto desempenho, com 1.536 núcleos *CUDA* e 4 GB de memória de vídeo.

A implementação da CNN foi feita utilizando as bibliotecas *Keras*, *Scikit-Learn* e NVIDIA *CUDA Deep Neural Network* (cuDNN).

3.2 ETAPA FEED FORWARD

Nesta etapa, os classificadores e extratores de características, já treinados, são testados *in the wild*, ou seja, em imagens mamográficas inteiras, sem intervenção de um especialista na demarcação de zonas de interesse.

3.2.1 Aquisição das Regiões de Interesse Utilizando Lógica *Fuzzy*

Após a conversão para PGM, a imagem em escalas de cinza é processada pelo subsistema *Fuzzy* onde ROIs são demarcadas e posteriormente extraídas.

Para a demarcação realizada nesta etapa foi desenvolvido um algoritmo utilizando lógica *fuzzy*. O funcionamento do algoritmo pode ser visualizado na Figura 24.

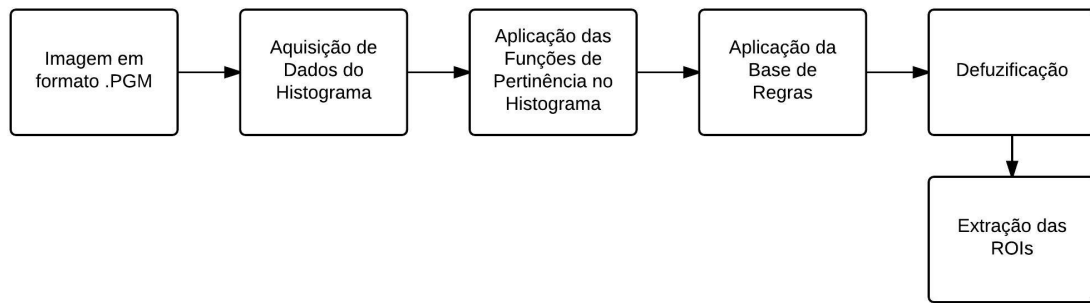


Figura 24 – Funcionamento do algoritmo *fuzzy*.

Na primeira etapa do algoritmo é realizada a aquisição do histograma da mamografia. Através dele é possível verificar a quantidade total de *pixels* presentes em cada tonalidade cinza, variando as tonalidades de 0 a 255. As funções de pertinência utilizadas foram desenvolvidas a partir de dois universos de discursos, um universo baseado nos Tons de Cinza da imagem e outro baseado na Quantidade de *Pixels* presentes na imagem.

A partir destes dois universos, funções de pertinências são desenvolvidas. O desenvolvimento destas funções, neste trabalho, foi feita de forma empírica. As funções são então aplicadas as tonalidades e quantidades de *pixels* presentes na imagem, obtendo-se assim um valor de pertinência para cada valor real presente na imagem de entrada. As funções de pertinência do universo Tons de Cinza e Quantidade de Pixels são exibidas nas imagens 25 e 26 respectivamente.

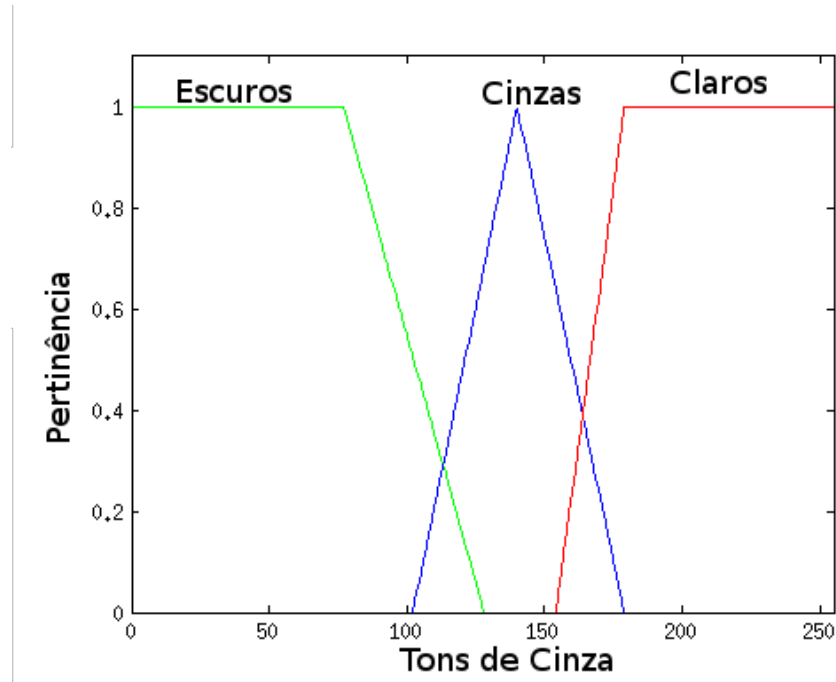


Figura 25 – Funções de pertinência do universo Tons de Cinza.

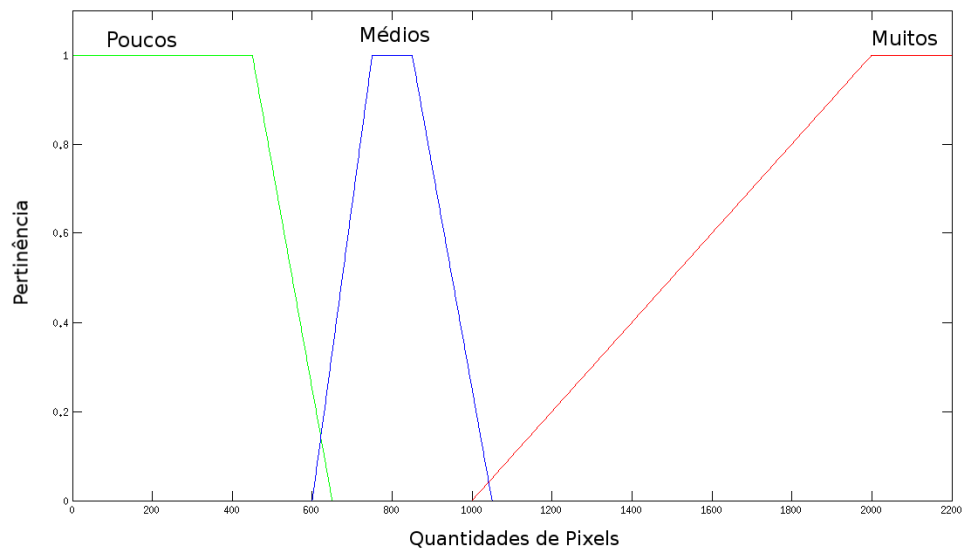


Figura 26 – Funções de pertinência do universo Quantidade de Pixels.

Para a criação da base de regras foi levado em consideração que áreas suspeitas de calcificações apresentam tonalidades acima da média, quando comparados com os tecidos que a cercam. Na aplicação da base de regras, as funções de pertinência dos universos “Tons de Cinza” e “Quantidade de *pixels*” são relacionadas. Essa relação é feita através do produto cartesiano dos dois universos de discurso. Esse produto é definido de acordo com

a Equação 36:

$$\mu(z) = \mu_x^i \cdot \mu_x^j \quad (36)$$

A base de regras desenvolvida é apresentada na Tabela 1.

Tabela 1 – Base de Regras desenvolvida.

Regras	Tons de Cinza	Quantidade de <i>Pixels</i>	Resultados
μ_1	Claro	Poucos	Positivo
μ_2	Claro	Médios	Positivo
μ_3	Claro	Muitos	Suspeito
μ_4	Cinza	Poucos	Suspeito
μ_5	Cinza	Médios	Suspeito
μ_6	Cinza	Muitos	Negativo
μ_7	Escuro	Poucos	Negativo
μ_8	Escuro	Médios	Negativo
μ_9	Escuro	Muitos	Negativo

Onde μ_x^i representa o conjunto dos tons de cinza e μ_x^j representa o conjunto quantidade de *pixels*. O relacionamento dos dois conjuntos gerou nove tipos de regras diferentes com três saídas possíveis para cada uma delas. As saídas foram nomeadas como *Positivo*, *Suspeito* e *Negativo*. Onde saídas do tipo positivo representam regiões com calcificações, saídas do tipo suspeito representam regiões com suspeição em relação à calcificações e negativo representa regiões com certeza de não aparecimento de calcificações. Para cada saída possível foram atribuídos valores escolhidos de forma empírica. A Tabela 2 exhibe esses valores.

Tabela 2 – Funções de Pertinência de Tons de Cinza

Saídas Possíveis	Valores
Positivo	1
Suspeito	0,5
Negativo	0

Para a realização da *defuzzificação* dos valores obtidos pela aplicação da base de regras foi utilizada a técnica de Centro de Média (CA). A saída da *defuzzificação* por CA é dada pela Equação 1.

Se o valor de y^{crisp} de saída do algoritmo for igual a 1, então os *pixels* presentes nas tonalidades de cinza que ativaram esta regra terão seu valor alterado para 255, demarcando assim pontos de interesse na imagem. Após essa demarcação, a imagem é binarizada. A binarização muda para 0 todos os *pixels* da imagem que possuam um valor de intensidade abaixo de um determinado limiar, como mostra a Equação 37.

$$b(x, y) = \begin{cases} 1, & \text{se } I(x, y) \geq T, \\ 0, & \text{se } I(x, y) < T \end{cases} \quad (37)$$

Onde, $I(x, y)$ é a intensidade do *pixel* e T é o limiar escolhido.

Na etapa seguinte, operações morfológicas são aplicadas nas zonas binarizadas. A primeira operação utilizada foi a dilatação, utilizando um elemento estruturante em forma de disco com um raio pré determinado. O elemento estruturante em forma de disco foi escolhido na tentativa de preservar estruturas redondas na imagem. Após a dilatação, a operação de fechamento binário é realizada. Para o fechamento, um elemento estruturante em forma de disco também foi utilizado, com um raio previamente selecionado. Essas operações são utilizadas para unir *pixels* esparsos na imagem e criar zonas de interesse maiores.

Após a definição das zonas de interesse, elas são demarcadas e cortadas da imagem. Essa área de interesse é então normalizada seguindo a Equação 38, após a normalização a ROI é armazenada em formato PGM.

$$\text{novaIntensidade} = \frac{\text{intensidade} - 0}{255 - 0} \quad (38)$$

O algoritmo foi implementado na linguagem *Python 2.7* com complementos das bibliotecas *Scipy* e *Scikit-Image*.

3.3 DELIMITAÇÃO DO ESTUDO

O sistema aqui proposto, EIR, visa o auxílio de especialistas em radiologia na identificação e classificação de calcificações mamárias suspeitas, detectadas por mamografia em mulheres sem queixas da doença. O EIR foi desenvolvido para ser dinâmico, aceitando diversos tipos de mamografia, com diferentes tamanhos sem a necessidade de interação humana para pré processamento, porém o EIR trabalha apenas com imagens que se encaixem na categoria 4 do BIRADS, a maioria de baixa ou moderada suspeita de malignidade. Para realizar esta tarefa é proposto que o EIR trabalhe de maneira semi supervisionada, diminuindo assim a necessidade de um conjunto de dados com itens rotulados e aumentando a sua generalização. Para que o treinamento da CNN seja concluído em um tempo hábil, é necessário o uso de uma *Graphics Processing Unit* (GPU).

4 RESULTADOS

4.1 CARACTERÍSTICAS EXTRAÍDAS PELA STACKS DE CRBMS

O conjunto de dados é constituído de 85 ROIs extraídas diretamente de mamogramas por um médico especialista. Com o uso de transformações afins, esse conjunto foi aumentado para um total de 255 imagens. Com esse conjunto, a *stack* de CRBMs foi treinada para extrair características relevantes.

Três modelos de *stack* de CRBMs foram treinados separadamente. O primeiro modelo é constituído de 10 Bases (grupos de filtros), o segundo treinado com 15 Bases e o terceiro com 20 Bases de filtros. Após os treinamentos, as camadas de agrupamento são utilizadas como entrada para classificadores.

Um exemplo das características aprendidas pela CRBM 1 da *stack* de 15 Bases, extraída de uma imagem do conjunto de treinamento, é exibida na Figura 27.

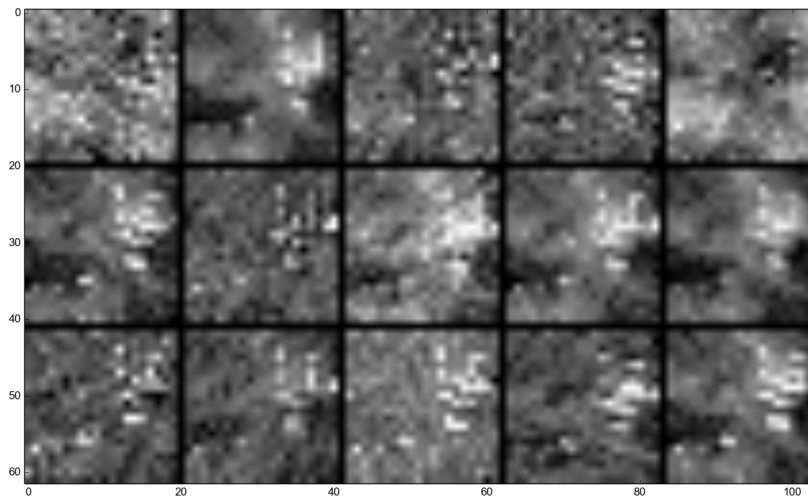


Figura 27 – Características aprendidas pela CRBM 1 de 15 Bases.

Um exemplo das características aprendidas pela CRBM 2 da *stack* de 15 Bases, extraída de uma imagem do conjunto de treinamento, é exibida na Figura 28.

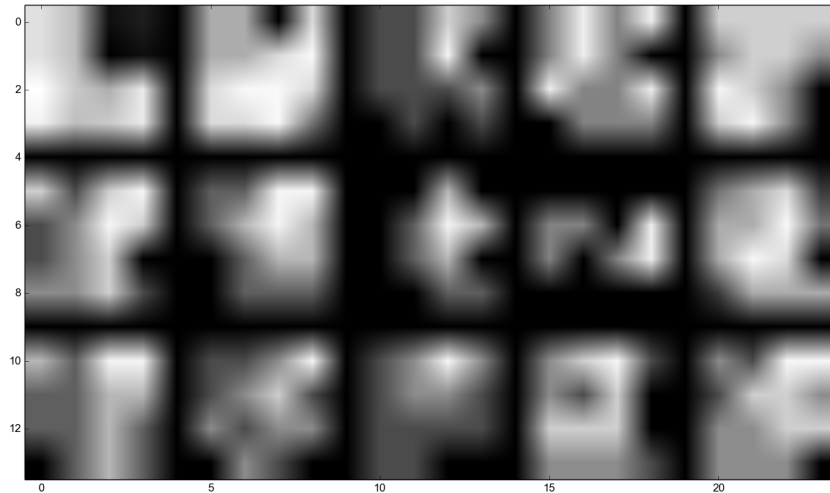


Figura 28 – Características aprendidas pela CRBM 2 de 15 Bases.

4.2 CLASSIFICAÇÃO DAS CARACTERÍSTICAS EXTRAÍDAS PELA STACKS DE CRBMS

Para classificar as características extraídas, diversos algoritmos e técnicas foram testados e comparados. Os testes foram realizados utilizando como conjuntos de dados as características extraídas pela *stack* de CRBMs. O conjunto de dados foi dividido em conjunto de treino e conjunto de testes de forma aleatória. O tamanho de cada conjunto foi variado durante os testes. A classificação das ROIs através dos classificadores utilizados tem apenas duas saídas possíveis, que são exibidas na Tabela 3.

Tabela 3 – Saídas Possíveis dos classificadores.

Saída do Classificador	Resultado	Descrição
0	Negativo	A ROI é considerada como FP para câncer de mama.
1	Positivo	A ROI é considerada VP para câncer de mama.

4.2.1 Treinamento SVM

O primeiro treinamento da SVM foi feito utilizando-se o *kernel* RBF e como dados de entrada as características extraídas pela CRBM 2 (segunda camada) da *stack* de CRBMs. Como a *stack* foi treinada com diferentes quantidades de Bases, os testes de classificação foram realizados separadamente.

O conjunto de dados foi dividido em 60% para treinamento e 40% para testes. Essa divisão foi feita de forma aleatória. Para seleção de parâmetros da rede, uma busca exaustiva foi realizada. Os parâmetros mais adequados são exibidos na Tabela 4.

Os resultados médios de classificação de cada método é exibido na Tabela 5.

Tabela 4 – Parâmetros selecionados para SVM-RBF

Método	C	γ
10 Bases(2º Camada)	100	0,001
15 Bases(2º Camada)	100	0,0005
20 Bases(2º Camada)	100	0,001

Tabela 5 – Resultados de classificação das SVMs-RBF

Método	Precisão	Sensibilidade	F1-Score	Acurácia	AUC
10 Bases(2º Camada)	0,93	0,92	0,92	0,92	0,93
15 Bases(2º Camada)	0,92	0,92	0,92	0,92	0,92
20 Bases(2º Camada)	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99

As curvas ROC de cada método são exibidos nas Figuras 29, 30 e 31.

