

UNIVERSIDADE FEDERAL DO MARANHÃO  
CENTRO DE CIÊNCIAS EXATAS E TECNOLOGIA  
CURSO DE CIÊNCIA DA COMPUTAÇÃO

Luciano Caracas Frazão

*Estudo de Ncuts para segmentação de mamografias com  
auxílio de MVS*

São Luís - MA  
2013

Luciano Caracas Frazão

*Estudo de Ncuts para segmentação de mamografias com  
auxílio de MVS*

Monografia apresentada ao Curso de Ciência da  
Computação da UFMA, como parte dos requisitos  
necessários para obtenção do grau de BACHAREL  
em Ciência da Computação.

**Orientador: Geraldo Braz Junior**

São Luís - MA

2013

Frazão, Luciano Caracas.

Estudo de Ncuts para segmentação de mamografias com auxílio de MVS  
/ Luciano Caracas Frazão. – São Luís, 2013.

55 f.

Impresso por computador (fotocópia).

Orientador: Geraldo Braz Junior.

Monografia (Graduação) – Universidade Federal do Maranhão, Curso de  
Ciência da computação, 2013.

1. Mamografia computadorizada. 2. Ncuts. 3. MVS. I. Título.

CDU 004.891.3: 618.19

Luciano Caracas Frazão

*Estudo de Ncuts para segmentação de mamografias com  
auxílio de MVS*

Monografia apresentada ao Curso de Ciência da  
Computação da UFMA, como parte dos requisitos  
necessários para obtenção do grau de BACHAREL  
em Ciência da Computação.

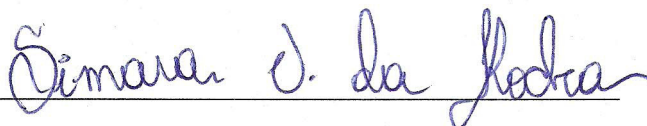
Aprovado em 05 de agosto de 2013

**BANCA EXAMINADORA**



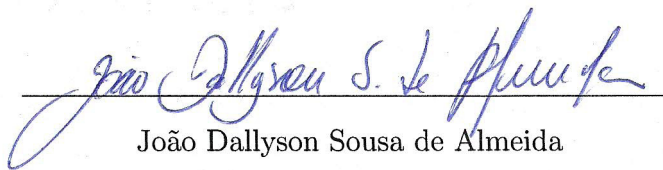
Geraldo Braz Junior

Mestre em Engenharia de Eletricidade - UFMA



Simara Vieira da Rocha

Mestre em Engenharia de Eletricidade - UFMA



João Dallyson Sousa de Almeida

Doutor em Engenharia de Eletricidade - UFMA

## Resumo

O câncer de mama atualmente é uma doença com altas taxas de mortalidade, porém se diagnosticado precocemente essas taxas são bem menores. O diagnóstico é feito a partir da mamografia, na qual é possível utilizar sistemas computacionais para um melhor diagnóstico. Este trabalho descreve uma metodologia computacional para auxiliar os médicos a diagnosticar o câncer de mama. Na metodologia é utilizado o CLAHE para melhorar o contraste nas imagens, o kmeans e uma extração manual do músculo peitoral para reduzir o tamanho da área a ser segmentada, o Ncut para fazer a segmentação e por fim um classificador MVS para reduzir o número de falsos positivos. Alcançando assim uma sensibilidade de até 94,6%.

Palavras-chaves: NCUT, Mamografia, MVS, CLAHE, KMEANS.

## **Abstract**

Breast cancer is a disease with high mortality rates, but if diagnosed early these rates can be lower. The diagnosis is made from mammography, in which is possible to use computer systems to better diagnosis. This work describes a computational methodology to help physicians diagnose breast cancer. In methodology CLAHE is used to enhance contrast in images, kmeans and a manual extraction of the pectoral muscle is used to reduce the size of the area being targeted to the Ncut segmentation, and a classifier SVM order to reduce the number of false positive. Thus achieving a sensitivity of up to 94.6 %.

Keywords: NCUT, Mammography, SVM, CLAHE, KMEANS.

## Agradecimentos

Agradeço primeiramente aos meus pais, meus avos, e todos os meu ascendentes, que sem os mesmos eu não estaria vivo!

Agradeço as minhas irmãs, aos meus irmãos e a todos os meus familiares.

Agradeço ao meu orientador que sem o mesmo não teria terminado este trabalho.

Agradeço a todos os meus amigos, em especial aos meus amigos de turma.

Agradeço a todos os professores que tive a oportunidade de assistir sua aula.

Agradeço todos com quem quem já convivi.

E por fim agradeço a todos os que diretamente ou indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho.

*“Make things as simple as possible, but  
not simpler”.*

*Albert Einstein*



## Lista de Figuras

2.1	Etapas de processamento (GONZALES; WOODS, 2000) . . . . .	12
2.2	Exemplo da imagem representada pela matriz. . . . .	13
2.3	(a) exemplo de um grafo não direcionado e ponderado; (b) representação do grafo (a) em forma de uma matriz de adjacência . . . . .	16
2.4	Caso em que o corte mínimo gera uma partição ruim (SHI; MALIK, 2000). . . . .	18
2.5	Cortes em um grafo: (a) grafo original (b) corte mínimo (c) corte normalizado (FERREIRA; CARVALHO, 2011). . . . .	19
2.6	Exemplo de segmentação gerado pelo NCUT (SHI; COUR; YU, ). . . . .	21
2.7	Exemplo de funcionamento do K-means (Adaptada de Kaehler e Bradskiet 2008). . . . .	22
2.8	Exemplo de um hiperplano ótimo para um espaço de duas dimensões (Adaptada de (HAYKIN, 2001) ) . . . . .	24
3.1	Fluxograma com todas as etapas do processo. . . . .	26
3.2	(a) Imagem digital da mama; (b) Imagem pós-processamento do CLAHE, ficando bem mais visíveis as regiões da mama. . . . .	28
3.3	(a) Imagem com músculo peitoral; (b) Imagem sem o músculo peitoral. . . . .	29
3.4	(a) Imagem de entrada; (b) Clusterização do kmeans com 4 clusteres; (c) Cluster com maior média de intensidade. . . . .	30
3.5	(a) Resultado do Ncut em cada retângulo, mostrando em vermelho os cortes ou as divisões em retângulos; (b) Resultado final do Ncut em janelas. . . . .	31
3.6	(a) Exemplo de um suposto retângulo; (b) fronteiras utilizando 4-vizinhos e arestas; (c) arestas representadas por uma matriz; (d) matriz (c) depois de ajustada, utilizada para rodar o Ncut. . . . .	32

4.1	Gráfico mostrando os resultados da Tabela anterior. . . . .	38
4.2	(a) Regiões da Imagem mbd063 depois de aplicado o Ncut em janelas; (b) Regiões da mesma imagem depois de aplicado o Ncut Geral; (c) Regiões da imagem que foram classificadas como massa e em um círculo azul a região considerada massa pelo especialista. . . . .	40
4.3	(a) Regiões da Imagem mbd274 depois de aplicado o Ncut em janelas; (b) Regiões da mesma imagem depois de aplicado o Ncut Geral; (c) Regiões da imagem que foram classificadas como massa e em um círculo azul a região considerada massa pelo especialista. . . . .	41
4.4	(a) Regiões da Imagem mbd145 depois de aplicado o Ncut em janelas; (b) Regiões da mesma imagem depois de aplicado o Ncut Geral; (c) Regiões da imagem que foram classificadas como massa e em um círculo azul a região considerada massa pelo especialista. . . . .	42
4.5	(a) Regiões da Imagem mbd168 depois de aplicado o Ncut em janelas; (b) Regiões da mesma imagem depois de aplicado o Ncut Geral; (c) Regiões da imagem que foram classificadas como massa e em um círculo azul a região considerada massa pelo especialista. . . . .	43
4.6	(a) Regiões da Imagem mbd134 depois de aplicado o Ncut em janelas; (b) Regiões da mesma imagem depois de aplicado o Ncut Geral; (c) Regiões da imagem que foram classificadas como massa e em um círculo azul a região considerada massa pelo especialista. . . . .	44
4.7	(a) Regiões da Imagem mbd019 depois de aplicado o Ncut em janelas; (b) Regiões da mesma imagem depois de aplicado o Ncut Geral; (c) Regiões da imagem que foram classificadas como massa e em um círculo azul a região considerada massa pelo especialista. . . . .	45

## Lista de Tabelas

- 4.1 Tabela com os três melhores resultados para cada conjunto de teste. . . . . 37
- 4.2 Tabela com a média dos primeiros, segundos e terceiros melhores resultados para os dez conjuntos de teste. . . . . 38

# Sumário

<b>Lista de Figuras</b>	<b>5</b>
<b>Lista de Tabelas</b>	<b>7</b>
<b>1 Introdução</b>	<b>10</b>
<b>2 Fundamentação Teórica</b>	<b>12</b>
2.1 Processamento de imagens . . . . .	12
2.2 CLAHE . . . . .	14
2.3 Algoritmos de Segmentação em Grafos . . . . .	15
2.3.1 Corte mínimo . . . . .	17
2.3.2 Corte Normalizado . . . . .	18
2.3.2.1 Aproximação do Ncut . . . . .	19
2.4 K-means . . . . .	20
2.5 Máquina de Vetor de Suporte . . . . .	22
<b>3 Metodologia</b>	<b>26</b>
3.1 Software e Hardware . . . . .	27
3.2 CLAHE . . . . .	27
3.3 Extração manual do músculo peitoral . . . . .	28
3.4 K-means . . . . .	29
3.5 Ncut em janelas . . . . .	30
3.6 Ncut geral . . . . .	31
3.7 Extração de características e eliminação de regiões . . . . .	33

---

	9
3.8 Redução de Falso Positivos e Validação . . . . .	34
<b>4 Resultados</b>	<b>36</b>
4.1 Apresentação dos resultados . . . . .	39
<b>5 Conclusão</b>	<b>46</b>
<b>Referências Bibliográficas</b>	<b>48</b>

# 1 Introdução

De acordo com o site do INCA (2013) o câncer de mama é o segundo tipo de câncer mais frequente no mundo, respondendo por 22% dos casos novos a cada ano. É mais comum entre mulheres, e se oportunamente diagnosticado e tratado, o prognóstico é relativamente bom. No Brasil as taxas de mortalidade são altas, muito provavelmente porque a doença ainda é diagnosticada em estágios avançados. As formas mais eficazes para a detecção precoce do câncer de mama são o exame clínico e a mamografia. Essa última é realizada em um aparelho de raios-X apropriado, chamado mamógrafo. Nele a mama é comprimida de forma a fornecer melhores imagens, e, portanto, melhor capacidade de diagnóstico.

Esse diagnóstico também pode ser auxiliado por computador, também conhecido pela sigla CAD (*Computer-Aided Diagnosis*), é definido como um diagnóstico realizado pelo especialista, utilizando o resultado de análises quantitativas automatizadas de imagens médicas como uma segunda opinião para tomada de decisões diagnósticas (SEIXAS; SA-ADE, 2005). O principal objetivo do CAD é viabilizar melhores resultados no diagnóstico de doenças, a partir de uma melhor interpretação das imagens, seguindo informações processadas pelo computador como referência. Essas imagens podem ser de qualquer modalidade de exames atuais, tais como radiografia, ultrasonografia, entre outras. Um sistema CAD pode ser especializado em qualquer parte do corpo.

Um diagnóstico feito por dois especialistas eleva significativamente as chances de acerto. Um sistema CAD funcionaria como o segundo especialista. Esses sistemas são, em geral, de efetividade elevada por poderem enxergar com mais profundidade as imagens médicas, que podem conter qualidade baixa, deformações. Além disso, são mais objetivos devido natureza computacional e não humana: sistemas CAD, não "cansam", não tem fadiga visual, não deixam passar informações despercebidas por distração. Eles podem ainda evitar exames adicionais desnecessários, uma vez que são mais sensíveis, em alguns casos, do que o médico.

Moreira (2012) utiliza o CLAHE e o MeanShift para pré-processamento e o Ncut para fazer a segmentação das imagens mamográficas, conseguindo uma sensibilidade de 85% e

uma média de falsos positivos por imagem de 6,67. ISA, ASHIDI e TING (2012) também utilizam o CLAHE e fazem uma limiarização manual, além de uma técnica conhecida como crescimento de regiões alcançando uma sensibilidade de 94,59% e uma média de falsos positivos por imagem de 3,9. Martins et al. (2008) utilizou o kmeans para fazer a segmentação e a MVS para reduzir o número de falsos positivos, alcançando assim uma sensibilidade de 86%. Eddaoudi et al. (2011) propõem uma metodologia em que é segmentado o músculo peitoral, depois é feita uma limiarização, e utilizando as características de Haralick e a MVS, é obtido uma sensibilidade de 96,05% e uma média de falsos positivos por imagem de 3,94.

Esta monografia apresenta a pesquisa da utilização do Ncut juntamente com o CLAHE, Kmeans e MVS para detecção de massas em mamografias, com o intuito de melhorar o diagnóstico do câncer de mama. Facilitando o trabalho do médico, e garantindo mais eficácia na detecção, assim diminuindo o número de diagnósticos errados, e contribuindo para preservar o bem mais precioso que temos, a vida.

O objetivo geral deste trabalho é o desenvolvimento de uma metodologia computacional para auxiliar os médicos a diagnosticar o câncer de mama. Como objetivos específicos temos:

- Estudar o Ncut, e tentar melhorar seu desempenho
- Utilizar o CLAHE e o kmeans para melhorar o desempenho do Ncut
- Utilizar a MVS para reduzir o número de falsos positivos

Este trabalho está organizado em 5 capítulos, o capítulo 2 traz as bases teóricas sobre as técnicas aplicadas na metodologia, no qual o leitor deve ter um conhecimento básico sobre processamento de imagens.

O capítulo 3, a metodologia, mostra como foram utilizadas as técnicas descritas pelo capítulo 2. Nele está detalhado todas as etapas do desenvolvimento da metodologia.

No capítulo 4, estão os resultados alcançados com a metodologia proposta pelo capítulo 3. Mostrando alguns estudos de casos, e explicando o motivo deles terem acertado ou errado.

Por fim no capítulo 5, está a conclusão, onde é feita uma breve retrospectiva do trabalho, e estão sugestões de pontos a serem melhorados.

