

# Rede Neural Baseada em Padrões Locais Binários para a Análise de Imagens Médicas

**Palavras-Chave:** Redes Neurais, Padrões Locais Binários, Imagens Médicas

**Autores:**

**Juliano Amadeu Lopes Moura - Universidade Estadual de Campinas**

**Prof. Dr. João Batista Florindo (orientador) - Universidade Estadual de Campinas**

---

## INTRODUÇÃO:

Este projeto propõe o estudo e desenvolvimento de ferramentas matemático-computacionais para análise de imagens médicas, acrescentando o conceito de padrão local binário ao fluxo de uma rede neural multi-camadas.

É fato que as redes neurais, especialmente as convolucionais (Goodfellow, Bengio, & Courville, 2016), têm se popularizado na análise de imagens em geral e em particular na área médica (Alyafeai & Ghouti, 2020). Contudo, outras abordagens para redes neurais têm sido investigadas recentemente e uma destas são as combinações do treinamento convencional de redes neurais com outros descritores clássicos de imagens (Cimpoi, Maji, Kokkinos, & Vedaldi, 2016). Um exemplo popular destes descritores são os padrões locais binários (Ojala, Pietikainen, & Maenpaa, 2002), formados a partir da comparação do valor de cada pixel com seus pixels vizinhos. Este tipo de rede tem demonstrado resultados promissores em reconhecimento de objetos em geral e propõe-se aqui sua aplicação em imagens de texturas, com foco especial na área médica, em auxílio ao diagnóstico. Mais especificamente, a metodologia será aplicada à identificação de tipos de câncer de pulmão. Espera-se que os resultados obtidos tragam implicações importantes para a sociedade, ajudando na melhor compreensão de processos carcinogênicos e fomentando assim possibilidades tanto de um diagnóstico mais precoce quanto de um tratamento mais eficaz, melhorando a qualidade e a expectativa de vida do paciente.

## METODOLOGIA:

A metodologia proposta neste projeto combina redes convolucionais clássicas com padrões locais binários.

Ocorre que, apesar dos excelentes resultados que as redes neurais têm obtido nas mais diversas aplicações da visão computacional, incluindo imagens médicas, a exigência de um alto

poder computacional e de grandes quantidades de dados anotados para treinamento ainda pode ser um grande problema, especialmente em áreas como a medicina. Isso faz com que outras perspectivas para essas redes ainda possuam grande interesse na comunidade científica.

O modelo-base utiliza a versão clássica do descritor LBP para a manipulação das imagens. Este projeto propõe o uso de tal modelo-base bem como o desenvolvimento de novas variações do mesmo. Tais modelos serão empregados na análise de imagens médicas, mais especificamente no auxílio ao diagnóstico do câncer de pulmão.

Em geral, versões mais elaboradas e completas do LBP, como as descritas em (Ojala, Pietikainen, & Maenpaa, 2002), serão exploradas em combinação com a CNN. Uma possibilidade nesta direção é o chamado “LBP Completo” (Guo, Zhang, & Zhang, 2010), em que não apenas o sinal da comparação entre pixels vizinhos é levado em conta como também sua magnitude. Nessa versão, assim como na original, o processamento local da imagem se inicia com a extração do vetor de diferenças entre o pixel central e seus vizinhos. Entretanto, além de codificar o vetor de sinais, o LBP Completo acrescenta a codificação do vetor de magnitudes:

$$CLBP\_M_{P,R} = \sum_{p=0}^{P-1} t(m_p, c)2^p, \quad t(x, c) = \begin{cases} 1, & x \geq c \\ 0, & x < c \end{cases}$$

