



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS (UFG)
INSTITUTO DE INFORMÁTICA (INF)
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA DA COMPUTAÇÃO

AFONSO UESLEI DA FONSECA

Reconhecimento de Padrões em Imagens Radiográficas de Tórax

**Apoiando o Diagnóstico de Doenças
Pulmonares Infecciosas**

GOIÂNIA
2023



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
INSTITUTO DE INFORMÁTICA

TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO (TECA) PARA DISPONIBILIZAR VERSÕES ELETRÔNICAS DE TESES

E DISSERTAÇÕES NA BIBLIOTECA DIGITAL DA UFG

Na qualidade de titular dos direitos de autor, autorizo a Universidade Federal de Goiás (UFG) a disponibilizar, gratuitamente, por meio da Biblioteca Digital de Teses e Dissertações (BDTD/UFG), regulamentada pela Resolução CEPEC nº 832/2007, sem ressarcimento dos direitos autorais, de acordo com a [Lei 9.610/98](#), o documento conforme permissões assinaladas abaixo, para fins de leitura, impressão e/ou download, a título de divulgação da produção científica brasileira, a partir desta data.

O conteúdo das Teses e Dissertações disponibilizado na BDTD/UFG é de responsabilidade exclusiva do autor. Ao encaminhar o produto final, o autor(a) e o(a) orientador(a) firmam o compromisso de que o trabalho não contém nenhuma violação de quaisquer direitos autorais ou outro direito de terceiros.

1. Identificação do material bibliográfico

Dissertação Tese Outro*: _____

*No caso de mestrado/doutorado profissional, indique o formato do Trabalho de Conclusão de Curso, permitido no documento de área, correspondente ao programa de pós-graduação, orientado pela legislação vigente da CAPES.

Exemplos: Estudo de caso ou Revisão sistemática ou outros formatos.

2. Nome completo do autor

Afonso Ueslei da Fonseca

3. Título do trabalho

Reconhecimento de Padrões em Imagens Radiográficas de Tórax: Apoiando o Diagnóstico de Doenças Pulmonares Infeciosas

4. Informações de acesso ao documento (este campo deve ser preenchido pelo orientador)

Concorda com a liberação total do documento SIM NÃO¹

[1] Neste caso o documento será embargado por até um ano a partir da data de defesa. Após esse período, a possível disponibilização ocorrerá apenas mediante:

- a)** consulta ao(à) autor(a) e ao(à) orientador(a);
- b)** novo Termo de Ciência e de Autorização (TECA) assinado e inserido no arquivo da tese ou dissertação. O documento não será disponibilizado durante o período de embargo.

Casos de embargo:

- Solicitação de registro de patente;
- Submissão de artigo em revista científica;
- Publicação como capítulo de livro;
- Publicação da dissertação/tese em livro.

Obs. Este termo deverá ser assinado no SEI pelo orientador e pelo autor.



Documento assinado eletronicamente por **Afonso Ueslei Da Fonseca, Discente**, em 18/10/2023, às 12:48, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Fabrizio Alphonsus Alves De Melo Nunes Soares, Professor do Magistério Superior**, em 18/10/2023, às 13:29, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **4132761** e o código CRC **DD836BDD**.

AFONSO UESLEI DA FONSECA

Reconhecimento de Padrões em Imagens Radiográficas de Tórax

**Apoiando o Diagnóstico de Doenças
Pulmonares Infecciosas**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciência da Computação, do Instituto de Informática (INF), da Universidade Federal de Goiás (UFG), como requisito parcial para obtenção do título de Doutor em Ciência da Computação.

Área de concentração: Ciência da Computação

Linha de Pesquisa: Sistemas Inteligentes e Aplicações

Orientador: Prof. Fabrízio Alphonsus Alves de Melo Nunes Soares

GOIÂNIA
2023

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor, através do Programa de Geração Automática do Sistema de Bibliotecas da UFG.

Fonseca, Afonso Ueslei da
Reconhecimento de padrões em imagens radiográficas de tórax
[manuscrito] : Apoiando o Diagnóstico de Doenças Pulmonares
Infecciosas / Afonso Ueslei da Fonseca. - 2023.
CLXXXIII, 183 f.: il.

Orientador: Prof. Dr. Fabrizzio Alphonsus Alves de Melo Nunes
Soares.

Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Goiás, Instituto de
Informática (INF), Ciência da Computação, Goiânia, 2023.

Bibliografia. Apêndice.

Inclui siglas, abreviaturas, gráfico, lista de figuras, lista de tabelas.

1. Reconhecimento de Padrões. 2. Radiografia de Tórax. 3. Doenças
Pulmonares Infecciosas. 4. Suporte ao Diagnóstico. 5. Inteligência
Artificial. I. Soares, Fabrizzio Alphonsus Alves de Melo Nunes, orient.
II. Título.

CDU 004



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
INSTITUTO DE INFORMÁTICA
ATA DE DEFESA DE TESE

Ata nº **23** da sessão de Defesa de Tese de **Afonso Ueslei da Fonseca**, que confere o título de Doutor em Ciência da Computação, na área de concentração em Ciência da Computação.