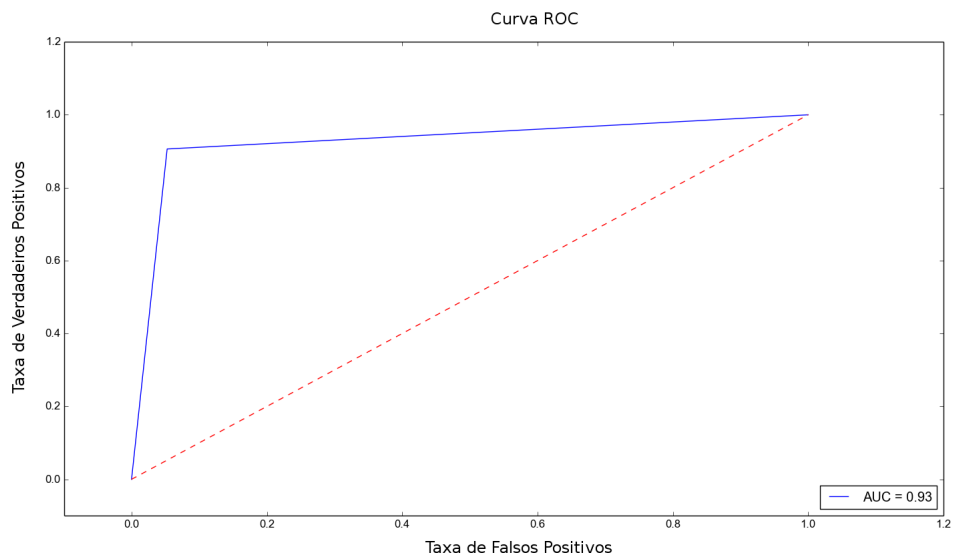


Figura 29 – Curva ROC para SVM-RBF treinada com 10 Bases de características.

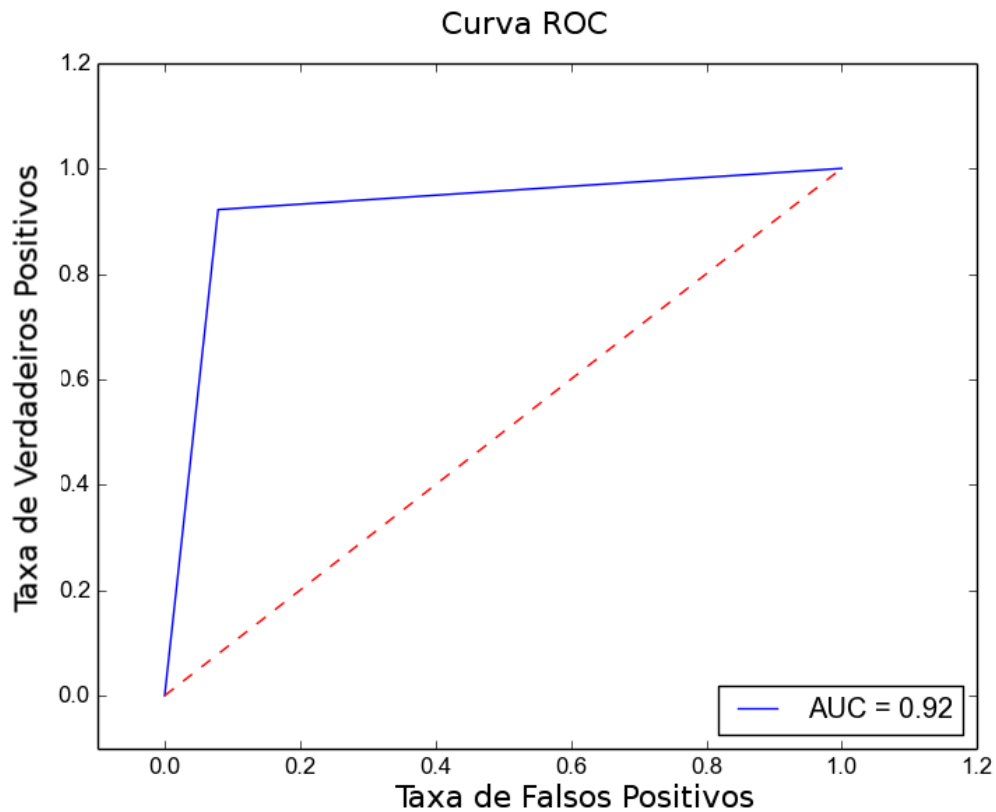


Figura 30 – Curva ROC para SVM-RBF treinada com 15 Bases de características.

As matrizes de confusão de cada classificador são exibidas nas Tabelas 6, 7 e 8.

Tabela 6 – Matriz de Confusão para SVM-RBF treinada com 10 Bases de características.

Total = 102	Predito: Negativo	Predito: Positivo
Real: Negativo	36	2
Real: Positivo	6	58

Tabela 7 – Matriz de Confusão para SVM-RBF treinada com 15 Bases de características.

Total = 102	Predito: Negativo	Predito: Positivo
Real: Negativo	35	3
Real: Positivo	5	59

Tabela 8 – Matriz de Confusão para SVM-RBF treinada com 20 Bases de características.

Total = 102	Predito: Negativo	Predito: Positivo
Real: Negativo	38	0
Real: Positivo	1	63

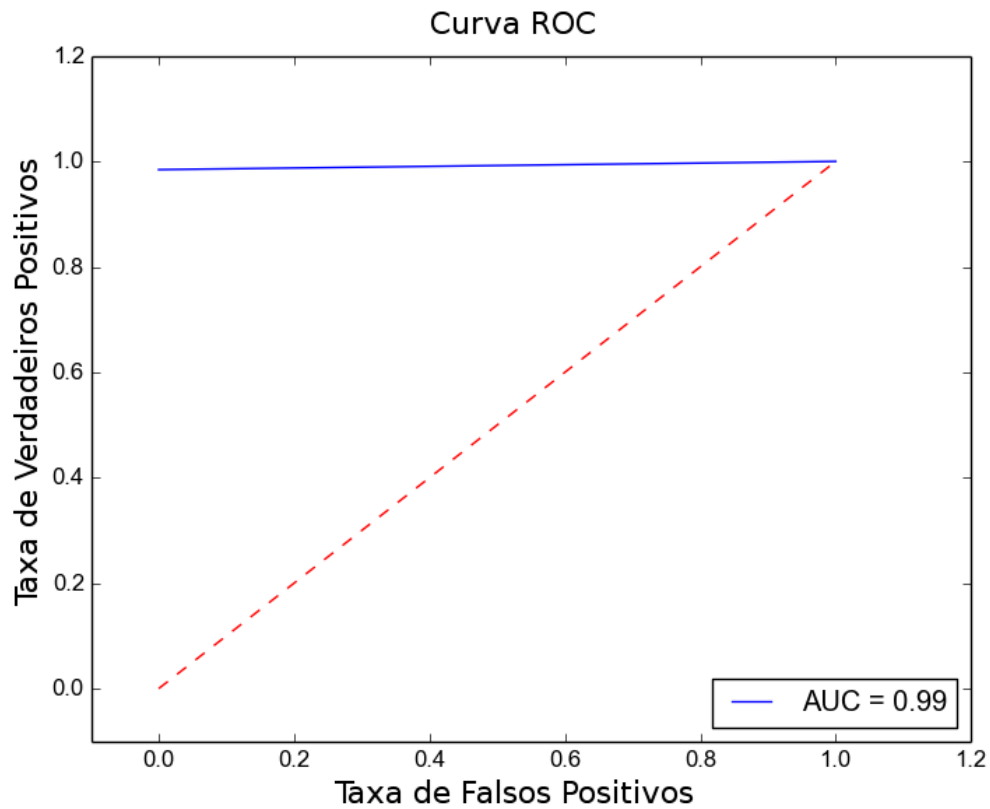


Figura 31 – Curva ROC para SVM-RBF treinada com 20 Bases de características.

Os mesmos testes de classificação foram feitos com as Bases aprendidas na CRBM 1 (primeira camada) da *stack* de CRBMs. Os conjuntos de treino e de teste foram divididos da mesma forma que no primeiro teste.

Os parâmetros selecionados de cada método são exibidos na Tabela 9.

Tabela 9 – Parâmetros selecionados para SVM-RBF

Método	C	γ
10 Bases(2º Camada)	100	0,0005
15 Bases(2º Camada)	100	0,0001
20 Bases(2º Camada)	100	0,0001

O resultado médio de classificação de cada método são exibidos na Tabela 10.

Tabela 10 – Resultados de classificação das SVMs-RBF para características de primeira camada

Método	Precisão	Sensibilidade	F1-Score	Acurácia	AUC
10 Bases(1º Camada)	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99
15 Bases(1º Camada)	0,98	0,98	0,98	0,98	0,98
20 Bases(1º Camada)	0,97	0,97	0,97	0,97	0,97

As curvas ROC de cada método são exibidos nas Figuras 32, 33 e 34.

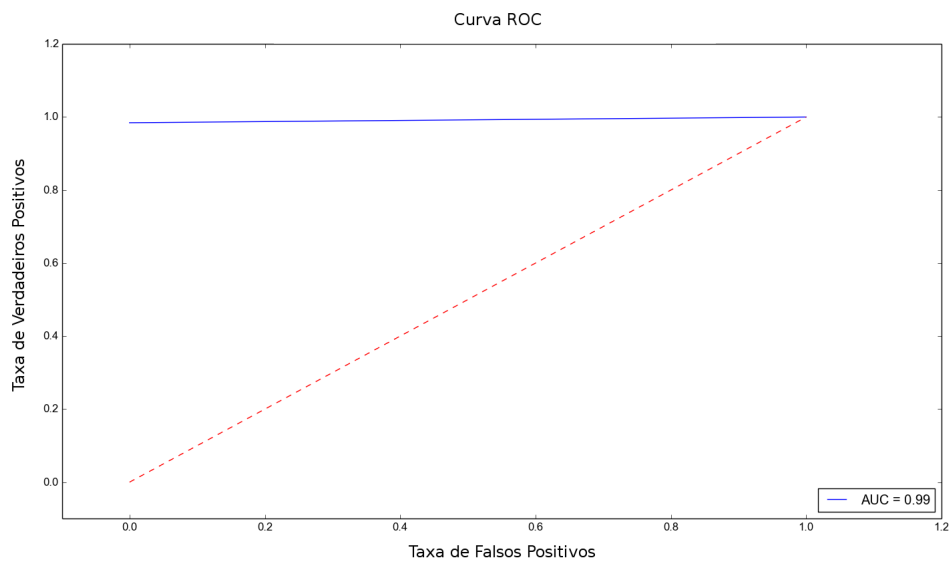


Figura 32 – Curva ROC para SVM-RBF treinada com 10 Bases de características da CRBM 1.

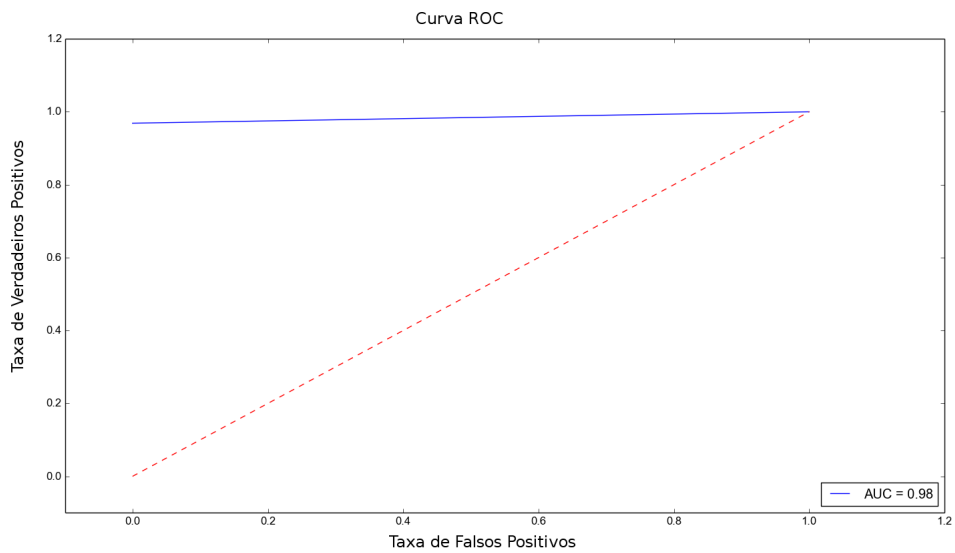


Figura 33 – Curva ROC para SVM-RBF treinada com 15 Bases de características da CRBM 1.

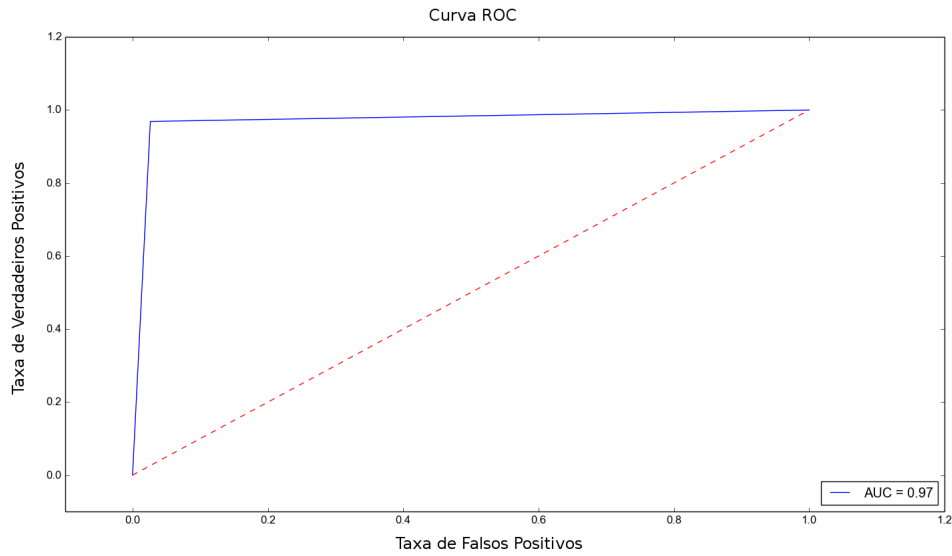


Figura 34 – Curva ROC para SVM-RBF treinada com 20 Bases de características da CRBM 1.

As matrizes de confusão de cada classificador são exibidas nas Tabelas 11, 12 e 13.

Tabela 11 – Matriz de Confusão para SVM-RBF treinada com 10 Bases de características da CRBM 1.

Total = 102	Predito: Negativo	Predito: Positivo
Real: Negativo	38	0
Real: Positivo	1	63

Tabela 12 – Matriz de Confusão para SVM-RBF treinada com 15 Bases de características da CRBM 1.

Total = 102	Predito: Negativo	Predito: Positivo
Real: Negativo	38	0
Real: Positivo	2	62

Tabela 13 – Matriz de Confusão para SVM-RBF treinada com 20 Bases de características da CRBM 1.

Total = 102	Predito: Negativo	Predito: Positivo
Real: Negativo	37	1
Real: Positivo	2	62

4.2.2 Treinamento com MLP

Para os testes com RNAs-MLP, uma validação cruzada simples foi aplicada ao conjunto de dados, onde 60% dos dados foram usados para treinamento e 40% dos dados usados para teste. Como dados de entrada as características extraídas pela CRBM 2 (segunda camada) da *stack* de CRBMs. Como a *stack* foi treinada com diferentes quantidades de Bases, os testes de classificação foram realizados separadamente.

Na busca de melhores resultados de classificação, algumas arquiteturas de MLP foram testadas. A primeira arquitetura testada é exibida na Figura 35.

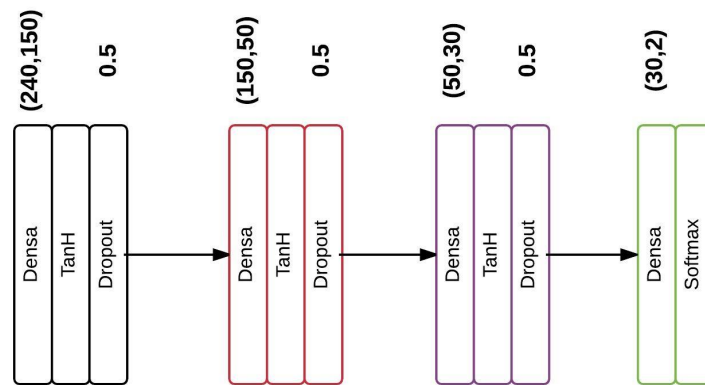


Figura 35 – Arquitetura de uma MLP testada.

Nessa arquitetura, a MLP tem 240 neurônios na camada de entrada, 150 na primeira camada *hidden*, 50 na segunda camada *hidden*, 30 na terceira camada *hidden* e 2 neurônios na camada de saída. Da camada de entrada até a terceira camada *hidden* todos os neurônios são ativados usando a função tangente hiperbólica. Essa função pode ser vista na Equação 9. A camada de saída utiliza a função *softmax*, essa função é definida na Equação 10. Para evitar o *overfitting* durante o treinamento da rede, camadas de *Dropout* com 50% de chance de desligar uma conexão foram adicionadas.