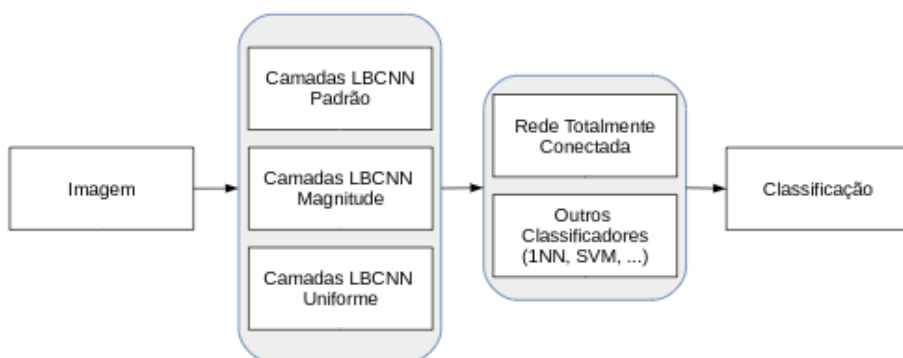
em que  $m_p$  é o valor da diferença entre o pixel central e seu  $p$ -ésimo vizinho e  $c$  é um valor adaptável que pode ser, por exemplo a média dos  $m_p$  de toda a imagem. Além disso, os pixels centrais também são codificados seguindo a equação:

$$CLBP\_C_{P,R} = t(g_c, c_I),$$

que converte a imagem em uma versão binária, em que o valor de  $c_I$  geralmente é a média das intensidades de todos os pixels,  $g_c$  é a intensidade do pixel central e a função  $t$  é como definida acima. Por fim, esse descritor constrói histogramas conjuntos das três codificações, incorporando muito mais informação relevante para o classificador final. Vale ressaltar que, no caso do modelo da LBCNN, utilizar o LBP Completo implicaria em remover a função de ativação que faz o papel da função de Heaviside no descritor LBP original.

Outro ponto a ser investigado é o conceito de uniformidade (Ojala, Pietikainen, & Maenpaa, 2002), cuja importância na teoria do LBP é amplamente reconhecida, não apenas na redução da dimensionalidade da representação imagem, como também em uma melhora significativa em tarefas de classificação devido à menor tendência ao sobre-treinamento. Do ponto de vista da arquitetura da rede, uma adaptação neste sentido seria viabilizada por uma adaptação da função de ativação.

Por fim, na abordagem clássica de LBP, os descritores são obtidos a partir de um histograma dos padrões locais e estes são então classificados por técnicas como vizinho mais próximo (Bishop, 2006) e máquinas de vetores de suporte (Cortes & Vapnik, 1995). Neste estudo, estes e outros classificadores serão investigados na análise dos mapas de características da rede em sua penúltima camada (imediatamente antes da classificação em si) ou mesmo logo após o final das camadas convolucionais, neste caso substituindo completamente a parte totalmente conectada pelos classificadores. Esta é uma estratégia que ainda não apresenta registros de ter sido aplicada ao modelo da Rede Convolucional Local Binária, mas tem demonstrado potencial em algoritmos baseados na CNN clássica (Cimpoi, Maji, Kokkinos, & Vedaldi, 2016), permitindo uma computação muito mais rápida da representação das subregiões da imagem (o que acelera aplicações como detecção e segmentação) bem como obtendo performance mais elevada em tarefas de reconhecimento em diversos domínios de aplicação. A Figura a seguir mostra um diagrama geral da metodologia proposta.

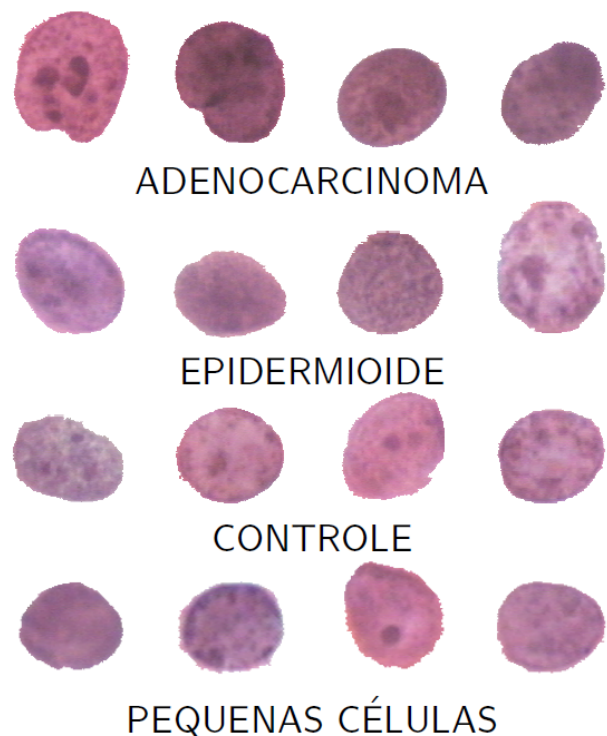


As imagens aqui analisadas serão fornecidas pelo grupo do Prof Konradin Metze, da Faculdade de Ciências Médicas da Unicamp, o qual já tem uma parceria consolidada com o orientador deste projeto.