## 2 Fundamentação Teórica

Neste capítulo são abordadas todas as técnicas utilizadas para a proposta de metodologia deste trabalho. As técnicas envolvem conhecimentos na área de processamentos de imagens - conceitos básicos; CLAHE; segmentação em grafos; Ncut - e mineração de dados - Kmeans e MVS.

### 2.1 Processamento de imagens

De acordo com a metodologia usada, as etapas do processamento de imagem podem variar. Todavia, as etapas apresentadas em (GONZALES; WOODS, 2000) são tidas na área como etapas básicas. As mesmas são representadas pela Figura 2.1 a seguir. Todas as etapas serão explicadas e algumas exemplificadas.

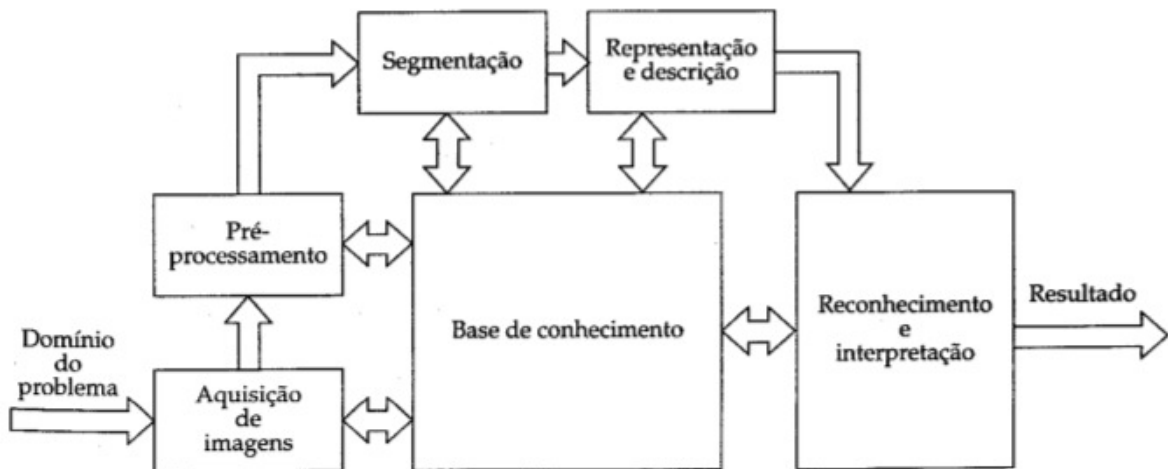


Figura 2.1: Etapas de processamento (GONZALES; WOODS, 2000)

O primeiro passo consiste de fato no domínio do problema a ser abordado. O passo seguinte é à aquisição de imagem, mas antes precisamos entender o que é uma imagem. De acordo com (GONZALES; WOODS, 2000) uma imagem monocromática pode ser descrita como uma função bidimensional de intensidade da luz  $f(x, y)$ , onde  $x$  e  $y$  são as coordenadas espaciais e o valor  $f$  num ponto  $(x, y)$  é proporcional ao brilho ( ou nível de cinza ) da imagem naquele ponto. Assim a melhor estrutura de dado para



armazenar uma imagem monocromática e processá-la é uma matriz bidimensional, onde a quantidade de linhas é igual ao número de pixels que a imagem tem em relação a sua altura, e a quantidade de colunas é semelhantemente definida, porém em relação à largura da imagem. Analogamente na função  $f$ , um ponto da matriz representa o valor do nível de cinza naquele ponto. Na Figura 2.2 podemos observar como um pedaço de uma imagem pode ser representado na forma de uma matriz.



Figura 2.2: Exemplo da imagem representada pela matriz.

Após a obtenção da imagem digital podemos fazer o pré-processamento necessário. O objetivo desta etapa é melhorar a imagem, de forma a aumentar as chances de sucesso nos passos seguintes. Várias são as técnicas que podem ser utilizadas para tal, dentre elas estão, diminuição de ruído, realce de contraste, filtros morfológicos, CLAHE (*Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization*), dentre outras.

Posteriormente a próxima etapa é a segmentação da imagem. Definida em termos gerais ela divide a imagem em partes ou objetos constituintes, cada parte ou objeto é um conjunto de *pixels*, sendo a união dos conjuntos igual a todos os *pixels* da imagem, e a intersecção de cada grupo com qualquer outro é igual ao conjunto vazio. Cada *pixel* de um objeto é semelhante aos demais do mesmo objeto com base em alguma característica ou propriedade, e cada objeto é diferente dos demais ao seu redor com base na mesma característica ou propriedade. A segmentação é geralmente utilizada para localizar objetos

e formas, separando-os assim do fundo ou de outros objetos. O resultado da segmentação é uma matriz com mesmas dimensões da matriz da imagem de entrada, e cada elemento da matriz é uma referencia para qual objeto aquele pixel pertence. Podendo também ser uma matriz binária, onde um valor representa o fundo, e o outro a área ou objeto de interesse.

Várias são as técnicas e algoritmos usados para segmentar imagens, onde não há uma solução que sirva para todos os problemas. Para cada problema ou tipo de imagem é necessário um algoritmo, uma técnica ou combinações de ambos.

Após a segmentação o próximo passo é a representação e descrição, que também pode ser chamado de extração de características, a qual tem por objetivo extrair características dos objetos, para que estes objetos possam ser classificados na etapa seguinte. Muitas são as características que podem ser extraídas, como a área, o perímetro, a média e além de várias outras.

Com as características extraídas o próximo passo é o de reconhecimento e interpretação, onde tem por finalidade classificar os objetos em grupos previamente definidos de acordo com o domínio do problema. Cada classe terá algumas características específicas que foram definidas com base em um treinamento prévio, com esse treinamento e assim construir um modelo para classificar as regiões segmentadas.

Nesta seção foram introduzidos alguns conceitos de processamento de imagens. Com base nesses conceitos, as próximas seções irão explicar quais técnicas ou algoritmos foram utilizadas para realizar cada etapa.

## 2.2 CLAHE

Para entender o CLAHE (*Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization*) (DASKALAKIS et al., 2007) primeiramente precisamos entender o que é AHE (*Adaptive Histogram Equalization*). AHE é uma técnica de equalização de histograma usada para melhorar o contraste em imagens, ela difere de uma equalização tradicional de histograma, pois cada pixel é transformado de acordo com a equalização do histograma calculado com base nos seus pixels vizinhos, e não com base na imagem inteira. Isso melhora o contraste local e trás mais detalhes, porém em regiões onde a imagem é muito homogênea pode

causar um grande aumento de ruído.

O CLAHE foi desenvolvido como forma de resolver esse problema, ele funciona da seguinte maneira, a imagem é dividida em *tiles* (janelas), para cada *tile* é aplicado uma equalização de histograma (utilizando a distribuição gaussiana, mostrada na Equação 2.1), porém esses histogramas são limitados a um parâmetro chamado *Clip Limit*, no qual limita o quanto o contraste pode ser aumentado. Em seguida é aplicada uma interpolação bilinear entre os *tiles*, fazendo assim com que as bordas dos *tiles* não sejam percebidas.

$$f(x, \mu, \sigma) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma^2}} e^{-\frac{(x-\mu)^2}{2\sigma^2}}, -\infty < x < \infty, \sigma > 0 \quad (2.1)$$

## 2.3 Algoritmos de Segmentação em Grafos

Um grafo é uma estrutura na quais vértices (nós) são interligados por arestas, sendo que estas indicam a presença de uma ligação entre os vértices ou até mesmo o custo que envolve os dois vértices (grafos ponderados).

Grafos podem ser orientados (se existe uma aresta de  $A$  para  $B$ , não implica existir uma aresta de  $B$  para  $A$ ) e não orientados (se existe uma aresta de  $A$  para  $B$ , implica existir uma aresta de  $B$  para  $A$  com mesmo custo, se ponderado). Grafos podem conter arestas que ligam um vértice a ele mesmo, chamado auto *loop*, e dois vértices diferentes podem ter mais de uma aresta ligando-os. Um exemplo simples para utilizar grafos é calcular a menor distância de uma cidade para outra, sendo as cidades os vértices, as estradas as arestas, e o peso de cada aresta correspondente a distancia das cidades que aquela aresta liga.

A maneira mais simples de representar um grafo é através de uma matriz de adjacência, para um grafo de  $V$  vértices, podemos representar com uma matriz  $V \times V$ , onde cada elemento  $(i,j)$  da matriz representa qual a ligação entre o vértice  $i$  e  $j$ . A matriz é definida da seguinte maneira para grafos não ponderados:

$$A(i, j) = \begin{cases} 1 & , \text{ se há uma ligação entre } i \text{ e } j \\ 0 & , \text{ caso contrário} \end{cases} \quad (2.2)$$

E para grafos ponderados:

$$W(i, j) = \begin{cases} w(i, j) & , \text{ se há uma ligação entre } i \text{ e } j \\ 0 & , \text{ caso contrário} \end{cases} \quad (2.3)$$

onde  $w(i, j)$  é o custo que envolve os vértices  $i$  e  $j$ . Para grafos não direcionados a matriz deve ser simétrica em relação a diagonal principal. Na Figura 2.3 está exemplificado um grafo com sua respectiva matriz de adjacência.

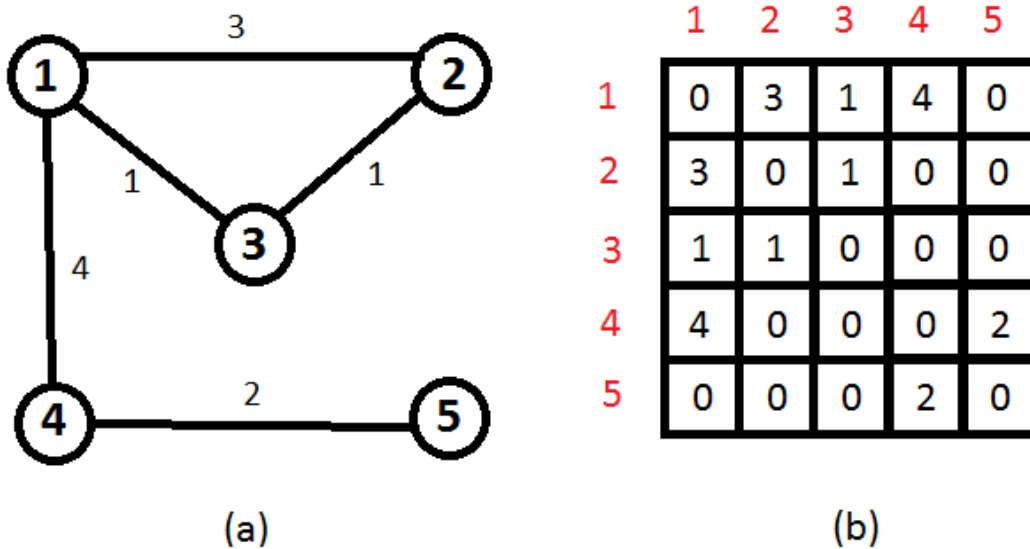


Figura 2.3: (a) exemplo de um grafo não direcionado e ponderado; (b) representação do grafo (a) em forma de uma matriz de adjacência

Utilizando os conceitos de grafos para segmentar uma imagem, deve-se primeiramente transformar uma imagem em um grafo ponderado, onde cada pixel da imagem vira um vértice e as arestas são calculadas com base no valor de cada pixel e dos seus pixels vizinhos, criando assim uma matriz de adjacência. Em seguida escolhe-se um método para separar esses vértices em várias partes, ou seja, fazer cortes no grafo. Então cada partição corresponderá a um objeto ou ao fundo da imagem. Alguns são os métodos a serem escolhidos que usam grafos para segmentar imagem, entre eles estão os algoritmos: árvore geradora mínima, corte mínimo, corte normalizado entre outros.

Uma maneira de transformar uma imagem em um grafo proposta por (SHI; MALIK, 2000) é utilizando a seguinte definição:

$$W(i, j) = \begin{cases} e^{-\left(\frac{\alpha^2}{d_p}\right) - \left(\frac{\beta^2}{d_i}\right)} & , \text{se } \alpha < r \\ 0 & , \text{caso contrário} \end{cases} \quad (2.4)$$

onde  $\alpha$  é a distância dos pixels  $i$  e  $j$ , e  $\beta$  é a diferença entre as intensidades de brilho. Já  $d_p$ ,  $d_i$ , e  $r$  são parâmetros para construção da matriz, sendo o primeiro para controlar a escala de proximidade espacial, o segundo para a similaridade de intensidade e o terceiro é o raio de conexão do grafo, definindo qual a maior distância para que um pixel tenha uma aresta com outro.

### 2.3.1 Corte mínimo

Para entender o que é o corte mínimo, primeiro precisamos definir o que é um corte num grafo. Dado um grafo  $G = (V, E)$  de acordo com Shi e Malik (2000) um corte é definido como a separação desse grafo  $G$  em dois subgrafos, tal que, a união dos dois seja igual ao próprio grafo  $G$ , e que os dois subgrafos não tenham nenhum vértice em comum. O corte é feito retirando todas as arestas que ligam um subgrafo ao outro, e o somatório dos pesos dessas arestas é chamado de grau de dissimilaridade entre os subgrafos:

$$\text{corte}(A, B) = \sum_{u \in A, v \in B} w(u, v) \quad (2.5)$$

O corte mínimo não é nada mais que definir quais os dois subgrafos (que se encaixem na definição anterior) que torne o valor do corte o menor possível. Apesar de, à primeira vista parecer um problema não polinomial esse é um problema bem estudado e existem algoritmos eficientes para resolvê-lo (SHI; MALIK, 2000). O corte mínimo tem valor igual ao fluxo máximo de um grafo.

Wu e Leahy (1993) fizeram estudos utilizando o corte mínimo para segmentar imagens. No algoritmo desenvolvido por eles o corte mínimo era usado para particionar o grafo em  $K$ -subgrafos tal que o maior valor de corte entre os subgrafos é minimizado, e para evitar que subgrafos muito pequenos fossem particionados, foi adotada uma restrição que impedia o ocorrido. Porém como demonstrado por eles, o corte mínimo só apresenta boa segmentação em alguns tipos de imagens.

No entanto, como observado por Wu e Leahy (1993), o critério do corte mínimo tende

a particionar subgrafos pequenos ou isolados no grafo, pois como visto na equação quanto menos arestas forem retiradas, menor será o valor do corte. A Figura 2.4 se encaixa perfeitamente nesse caso, assumindo que o peso das arestas é inversamente proporcional à distância entre dois nós, podemos ver que os cortes que particiona  $n1$  e  $n2$  terão um valor bem pequeno, diferente do melhor corte que separa os pontos em metade da esquerda e metade da direita (que teria um valor bem alto).