A segunda arquitetura testada é exibida na Figura 36.

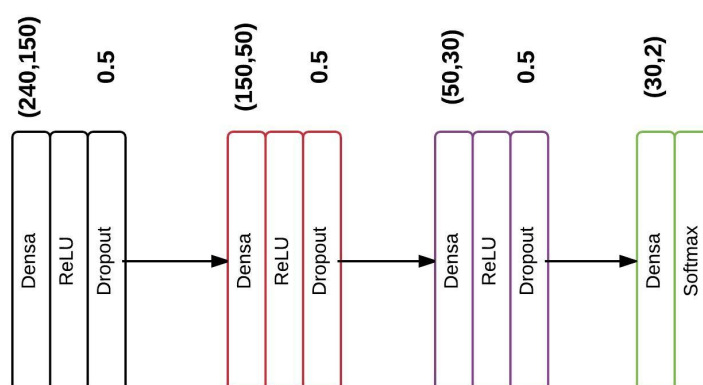


Figura 36 – Arquitetura de uma MLP testada.

Nesse modelo as únicas coisas alteradas, em relação a arquitetura anterior, foram as ativações das camadas *hidden* e de entrada. A função de ativação utilizada foi uma (ReLU), que é dada pela Equação 11.

Os resultados de classificação para ambas arquiteturas, usando 1000 épocas de treino, são exibidos na Tabelas 14, 15 e 16.

Tabela 14 – Resultados de classificação das RNAs-MLP para características extraídas

Método	Precisão	Sensibilidade	F1-Score	Acurácia	AUC
10 Bases + RNA-MLP(tanH)	0,91	0,91	0,91	0,91	0,89
10 Bases + RNA-MLP(ReLU)	0,92	0,92	0,92	0,92	0,92

Tabela 15 – Resultados de classificação das RNAs-MLP para características extraídas

Método	Precisão	Sensibilidade	F1-Score	Acurácia	AUC
15 Bases + RNA-MLP(tanH)	0,89	0,89	0,89	0,89	0,89
15 Bases + RNA-MLP(ReLU)	0,92	0,92	0,92	0,92	0,92

Tabela 16 – Resultados de classificação das RNAs-MLP para características extraídas

Método	Precisão	Sensibilidade	F1-Score	Acurácia	AUC
20 Bases + RNA-MLP(tanH)	0,96	0,96	0,96	0,96	0,96
20 Bases + RNA-MLP(ReLU)	0,97	0,97	0,97	0,97	0,97

Os gráficos com os conjuntos de validação, para 10 Bases, comparando cada método são exibidos na Figura 37 e 38.

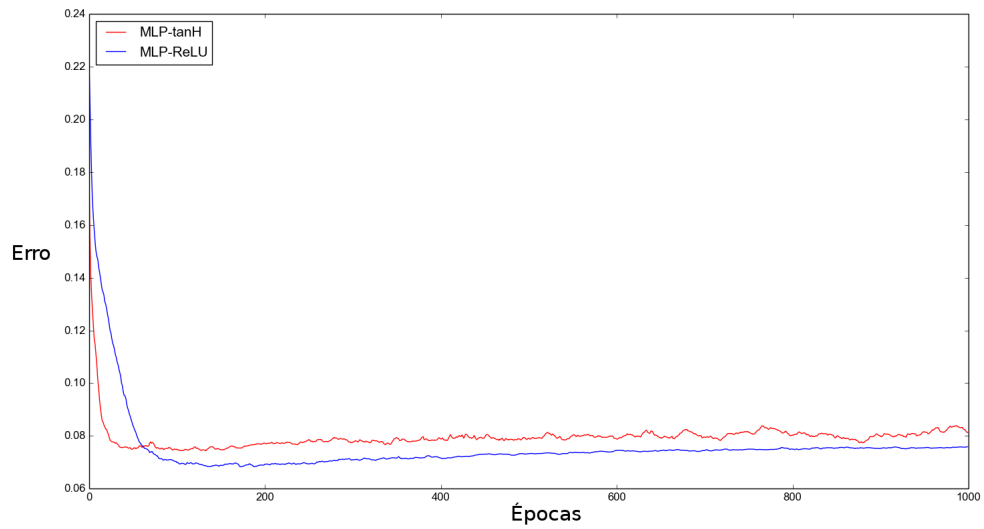


Figura 37 – Erro do modelo no conjunto de validação.

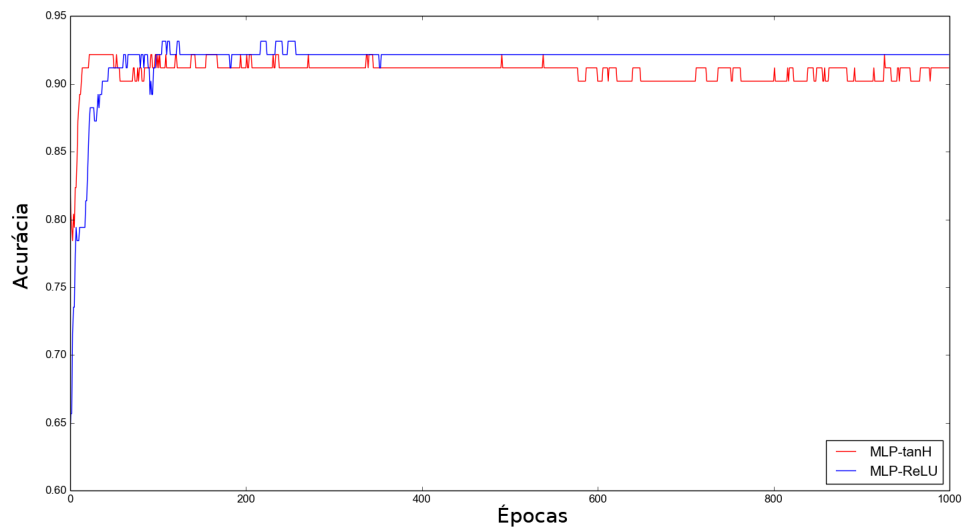


Figura 38 – Acurácia do modelo no conjunto de validação.

Os gráficos com o conjunto de testes, para 15 Bases, comparando cada método são exibidos nas Figuras 39 e 40.

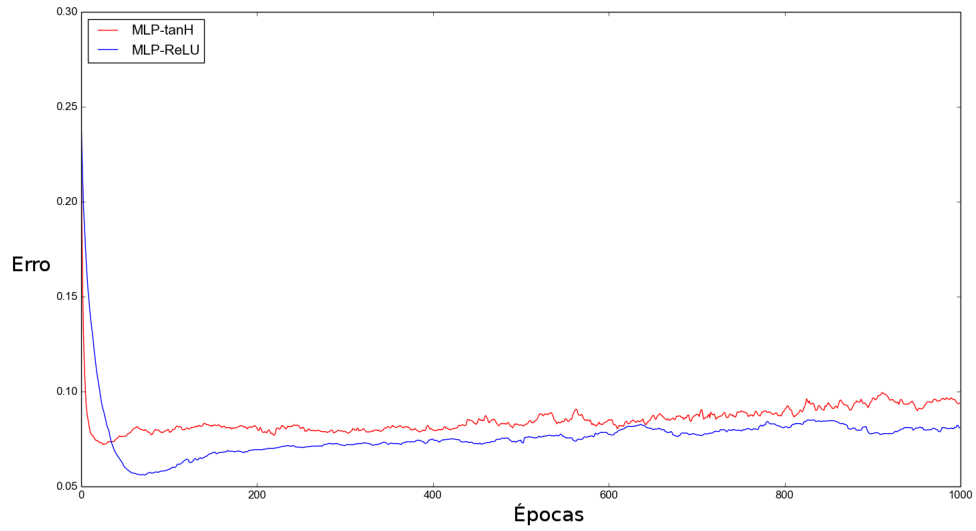


Figura 39 – Erro do modelo no conjunto de validação.

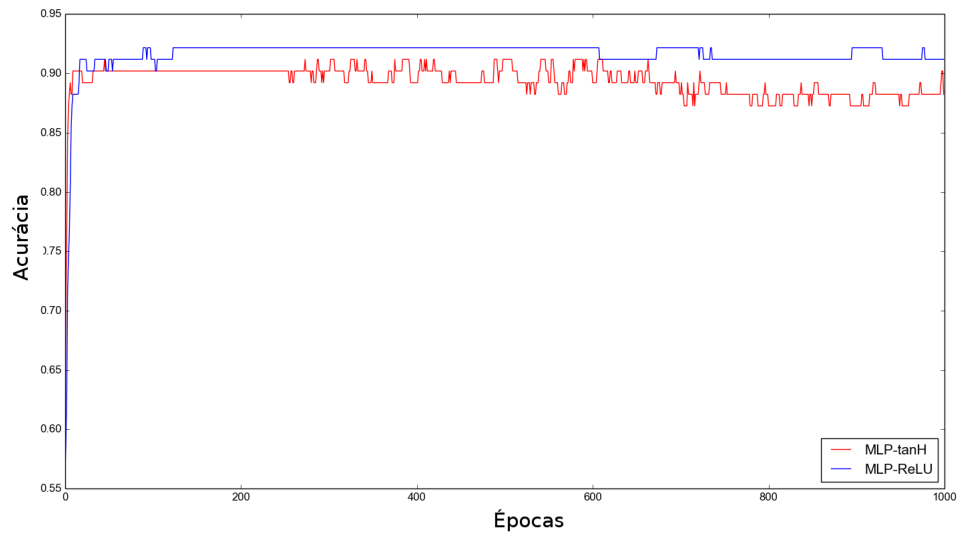


Figura 40 – Acurácia do modelo no conjunto de validação.

Os gráficos com o conjunto de testes, para 20 Bases, comparando cada método são exibidos nas Figuras 41 e 42.

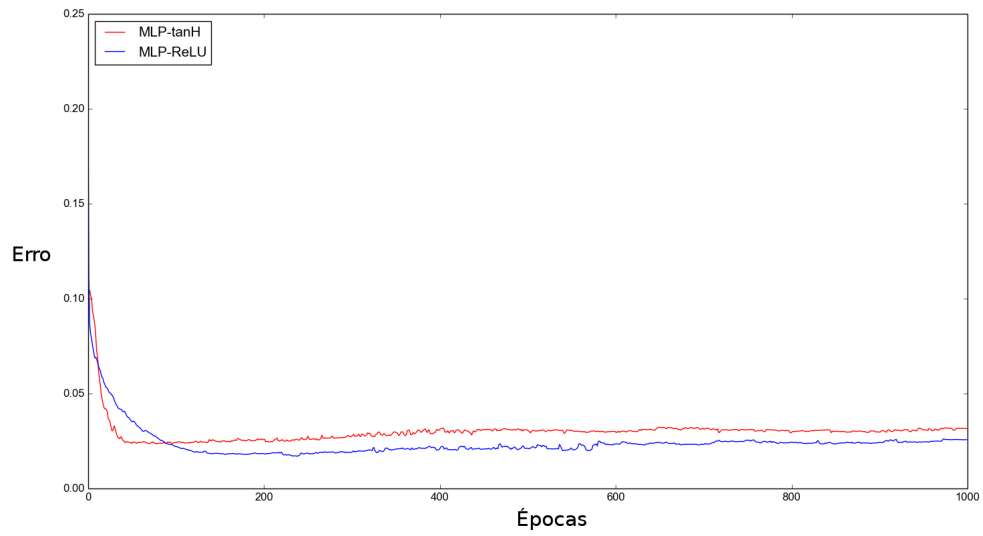


Figura 41 – Erro do modelo no conjunto de validação.

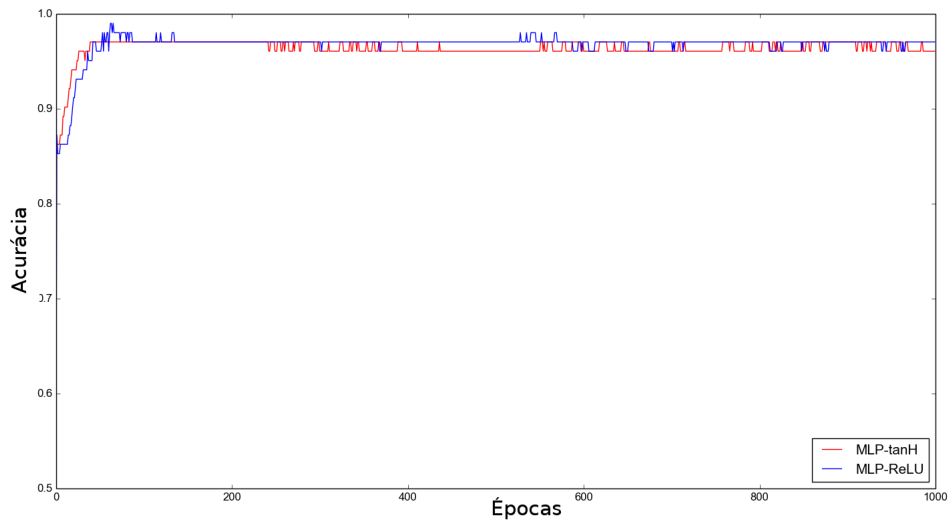


Figura 42 – Acurácia do modelo no conjunto de validação.

Os gráficos da acurácia durante o treinamento dos modelos são mostrados nas Figuras 43, 44 e 45.

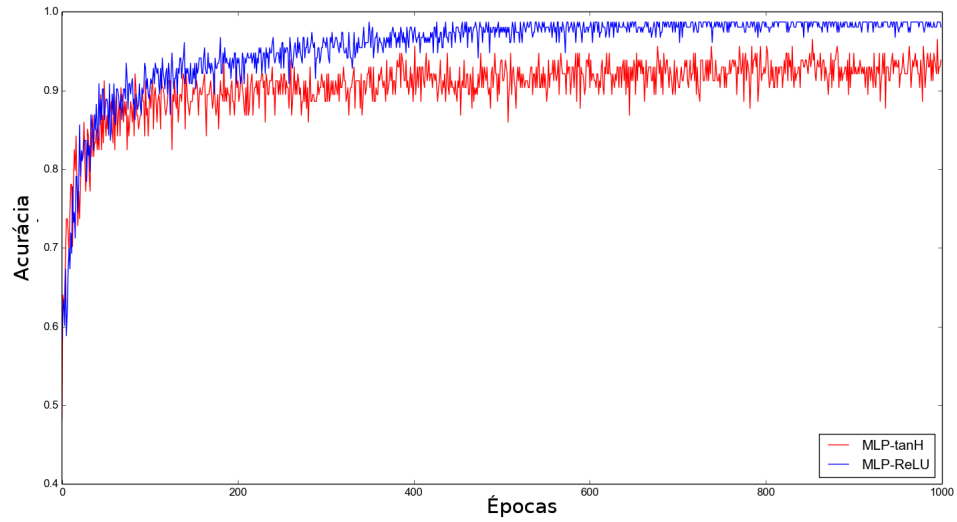


Figura 43 – Acurácia da MLP ao longo do treinamento com 10 Bases de características.

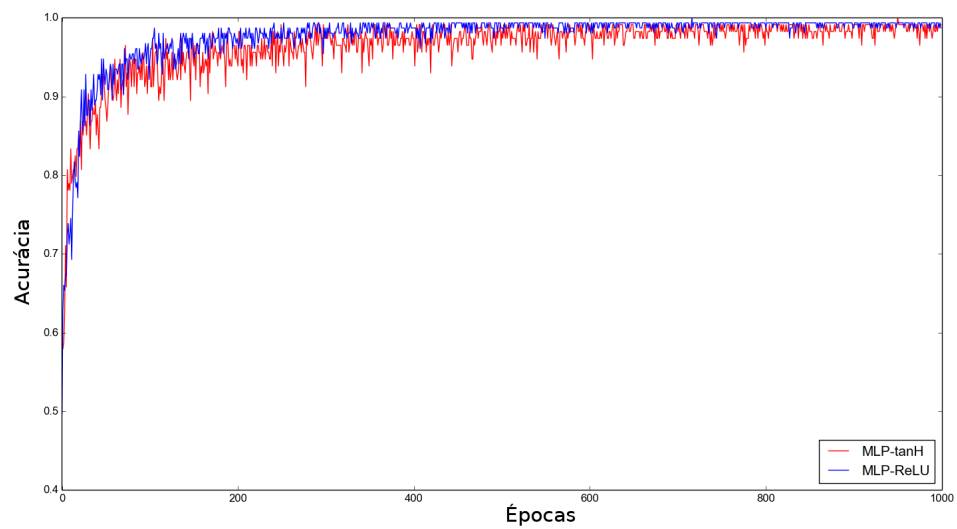


Figura 44 – Acurácia da MLP ao longo do treinamento com 15 Bases de características.