Aos vinte e nove dias do mês de setembro de dois mil e vinte e três, a partir das catorze horas, via sistema de webconferência da RNP, realizou-se a sessão pública de Defesa de Tese intitulada “**Reconhecimento de Padrões em Imagens Radiográficas de Tórax: Apoiando o Diagnóstico de Doenças Inflamatórias Pulmonares Infeciosas**”. Os trabalhos foram instalados pelo Orientador, Professor Doutor Fabrizzio Alphonsus Alves de Melo Nunes Soares (INF/UFG) com a participação dos demais membros da Banca Examinadora: Professor Doutor Helio Pedrini (IC/Unicamp), membro titular externo; Professor Doutor Marcelo Fouad Rabahi (FM/UFG), membro titular externo; Professor Doutor Rogerio Lopes Salvini (INF/UFG), membro titular interno; e Professor Doutor Gustavo Teodoro Laureano (INF/UFG), membro suplente interno. A participação do professor Helio Pedrini ocorreu por meio de videoconferência. Durante a arguição os membros da banca **fizeram** sugestão de alteração do título do trabalho. A Banca Examinadora reuniu-se em sessão secreta a fim de concluir o julgamento da Tese, tendo sido o candidato **aprovado** pelos seus membros. Proclamados os resultados pelo Professor Doutor Fabrizzio Alphonsus Alves de Melo Nunes Soares, Presidente da Banca Examinadora, foram encerrados os trabalhos e, para constar, lavrou-se a presente ata que é assinada pelos Membros da Banca Examinadora, aos vinte e nove dias do mês de setembro de dois mil e vinte e três.

TÍTULO SUGERIDO PELA BANCA

Reconhecimento de Padrões em Imagens Radiográficas de Tórax: Apoiando o Diagnóstico de Doenças Pulmonares Infeciosas



Documento assinado eletronicamente por **Rogerio Lopes Salvini, Professor do Magistério Superior**, em 29/09/2023, às 18:07, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Helio Pedrini, Usuário Externo**, em 29/09/2023, às 18:07, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Fabrizzio Alphonsus Alves De Melo Nunes Soares, Professor do Magistério Superior**, em 29/09/2023, às 18:07, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Gustavo Teodoro Laureano, Professor do Magistério Superior**, em 29/09/2023, às 18:07, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Marcelo Fouad Rabahi, Professor do Magistério Superior**, em 29/09/2023, às 18:14, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Afonso Ueslei Da Fonseca, Discente**, em 29/09/2023, às 19:37, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **4044287** e o código CRC **3C6BD58B**.

Todos os direitos reservados. É proibida a reprodução total ou parcial do trabalho sem autorização da universidade, do autor e do orientador(a).

Afonso Ueslei da Fonseca

Possui graduação em Ciência da Computação pela Pontifícia Universidade Católica de Goiás (2003), Especialização em Desenvolvimento de Aplicações WEB com Interfaces Ricas pela Universidade Federal de Goiás (2013) e Mestrado em Ciência da Computação pela Universidade Federal de Goiás (2017). Atualmente é analista de TI - Desenvolvimento de Software da Universidade Federal de Goiás. Tem experiência na área de Ciência da Computação, com ênfase em Sistemas Inteligentes e Aplicações, atuando principalmente nos seguintes temas: Processamento digital de imagens, Diagnóstico por imagem e Desenvolvimento Web.

Eu dedico este trabalho à minha família, que tem sido meu alicerce inabalável.
Com amor e paciência, eles me acompanharam de mãos dadas até aqui.

Agradecimentos

Em primeiro lugar a Deus, pela vida, saúde e luz do meu caminho.

À Universidade Federal de Goiás, ao Instituto de Informática e em especial ao Programa de Pós-Graduação em Ciência da Computação, seu corpo docente e administrativo, sempre tão solícitos e prestativos.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES), pelo apoio financeiro.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Fabrizio Soares, por toda motivação, compromisso, acompanhamento, paciência, ensinamento e confiança em mim depositada.

À todos os colegas e amigos que fizeram e fazem parte do grupo de pesquisa PixelLab. As partilhas, momentos de desabafo, a sinergia de pensamentos positivos e a busca conjunta por soluções alimentaram e mantiveram este sonho de pé. O exemplo de garra e dedicação de vocês são minha fonte de inspiração.

Aos colegas da Fábrica de Software por segurarem as pontas durante meu afastamento e tolerarem minhas queixas e desabafos.

À minha família pelo apoio e incentivo. Em especial à minha mãe Nastácia Maria da Fonseca, minha maior referência e inspiração.

À minha esposa Ely D'ávila e meus filhos Sofia Gabriella e Francisco Lucas pela paciência e carinho, pela compreensão e doação, especialmente nos momentos de minha ausência.

A todos vocês meu muito obrigado.

“São nossas escolhas, mais do que as nossas capacidades, que mostram quem realmente somos.”