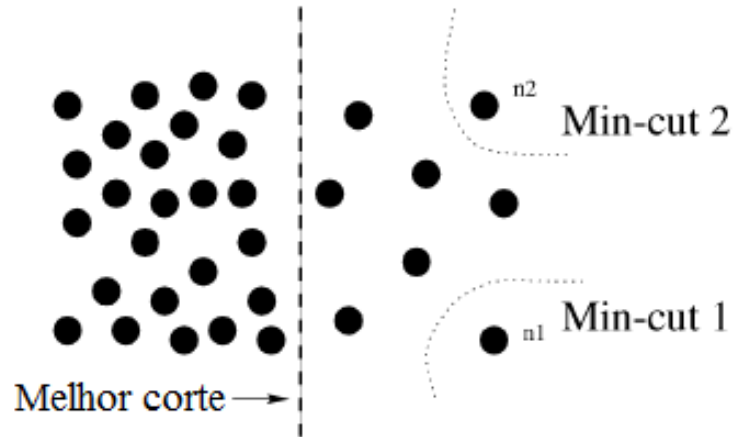


Figura 2.4: Caso em que o corte mínimo gera uma partição ruim (SHI; MALIK, 2000).

### 2.3.2 Corte Normalizado

Para resolver o problema do corte mínimo, balanceando as partições, Shi e Malik (2000) propuseram uma nova medida de dissimilaridade entre dois grupos, essa medida leva em consideração não apenas o valor total das arestas retiradas, mas também o valor total das arestas que ligam as partições a todos os vértices do grafo original, essa medida é chamada de corte normalizado, melhor definida pelas equações a seguir:

$$Ncut(A, B) = \frac{Cut(A, B)}{assoc(A, V)} + \frac{Cut(A, B)}{assoc(B, V)} \quad (2.6)$$

$$assoc(A, V) = \sum_{u \in A, t \in V} w(u, t) \quad (2.7)$$

onde  $assoc(A, V)$  é o total dos pesos das arestas que ligam A a todos os outros nós do grafo, e  $assoc(B, V)$  é similarmente definido. No exemplo da Figura 2.4 podemos observar que ao aplicar o novo critério os cortes que separam  $n1$  ou  $n2$  terão um valor maior que outro corte que separe mais que apenas um ponto, pois ao separar apenas um ponto o valor

do corte será maximizado. Note que ao distribuir os vértices em partições balanceadas os valores *assoc* terão valores mais próximos e por consequência um menor valor de corte normalizado.

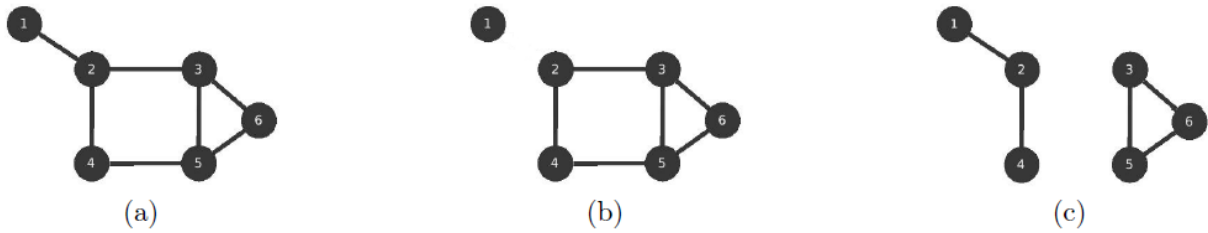


Figura 2.5: Cortes em um grafo: (a) grafo original (b) corte mínimo (c) corte normalizado (FERREIRA; CARVALHO, 2011).

Sendo o grafo correspondente a Figura 2.5 (a) um grafo não ponderado, vamos achar o valor do corte mínimo e do corte normalizado para (b) e (c). Fica claro que (b) é a melhor partição utilizando o critério do corte mínimo, pois é a única partição que é necessário retirar apenas uma aresta para separar um conjunto de vértices dos demais, assim o valor do corte mínimo é igual a um. Já utilizando o critério do corte normalizado precisamos calcular também  $assoc(A, V)$  que é igual a 1 e  $assoc(B, V)$  que é igual a 7, então o valor do corte normalizado é aproximadamente igual a 1,15. Vamos agora calcular os valores dos cortes para (c), que pela definição parece ser um bom candidato a minimizar o corte normalizado, para particionar o grafo de tal forma é necessário retirar duas arestas, assim o valor do corte é igual a dois, provando assim que o critério do corte mínimo não escolheria essa partição. Para o corte normalizado precisamos novamente calcular  $assoc(A, V)$  que é igual a 4 e  $assoc(B, V)$  que é igual a 5, assim o valor do corte normalizado é 0,9 provando também que segundo o critério do corte normalizado a partição (c) seria a escolhida em relação a (b).

Infelizmente, minimizar o corte normalizado é um problema do tipo NP-Completo. Porém quando aplicamos o corte normalizado num problema de domínio real, uma aproximação discreta pode ser encontrada eficientemente (SHI; MALIK, 2000).

### 2.3.2.1 Aproximação do Ncut

Dado uma partição de nós de um grafo,  $G = (V, E)$ , em dois conjuntos  $A$  e  $B$ , seja  $x$  um vetor de tamanho  $N = |V|$  que indica em qual conjunto um vértice está,  $x_i = 1$  se está no conjunto  $A$  e  $x_i = -1$  se está no conjunto  $B$ . Seja  $d(i) = \sum_j w(i, j)$ , sendo o total

de conexões do vértice  $i$  para todos os outros. Seja  $D$  uma matriz diagonal  $N \times N$  com  $d$  na sua diagonal (SHI; MALIK, 2000).

O corte normalizado pode ser reescrito elegantemente como um problema de autovalor. Depois da simplificação segundo Malik (1999), a equação do corte normalizado se torna:

$$\min_x Ncut(x) = \min_y \frac{y^T(D - W)y}{y^T D y} \quad (2.8)$$

Com a condição que  $y(i) \in \{1, -1\}$  e  $y^T D \mathbf{1} = 0$ .  $D$  e  $W$  são conhecidos, então só precisamos achar o vetor  $y$  que minimiza o corte normalizado. Note que a expressão acima é um quociente de Rayleigh (HORN; JOHNSON, 1985), e pode ser minimizado ao sistema de autovalores. Os autovetores na solução  $y$  tem valores reais, então autovetores são justamente uma aproximação e necessitam ser discretizados. Segue a minimização do corte normalizado para o sistema de autovalores e autovetores (MALIK, 1999):

$$(D - W)y = \lambda D y \quad (2.9)$$

Pode-se verificar que o zero (0) é um dos autovalores do sistema generalizado, assim, o segundo menor autovetor é uma real solução para o problema do corte normalizado (SHI; MALIK, 2000). Similarmente o autovetor com o terceiro menor autovalor também é uma solução que otimiza a divisão das subpartes, e assim por diante. A Figura 2.6 é um exemplo de segmentação utilizando o critério do corte normalizado, segmentando a imagem em 5 partições, gerada a partir da execução do código fonte obtido na internet (SHI; COUR; YU, ).

## 2.4 K-means

De acordo com (KAEHLER; BRADSKI, 2008) o K-means é um algoritmo de clusterização bastante conhecido e utilizado, principalmente devido a sua eficiência. Ele é simples de utilizar, uma vez que exige apenas uma quantidade  $N$  de grupos como parâmetro, ele tenta então classificar os dados em  $N$  grupos, classificados por similaridade e gerando assim um diagrama de Voronoi.

O K-means é um algoritmo iterativo, e de maneira rápida encontra uma solução para o problema, sendo possíveis diferentes soluções para um mesmo grupo de dados,



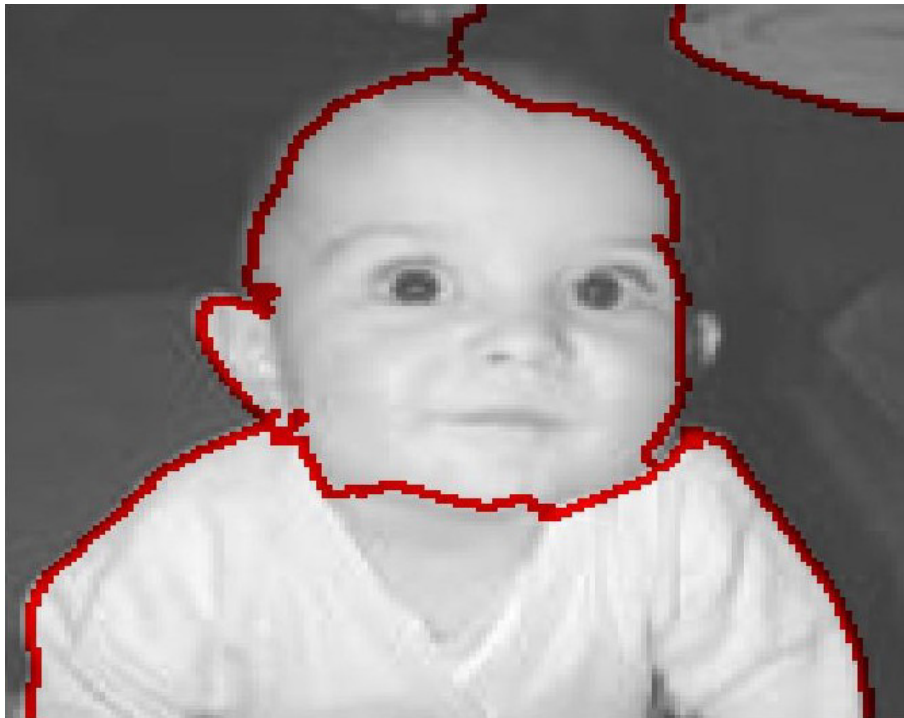


Figura 2.6: Exemplo de segmentação gerado pelo NCUT (SHI; COUR; YU, ).

dependendo de como for feita a inicialização dos centroides, que pode ser feita de forma aleatória ou utilizando alguma heurística. Centroide é o centro de cada grupo, assim um dado pertence a um grupo quando ele é mais semelhante a certo centroide do que de todos os outros. O algoritmo é executado como segue:

1. Tendo como entrada um conjunto de dados e um número de grupos  $K$ .
2. Aleatoriamente ou utilizando uma heurística, definir os centros dos grupos.
3. Associar cada ponto de dado ao seu grupo mais semelhante, geralmente empregando a distância Euclidiana.
4. Recalcular o posicionamento dos centroides, que será a media dos pontos pertencentes a cada grupo.
5. Repetir os passos 3 e 4 até que haja uma convergência dos centroides (centroide não mova mais).

A Figura 2.7 mostra o funcionamento do K-means, na Figura 2.7 (a) Os centros dos *clusters* são colocados de forma aleatória e cada ponto de dados é então atribuído ao seu centro mais próximo, na Figura 2.7 (b) os centros de *clusters* são movidos para o centroide

dos seus pontos, na Figura 2.7 (c) os pontos de dados são novamente atribuídos ao seu centro de *cluster* mais próximo, e na Figura 2.7 (d) Os centros de *cluster* são novamente mudados para o centroide de seus pontos. Neste caso ele leva apenas duas iterações para convergir, no entanto em casos reais, ele pode tanto convergir rápido ou necessitar de um grande número de iterações.

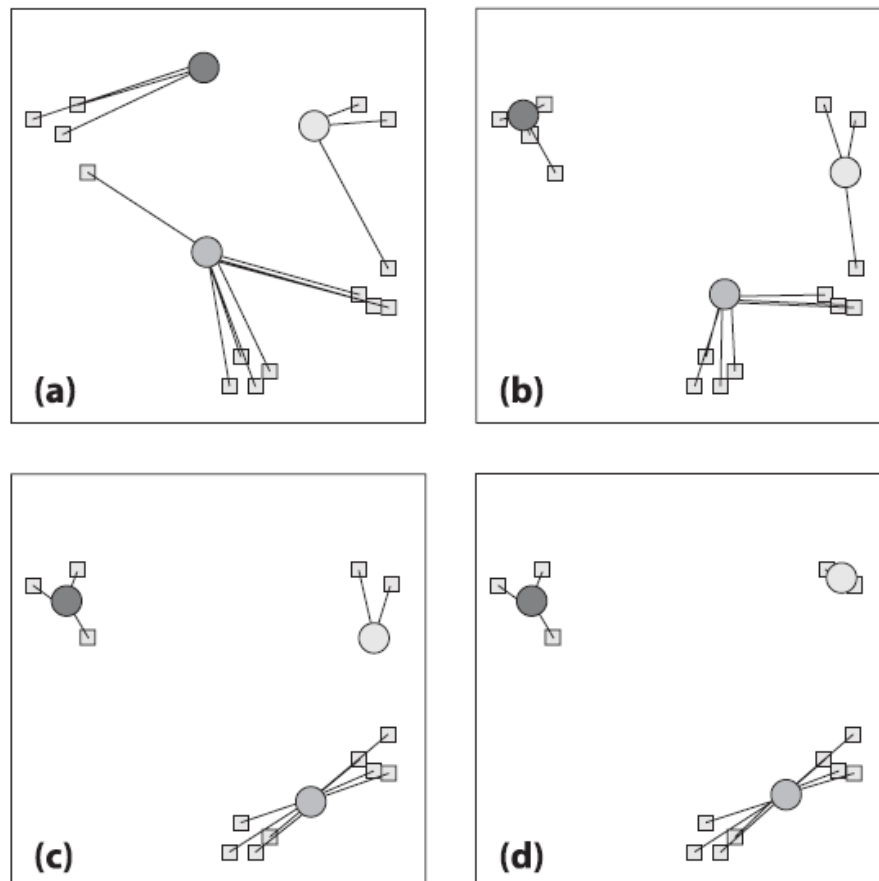


Figura 2.7: Exemplo de funcionamento do K-means (Adaptada de Kaehler e Bradskiet 2008).

## 2.5 Máquina de Vetor de Suporte

Em aprendizagem de máquinas, MVS é um tipo de modelo de aprendizado supervisionado, baseado na Teoria Estatística (VAPNIK, 1998) associado com algoritmos de aprendizagem, que analisam dados e reconhecem padrões. Ela basicamente recebe uma entrada de dados, composta por vários indivíduos de duas classes, a qual é utilizada para gerar um modelo, e a partir desse modelo outros dados podem ser classificados.