As amostras são obtidas a partir tanto de biópsias quanto de exames citológicos de tecidos pulmonares com carcinoma em desenvolvimento, assim como também serão usadas amostras do mesmo tipo de imagem em pacientes sem a doença, a qual servirá como população de controle. As imagens são coletadas a partir de lâminas pré-preparadas fotografadas em microscópio e devidamente anotadas, seja por uma junta de especialistas ou por técnicas como a imunohistoquímica (Ramos-Vara & Miller, 2014), o que permite que a eficácia do modelo computacional seja testado e validado. As imagens microscópicas foram coletadas a partir dos

arquivos do hospital da universidade sede deste projeto e correspondem a amostras de 132 pacientes. O estudo foi devidamente aprovado pelo comitê de ética local (CAAE: 0515.0.146.000-06 e 89409118.7.0000.5404). As imagens foram geradas no formato bmp, com uma resolução espacial de  $0.1\mu m/pixel$ , e, após uma segmentação manual, são convertidas para tons de cinza (variando de 0 a 255) para serem incluídas na base de dados, cujo tamanho inicial é de 5277 imagens de núcleos celulares. Além das amostras de controle, temos na base casos do carcinoma de pequenas e de não-pequenas células e este último é ainda dividido nos subgrupos adenocarcinoma e carcinoma epidermóide. A próxima figura ilustra alguns exemplos destas imagens, neste caso para a abordagem citológica, em que o foco estará na textura visual do núcleo da célula.

Assim, vemos que os benefícios possibilitados pelas redes convolucionais locais binárias se encaixam de forma especial com as barreiras encontradas na aplicação de *Deep Learning* à presente tarefa de classificação de imagens médicas. Os registros das biópsias examinados são imagens microscópicas de alta resolução, as quais levam, em geral, a altíssimas complexidades quando aplicadas a outros modelos. Nesse caso, a redução significativa de dimensionalidade proporcionada pelas LBCNNs se mostra particularmente interessante. Além disso, são imagens de textura, um dos tipos que levam os Padrões Locais Binários a apresentarem seus melhores resultados (Cimpoi, Maji, Kokkinos, & Vedaldi, 2016).



## BIBLIOGRAFIA

- Alyafeai, Z., & Ghouti, L. (2020). A fully-automated deep learning pipeline for cervical cancer classification. *Expert Systems with Applications*, 141, 112951.
- Bishop, C. M. (2006). *Pattern recognition and machine learning (information science and statistics)*. Berlin, Heidelberg: Springer-Verlag.
- Cimpoi, M., Maji, S., Kokkinos, I., & Vedaldi, A. (2016). Deep filter banks for texture recognition, description, and segmentation. *International Journal of Computer Vision*, 118(1), 65–94.
- Cortes, C., & Vapnik, V. (1995). Support-vector networks. *Mach. Learn.*, 20(3), 273–297.

- Goodfellow, I., Bengio, Y., & Courville, A. (2016). **Deep learning**. MIT Press. (<http://www.deeplearningbook.org>)
- Guo, Z., Zhang, L., & Zhang, D. (2010). A completed modeling of local binary pattern operator for texture classification. *Trans. Img. Proc.*,19(6), 1657–1663.
- Ojala, T., Pietikainen, M., & Maenpaa, T. (2002). Multiresolution gray-scale and rotation invariant texture classification with local binary pat-terns. *IEEE Transactions on pattern analysis and machine intelligence*,24(7), 971–987.
- Ramos-Vara, J. A., & Miller, M. A. (2014). When tissue antigens and antibodies get along: Revisiting the technical aspects of immunohisto-chemistry—the red, brown, and blue technique. *Veterinary Pathology*,51(1), 42-87.