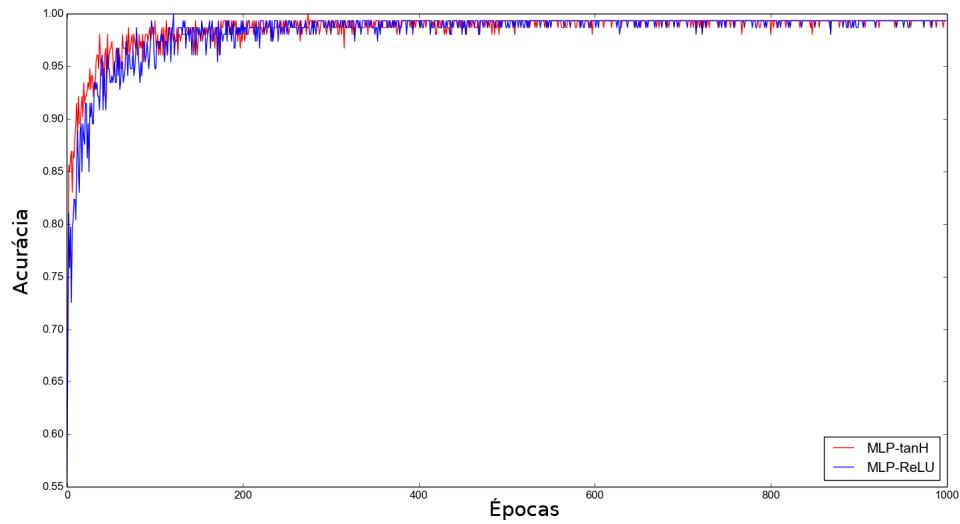


Figura 45 – Acurácia da MLP ao longo do treinamento com 20 Bases de características.

Os gráficos de erros durante o treinamento são exibidos nas Figuras 46, 47 e 48.

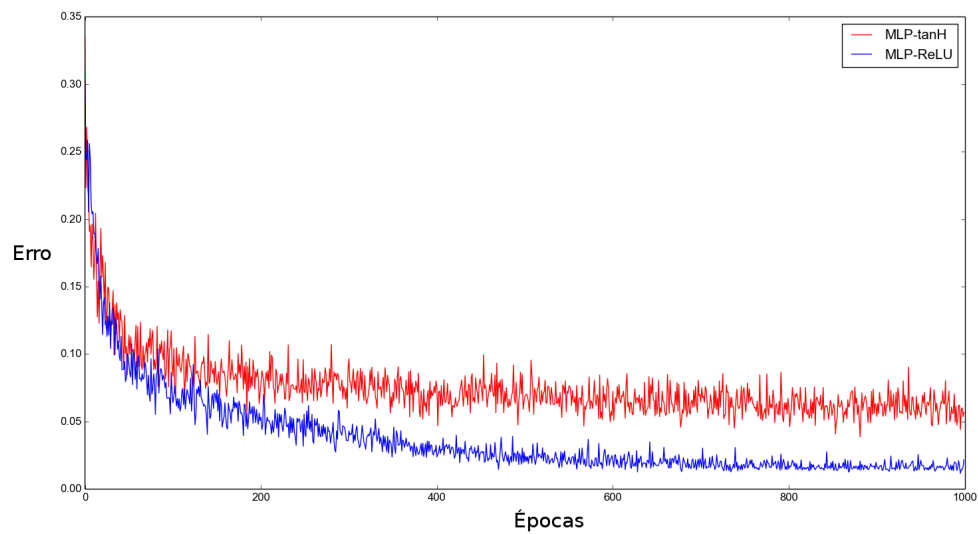


Figura 46 – Erro de saída da MLP ao longo do treinamento com 10 Bases de características.

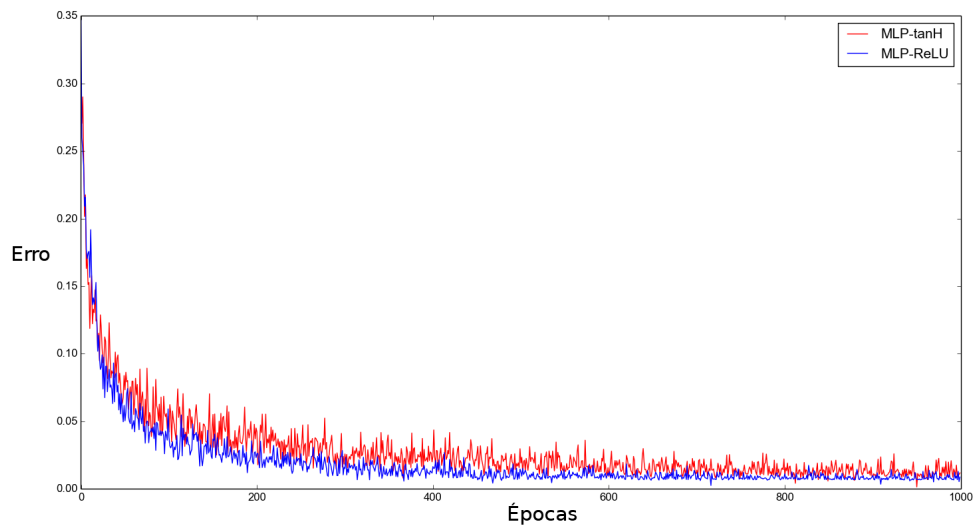


Figura 47 – Erro de saída da MLP ao longo do treinamento com 15 Bases de características.

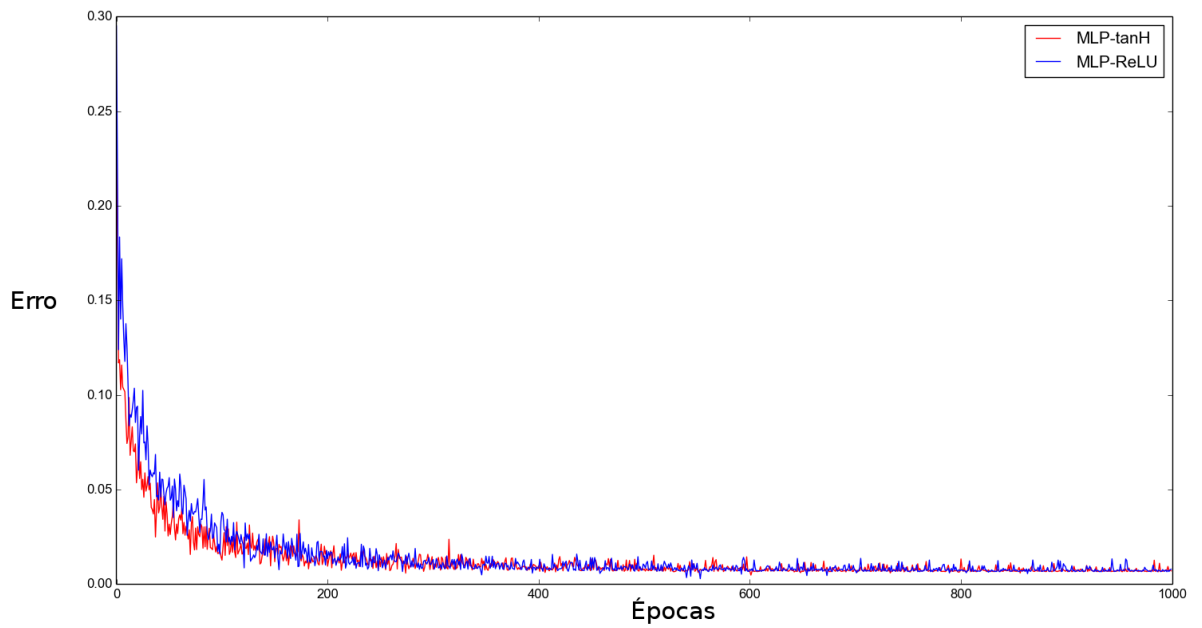


Figura 48 – Erro de saída da MLP ao longo do treinamento com 20 Bases de características.

4.3 EXTRAÇÃO E CLASSIFICAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS COM REDES CONVOLUCIONAIS NEURAIS

Para realizar o treinamento da CNN, mais 3 transformações afins foram adicionadas com o intuito de aumentar ainda mais o conjunto de dados. Essas transformações e seus parâmetros são exibidos na Tabela 17.

Tabela 17 – Transformações e Parâmetro utilizados

Método	Parâmetro
Translacao	(-40,40)
Sheared	50°
Sheared Inverso	-50°

Para realizar os testes em uma CNN, o conjunto de dados foi dividido utilizando Validação Cruzada *Holdout* com 60% sendo utilizado como conjunto de treino e 40% sendo utilizado para testes e validação. Como dados de entrada as características extraídas pela CRBM 2 (segunda camada) da *stack* de CRBMs.

Para facilitar a análise da arquitetura do modelo, ela foi dividida em duas partes. A primeira, exibida na Figura 49 é responsável pela extração de características das imagens.

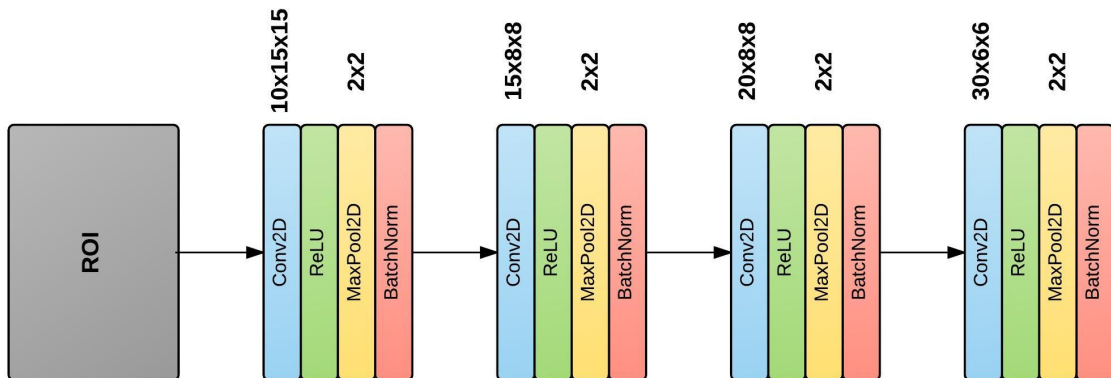


Figura 49 – Primeira parte da CNN, responsável pela extração de características das ROIs.

A primeira camada da CNN, é constituída de 10 *feature maps* com filtros de tamanho 15 x 15, ativações do tipo *ReLU*, *max-pooling* de tamanho 2 x 2 e uma normalização separada para cada *feature map* aplicada a cada *batch* de treinamento. A única diferença presente na segunda camada da CNN é o uso de 15 *feature maps* com filtros de tamanho 8x8. Na terceira camada, 20 *feature maps* são utilizados com filtros de tamanho 8 x 8 e com *dropout* igual a 50%. A quarta camada de extração de características só difere da terceira por usar 30 *feature maps* com filtros de tamanho 6 x 6.

Na segunda parte da CNN ocorre a classificação das características extraídas. Para isso, uma RNA-MLP é utilizada. A arquitetura da rede é exibida na Figura 50.

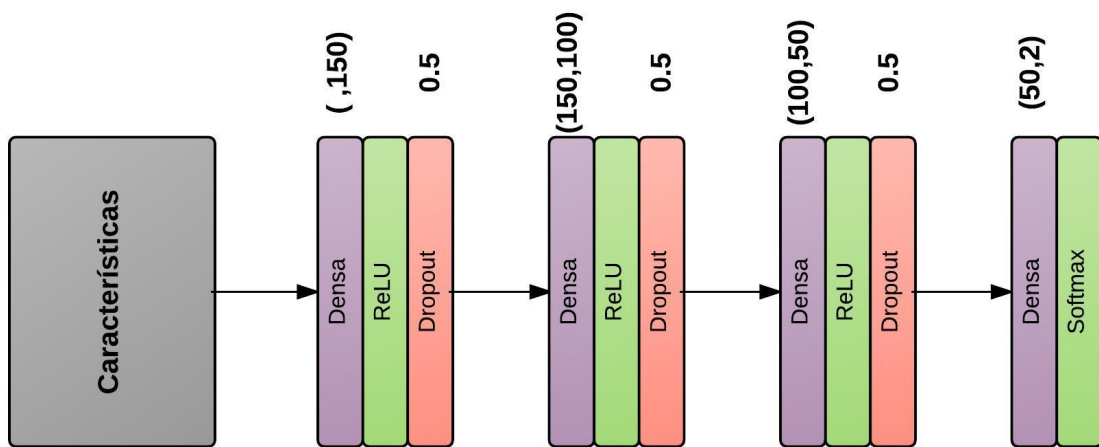


Figura 50 – Primeira parte da CNN, responsável pela extração de características das ROIs.

Os resultados de classificação para a CNN, utilizando 1000 épocas de treino, é exibido na Tabela 18.

Tabela 18 – Resultados de classificação das RNAs-MLP para características extraídas

Método	Precisão	Sensibilidade	F1-Score	Acurácia	AUC
CNN	0,78	0,76	0,76	0,76	0,77

A curva ROC para classificação com a CNN é exibida na Figura 51.

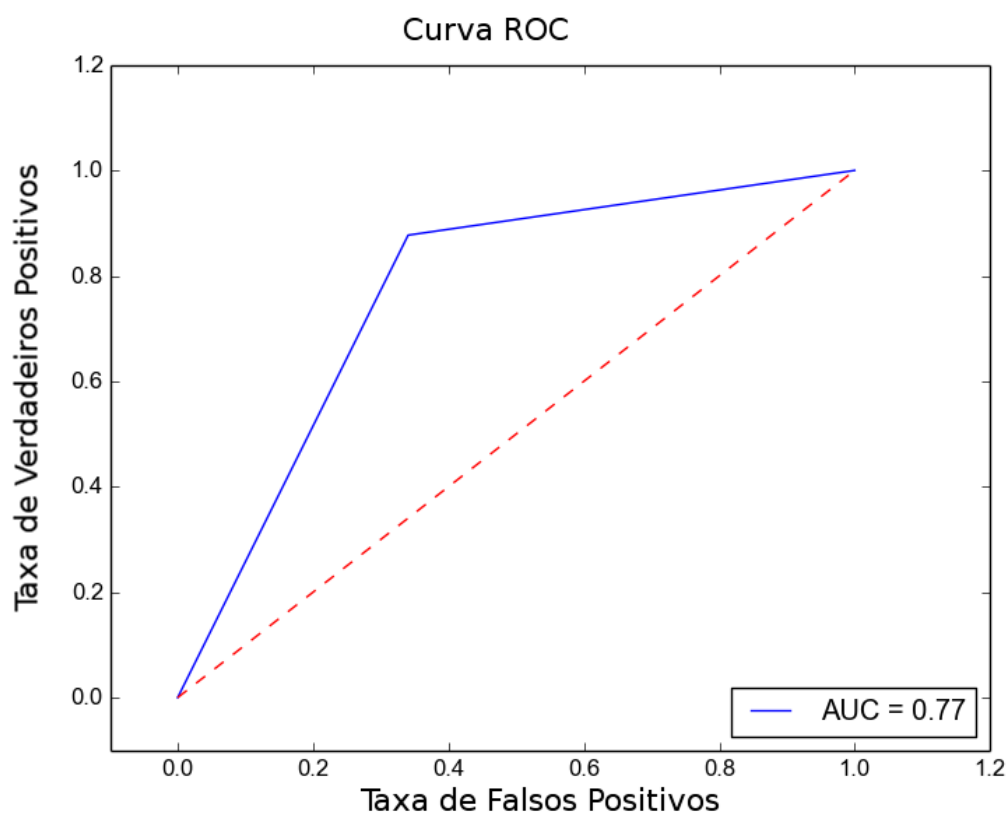


Figura 51 – Curva ROC para classificação com Rede Neural Convolutacional.

Os gráficos exibindo as acurácias e os erros do modelo ao longo do treinamento é exibido nas Figuras 52 e 53.

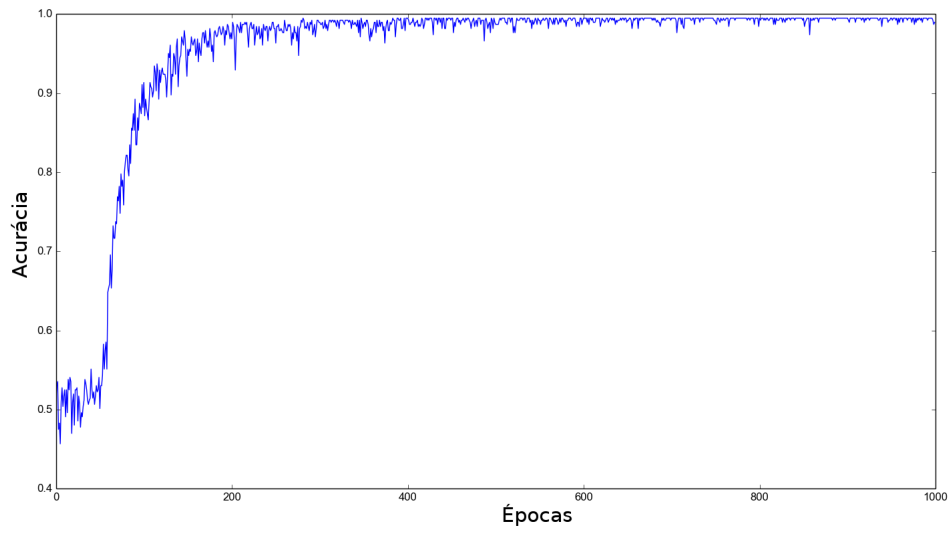


Figura 52 – Acurácia da CNN durante o treinamento.