De acordo com Haykin (2001) a ideia principal de uma máquina de vetor de suporte

é construir um hiperplano como superfície de decisão de tal forma que a margem de separação entre exemplos positivos e negativos seja máxima.

Seja  $(x_i, y_i)$  com  $x_i \in \mathfrak{R}^n$ ,  $y_i \in \{1, -1\}$ , e  $i = 0, \dots, N$  o conjunto de exemplos de treinamento, onde  $x_i$  é o vetor de entrada e  $y_i$  é a classificação desejada. O objetivo é estimar uma função  $f : \mathfrak{R}^n \rightarrow \{+ - 1\}$ , usando os exemplos de treinamento que classifique corretamente os exemplos de testes  $(x, y)$ , não utilizados no treinamento (CHAVES, 2006).

Para padrões linearmente separáveis, a solução do problema de treinamento da MVS consiste em achar um hiperplano que separe perfeitamente os pontos de cada classe e cuja margem de separação seja máxima. Na Figura 2.8 podemos ver um exemplo de um hiperplano ótimo, o qual tem uma margem de separação máxima, ele é definido por:

$$w \cdot x + b = 0 \quad (2.10)$$

onde  $w$  é um vetor de pesos e  $b$  um deslocamento. Então na etapa de treinamento um  $w$  e um  $b$  devem ser encontrados tal que satisfaça a equação:

$$y_i((w \cdot x_i) + b) \geq 1 \text{ para } i = 1, \dots, N \quad (2.11)$$

De acordo com Chaves (2006) os valores ótimos de  $w$  e  $b$  serão encontrados ao minimizar a seguinte equação, de acordo com as restrições da Equação 2.11:

$$\Phi(w) = \frac{w^2}{2} \quad (2.12)$$

Em casos onde não é possível fazer a separação perfeita entre duas classes, a MVS possibilita reduzir os erros, graças as variáveis de folga que permitem que as restrições da Equação 2.11 sejam quebradas. O problema então passa a ser a minimização da equação:

$$\Phi(w, \xi) = \frac{w^2}{2} + C \sum_i^N \xi_i \quad (2.13)$$

sendo

$$y_i((w \cdot x_i) + b)\xi_i \geq 1 \text{ para } i = 1, \dots, N, \text{ e } \xi_i \geq 0 \text{ para } i = 1, \dots, N \quad (2.14)$$

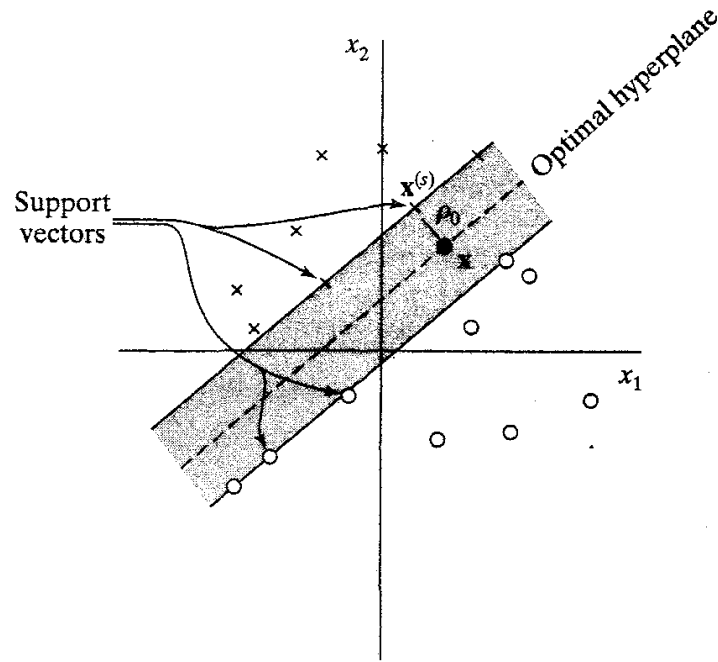


Figura 2.8: Exemplo de um hiperplano ótimo para um espaço de duas dimensões (Adaptada de (HAYKIN, 2001) )

onde  $C$  é um parâmetro de treinamento que estabelece o equilíbrio entre a complexidade do modelo e o erro de treinamento, devendo ser selecionado pelo usuário.

Através da teoria dos multiplicadores de Lagrange, chega-se à Equação 2.15. Então o objetivo passa a ser encontrar os multiplicadores de Lagrange  $\alpha_i$  ótimos que satisfaçam a Equação 2.16:

$$w(\alpha) = \sum_{i=1}^N \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j=1}^N \alpha_i \alpha_j y_i y_j (x_i, x_j) \quad (2.15)$$

$$\sum_{i=1}^N \alpha_i y_i = 0, 0 \leq \alpha_i \leq C \quad (2.16)$$

Para que a MVS possa classificar amostras que não são linearmente separáveis, é necessária uma transformação não-linear que transforme o espaço entrada (dados) para um novo espaço (espaço de características). Esse espaço deve apresentar dimensão suficientemente grande, e através dele, a amostra pode ser linearmente separável. Dessa maneira, o hiperplano de separação é definido como uma função linear de vetores retirados do espaço de características ao invés do espaço de entrada original. Essa construção depende do

cálculo de uma função K de núcleo de um produto interno (HAYKIN, 2001). A função K pode realizar o mapeamento das amostras para um espaço de dimensão muito elevada sem aumentar a complexidade dos cálculos. A Equação 2.17 mostra o resultado da Equação 2.15 com a utilização de um núcleo K.

$$w(\alpha) = \sum_{i=1}^N \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j=1}^N \alpha_i \alpha_j y_i y_j K(x_i, x_j) \quad (2.17)$$

Uma importante função de núcleo é a função de base radial, muito utilizada em problemas de reconhecimento de padrões e também utilizada neste trabalho. A função de base radial é definida pela equação:

$$K(x_i, x_j) = \exp(-\gamma \|x_i - x_j\|^2) \quad (2.18)$$

### 3 Metodologia

Neste capítulo é abordada a metodologia proposta utilizada para o desenvolvimento deste trabalho, abordando todas as etapas necessárias para enfim chegar aos resultados. Na Figura 3.1 temos uma visão geral de todas as etapas realizadas durante a metodologia, a etapa 1 é feita para melhorar a imagem original. Já nas etapa 2 e 3 são extraídos pedaços da imagem que não tem uma importância significativa para o problema. As etapas 4 e 5 são as principais etapas desse trabalho, nelas ocorre a segmentação da imagem. E por fim na etapa 6 é feito a classificação dos das regiões segmentadas pela etapa 5.

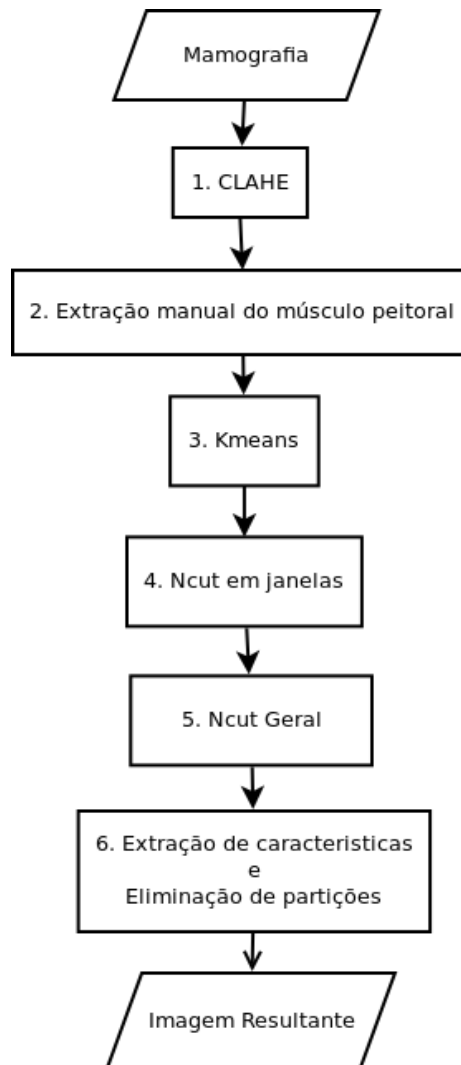


Figura 3.1: Fluxograma com todas as etapas do processo.

## 3.1 Software e Hardware

Para o desenvolvimento da metodologia foi utilizado um computador com um processador Intel Core i5-2430M de 2.40GHz, com uma memória de 4GB. E os softwares utilizados foram o MATLAB R2010a (MATHWORKS, 2010) e o LibSVM(CHANG; LIN, 2003).

Como base de toda a implementação foi utilizado o código do Ncut feito para MATLAB pelo Shi (um dos criadores do Ncut).

As mamografias utilizadas neste trabalho foram adquiridas do MIAS(*The Mammographic Image Analysis Society Digital Mammogram Database*) (SUCKLING et al., 1994). Onde cada imagem contém uma referência de suas anormalidades, caso existam. Do total de imagens, foram utilizadas apenas 74, essas sempre com alguma anormalidade.

## 3.2 CLAHE

A imagem obtida a partir da mamografia digital pode ser melhorada, para isso foi utilizado o CLAHE (Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization), assim melhorando o contraste entre as possíveis massas. Na Figura 3.2 é mostrado um exemplo da aplicação do CLAHE em uma das imagens do banco de testes, essa imagem (mdb063) será utilizada como exemplo em todas as etapas da metodologia. Podemos ver na Figura 3.2 (b) o destaque em vermelho, indicando a área da massa, e é possível ver na Figura 3.2 (a), antes de aplicado o CLAHE, que havia uma área de muita densidade, e então conseguimos fazer uma separação melhor nessa imagem, ao mesmo tempo em que fizemos a separação criamos outras estruturas com o contraste muito alto, que podem ser confundidas com uma massa. A tendência é que o número de falsos positivos aumente, porém também ocorre uma melhora significativa sobre a sensibilidade, principalmente em imagens com pouco contraste.

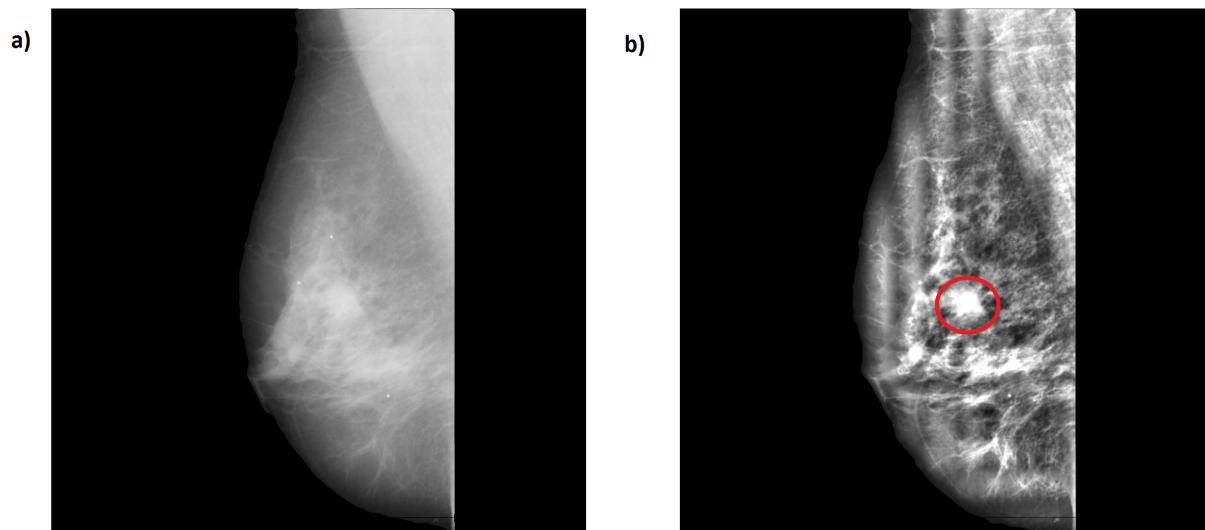


Figura 3.2: (a) Imagem digital da mama; (b) Imagem pós-processamento do CLAHE, ficando bem mais visíveis as regiões da mama.

### 3.3 Extração manual do músculo peitoral

As mamografias utilizadas nesse trabalho foram feitas utilizando a incidência médio-lateral oblíqua, nessa incidência uma parte do músculo peitoral aparece. Como o músculo peitoral não é importante no domínio do problema, ele pode ser ignorado, e assim pode ser removido da imagem. O modo da extração foi feito manualmente utilizando um editor de imagens comum, e qualquer área que pertence ao músculo foi pintada da mesma cor do fundo (preto).

Extrair o músculo pode melhorar os resultados das próximas etapas de várias maneiras, uma delas é evitar que regiões do músculo (que tem grande intensidade) sejam classificadas como massas (diminuindo o número de falsos positivos), ou até mesmo influenciar no cálculo das características de cada região, assim influenciando o treino e a classificação. Na Figura 3.3 verificamos o resultado final da extração.



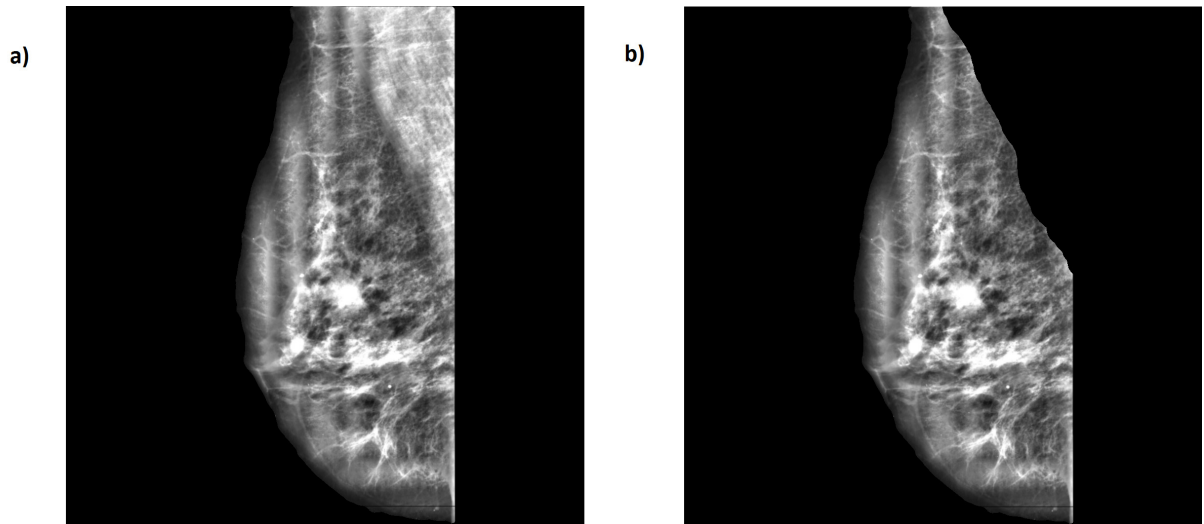


Figura 3.3: (a) Imagem com músculo peitoral; (b) Imagem sem o músculo peitoral.

### 3.4 K-means

A partir da imagem sem o músculo peitoral é utilizado o K-means, para clusterizá-la e retirar os pixels que tiverem baixa intensidade de brilho. A ideia por trás dessa etapa é separar o parênquima<sup>1</sup> e as massas, que é a região que vai ter as mais altas intensidades, do resto da mama, que tem todo um perfil gorduroso.

Foram feitos testes para descobrir qual o melhor número de clusters a ser utilizado pelo kmeans, e dentre os testes o que obteve melhor resultado foram quatro grupos. Desses quatro, apenas o com maior média de intensidade de brilho foi considerado como possível região de massas, assim, eliminando boa parte da imagem. Utilizando uma proporção maior de grupos foi perceptível o aumento da região segmentada ao redor das massas, o que não se torna interessante. Ao mesmo tempo em que uma proporção menor causava uma perda da área das massas em algumas imagens. Com essa proporção (um para quatro) foram poucas as imagens que tiveram parte da massa deixada de fora do grupo de maior intensidade, não tinham uma massa bem definida ou tinham massas muito pequenas. Na Figura 3.4 podemos observar em (a) a imagem de entrada, em (b) os quatro clusteres (quanto mais claro maior a média de intensidade), e por fim em (c) apenas a região com maior probabilidade conter massas.

---

<sup>1</sup>Parênquima é o tecido com a função principal de determinado órgão.

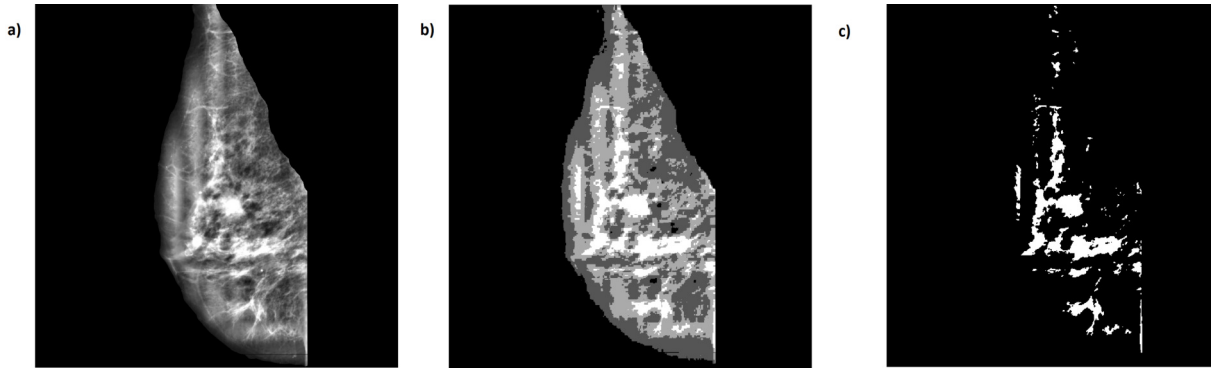


Figura 3.4: (a) Imagem de entrada; (b) Clusterização do kmeans com 4 clusters; (c) Cluster com maior média de intensidade.

### 3.5 Ncut em janelas

Como o Ncut é um algoritmo lento, mesmo utilizando a aproximação, a ideia por trás dessa etapa é além de tornar a execução mais rápida, fazer com que pequenas dissimilaridades entre conjuntos de *pixels*, em pequena escala, sejam evidenciadas. Fazendo assim com que na macro escala, a segmentação tenha um melhor resultado.

A partir da segmentação do K-means, a imagem é dividida em vários pedaços retangulares. Sendo que o tamanho do retângulo é um dos parâmetros do algoritmo. Para cada retângulo é rodado um Ncut convencional, dividindo assim o retângulo em várias regiões. Como explicado anteriormente à aproximação do Ncut pode fazer vários cortes ao mesmo tempo, isso é feito utilizando os autovetores que foram achados. De acordo com a implementação no matlab, os autovalores estão em ordem não crescente, assim o número de cortes é baseado em um parâmetro  $V_{cut}$ , e todos os autovetores que tiverem autovalor maior que  $V_{cut}$  serão utilizados para dividir o retângulo em regiões menores.

Após aplicado o Ncut em todos os retângulos como visto na figura 3.5 (a), toda região considerada muito pequena (menor que 25 *pixels* de área) será excluída para evitar ruídos. E qualquer pedaço de região antes considerado como não importante pelo kmeans será considerado fundo novamente. Isso acontece, pois para o cálculo da matriz de similaridade implementada por Shi, a entrada é uma imagem, e todos os seus pixels são considerados mesmo os que foram considerados como fundo. Na Figura 3.5 (b) podemos ver quais regiões são utilizadas nos passos seguintes.

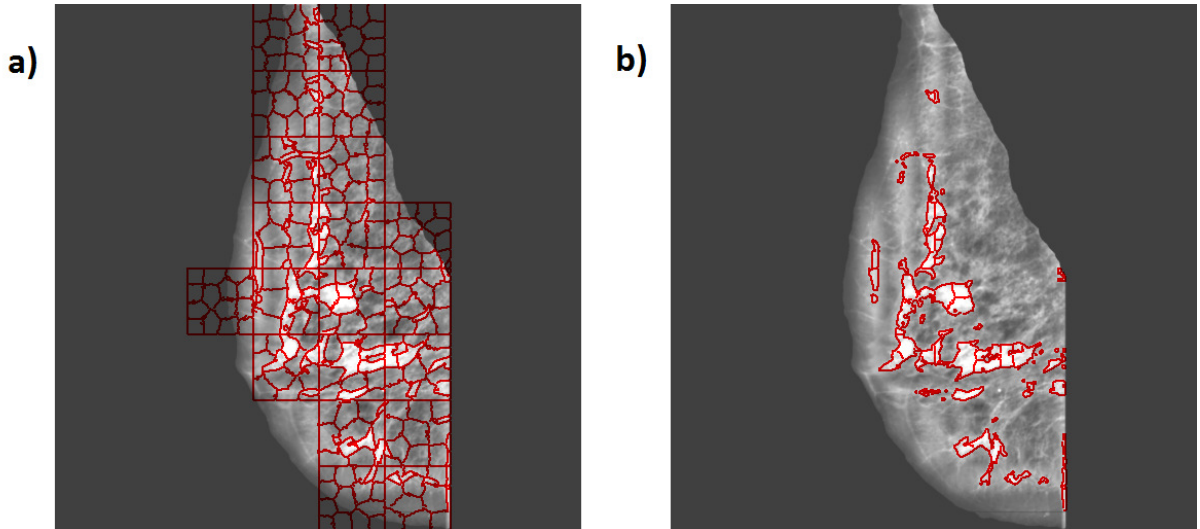


Figura 3.5: (a) Resultado do Ncut em cada retângulo, mostrando em vermelho os cortes ou as divisões em retângulos; (b) Resultado final do Ncut em janelas.

### 3.6 Ncut geral

Com as várias regiões geradas para cada retângulo, precisamos agora juntá-las novamente com base no critério do corte normalizado. Para tanto, devemos calcular uma nova matriz de similaridade, onde cada região (do Ncut em janelas) é considerada um vértice, e as arestas são calculadas com base na média das diferenças entre os pixels que separam uma região de outra. Na Figura 3.6 (a) temos um exemplo mostrando apenas um retângulo dividido em cinco regiões. Na Figura 3.6 (b), utilizando 4-vizinhos, está representado por traços pretos onde estão os pixels que terão suas diferenças computadas (onde há fronteira de regiões), e ao lado as arestas contendo as médias das diferenças.

Como as arestas possuem valores entre zero e duzentos e cinquenta e cinco (255) elas não podem ser utilizadas no algoritmo feito por Shi, que requer uma matriz com números entre zero e um (sendo 1 (um) máxima similaridade e 0 (zero) menor similaridade). Para adequar nossa matriz a esse aspecto, foi utilizado o mesmo princípio do cálculo da matriz de similaridade quando aplicado para todos os pixels da imagem, sem utilizar as distancias entre pixels, pois se sabe de antemão que todas as arestas ligam regiões com fronteiras. Então devemos aplicar a seguinte fórmula para cada aresta da matriz de similaridade  $W(i, j) = e^{-W(i, j)}$ , contudo se apenas fizermos isso qualquer valor da matriz que tiver um valor médio-alto será praticamente zerado, então devemos adicionar mais um parâmetro

no nosso algoritmo, que servirá para controlar a escala das similaridades, chegando a seguinte formula  $W(i,j) = e^{-\frac{W(i,j)}{d_s}}$ . Na Figura 3.6 (c) temos a matriz de similaridade antes de aplicado a formula, e na (d) depois de aplicada.

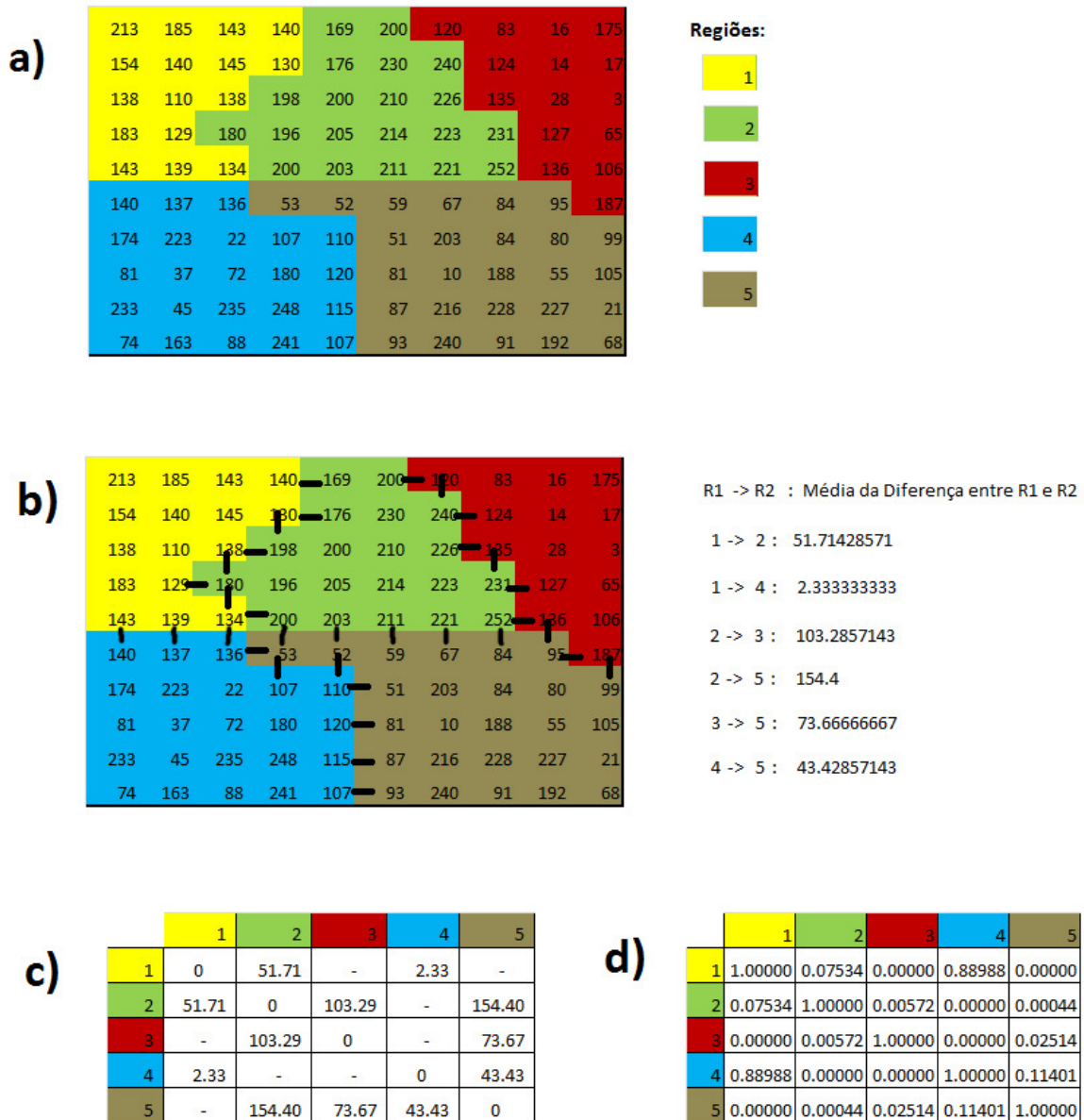


Figura 3.6: (a) Exemplo de um suposto retângulo; (b) fronteiras utilizando 4-vizinhos e arestas; (c) arestas representadas por uma matriz; (d) matriz (c) depois de ajustada, utilizada para rodar o Ncut.

Com a matriz calculada ainda precisamos saber quantos cortes são necessários. Similarmente ao uso do Vcut, no Ncut em janelas, explicado anteriormente. O número de

cortes é baseado em um parâmetro  $V_{cut2}$ , todos os cortes que tiverem autovalor maior que  $V_{cut2}$  serão utilizados para dividir as regiões.

### 3.7 Extração de características e eliminação de regiões

Depois de rodado o  $N_{cut}$  para essas regiões, temos agora várias regiões maiores e precisamos eliminar as que não são massa. Porém isso não é possível de forma exata, então podem sobrar algumas regiões que não são massas, ou o contrário, massas eliminadas.

Para fazer a classificação foram escolhidas algumas características que são: maior valor relativo, área, solidez, perímetro, mínimo valor, desvio padrão, média dos valores, média relativa dos valores, circularidade, fator de forma, e convexidade. Normalmente utilizadas para classificar massas, pois a maioria das massas segue um padrão de acordo com essas características.