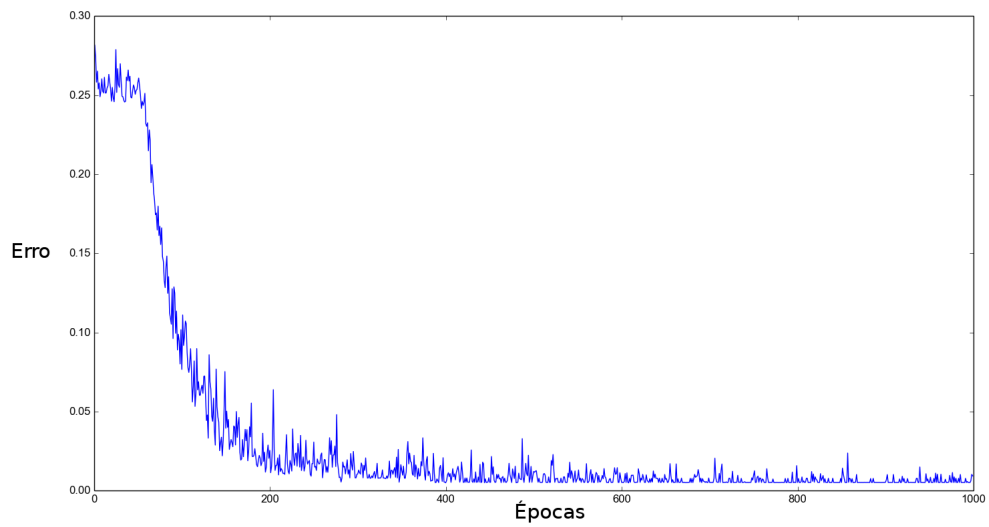


Figura 53 – Erro da CNN durante o treinamento.

A acurácia e o erro do modelo ao longo do conjunto de validação são exibidos nas Figuras 54 e 55.

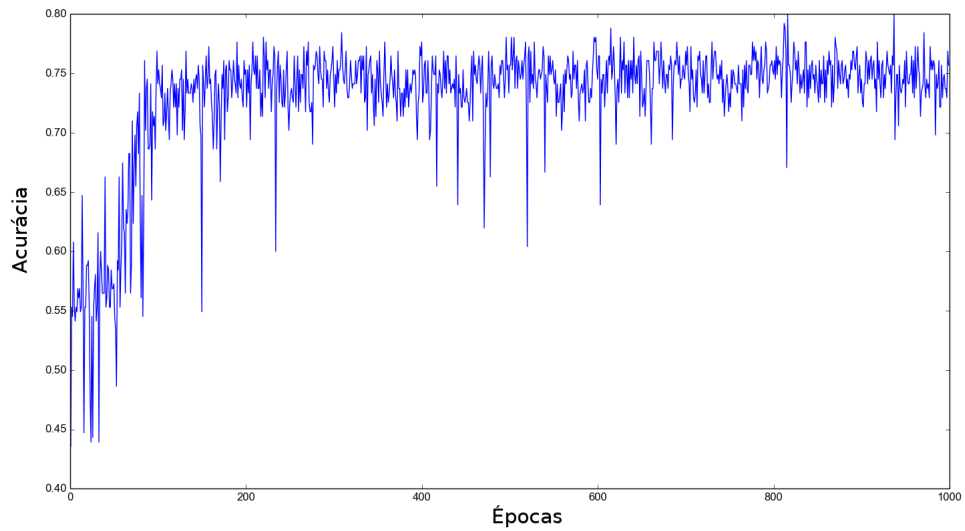


Figura 54 – Acurácia da CNN durante as épocas de validação.

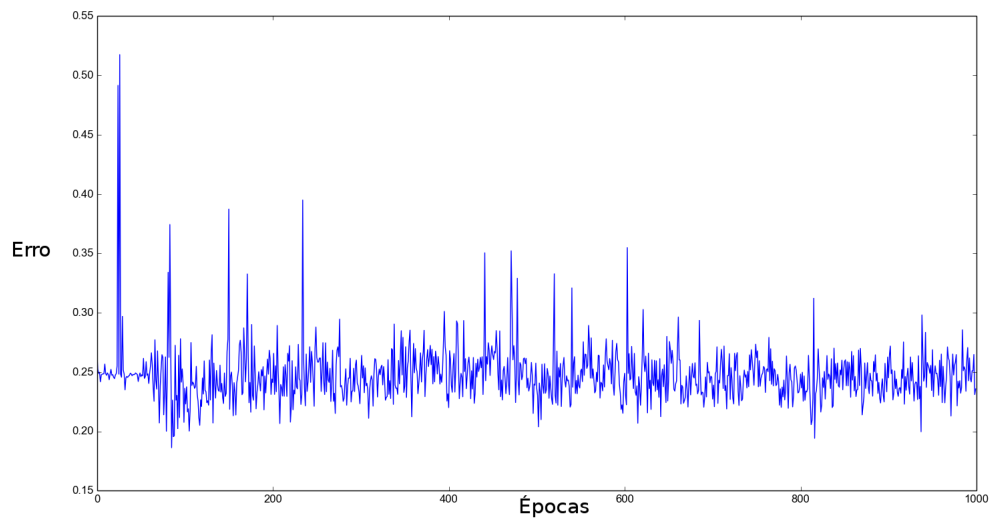


Figura 55 – Erro da CNN durante as épocas de validação.

Exemplos das características aprendidas, de uma única imagem no conjunto de dados, pelas camadas convolucionais 2, 3 e 4 da CNN, são exibidas nas Figuras 56, 57 e 58.

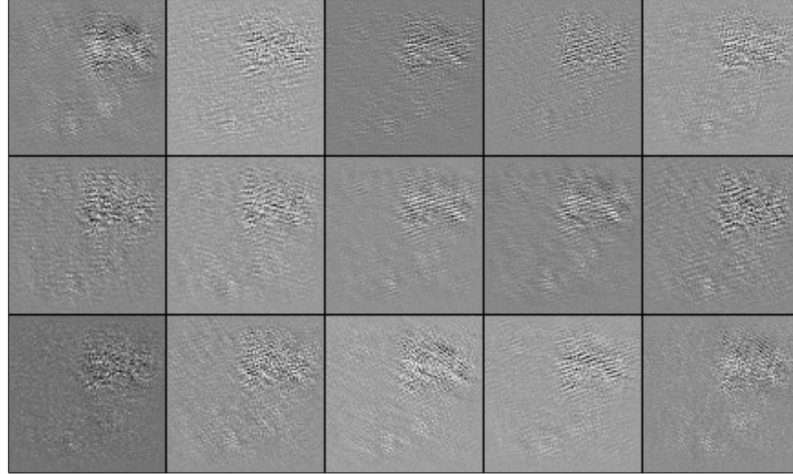


Figura 56 – Características aprendidas na segunda camada de convolução.

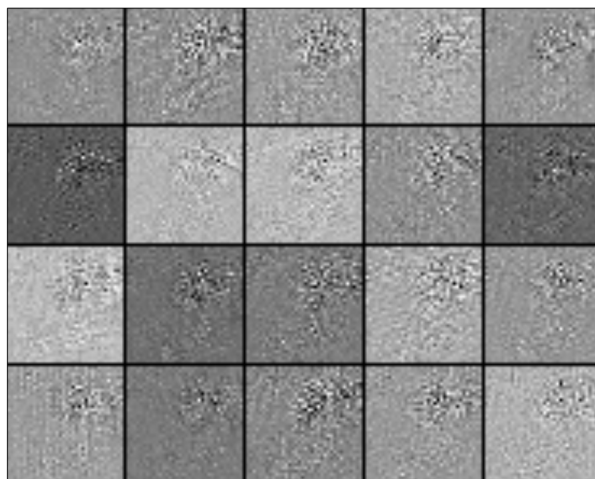


Figura 57 – Características aprendidas na terceira camada de convolução.

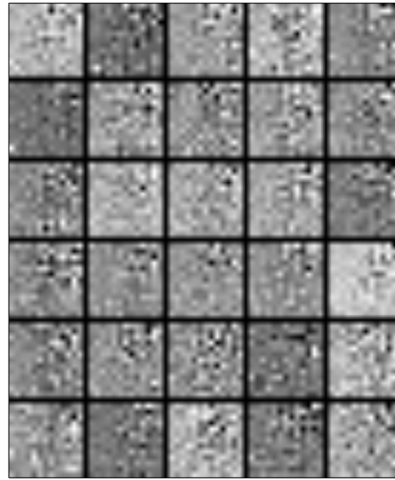


Figura 58 – Características aprendidas na quarta camada de convolução.

4.4 DEMARCAÇÃO E EXTRAÇÃO DAS ROIS DE ENTRADA

A demarcação e extração das ROIs foi realizada utilizando lógica *fuzzy*. O programa identifica as zonas de interesse relacionando valores de quantidades *pixels* em cada tonalidade de cinza da imagem, através do histograma da imagem. Uma vez que essas zonas de interesse são localizadas, elas tem sua tonalidade de cinza alterada.

Na Tabela 19 é demonstrado as funções de pertinência do universo tons de cinza.

Tabela 19 – Funções de Pertinência de Tons de Cinza

Tipo de Função	Nomenclatura	Range
Função R	Escuro	0 - 128
Triangular	Cinza	103 - 179
Função L	Claro	154 - 255

As funções do universo Tons de Cinza foram escolhidas de forma empírica, através de experimentos. A Figura 59 apresenta as funções assim obtidas.

Na Tabela 20 as funções de pertinência do universo Quantidade de *Pixels* são exibidas, as funções também foram escolhidas de forma empírica, através de experimentos realizados. Na Figura 60 as funções são exibidas.

Tabela 20 – Funções de Pertinência de Quantidades de *Pixels*

Tipo de Função	Nomenclatura	Range
Função R	Poucos	0 - 650
Trapezoidal	Médios	600 - 1050
Função L	Muitos	1000 - Número total de <i>pixels</i> na imagem

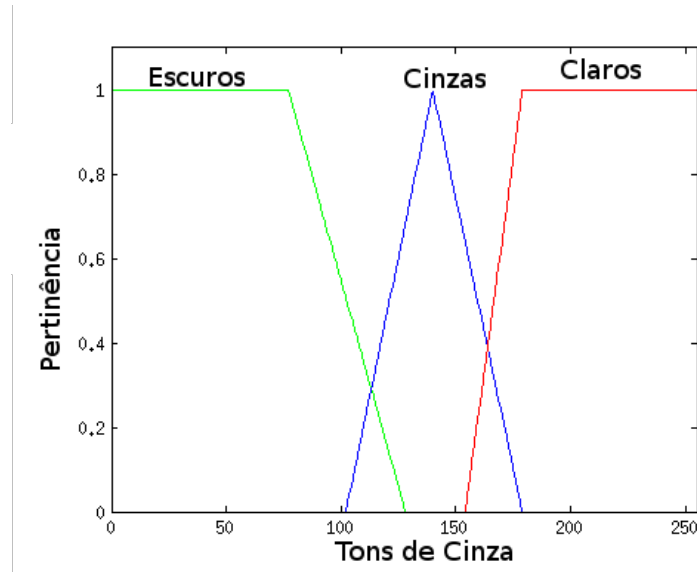


Figura 59 – Funções Pertencentes ao Universo Tons de Cinza.

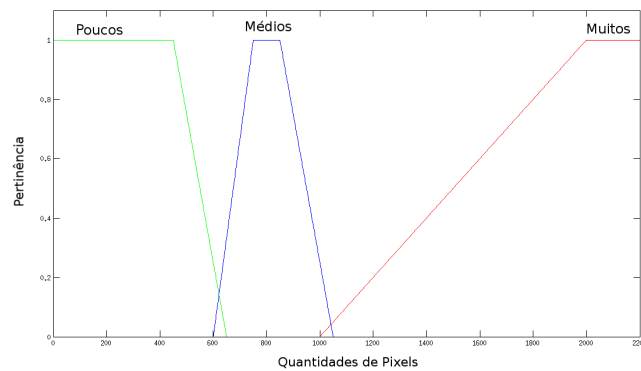


Figura 60 – Funções Pertencentes ao Universo Quantidade de *Pixels*.

Em seguida, a imagem é binarizada e *pixels* que apresentam uma tonalidade abaixo de 255 são transformados em zero e as operações morfológicas de dilatação e fechamento binário são aplicados. A Figura 61 mostra uma mamografia após a binarização e a aplicação das operações morfológicas.

Diversos valores foram testados, empiricamente, como parâmetros para os elementos estruturantes utilizados nos operadores morfológicos. Os melhores valores são exibidos na Tabela 21.

Tabela 21 – Parâmetros Utilizados nos Operadores Morfológicos

Operadores Morfológicos	Elemento Estruturante	Parâmetros
Dilatação	Disco	Raio 10
Fechamento Binário	Disco	Raio 20

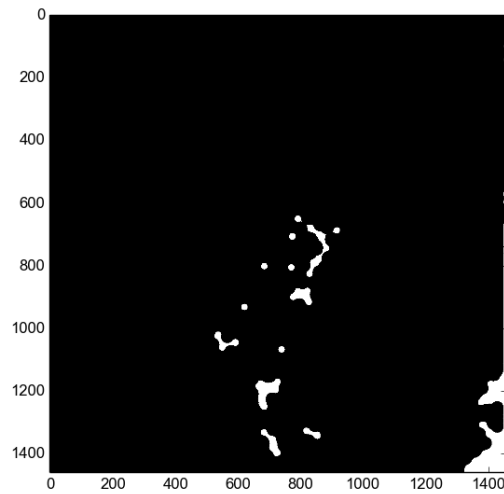


Figura 61 – Imagem binarizada após o uso de operadores morfológicos.

Com a etapa de binarização concluída, as coordenadas de todos os *pixels* conectados são adquiridos e armazenados em um *array*. A partir dessas coordenadas, partes da imagem de tamanho 200 x 200 são extraídas e também armazenados em *arrays*. A Figura 62 mostra como as zonas são demarcadas e extraídas.

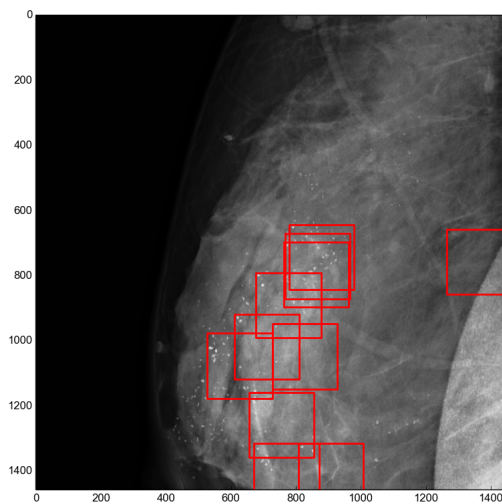


Figura 62 – Mamografias com zona de interesse demarcadas.

4.5 DEMARCAÇÕES DE ROIS FORNECIDAS PELO SISTEMA

Após a demarcação das mamografias pela lógica *fuzzy*, as ROIs são extraídas e usadas como entrada para o classificador, com melhor performance, já treinado. O classificador irá processar as ROIs, com os parâmetros previamente estabelecidos durante o treinamento,

e decidir se a ROI possui malignidade ou não. Caso possua, a mamografia é marcada novamente para o especialista apenas com as regiões confirmadas.

Um exemplo de imagem com regiões classificadas como malignas pelo EIR, treinado com *stack* de CRBMs de 15 Bases e uma SVM-RBF como classificador, é exibida na Figura 63.



Figura 63 – Mamografias com zonas consideradas malignas.

Com as marcações feitas pelo sistema EIR, uma segunda opinião é fornecida ao especialista, colaborando para um diagnóstico mais confiável.

4.5.1 Comparação Entre EIR e um Especialista

As decisões do sistema EIR foram comparadas com as de um radiologista especialista. Para este teste, 2 imagens foram escolhidas com laudos confirmados por biópsia, as imagens utilizadas não foram usadas durante o treinamento do EIR e também nunca foram vistas pela especialista. A médica especialista participante do teste, Dra. Adriana Dias de Farias Figueredo (CRM-119607), trabalha na Clínica Janice Lamas Radiologia.

Ambas as imagens escolhidas são da categoria 4 do BIRADS, uma com laudo de FP e uma com o laudo de VP. A localização das zonas de interesse das imagens foram feitas tanto pela médica quanto pelo EIR. As demarcações feitas pela médica, nas imagens com laudos de FP e VP, respectivamente, podem ser vistas nas Figuras 64 e 65 .

As zonas de interesse detectadas utilizando o sistema EIR podem ser visualizadas nas Figuras 66 e 67.



Figura 64 – Demarcação das zonas de interesse pela médica especialista da imagem com laudo FP.