O maior valor relativo é calculado dividindo o maior valor da região pelo maior valor imagem, assim mesmo as imagens que tem em geral um menor brilho, terão sua chance de acerto da massa aumentada.

A solidez é um escalar que especifica a porcentagem de pixels que pertencem à região convexa (do objeto) e também pertencem ao objeto, tendo valor máximo igual a um quando o objeto é convexo e diminui com a presença de concavidades (GOMES, 2001). Calculada pela Equação:

$$Solidez = \frac{\text{Área}}{\text{ÁreaConvexa}} \quad (3.1)$$

geralmente as massas são bem sólidas e não tem muitos recortes ou buracos.

A média relativa dos valores é calculada dividindo a média dos valores da região pela média dos valores da imagem. Isso facilita a classificação, pois geralmente as massas tem uma média maior que a média da imagem.

A circularidade foi escolhida, pois em muitos casos uma massa é muito semelhante com um círculo. De acordo com Junior et al. (2006) ela é uma medida geométrica que diz o quanto um objeto se parece com um círculo (quando um (1) é círculo perfeito), e é calculada pela equação:

$$Circularidade = \frac{4\pi A}{(P_{convexo})^2} \quad (3.2)$$

onde  $A$  é a área do objeto e  $P_{convexo}$  é o perímetro convexo.

O fator de forma é uma medida muito parecida com a circularidade, porém não leva em conta o perímetro convexo, e sim o perímetro (GOMES, 2001):

$$FatordeForma = \frac{4\pi A}{(Perímetro)^2} \quad (3.3)$$

Já a medida de convexidade nos permite saber o quão convexo um objeto é (GOMES, 2001):

$$Convexidade = \frac{PerímetroConvexo}{Perímetro} \quad (3.4)$$

### 3.8 Redução de Falso Positivos e Validação

Para cada imagem foram executadas todas as etapas descritas anteriormente, e para cada região segmentada foram extraídas as onze características e salvas em arquivos de texto, no padrão de entrada do LibSVM. Sendo que antes das características há uma indicação se essa região era massa ou não, a massa era identificada manualmente através de uma imagem contendo a localização da área de interesse, a qual foi identificada por um especialista. Todas as características de todas as regiões foram normalizadas juntas, utilizando o próprio LibSVM, e depois separadas por imagens. Depois foram definidos dez conjuntos de treino de forma aleatória. Cada conjunto de treino, com 74 imagens, é definido como oitenta por cento das imagens para treino (59 imagens) e vinte por cento para teste (15 imagens). Não foi utilizado o `grid.py` pois não foram obtidos bons resultados com o mesmo. Para cada conjunto de testes vários  $w$  (iniciando de 5 até 50 com passo 2,5) e  $c$  (iniciando de 0,05 até 1 com passo 0,05, e depois de 5 até 50 com passo 5) foram testados através de scripts, que funcionavam da seguinte maneira, era gerado um modelo com um "w" e um "c" para as regiões das imagens de treino, depois esse modelo era utilizado para classificar as regiões das imagens de teste, logo em seguida era comparado a saída com o resultado esperado e contabilizado o número de Falsos Positivos e a Sensibilidade.

Foram escolhidos a sensibilidade e o número de falsos positivos para avaliação da metodologia, pois com essas duas métricas é possível saber se a metodologia tem uma boa taxa de acerto em pacientes doentes, e o número de diagnósticos errados. Falsos positivos acontecem quando uma região não considerada massa é erroneamente considerada como tal. Já a sensibilidade é calculada da seguinte forma:

$$\textit{Sensibilidade} = \frac{\text{Total de imagens com a massa detectada corretamente}}{\text{Total de imagens com massas}} \quad (3.5)$$

## 4 Resultados

Neste capítulo são apresentados os testes e os resultados obtidos com as etapas descritas no capítulo de Metodologia.

Com a metodologia proposta grande parte das imagens é corretamente segmentada. Entretanto onde a massa não é bem definida (do tipo Architectural distortion, os centros da região de interesse não contem muito brilho) ou quando muito grandes (causou uma super segmentação em alguns casos), a forma como o Ncut foi aplicado não se saiu muito bem. Esses casos correspondem a 14,85% do total de imagens testadas (74 imagens). As imagens que não tiveram uma boa segmentação foram: mdb125, mdb150, mdb152, mdb165, mdb170, mdb184, mdb198, mdb267, mdb271, mdb274, mdb315.

Para a análise da metodologia, foram gerados dez conjuntos de testes (como falado anteriormente). Depois de gerado todos os resultados, foi escolhido para cada conjunto de testes em ordem decrescente de sensibilidade, e depois por ordem crescente de média de falsos positivos, os três melhores resultados para cada conjunto. É apresentado na Tabela 7 os três melhores resultados para cada conjunto de teste e na Tabela 8 apresenta a média e o desvio padrão dos resultados.

O melhor resultado geral ocorreu com o conjunto de testes número seis (6), pois foi o que obteve acerto em todas as massas, e dentre esses foi o que teve menor média de falsos positivos por imagem. E o pior resultado foi o conjunto de testes sete (7), que não conseguiu uma sensibilidade maior que 86% e teve um número elevado para falsos positivos.

E na Tabela 8 temos a média de Sensibilidade e de Falsos Positivos para os dez conjuntos de teste, sendo média dos primeiros, média dos segundos e médias dos terceiros melhores resultados. E na Figura 4.1, os dados apresentados em forma de gráfico. É percebido que quanto maior a sensibilidade para cada conjunto de teste, há também um aumento significativo de falso positivos por imagem.

Comparando os resultados alcançados com os trabalhos relacionados citados anteriormente, podemos perceber que os valores de sensibilidade estão bem próximos. Já quanto



Conjunto de treino	Sensibilidade	Média de Falsos Positivos
	1	8
1	0,933333	7,06667
	0,866667	2,4
	0,866667	14
2	0,8	8,06667
	0,733333	4,46667
	0,866667	13
3	0,8	4,6
	0,733333	3,73333
	0,933333	11,3333
4	0,866667	7,4
	0,8	3,6
	1	20,1333
5	0,933333	7,66667
	0,866667	4,86667
	1	5,13333
6	0,933333	4,46667
	0,866667	2,86667
	0,866667	17,9333
7	0,8	16,3333
	0,733333	8,93333
	1	12,9333
8	0,933333	9,73333
	0,866667	3,6
	1	15,9333
9	0,933333	10,4667
	0,866667	7,66667
	0,933333	17,8667
10	0,866667	5,66667
	0,8	2,2

Tabela 4.1: Tabela com os três melhores resultados para cada conjunto de teste.

	Sensibilidade	Desvio Padrão	Média de Falsos Positivos	Desvio Padrão FP
Média dos 1º melhores resultados	0,9466667	0,06126231	13,626653	4,645790573
Média dos 2º melhores resultados	0,8799999	0,061262262	8,146668	3,48254894
Média dos 3º melhores resultados	0,8133334	0,061262745	4,433334	2,21983177

Tabela 4.2: Tabela com a média dos primeiros, segundos e terceiros melhores resultados para os dez conjuntos de teste.

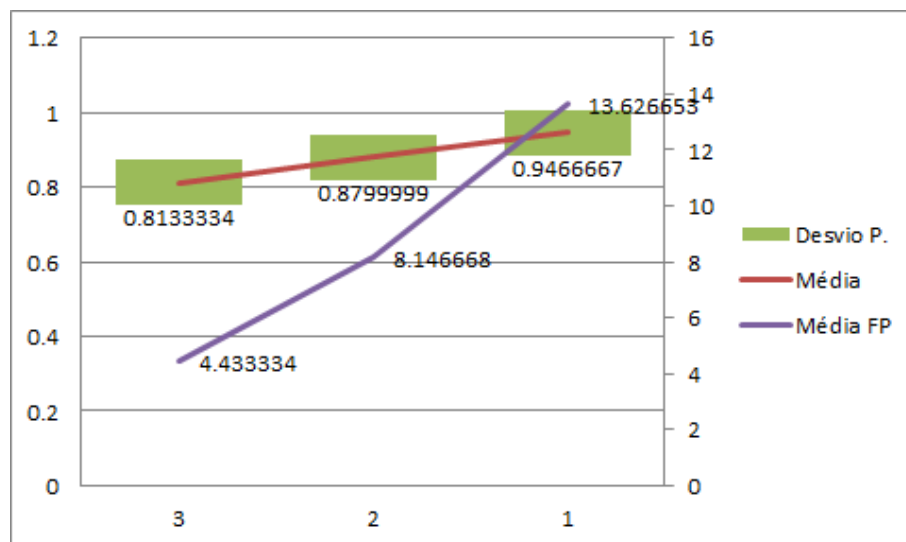


Figura 4.1: Gráfico mostrando os resultados da Tabela anterior.

ao número de falsos positivos, se considerado os conjuntos onde foram alcançados maiores sensibilidade, é possível notar que esse número foi bem mais alto neste trabalho.

## 4.1 Apresentação dos resultados

Nesta seção são apresentados alguns casos, que vão desde casos que tiveram o resultados corretos, a casos em que houveram falhas. Todas as figuras são apresentadas no mesmo formato, onde as imagens (a) representam as regiões geradas pelo Ncut em janelas, as imagens (b) as regiões resultantes do Ncut Geral, e as imagens (c) os resultados da classificação em um determinado conjunto de teste.

As Figuras 4.2, 4.3 e 4.4 pertencem a um mesmo conjunto de testes e parâmetros. O conjunto de teste das Figuras 4.2, 4.3 e 4.4 foram escolhidos, pois foram os que tiveram a melhor sensibilidade (100% de sucesso na identificação das massas) e dentre esses o que obteve a menor média de falso positivos por imagem (média de 5,1333).

As Figuras 4.5, 4.6 e 4.7 também pertencem ao mesmo conjunto de testes e parâmetros, porém considerando os testes e parâmetros que tiveram uma das menores médias de falso positivo por imagem (média de 2,4), e sensibilidade de 86%.

O primeiro exemplo a ser apresentado será o que foi mostrado ao longo da metodologia, porém com imagens um pouco diferentes para melhor visualização dos resultados. É apresentado na Figura 4.2 (a) as regiões depois de aplicado o Ncut em janela, pintadas de várias cores diferentes. Na área onde a massa está localizada é possível verificar a existência de três regiões diferentes. Já na Figura 4.3 (b) notamos que essas três regiões foram consideradas bem similares pelo Ncut e os cortes que a separavam não foram mantidos, assim a tornando apenas uma região. Na Figura 4.4 (c) está representado em vermelho aquelas regiões que foram detectadas como massa, sendo que apenas a região que estão circuladas por um círculo em azul é a massa em si. A maioria das regiões de detectadas como massa apresentam um formato um tanto circular, e possuem bastante intensidade (comparada com o resto dos pixels da imagem). Já a maioria das regiões que não foram classificadas como massa, tem um formato mais esticado ou com menos intensidade, que são dutos, glândulas e outras partes da mama.

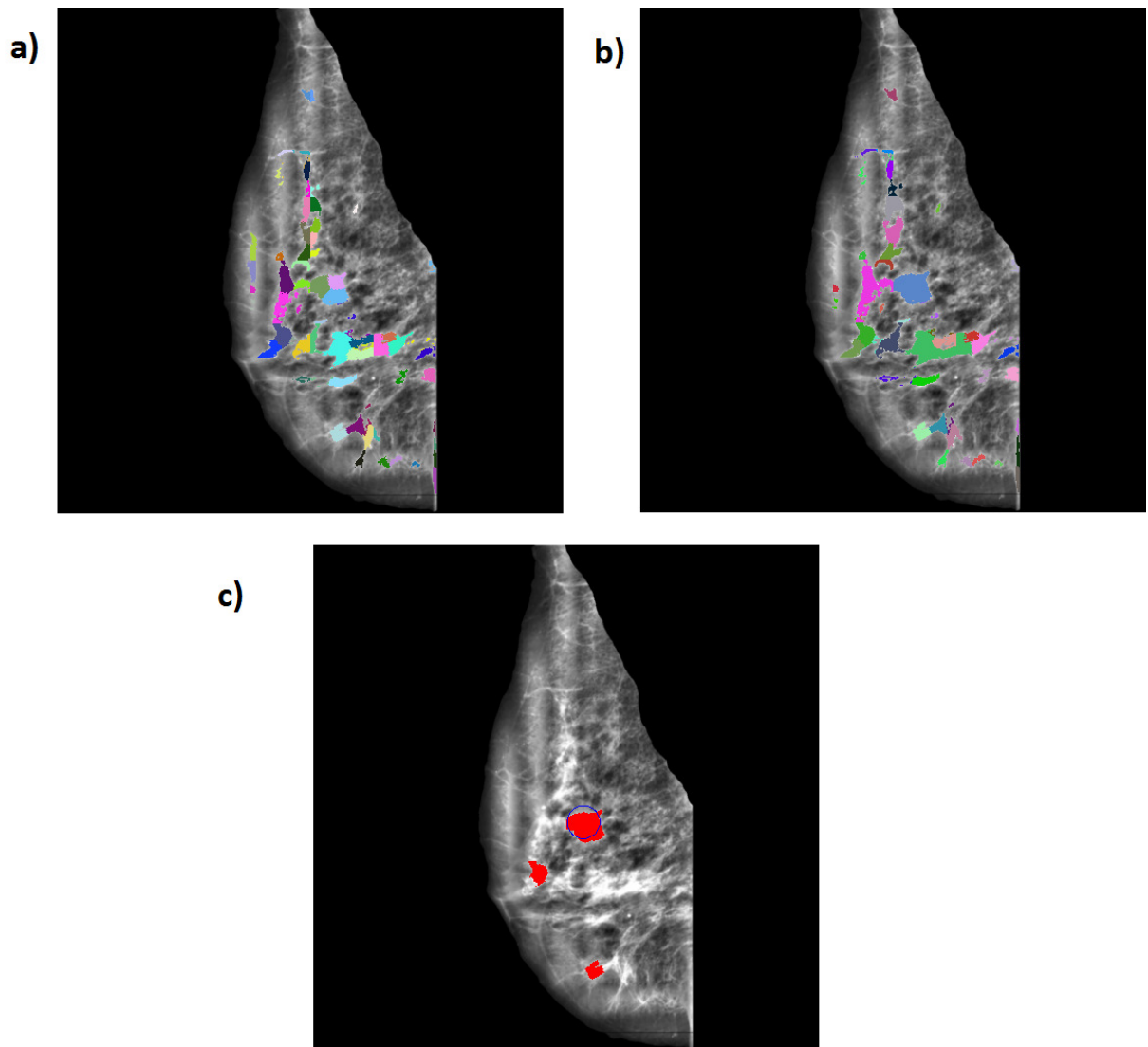


Figura 4.2: (a) Regiões da Imagem mbd063 depois de aplicado o Ncut em janelas; (b) Regiões da mesma imagem depois de aplicado o Ncut Geral; (c) Regiões da imagem que foram classificadas como massa e em um círculo azul a região considerada massa pelo especialista.

A Figura 4.3 apresenta um estudo de caso onde foi detectado a massa, mas durante o pré-processamento não foi retirado um pedaço da numeração, assim o número zero que tem um formato bem redondo foi classificado como massa.

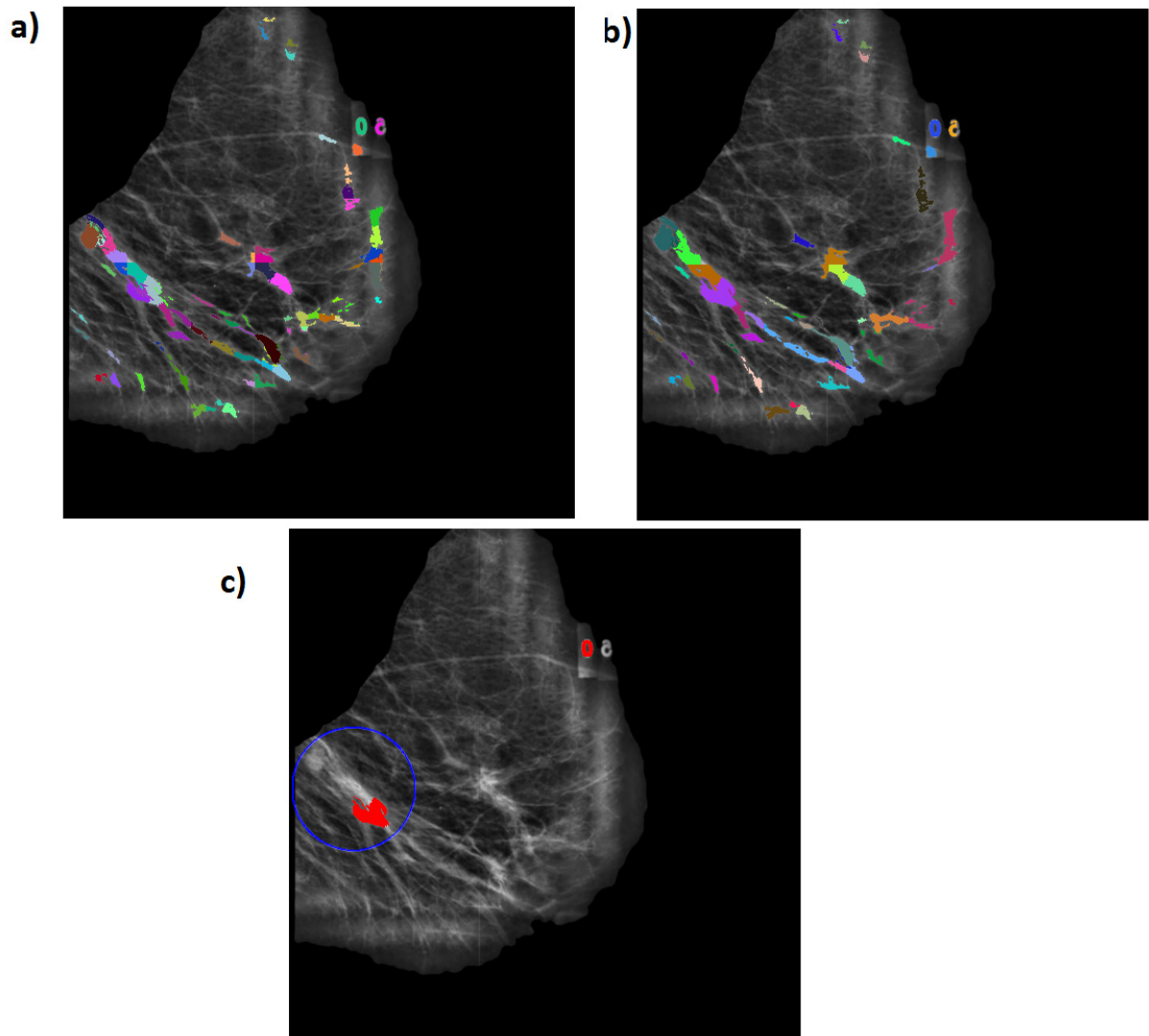


Figura 4.3: (a) Regiões da Imagem mbd274 depois de aplicado o Ncut em janelas; (b) Regiões da mesma imagem depois de aplicado o Ncut Geral; (c) Regiões da imagem que foram classificadas como massa e em um círculo azul a região considerada massa pelo especialista.

Na Figura 4.4 temos um exemplo em que a taxa de faltos positivos é alta. Nesse caso a imagem é muita densa, assim durante o processamento, várias dessas regiões de alta intensidade, e de características semelhantes às regiões de massa utilizadas para o treino, foram classificadas erradamente como massa, fazendo assim com que o número de falsos positivos fosse bastante alto.

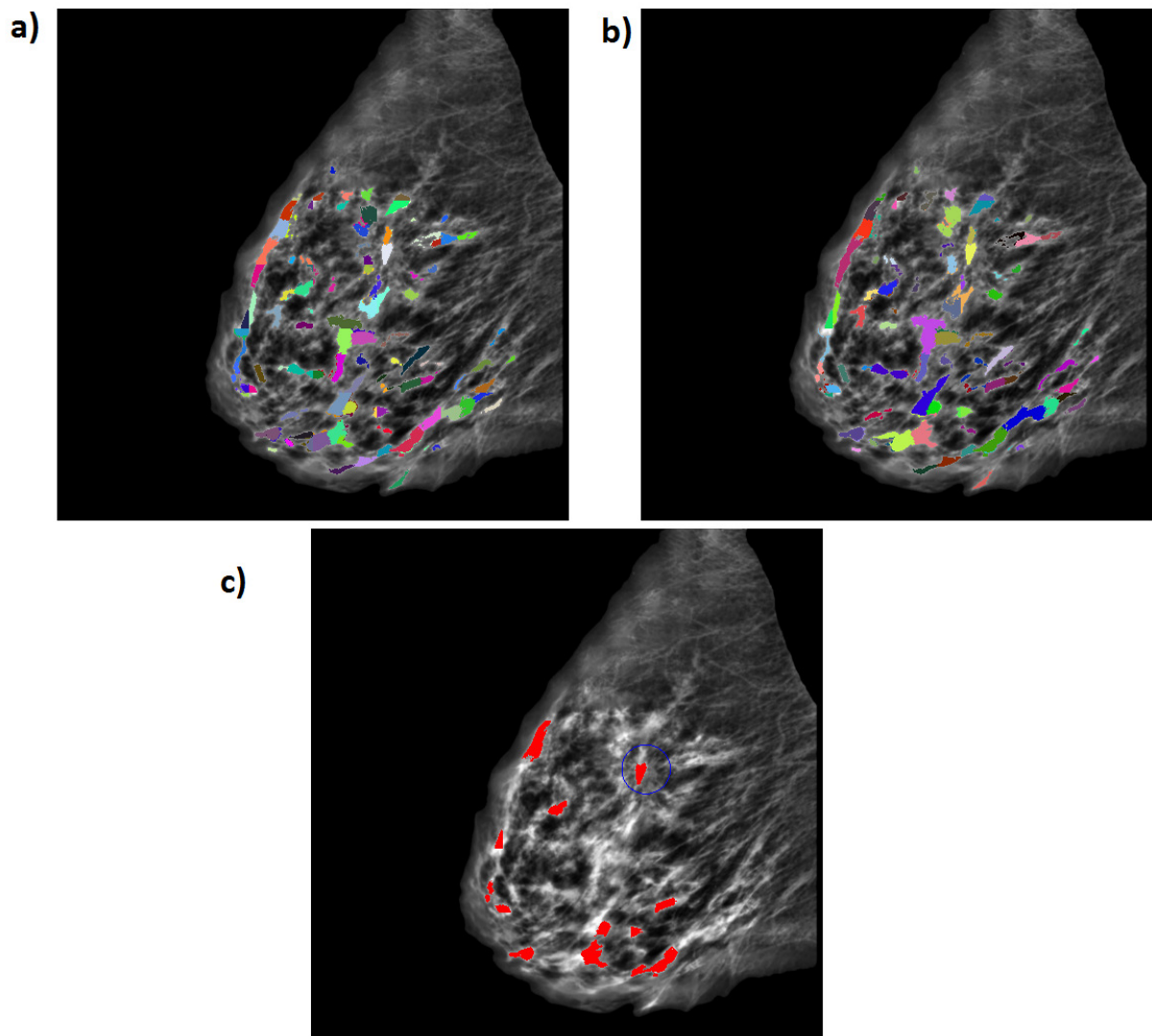


Figura 4.4: (a) Regiões da Imagem mbd145 depois de aplicado o Ncut em janelas; (b) Regiões da mesma imagem depois de aplicado o Ncut Geral; (c) Regiões da imagem que foram classificadas como massa e em um círculo azul a região considerada massa pelo especialista.

A Figura 4.5 apresenta um exemplo utilizando o conjunto de teste de número um (1). Essa imagem também é uma imagem muito densa, porém como ela está concentrada no meio da região da glândula mamária. Ocorreu que as regiões ficaram maiores e com mais protuberâncias. Isso ajudou na detecção, além de que nesse conjunto de testes o treinamento foi mais efetivo para reduzir os falsos positivos.

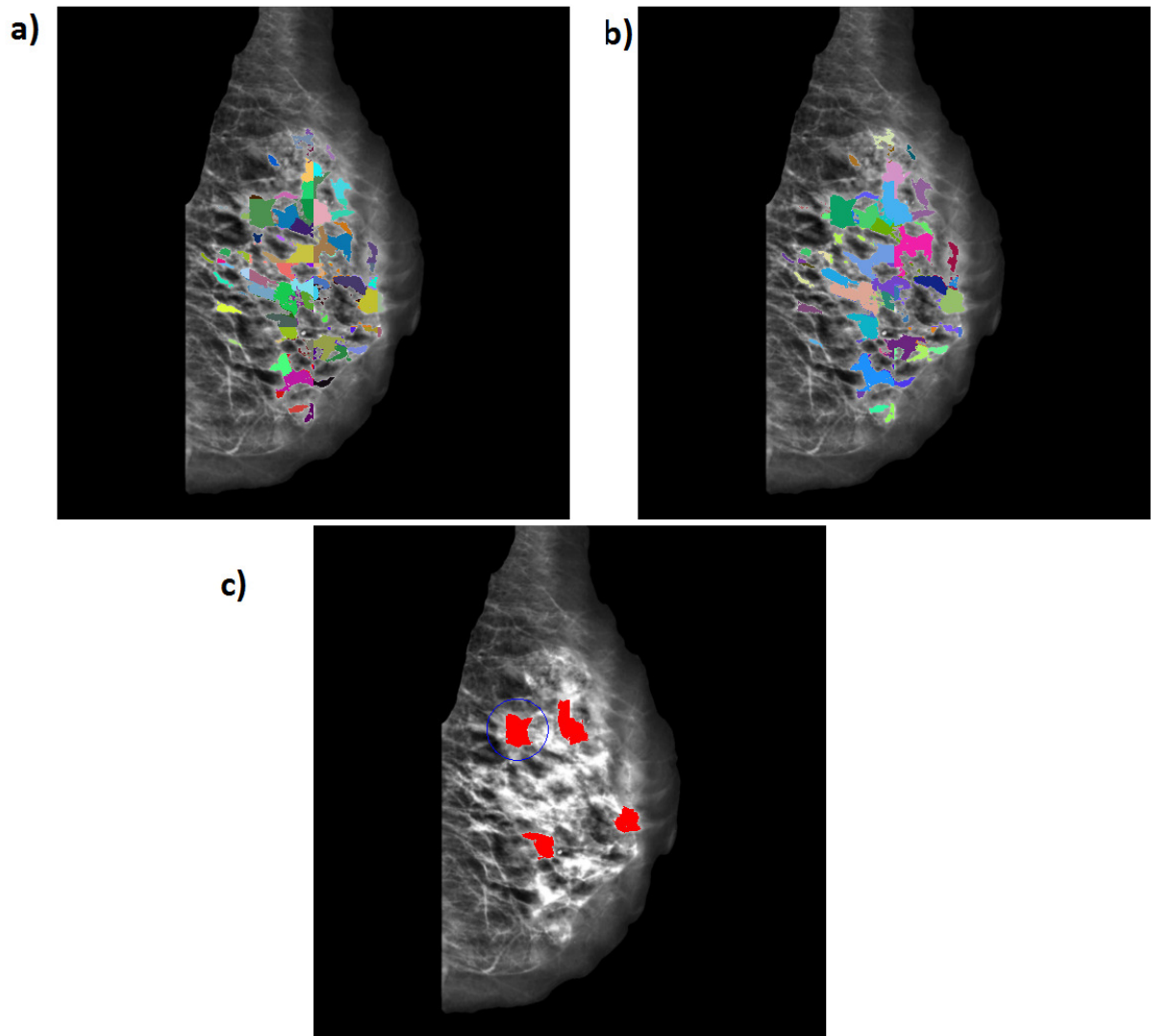


Figura 4.5: (a) Regiões da Imagem mbd168 depois de aplicado o Ncut em janelas; (b) Regiões da mesma imagem depois de aplicado o Ncut Geral; (c) Regiões da imagem que foram classificadas como massa e em um círculo azul a região considerada massa pelo especialista.

A Figura 4.6 nos mostra um caso considerado ótimo, pois todas as regiões consideradas massa estão dentro a área de interesse. Comparando a Figura 4.6 (b) e (c) podemos perceber que não apenas uma região foi classificada como massa, e sim duas.