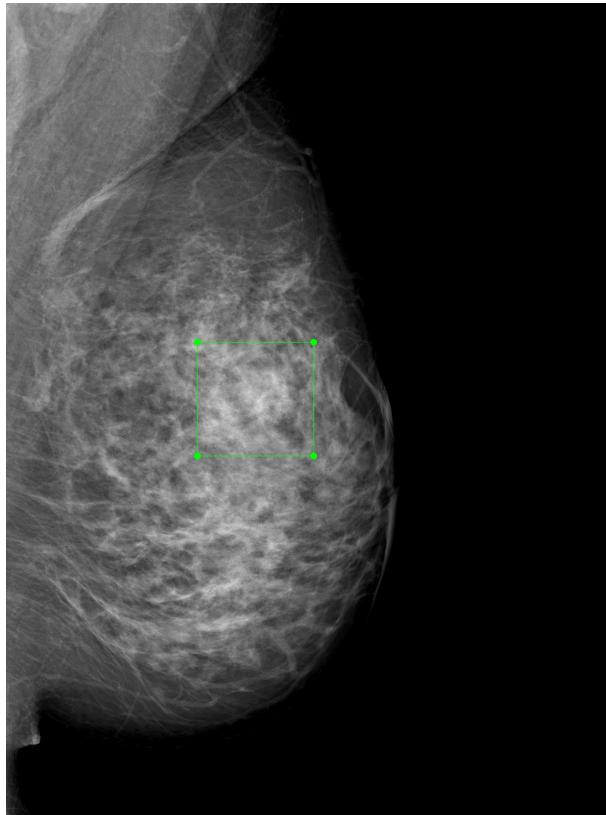


Figura 65 – Demarcação das zonas de interesse pela médica especialista da imagem com laudo VP.

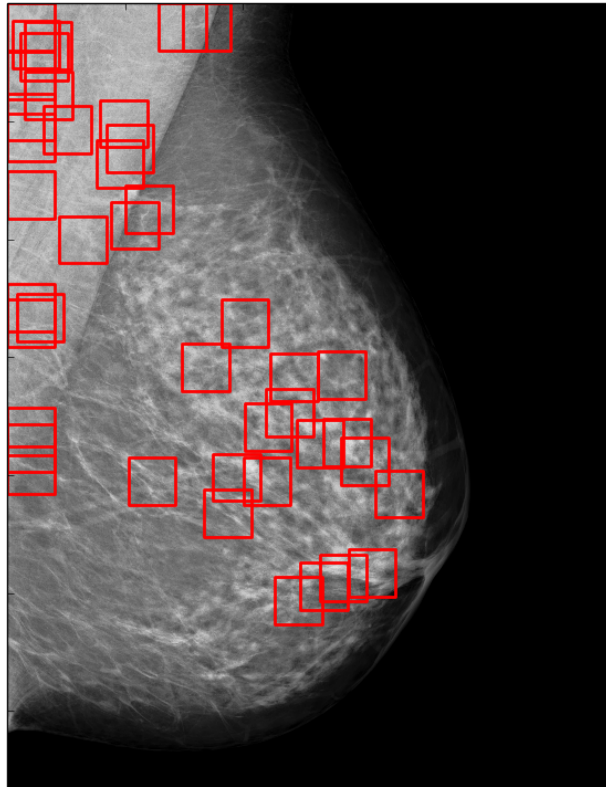


Figura 66 – Demarcação das zonas de interesse pelo sistema EIR da imagem com laudo FP.

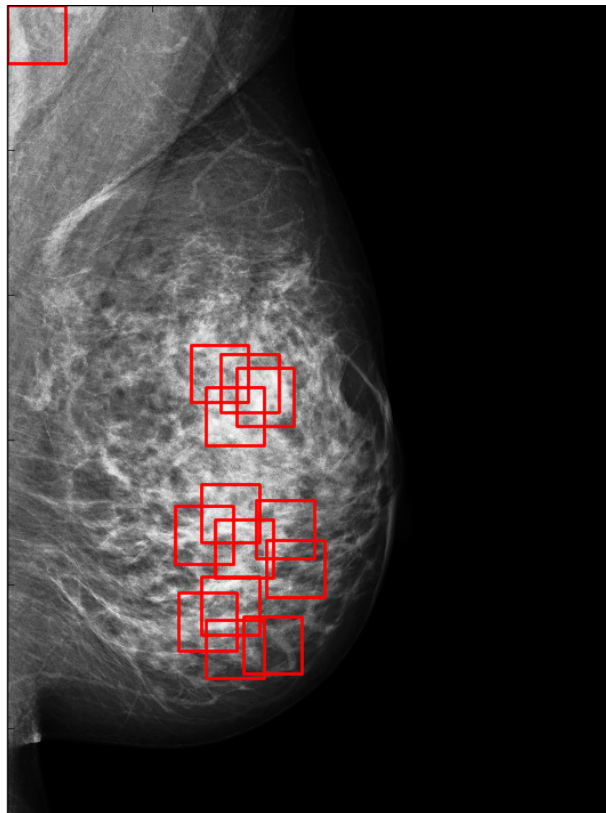


Figura 67 – Demarcação das zonas de interesse pelo sistema EIR da imagem com laudo VP.

Na etapa seguinte, o sistema EIR classificou as zonas previamente demarcadas na imagem. As áreas classificadas como positivas para câncer podem ser visualizadas nas Figuras 68 e 69.

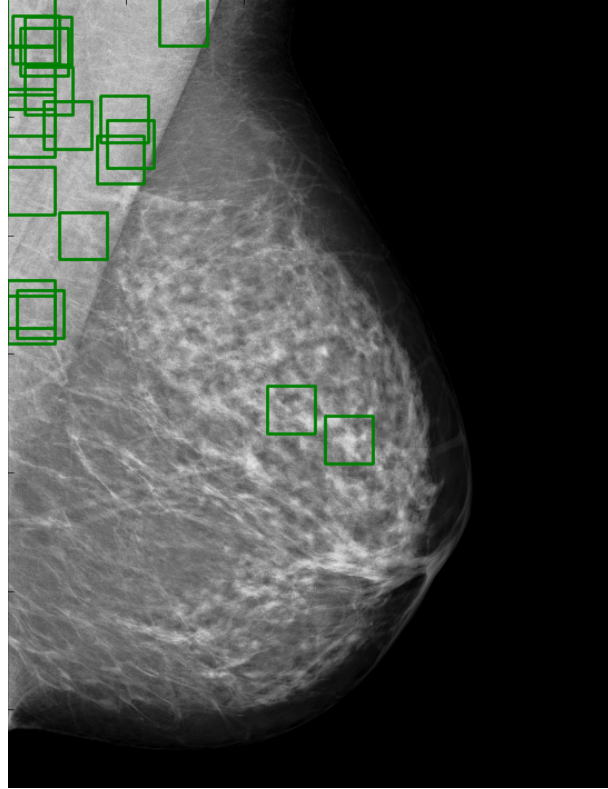


Figura 68 – Demarcação das zonas de interesse pelo sistema EIR da imagem com laudo FP.

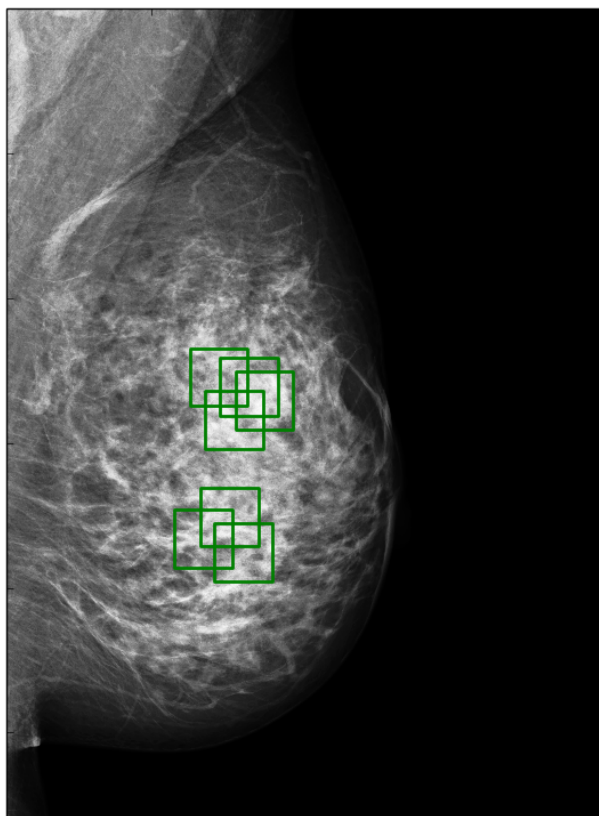


Figura 69 – Demarcação das zonas de interesse pelo sistema EIR da imagem com laudo VP.

Na primeira etapa, de localização das ROIs, o sistema EIR encontrou 44 zonas de interesse na primeira imagem e 14 zonas na segunda. Em ambas o sistema foi capaz de identificar as mesmas áreas de interesse que a especialista.

Na segunda etapa, de classificação das ROIs, o EIR classificou como positivos para câncer de mama 19 zonas na primeira imagem e 7 zonas de interesse na segunda. Como na primeira imagem não existiam zonas positivas para câncer de mama, o sistema obteve um alto índice de falsos positivos. Já na segunda, o sistema foi capaz de identificar a zona que contém o câncer de mama, apesar de ainda ter um alto valor de falsos positivos.

5 DISCUSSÃO E CONCLUSÃO

Foi proposto neste trabalho um novo método para classificação de regiões de interesse em mamogramas de rastreamento através de características extraídas de maneira não supervisionada. Todas as imagens mamográficas utilizadas neste trabalho pertencem à categoria 4 do BIRADS e foram confirmadas como verdadeiros positivos ou falsos positivos para câncer de mama através de biópsia. As mamografias foram coletadas da Clínica Janice Lamas Radiologia e os exames se originam apenas de mulheres assintomáticas, ou seja, que não apresentam nenhuma suspeição ou sintoma da doença, constituindo assim um conjunto de dados nunca antes utilizado na literatura. A seleção desta categoria específica de BIRADS é devido ao fato do grande número possível de morfologias e distribuições que as calcificações podem assumir, aumentando a complexidade dos dados e dificultando o trabalho do especialista, podendo deixar o diagnóstico suscetível a erros.

Na tentativa de mimetizar o raciocínio básico utilizado por médicos especialistas na localização e extração das áreas de interesse presentes em mamografias, foi desenvolvido um subsistema utilizando lógica *fuzzy*. Inicialmente, esse subsistema se mostrou efetivo na localização de possíveis áreas de interesse, porém sua precisão ainda precisa ser melhorada para ser mais específico nas zonas demarcadas. A validação desta parte do EIR foi realizada fazendo a comparação entre uma especialista e o sistema. Para isso, duas imagens foram adquiridas e foi solicitado à especialista para que identificasse as ROIs na imagem. Dessa forma, a comparação entre as marcações da médica e as marcações do EIR foram realizadas. Os resultados deste teste mostraram que a parte *fuzzy* do EIR foi capaz de identificar as mesmas ROIs que a médica, porém apresentou uma grande quantidade de ROIs falsos positivos.

Os resultados mostraram que a *stack* de CRBMs pode ser, de fato, utilizada para extração de características de ROIs em mamogramas. Um importante aspecto desta técnica é a grande redução de dimensionalidade atingida, permitindo assim que classificadores atinjam melhores resultados. Essa redução é importante devido ao pequeno número de imagens disponíveis para treino e da grande dimensionalidade presente nestas imagens, tornando a classificação difícil devido ao problema da maldição de dimensionalidade. Outro método utilizado para tentar contornar este problema foi o aumento artificial dos dados utilizando transformações afins, isto é, com esta técnica o conjunto de dados foi dobrado. Porém, a maior vantagem é capacidade do modelo de aprender características automaticamente, sem o uso de heurística ou o uso de características extraídas a mão por um especialista. Isso torna o modelo mais genérico aos diferentes tipos de imagens que essa categoria pode abranger.

Para classificar as características extraídas, duas técnicas foram utilizadas: SVMs e

MLPs. Ambas as técnicas apresentaram resultados excelentes, quando a SVM foi utilizada o EIR atingiu uma taxa de 99% de acurácia, 99% de precisão, uma sensibilidade de 99% e uma taxa de F1 *Score* de 0,99 no conjunto de testes. Quando a MLP foi utilizada, o EIR atingiu uma taxa de 97% de acurácia, 97% de precisão, uma sensibilidade de 97% e uma taxa de F1 *Score* de 0,97 no conjunto de testes.

O aumento de dados foi utilizado neste trabalho por estar se tornando um passo padrão na tentativa de melhorar a qualidade dos resultados obtidos com modelos de *machine learning*. Porém, não existem estudos mostrando sua efetividade quando utilizado em imagens médicas. Nas próximas etapas deste trabalho um estudo mais aprofundado será realizado para comprovar seus efeitos neste tipo de problema.

A título de comparação, uma CNN foi treinada para extrair e classificar características das ROIs. Para realizar o treinamento deste modelo, um servidor *Amazon AWS* contando com placas GPUs foi alugado, afim de acelerar o processamento. Durante o treinamento o conjunto de dados foi novamente aumentado através da utilização de mais 3 transformações afins. Ao fim do treinamento, a CNN atingiu 76% de acurácia, 78% de precisão, 76% de sensibilidade de uma taxa de F1 *Score* de 0,76, no conjunto de testes. Os resultados adquiridos utilizando a CNN foram considerados satisfatórios, porém mais testes devem ser realizados afim de melhorar a qualidade dos resultados.

Com testes iniciais, é percebido que o sistema EIR adquiriu uma boa generalização em relação as imagens analisadas e pode ajudar especialistas, como consulta ou uma segunda opinião, no diagnóstico do câncer de mama, quando manifestado através de calcificações.

O *software* desenvolvido neste trabalho foi inteiramente construído utilizando linguagens e bibliotecas *open-source* e de ponta na área de aprendizado de máquina. Isso propiciou velocidade de prototipagem e testes, além da redução dos custos de desenvolvimento.

6 TRABALHOS FUTUROS

Como trabalhos futuros sugere-se os seguintes itens:

- Treinamento do modelo proposto com mais imagens mamográficas disponíveis na categoria 4 do BIRADs;
- Refinamento do modelo para classificação em categorias 4 a, b e c, como sugerido no BIRADs;
- Refinamento do código fonte da *stack* de CRBMs para que seja possível o treinamento em GPUs;
- Desenvolvimento de uma interface gráfica completa para o sistema;
- Testes com diferentes técnicas de processamento de imagens para localização de ROIs;
- Desenvolvimento de métodos de otimização para o sistema *fuzzy*;
- Paralelização da *stack* de CRBMs e CNNs para treinamento e predição mais rápidos e eficientes.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ACKLEY, D. H.; HINTON, G. E.; SEJNOWSKI, T. J. A learning algorithm for Boltzmann machines. *Cognitive Science*, v. 9, n. 1, p. 147–169, 1985. ISSN 0364-0213. Disponível em: <http://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0364021385800124>. 35, 36
- ACR. *BI-RADS: Sistema de laudos e registro de dados de imagem da mama*. São Paulo: [s.n.], 2005. 24, 25
- AGARWAL, V.; CARSON, C. Using Deep Convolutional Neural Networks to Predict Semantic Features of Lesions in Mammograms. 2014. 20
- AGUILLAR, V. L.; BAUAB, S. P.; MARANHÃO, N. M. *Mama - Diagnóstico por Image*. Rio de Janeiro, Brasil: Revinter, 2009. 680 p. 22, 23
- BASH, E. *Python Programming for the Absolute Beginner*. [S.l.: s.n.], 2015. ISSN 1098-6596. ISBN 9788578110796. 47
- BENGIO, Y. *Learning Deep Architectures for AI*. [s.n.], 2009. 1–127 p. ISSN 1935-8237. ISBN 2200000006. Disponível em: <http://www.nowpublishers.com/product.aspx?product=MAL&doi=2200000>. 34
- BISHOP, M. *Bishop - Pattern Recognition and Machine Learning*. [S.l.: s.n.], 2006. ISBN 9780387310732. 19
- CHENG, H. D.; LUI, Y. M.; FREIMANIS, R. I. A novel approach to microcalcification detection using fuzzy logic technique. *IEEE transactions on medical imaging*, v. 17, n. 3, p. 442–450, 1998. ISSN 0278-0062. Disponível em: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/9735907>. 18
- CHOLLET, F. *Keras*. 2014. Disponível em: <https://github.com/fchollet/keras>. 48
- DANTAS, A. et al. *Mamografia: Os Padrões Mamográficos, Interpretando a Mamografia, Os Laudos Mamográficos*. [S.l.: s.n.], 2002. 23, 24
- DENG, L.; YU, D. Deep Learning: Methods and Applications. *Foundations and Trends in Signal Processing*, v. 7, n. 3-4, p. 197—387, 2013. ISSN 09598138. 19, 35
- DHEEBA, J. Classification of malignant and benign microcalcification using SVM classifier. *Emerging Trends in Electrical and*, n. Mc, p. 686–690, 2011. Disponível em: <http://ieeexplore.ieee.org/xpls/abs/all.jsp?arnumber=5760>. 20
- DONTU, G. et al. Stem cells in normal breast development and breast cancer. *Cell proliferation*, v. 36 Suppl 1, p. 59–72, 2003. ISSN 0960-7722. 22
- FARBER, E.; CAMERON, R. The Sequential Analysis of Cancer Development. In: *Advances in Cancer Research Vol 31*. [S.l.: s.n.], 1980. 18, 22
- FISCHER, A.; IGEL, C. An Introduction to Restricted Boltzmann Machines. In: *Progress in Pattern Recognition, Image Analysis, Computer Vision, and Applications*. [S.l.: s.n.], 2012. p. 14–36. 12, 35, 36, 37