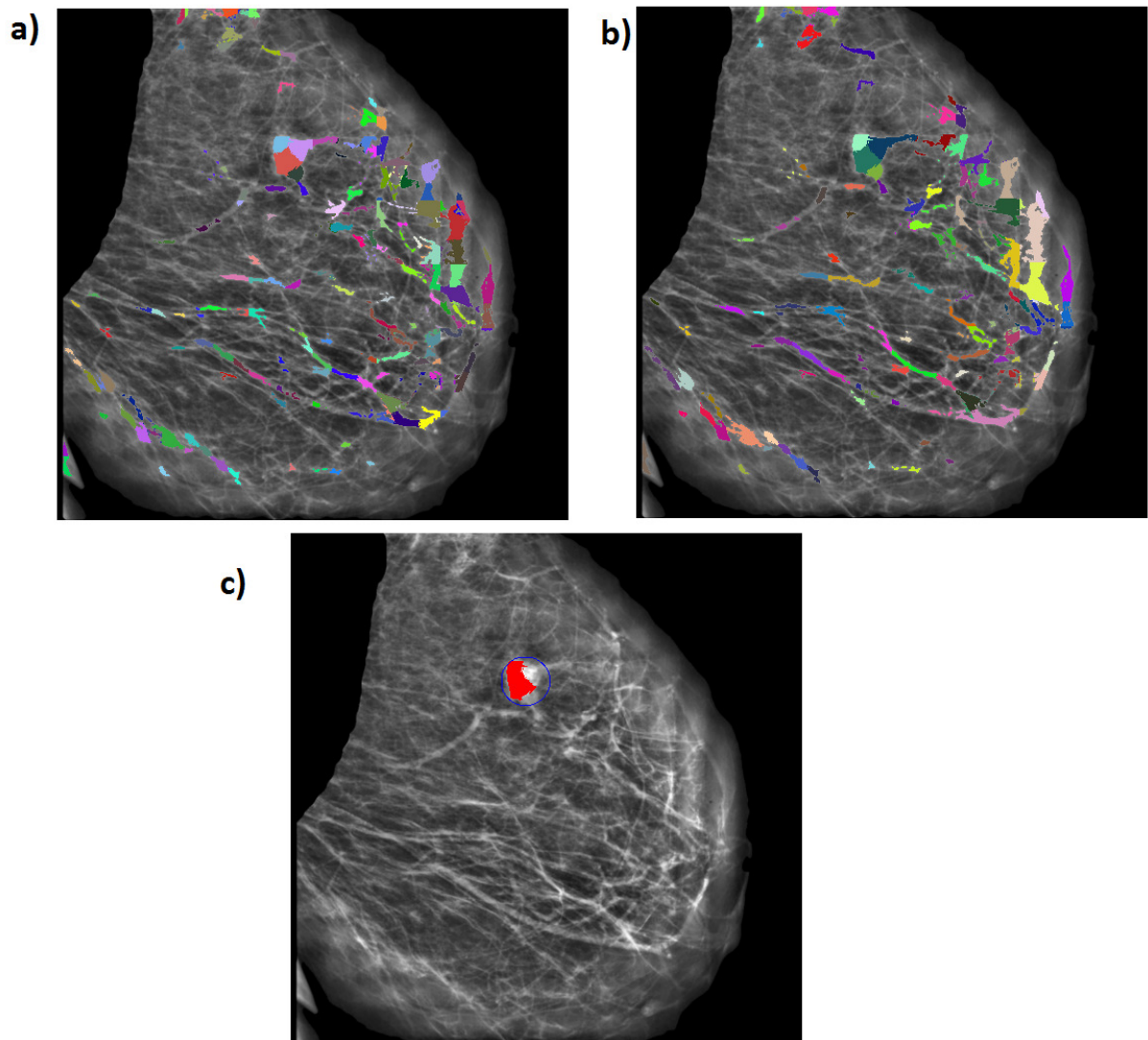


Figura 4.6: (a) Regiões da Imagem mbd134 depois de aplicado o Ncut em janelas; (b) Regiões da mesma imagem depois de aplicado o Ncut Geral; (c) Regiões da imagem que foram classificadas como massa e em um círculo azul a região considerada massa pelo especialista.

Na Figura 4.7 podemos ver uma das regiões que a região da massa foi classificada incorretamente, e houve um número bem alto de falsos positivos (comparado com a média do conjunto de testes (2,4)). Podemos perceber que a região da massa foi segmentada de forma aceitável, porém ela é uma região que comparada com outras regiões da imagem tem uma média de intensidade mais baixa, além de que sua forma não é muito circular.



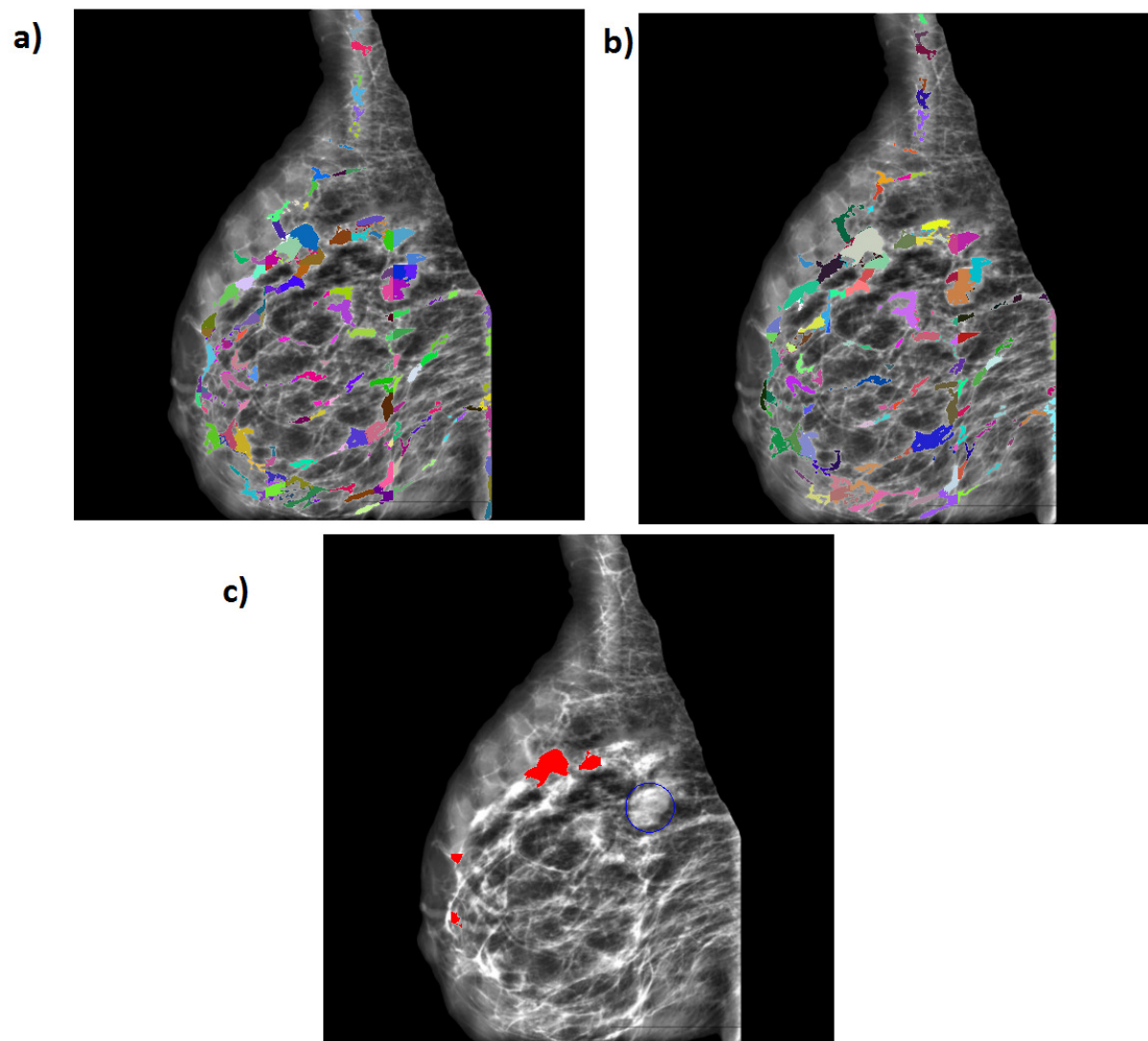


Figura 4.7: (a) Regiões da Imagem mbd019 depois de aplicado o Ncut em janelas; (b) Regiões da mesma imagem depois de aplicado o Ncut Geral; (c) Regiões da imagem que foram classificadas como massa e em um círculo azul a região considerada massa pelo especialista.

## 5 Conclusão

Este trabalho apresentou o desenvolvimento de uma metodologia para segmentação automática de massas em mamografias, o que engloba o pré-processamento das mamografias, a segmentação de acordo com o critério do corte normalizado e por fim a redução de falso positivos.

As etapas de pré-processamento mostraram-se eficazes, pois na maioria das imagens a região em que a massa se encontrava houve uma melhora significativa em termos de contraste e até de visualização. Também no pré-processamento, não foi identificado nenhum caso onde o k-means descartou uma parte significativa da massa.

Já na parte de classificação os resultados não foram muito bons, houve um grande número de falsos positivos, isso se deu por causa do grande número de regiões criadas com os vários Ncuts, e também pelo fato do CLAHE ter aumentado consideravelmente a intensidade de várias regiões, incluindo massas e não massas.

As características selecionadas permitiram em alguns casos uma boa classificação. Como discutido no capítulo resultados, muitas regiões foram criadas, essas em muitos casos semelhantes a massas.

Na etapa de segmentação o resultado também foi muito satisfatório, grande parte das imagens foram corretamente segmentadas. Entretanto onde a massa não era bem definida ou quando muito grandes, a forma como foi aplicado o Ncut não se saiu muito bem.

A maior dificuldade encontrada está à lentidão do Ncut, que leva um bom tempo para terminar sua execução. Quanto maior a imagem mais tempo leva a execução, e mesmo utilizando-o em na forma de janelas (onde foi notada uma melhora no tempo de execução) ainda se mostrou lento, fato este que causou grande lentidão para realização de testes.

Os resultados obtidos com esse trabalho mostram o potencial do Ncut para segmentar imagens de mamografia. Contudo há algumas limitações, o código feito em matlab não suporta imagens muito grandes como entrada, então é necessário redimensiona-la, mesmo com as alterações o tamanho da janela tem então que ter um número máximo de *pixels* (que equivale ao tamanho máximo de *pixels* que o código original suporta). Uma dos erros

encontrados se dá ao fato que o código original não faz sempre a mesma segmentação, então rodando para uma mesma imagem e mesmos parâmetros, mais de um resultado diferente pode ser obtido.

Como trabalho futuro algumas mudanças ou melhorias podem ser feitas: a extração do musculo peitoral de forma automática. Uma nova forma de classificação pode ser feita, essa com base em um sistema fuzzy, no qual o resultado não será apenas verdadeiro ou falso, e sim uma probabilidade de cada região ser uma massa (colorindo as regiões com cores associadas às probabilidades), facilitando mais ainda a interpretação do médico especialista. Outra trabalho futuro seria a implementação do Ncut em GPU, o que melhoraria bastante desempenho em relação ao tempo.

## Referências Bibliográficas

- CHANG, C.-C.; LIN, C.-J. *LIBSVM - A Library for Support Vector Machines*. 2003. Disponível em: <<http://www.csie.ntu.edu.tw/~cjlin/libsvm/>>.
- CHAVES, A. d. C. F. *Extração de regras fuzzy para Máquinas de vetor de Suporte (SVM) para classificação em múltiplas classes*. Tese (Doutorado) — PUC-Rio, 2006.
- DASKALAKIS, A. et al. An efficient clahe-based, spot-adaptive, image segmentation technique for improving microarray genes quantification. 2007.
- EDDAOUDI, F. et al. Masses detection using svm classifier based on textures analysis. *Applied Mathematical Sciences*, v. 5, n. 8, p. 367–379, 2011.
- FERREIRA, A. C.; CARVALHO, M. A. G. de. *Um estudo comparativo de segmentação de imagens por aplicações do corte normalizado em grafos*. Dissertação (Mestrado) — UNICAMP, Limeira, 2011.
- GOMES, O. da F. M. *Processamento e Análise de Imagens Aplicados à Caracterização Automática de Materiais*. Dissertação (Mestrado), 2001.
- GONZALES, R. C.; WOODS, R. E. *Processamento de imagens digitais*. São Paulo: Edgard Blucher, 2000.
- HAYKIN, S. *Redes Neurais: Principios e Prática*. Porto Alegre: Bookman, 2001.
- HORN, R. A.; JOHNSON, C. A. *Matrix Analysis*. Cambridge: Cambridge University Press, 1985.
- INCA. *Tipos de cancer, mama*. 2013. Disponível em: <<http://www2.inca.gov.br/wps/wcm/connect/tiposdecancer/site/home/mama>>. Acesso em: jul. de 2013.
- ISA, M.; ASHIDI, N.; TING, S. S. Automatic segmentation and detection of mass in digital mammograms. 2012.

JUNIOR, G. B. et al. Identificação de massas em mamografias usando textura, geometria e algoritmos de agrupamento e classificação. 2006.

KAEHLER, A.; BRADSKI, G. *Learning OpenCV*. Sebastopol: O'Reilly, 2008.

MALIK, J. *Lecture 24 (Grouping, Segmentation and Normalized Cuts)*. 1999.

MARTINS, L. de O. et al. Detection of masses in digital mammograms using kmeans and support vector machine. 2008.

MATHWORKS. *R2010a (Version 7.10)*. Mar 2010. Disponível em:  
<<http://www.mathworks.com/products/matlab/>>.

MOREIRA, A. de S. Ncuts para detecção de massas mamarias em imagens de mamografia. 2012.

SEIXAS, F. L.; SAADE, D. C. M. Diagnostico auxiliado por computador. 2005.

SHI, J.; COUR, T.; YU, S. *Normalized Cut Segmentation Code*. Disponível em:  
<<http://www.cis.upenn.edu/~jshi/software/>>. Acesso em: abr. de 2012.

SHI, J.; MALIK, J. Normalized cuts and image segmentation. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, IEEE, v. 22, n. 8, p. 888–905, 2000.

SUCKLING, J. et al. 1994. Disponível em: <<http://peipa.essex.ac.uk/info/mias.html>>. Acesso em: jul. de 2012.

VAPNIK, V. N. *Statistical Learning Theory*. New York: Wiley, 1998.

WU, Z.; LEAHY, R. An optimal graph theoretic approach to data clustering: Theory and its application to image segmentation. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, IEEE, v. 15, n. 11, p. 1101–1113, 1993.