- GEMAN, S.; GEMAN, D. Stochastic Relaxation, Gibbs Distributions, and the Bayesian Restoration of Images. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, PAMI-6, n. 6, 1984. 38
- HANLEY, J. a.; MCNEIL, B. J. The meaning and use of the area under a receiver operating characteristic (ROC) curve. *Radiology*, v. 143, n. 1, p. 29–36, 1982. ISSN 0033-8419. 29
- HAYKIN, S. *Neural Networks and Learning Machines, Third Edition*. [S.l.: s.n.], 2009. ISBN 9780131471399. 12, 27, 28, 30, 31, 32, 33
- HINTON, G. *A Practical Guide to Training Restricted Boltzmann Machines A Practical Guide to Training Restricted Boltzmann Machines*. [S.l.], 2010. 37
- HINTON, G. E. Training products of experts by minimizing contrastive divergence. *Neural computation*, v. 14, n. 8, p. 1771–1800, 2002. ISSN 0899-7667. 12, 38
- HINTON, G. E.; OSINDERO, S.; TEH, Y.-W. Communicated by Yann Le Cun A Fast Learning Algorithm for Deep Belief Nets 500 units 500 units. v. 1554, p. 1527–1554, 2006. 21, 39
- HINTON, G. E. et al. Improving neural networks by preventing co-adaptation of feature detectors. *arXiv: 1207.0580*, p. 1–18, 2012. Disponível em: <http://arxiv.org/abs/1207.0580>. 12, 46
- HOPFIELD, J. J. Neural networks and physical systems with emergent collective computational abilities. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, v. 79, n. 8, p. 2554–2558, 1982. ISSN 0027-8424. 37
- INCA. Estimativa 2010: incidência de câncer no Brasil. INCA, Rio de Janeiro, 2009. 18
- IOFFE, S.; SZEGEDY, C. Batch Normalization: Accelerating Deep Network Training by Reducing Internal Covariate Shift. *Arxiv*, 2015. Disponível em: <http://arxiv.org/abs/1502.03167>. 46, 47
- JURASZEK, G. D. *Reconhecimento De Produtos Por Imagem Utilizando Palavras Visuais E Redes Neurais Convolucionais*. Tese (Doutorado) — Universidade do Estado de Santa Catarina, 2014. 45
- KAPPADATH, S. C.; SHAW, C. C. Dual-energy digital mammography for calcification imaging: noise reductions techniques. *Changes*, v. 29, n. 6, p. 997–1003, 2012. ISSN 15378276. 23
- KOHAVI, R. A Study of Cross-Validation and Bootstrap for Accuracy Estimation and Model Selection. In: *International Joint Conference on Artificial Intelligence (IJCAI)*. [S.l.: s.n.], 1995. p. 0–6. 27, 28
- KOHAVI, R. *Glossary of Terms*. 1998. Disponível em: <http://ai.stanford.edu/~ronnyk/glossary.ht>. 19
- LEBORGNE, R. Diagnosis of Tumors of the Breast Simple Roentgenography: Calcifications in Carcinoma. *AJR*, 1951. 23

- LECUN, Y. et al. Gradient-based learning applied to document recognition. *Proceedings of the IEEE*, v. 86, n. 11, p. 2278–2323, 1998. ISSN 00189219. 12, 44, 45
- LECUN, Y. et al. A Tutorial on Energy-Based Learning. In: *Predicting Structured Data*. [S.l.: s.n.], 2006. p. 1–59. 35
- LEE, H. et al. Convolutional deep belief networks for scalable unsupervised learning of hierarchical representations. *Proceedings of the 26th Annual International Conference on Machine Learning ICML 09*, v. 2008, p. 1–8, 2009. ISSN 02643294. Disponível em: <http://portal.acm.org/citation.cfm?doid=1553374.1553453>. 21, 41, 43
- LILLY, J. H. *Fuzzy Control and Identification*. Hoboken, NJ, USA: John Wiley & Sons, Inc., 2010. ISBN 9780470874240. Disponível em: <http://doi.wiley.com/10.1002/9780470874240>. 12, 26, 27
- MARTINS, L. A. L.; BARRA, A. D. A.; LUCENA, C. Ê. M. D. Microcalcificações Mamárias Suspeitas de Malignidade. *Revista Brasileira de Cancerologia*, v. 56, n. 2, p. 251–258, 2010. 23, 24
- NOROUZI M. Convolutional restricted Boltzmann machines for feature learning. *School of Computing Science-Simon Fraser University*, 2009. 21, 43, 44
- PANDA, R.; PANIGRAHI, B.; PATRO, M. Feature extraction for classification of microcalcifications and mass lesions in mammograms. *IJCSNS International Journal of Computer Science and Network Security*, v. 9, n. 5, p. 255–265, 2009. Disponível em: <http://digilib.unsri.ac.id/download/20090534.pdf>. 18, 23
- PAPADOPOULOS, A.; FOTIADIS, D.; LIKAS, A. Characterization of clustered microcalcifications in digitized mammograms using neural networks and support vector machines. *Artificial Intelligence in Medicine*, v. 34, n. 2, p. 141–150, 2005. ISSN 09333657. Disponível em: <http://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S093336570400154X>. 20
- PEDREGOSA, F. et al. Scikit-learn: Machine Learning in Python. . . . *of Machine Learning . . .*, v. 12, p. 2825–2830, 2012. ISSN 15324435. Disponível em: <http://dl.acm.org/citation.cfm?id=2078195%delimiter%026E30F%http://arxiv.org/abs/1201.0490>. 47
- RUSSO, J. et al. The Concept of Stem Cell in Mammary Gland and its Implications in Morphogenesis, Cancer and Prevention. *Front Bioscience*, 2006. 18, 22
- SCHNEIDER, B. P.; MILLER, K. D. *Angiogenesis of breast cancer*. 2005. 1782–1790 p. 12, 23
- SIMARD, P. Y.; STEINKRAUS, D.; PLATT, J. C. Best practices for convolutional neural networks applied to visual document analysis. *Document Analysis and Recognition, 2003. Proceedings. Seventh International Conference on*, p. 958–963, 2003. 51
- VAPNIK, V. Statistical Learning Theory. *Adaptive and learning Systems for Signal Processing, Communications and Control*, p. 1–740, 1998. Disponível em: <http://eu.wiley.com/WileyCDA/WileyTitle/productCd-0471030031.html>. 33
- VERMA, B.; ZAKOS, J. A computer-aided diagnosis system for digital mammograms based on fuzzy-neural and feature extraction techniques. *IEEE transactions on information technology in biomedicine : a publication of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*, v. 5, n. 1, p. 46–54, 2001. ISSN 1089-7771. Disponível em: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/11300216>. 20

WALT, S. van der et al. Scikit-image: image processing in Python. *PeerJ*, v. 2, p. e453, 2014. ISSN 2167-8359. Disponível em: (<http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?artid=4081273&tool=pmcentrez&rendertype=ab>). 47

ZADEH, L. Fuzzy Sets. *Information and Control*, v. 8, 1965. 26

Anexos

ANEXO A – DECLARAÇÃO CLÍNICA JANICE LAMAS



Mamografia digital
Densitometria óssea
Ecografias em geral
Orientação nutricional
Avaliação da composição corporal
Ressonância magnética

Unidade Asa Sul
SHL Sul Q.716 Bl. F. 5º andar
Edifício Oswaldo Cruz
70.390-700 - Brasília - DF

Unidade Lago Sul
SHIS QI 15 Comércio Local Bl. F. térreo
71.635-575 - Brasília - DF
clínica@janicelamas.com.br
www.janicelamas.com.br
tel: (61) 3213-5161

DECLARAÇÃO

Declaro, junto a Universidade de Brasília (UnB) - Faculdade Gama (FGA), que o aluno de mestrado do Programa de Pós-Graduação em Engenharia Biomédica, matrícula nº 140104194, teve permissão da Clínica Janice Lamas Radiologia, para utilizar as mamografias digitais, não identificadas por nomes ou número de prontuário, para subsidiar a pesquisa "EIR - Sistema Inteligente Para Detecção e Classificação de Calcificações em Mamografias".

Brasília, 10 de Fevereiro de 2016

Dra. Janice Magalhães Lamas
CRM-DF 3570

Dra. Janice Magalhães Lamas MD/PhD
CRM/DF 3570
Clínica de Mamografia de Brasília
auxiliadministrativo@janicelamas.com.br
www.janicelamas.com.br
61 3213-5178

Missão: "Conhecimento para valorizar a vida. Tecnologia e comprometimento para melhor servir nos exames de diagnóstico por imagem."

ANEXO B – CERTIFICADO DE APRESENTAÇÃO CBIS 2014



CBIS'14

XIV Congresso Brasileiro de Informática em Saúde
07 A 10 DE DEZEMBRO - SANTOS - BRASIL

CERTIFICADO

Patrocinador Ouro




Patrocinador Prata





Aparceiros









Patrocinador





Santos, 10 de dezembro de 2014.



Evandro Eduardo Seron Ruiz
Presidente da Comissão Científica



Marco Antonio Gutierrez
Presidente da SBIS

Documento eletrônico assinado com certificado digital ICP-Brasil por Marcelo Luis da Silva, Diretor Executivo da SBIS.

ANEXO C – CUSTOS COM AMAZON WEB SERVICES

Billing & Cost Management Dashboard

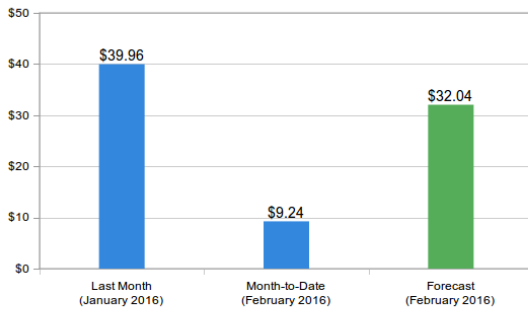


Spend Summary

Welcome to the AWS Account Billing console. Your last month, month-to-date, and month-end forecasted costs appear below.

Current month-to-date balance for February 2016

\$9.24

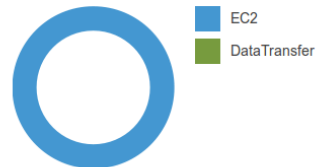


▶ Important Information about these Costs Include Subscription Charges

Month-to-Date Spend by Service

[Bill Details](#)

The chart below shows the proportion of costs spent for each service you use.



Month-to-Date Top Services by Spend	Amount
EC2	\$9.24
DataTransfer	\$0.00
Tax	\$0.00
Total	\$9.24

Apêndices

APÊNDICE A – ARTIGO COMPLETO CBIS 2014

XIV Congresso Brasileiro em Informática em Saúde – CBIS 2014

SEGMENTAÇÃO AUTOMÁTICA DE CALCIFICAÇÕES EM MAMOGRAFIAS DIGITAIS UTILIZANDO LIMAR GLOBAL E LÓGICA FUZZY

J.P.V.M Martins¹, L.M Brasil¹, M.M Marcelino¹ e J.M Lamas²

¹ Pós-Graduação em Engenharia Biomédica, Universidade de Brasília (UnB), Faculdade Gama (FGA), Brasília, Brasil

² Clínica Janice Lamas Radiologia, Brasília, Brasil

Resumo: Este trabalho visa o desenvolvimento de um algoritmo para segmentação de calcificações em mamografias digitais utilizando lógica fuzzy e processamento digital de imagens. Para a implementação do algoritmo foi utilizado o software Matlab na versão 7.14 e 19 imagens de mamografias digitais no formato DICOM. A segmentação foi realizada através da seleção de um limiar global que é aplicada a imagem, formando assim uma imagem de saída binária evidenciando as calcificações localizadas. O algoritmo apresentou como resultado uma taxa de acerto de 56,06 % preservando a morfologia das calcificações encontradas. Foi concluído através deste trabalho que as calcificações segmentadas podem ser utilizados em sistemas CAD de classificação automática de calcificações.

Palavras-chave: Lógica Fuzzy, Mamografia, Processamento de Imagem Assistida por Computador

Abstract: This paper aims in the development of a algorithm for segmentation of calcifications in digital mammograms using fuzzy logic and digital imaging processing. The Matlab software, version 7.14, was used for the implementation of the algorithm and 19 images of digital mammograms in the DICOM format. The segmentation was performed using a global threshold which is applied in the image, thus forming binary output image indicating the found calcifications. The algorithm showed as a result an accuracy rate of 56.06%, preserving the morphology of the found calcifications. Was concluded from this work that the calcifications segmented can be used in CAD systems for automatic classification of calcifications.

Keywords: Fuzzy Logic, Mammography, Computer Assisted Image Processing

Introdução

O câncer de mama é um mal que cresce exponencialmente a cada ano, tornando-se assim o segundo tipo de câncer mais frequente do mundo¹. Para realização de um diagnóstico precoce, o método mais efetivo, empregado atualmente, é a mamografia². Em alguns casos, calcificações são os únicos sinais aparentes de câncer de mama em estágios iniciais³. Por isso a avaliação correta de imagens mamográficas é de extrema importância para o processo de diagnóstico, podendo dar boas chances de sobrevivência aos pacientes.

Devido a grande dificuldade na localização e classificação de áreas com calcificações por parte dos especialistas, os sistemas de auxílio por computador, *Computer Aided Diagnosis*, (CAD) vem sendo empregados mais frequentemente. Outra abordagem que vem sendo estudada é a detecção automática de calcificações⁴. Porém, a identificação e a classificação automática de calcificações ainda é uma tarefa muito complexa devido a alguns fatores, que são: os objetos de interesse são muito pequenos; muitas formas; diferentes tamanhos e distribuições variáveis; a variação de intensidade entre as áreas suspeitas e os tecidos que a cercam é muito pequena; e, finalmente, tecidos mamários densos tomam a identificação de calcificações quase impossível⁴.

As dificuldades citadas anteriormente tornam a segmentação de calcificações em imagens mamográficas um problema intrinsecamente não linear. O objetivo deste trabalho é o desenvolvimento de um algoritmo de segmentação de calcificações através de um limiar

global definido automaticamente, esse limiar será obtido utilizando lógica *fuzzy* e processamento digital de imagens.

Métodos

O algoritmo desenvolvido foi implementado na versão 7.14 do *software* Matlab. A amostragem utilizada é constituída de 19 imagens, fornecidas por Janice Lamas Clínica de Radiologia, no formato *Digital Imaging and Communications in Medicine* (DICOM). Para maior facilidade na realização de testes, as imagens foram previamente divididas em duas categorias, diferenciadas pelo tipo de morfologia predominante na imagem, que são: 17 imagens com maioria de calcificações Grosseiras e 2 imagens com maioria de calcificações Puntiformes.

O algoritmo proposto é composto pelas etapas apresentadas na Figura 1.

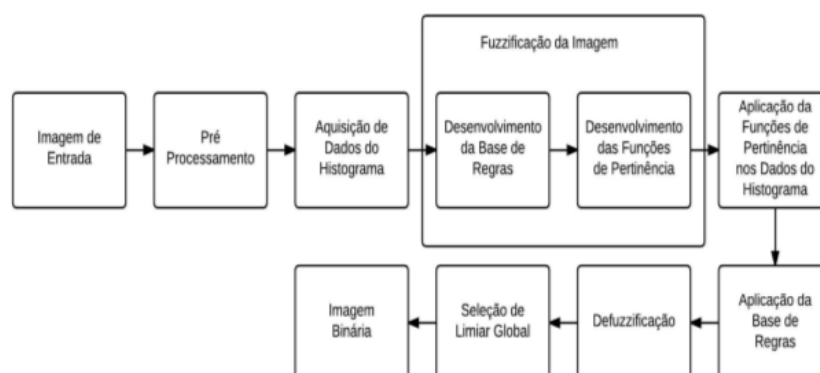


Figura 1. Fluxograma de funcionamento do sistema.

Na etapa de pré-processamento a imagem é convertida do formato DICOM para uma imagem em intensidades de cinza. Com a imagem no formato de intensidades de cinza, é então realizada a aquisição do histograma, onde se pode verificar a quantidade total de *pixels* presentes em cada tonalidade de cinza da imagem, as tonalidades variam de 0 a 255. Na Figura 2 pode-se observar o histograma de uma mamografia.

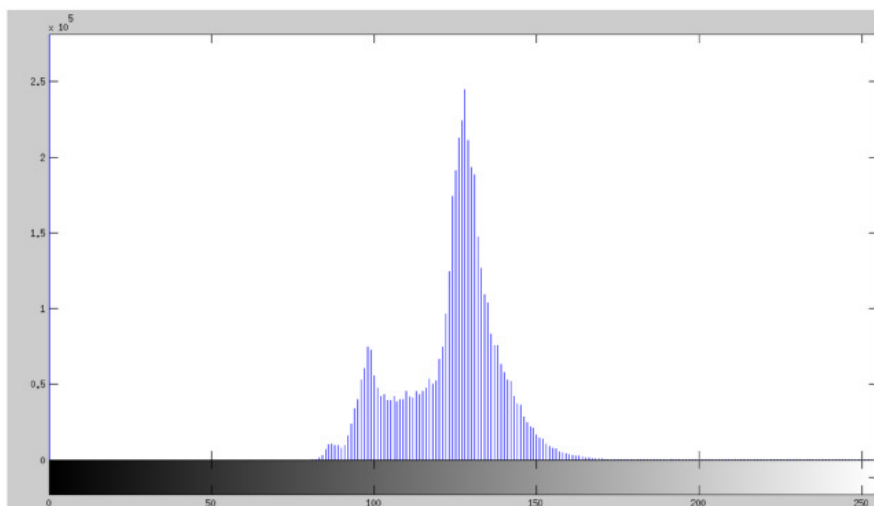


Figura 2. Histograma de uma Mamografia.

Para melhor entendimento da etapa seguinte, aplicação da base de regras, é necessário o entendimento de como a imagem foi *fuzzificada*. A *fuzzificação* foi realizada criando dois universos de discurso diferentes, um baseado nos tons de cinza presentes no histograma⁵ e o segundo baseado no número total de *pixels* na imagem. Esse processo ocorre desenvolvendo-se funções de pertinência para cada universo de discurso proposto. As funções de pertinência do primeiro e segundo modelos propostos podem ser visualizadas na Tabela 1.

Tabela 1. Funções de Pertinência de Escalas de Cinza

Tipo de Função	Nomenclatura
Função R	Escuro
Triangular	Cinza
Função L	Claro

Tabela 2. Funções de Pertinência de Quantidade de *Pixels*

Tipo de Função	Nomenclatura
Função R	Poucos
Trapezoidal	Médios
Função L	Muitos

Com as funções de pertinência criadas, são então aplicadas às tonalidades e quantidades de *pixels* presentes na imagem, obtendo-se assim um valor de pertinência para cada valor real presente na imagem de entrada.

Para a criação da base de regras levou-se em consideração que áreas suspeitas de calcificações apresentam tonalidades acima da média, quando comparados com os tecidos que a cercam⁴, foi levado em conta também que calcificações ocupam mais de 3 mm da mama⁶.

Na aplicação da base de regras, as funções de pertinência dos universos “Tons de Cinza” e “Quantidade de pixels” são relacionadas. Essa relação é feita através do produto cartesiano dos dois universos de discurso. Esse produto é definido como⁷:

$$\mu(z) = \mu_x^i * \mu_x^j \quad (1)$$

Onde μ_x^i representa o conjunto de tons de cinza e μ_x^j representa o conjunto quantidade de pixels. O relacionamento dos dois conjuntos gerou nove tipos de regras diferentes com três saídas possíveis para cada uma delas. As saídas possíveis foram nomeadas com *Positivo*, *Suspeito* e *Negativo*. Onde saídas do tipo positivo representam regiões com calcificações, saídas do tipo suspeito representam regiões com incerteza em relação à calcificações e negativo representa regiões com certeza de não aparecimento de calcificações. Para cada saída foi atribuído um valor diferente, estes valores foram escolhidos de forma empírica de acordo com o método Mandani de inferência. Na Tabela 3, os valores escolhidos são mostrados.

Tabela 3. Valores pertencentes a cada saída.

Saída	Valor
Positivo	1
Suspeito	0,5
Negativo	0

A etapa de *defuzzificação* consiste na obtenção de valores após a aplicação das funções de pertinência e da ativação da base de regras⁷. Como método de *defuzzificação* foi utilizado a técnica de Centro de Gravidade (CoG)⁷, onde a saída do sistema é dada pela Equação 2.

$$y^{crisp} = \frac{\sum_{i=1}^R q_i \mu_i}{\sum_{i=1}^R \mu_i} \quad (2)$$

Onde q_i é o peso da saída, como mostrado no gráfico de saída, e μ_i é a regra ativada pelos valores de interesse. A saída desta etapa gerará um vetor contendo 256 valores, variando de 0 a 1 de acordo com os valores da saída da equação CoG.

Para a seleção de um limiar global adequado, o vetor contendo os valores da *defuzzificação* foi varrido em busca da primeira posição contendo um valor de saída igual a 1. Uma vez que a posição do vetor foi definida, ela é armazenada em uma variável.

Na última etapa, a binarização da imagem é feita selecionando apenas os pixels que estejam acima do valor de limiar selecionado na etapa anterior, gerando assim uma imagem binária $b(x,y)$ a partir de uma imagem de intensidade $I(x,y)$ ⁸. Então, podemos dizer que o critério de binarização da imagem obedece à Equação 3⁸.

$$b(x,y) = \begin{cases} 1, & \text{se } I(x,y) \geq T \\ 0, & \text{se } I(x,y) < T \end{cases} \quad (3)$$

Onde T é o limiar selecionado automaticamente. Com esta etapa sendo aplicada foi criada uma imagem aonde *pixels* de valor 1, ou “acesos”, são calcificações e *pixels* de valor 0 são outros tecidos. Porém, nem todos os *pixels* que são calcificações na imagem, são “acesos”. Por isso foi feito um fechamento morfológica utilizando um elemento estruturante em formato de disco com objetivo de reconstruir todas as calcificações.

Resultados

A lógica *fuzzy* utilizada para localização de calcificações foi criada utilizando o método Mandani de inferência⁷. Em todas as 19 imagens utilizadas, foram encontradas 76 calcificações, o sistema identificou 66 delas, mas apenas 37 foram binarizadas de forma correta, devido a problemas na reconstrução morfológica. O algoritmo identificou 86,84% das calcificações presentes nas imagens, porém das calcificações encontradas, 56.06% apresentaram uma morfologia adequada quando a imagem é binarizada.

Na Figura 3 pode-se observar do lado esquerdo uma mamografia binarizada evidenciando as calcificações e do lado direito a mamografia que a deu origem.

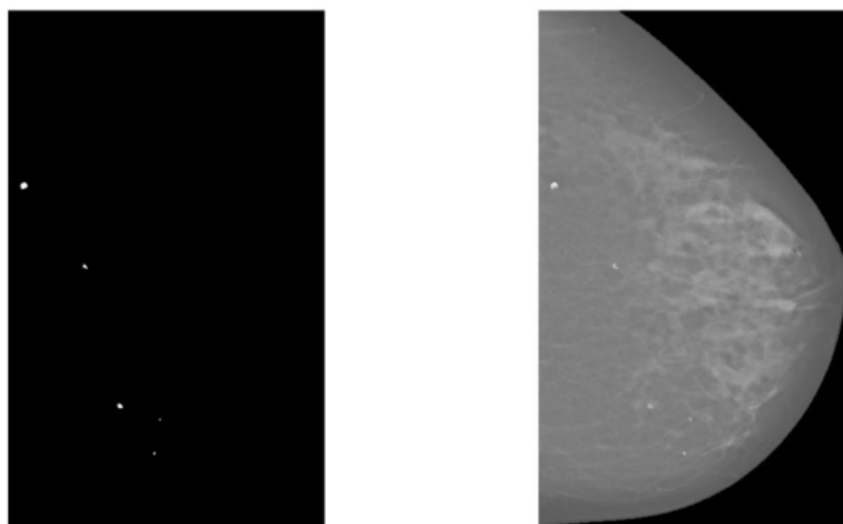


Figura 3. A esquerda, a mamografia binarizada e a direita, a mamografia de origem.

Discussão

O algoritmo proposto neste trabalho aborda a segmentação de imagens mamográficas utilizando lógica *fuzzy*. Os resultados obtidos levam a crer que a precisão do algoritmo é boa na localização de calcificações, porém ainda precisa ser melhorado no que diz respeito a qualidade da reconstrução morfológica proposta⁹.

Conclusão

O algoritmo desenvolvido neste trabalho utiliza o método Mandani de inferência⁷ na *fuzzificação* das imagens também técnicas de processamento digital de imagens⁹ para realizar a segmentação das calcificações localizadas. Os resultados gerados pelo algoritmo podem ser utilizados em sistemas CAD automáticos para localização e classificação de calcificações em imagens mamográficas. É pretendido em trabalhos futuros realizar a alimentação de uma Rede Neural Artificial com os resultados obtidos com este algoritmo para automatização de um sistema CAD.

Agradecimentos

O primeiro autor agradece a CAPES pela bolsa de mestrado para o desenvolvimento deste trabalho. Os autores agradecem também ao Edital No. 15/200 – MCT/CNPq/FNDCT/CAPES/FAPEMIG/FAPERJ/FAPES, Institutos Nacionais de Ciência e Tecnologia, bem como o INCT/MACC pelo aporte financeiro dessa pesquisa.

Referências

- [1] Estimativas do Instituto Nacional de Câncer (INCA). Rio de Janeiro. Disponível em www2.inca.gov.br.
- [2] Shen L, Rangayyan RM, Desautels JEL. Detection and classification of mammographic calcifications in State of the Art in Digital Mammographic Image Analysis, K. W. Bowyer and S. Astley, Eds. Cleveland, OH: World Scientific, 1994.
- [3] Basset LW, Gold RH. Breast Cancer Detection: Mammography and Other Methods in Breast Imaging, 2nd ed. New York: Grune & Stratton, 1987.
- [4] Cheng HD, Lui YM, Freimanis RI. A novel approach to microcalcification detection using fuzzy logic technique. IEEE Transactions on Medical Imaging 1998.
- [5] Sivanandam SN, Sumathi S, Deepa SN. Introduction to Fuzzy Logic using MATLAB.
- [6] Dinkel HP, Gassel AM, Tschammler A. Is the appearance of the microcalcifications useful in predicting histological grade of malignancy in ductal cancer in situ? The British Journal of Radiology 2000.
- [7] Lilly J. Fuzzy Control and Identification. New Jersey: Hoboken; 2010.
- [8] Solomon C, Breckon T. Fundamentos de Processamento Digital de Imagens. Rio de Janeiro 2013.
- [9] Gonzalez RC, Woods RE. Processamento Digital de Imagens, 3º Ed. São Paulo 2011.

Contato

Nome: João Paulo V.M Martins
Email: jpmarinho.martins@gmail.com
Tel: (62) 82083960

APÊNDICE B – ALGORITMO DE FUNCIONAMENTO EIR (CLASSES NÃO INCLUSAS)

```

eir.py Página 1

#EIR System main program
#Developed by jpvmm
#FutureBox.AI
#01/09/2015

#TODO: Implementar funcao feed-forward com SVM

import numpy as np
import matplotlib.cm as cm
import matplotlib.pyplot as p
import fuzzy
from mark_regions import *
from stacked import *
from skimage.io import imread
from skimage import transform as tf
from load_data import *
#Tk().withdraw()
#path = askopenfilename()

def make_layer(lr, patch_size, feature_maps, target_sparsity, layer_type):
    ''' Make a convolutional restricted boltzmann machine layer '''

    if layer_type == 'visible':
        layer = CREM(lr = lr, patch_size = patch_size, feature_maps = feature_maps,
                    target_sparsity = target_sparsity)
    elif layer_type == 'hidden':
        layer = CREM_Binary(lr = lr, patch_size = patch_size,
                          feature_maps = feature_maps, target_sparsity = target_sparsity)
    else:
        print "A camada deve ser visible ou hidden"

    return layer

def train_HiddenLayer(net, data, step, max_epocas, pool_shape, unit_type):
    ''' Train the layer, defined by the net name'''

    outputs = []
    for i in range(data.shape[0]):
        for featureMap in range(data.shape[1]):
            data_member = net.open_data(data[i, featureMap], step)

            pool_layers, hidden_layers = net.train(unit_type = unit_type,
            data = data_member,
            max_epocas = max_epocas,
            pool_shape = pool_shape)

            outputs.append(pool_layers)

    return np.array(outputs), step

def make_dataset(net, step, class_path1, class_path2, class_path3):
    ''' Function to create a dataset with labels'''

    #path = VP
    #path2 = NEG
    #path3 = FP

    images = []
    y = []
    for image in sorted(glob.glob(class_path1, "*.pgm")):
        print "Loading image POSITIVE CLASS images...", image
        img, rotated_img, rescaled_img = net.open_image(path = class_path1 + "/" + ima
ge, step = step)

        images.append(img)
        images.append(rotated_img)
        images.append(rescaled_img)
        y.append([1,1,1])

    for image2 in sorted(glob.glob(class_path2, "*.pgm")):
        print "Loading image NEGATIVE class images...", image2

```

```

eir.py Página 2

    img2,rotated_img2,rescaled_img2 = net.open_image(path = class_path2 + "/" +
image2,step = step)

    images.append(img2)
    images.append(rotated_img2)
    images.append(rescaled_img2)

    y.append([0,0,0])

    for image3 in sorted(glob.glob1(class_path3,"*.pgm")):
        print "Loading image FP CLASS images...", image3
        img3, rotated_img3,rescaled_img3 = net.open_image(path = class_path3 + "/" +
image3,step = step)
        images.append(img3)
        images.append(rotated_img3)
        images.append(rescaled_img3)

        y.append([2,2,2])

    images = np.array(images)
    y = np.array(y)
    y = y.ravel()

    return images, y

def train_VisibleLayer(net, class_path1, class_path2, class_path3, step,max_epocas,pool_
shape,unit_type):
    ''' Train a visible layer with images in a folder '''

    outputs = []

    images,y = make_dataset(net,step,class_path1,class_path2,class_path3)

    for image in range(images.shape[0]):
        print "Image number -----> \n \n", image

        pool_layers, hidden_layers = net.train(unit_type = unit_type,
            data = images[image],
            max_epocas = max_epocas,
            pool_shape = pool_shape)
        outputs.append(pool_layers)

    return np.array(outputs),images,y,step

def Feed_Forward(images,net_name,step,unit_type):
    layers = []
    for image in range(images.shape[0]):
        #for base in range(images.shape[1]):
        pool_layers = []
        _slice = net_name.open_data(images[image,0],step)

        for j in range(net_name.W.shape[0]):
            p_units, h_stats, pooled, r_rows, r_cols=net_name.positive_phase(_slice,
j,net_name.pool_shape)
            visi_stats,pooling_neg,pooled_neg,pool_units_neg,hid_stats = net_name.ne
gative_phase(unit_type, net_name.pool_shape, h_stats,j,r_rows, r_cols)
            pool_layers= np.append(pool_layers,p_units)
            pool_layers = np.reshape(pool_layers,(net_name.feature_maps,(_slice.shape[0]
+r_rows)/net_name.pool_shape,(_slice.shape[1]+r_cols)/net_name.pool_shape))
            layers.append(pool_layers)
        layers = np.array(layers)

    return layers

if __name__ == '__main__':

```

eir.py

Página 3

```

path = "/home/joao/UnB/Academia/Git/DATA/Mamografias_Janice/Verdadeiros_Positivos/training_set"
path2 = "/home/joao/UnB/Academia/Git/DATA/Mamografias_Janice/Negativos"
path3 = "/home/joao/UnB/Academia/Git/DATA/Mamografias_Janice/Falsos_Positivos/training_set"

# rede = make_layer(lr = 0.0001,
#                   patch_size = 10,
#                   feature_maps = 1,
#                   target_sparsity = -5,
#                   layer_type = 'visible')

# rede2 = make_layer(lr = 0.01,
#                   patch_size = 8,
#                   feature_maps = 1,
#                   target_sparsity = 0,
#                   layer_type = 'visible')

# outss,images,y,stepV = train_VisibleLayer(net = rede,
#                                           class_path1 = path,
#                                           class_path2 = path2,
#                                           class_path3 = path3,
#                                           step = 5,
#                                           max_epocas = 1,
#                                           pool_shape = 2,
#                                           unit_type = "normal")

# outss2,stepH = train_HiddenLayer(net = rede2,
#                                  data = outss,
#                                  step = 2,
#                                  max_epocas = 1,
#                                  pool_shape = 2,
#                                  unit_type = "normal")

path = '/home/joao/UnB/Academia/Git/DATA/Mamografias_Janice/21428-3646/17.pgm'

print "Loading models"
rede = load_data('rede1.save')
rede.pool_shape = 2 #fucking workaroung, dont ask
#rede.unit_type = 'visible'
rede2 = load_data('rede2.save')
rede2.pool_shape = 2
classifier = load_data('classifier_15bases.save')
print "Models loaded"

print "Fuzzy doing his magic..."
imagem = imread(path)
f = fuzzy.Fuzzy(path)
binary_image = f.run_fuzzy()

box = mark_image(imagem, binary_image)

print "Fuzzy did that!"

print "Cropping the ROIs..."
cropped_areas = crop_regions(box, imagem)
print "Cropped!"

print "The Neural part starts here!"
print "Extraindo features com a rede 1 \n"
features_1 = Feed_Forward(cropped_areas, rede, 5, 'normal')
print "Extraindo features com a rede 2 \n"
features_2 = Feed_Forward(features_1, rede2, 2, 'normal')

featuresL1 = np.reshape(features_1, (features_1.shape[0], features_1.shape[1]*features_1.shape[2]*features_1.shape[3]))

```

eir.py**Página 4**

```
featuresL2 = np.reshape(features_2, (features_2.shape[0], features_2.shape[1]*features_2.shape[2]*features_2.shape[3]))
```

```
print "The Neural part ends here!"
```