J. K. Rowling,
Alvo Dumbledore em “Harry Potter e a Câmara Secreta” - 2002.

Resumo

Fonseca, Afonso Ueslei da. **Reconhecimento de Padrões em Imagens Radiográficas de Tórax - Apoiando o Diagnóstico de Doenças Pulmonares Infecciosas**. GOIÂNIA, 2023. 183p. Tese de Doutorado. Programa de Pós-graduação em Ciência da Computação, Instituto de Informática (INF), Universidade Federal de Goiás (UFG).

Reconhecimento de Padrões (RP) é uma área da computação que visa desenvolver técnicas e algoritmos capazes de identificar regularidades em dados complexos, permitindo sistemas inteligentes realizar tarefas difíceis com precisão. No contexto de doenças, RP tem papel crucial no diagnóstico e detecção, revelando padrões ocultos aos olhos humanos, ajudando médicos a tomar decisões e identificar correlações. Doenças pulmonares infecciosas (DPI), como pneumonia, tuberculose e COVID-19, são um desafio à saúde pública global, causam milhares de mortes anualmente, afetam sistemas de saúde e demandam vultuosos recursos financeiros. Diagnosticá-las pode ser desafiador devido à vaguidade dos sintomas, à semelhança com outras condições e à subjetividade da avaliação clínica. Por exemplo, nos exames de radiografia do tórax (RXT), é um processo tedioso, especializado e com grande variação entre observadores, levando a falhas e retardo no diagnóstico e tratamento, especialmente em países subdesenvolvidos e com escassez de radiologistas. Nesta tese, investigamos técnicas de RP e Inteligência Artificial (IA) para apoiar o diagnóstico de DPI em RXT. Seguimos as diretrizes da Organização Mundial da Saúde (OMS) para apoiar as metas da Agenda 2030, que incluem o combate a doenças transmissíveis. As questões de pesquisa envolvem selecionar as melhores técnicas, adquirir dados e criar modelos inteligentes. Como objetivos, propomos métodos de RP e IA de baixo custo, alta eficiência e eficácia que vão desde o pré-processamento até o suporte ao diagnóstico de DPI em RXT. Os resultados até aqui mostram-se em linha com estado da arte, e acreditamos que podem contribuir com o desenvolvimento dos sistemas de diagnóstico de DPI assistidos por computador.

Palavras-chave

Reconhecimento de Padrões, Radiografia de Tórax, Doenças Pulmonares Infecciosas, Suporte ao Diagnóstico, Inteligência Artificial, Aprendizagem de Máquina.

Abstract

Fonseca, Afonso Ueslei da. **Pattern Recognition in Chest X-ray Images - Supporting the Diagnosis of Infectious Lung Diseases**. GOIÂNIA, 2023. 183p. PhD. Thesis. Programa de Pós-graduação em Ciência da Computação, Instituto de Informática (INF), Universidade Federal de Goiás (UFG).

Pattern Recognition (PR) is a field of computer science that aims to develop techniques and algorithms capable of identifying regularities in complex data, enabling intelligent systems to perform complicated tasks with precision. In the context of diseases, PR plays a crucial role in diagnosis and detection, revealing patterns hidden from human eyes, assisting doctors in making decisions and identifying correlations. Infectious pulmonary diseases (IPD), such as pneumonia, tuberculosis, and COVID-19, challenge global public health, causing thousands of deaths annually, affecting healthcare systems, and demanding substantial financial resources. Diagnosing them can be challenging due to the vagueness of symptoms, similarities with other conditions, and subjectivity in clinical assessment. For instance, chest X-ray (CXR) examinations are a tedious and specialized process with significant variation among observers, leading to failures and delays in diagnosis and treatment, especially in underdeveloped countries with a scarcity of radiologists. In this thesis, we investigate PR and Artificial Intelligence (AI) techniques to support the diagnosis of IPID in CXRs. We follow the guidelines of the World Health Organization (WHO) to support the goals of the 2030 Agenda, which includes combating infectious diseases. The research questions involve selecting the best techniques, acquiring data, and creating intelligent models. As objectives, we propose low-cost, high-efficiency, and effective PR and AI methods that range from preprocessing to supporting the diagnosis of IPD in CXRs. The results so far align with the state of the art, and we believe they can contribute to the development of computer-assisted IPD diagnostic systems.

Keywords

Pattern Recognition, Chest Radiography, Infectious Pulmonary Diseases, Diagnostic Support, Artificial Intelligence, Machine Learning.

Sumário

Lista de Figuras	14
Lista de Tabelas	18
Lista de Abreviaturas e Siglas	20
1 Introdução	23
1.1 Motivação	23
1.2 Hipótese	25
1.3 Problema	25
1.4 Questões de pesquisa	26
1.5 Objetivos	26
1.6 Organização da Tese	27
1.7 Considerações Finais do Capítulo	27
2 Contextualização e Fundamentação Teórica	28
2.1 Radiografia de Tórax (RXT)	28
2.2 Doenças Pulmonares Infecciosas (DPI)	30
2.3 Sistema de Reconhecimento de Padrões (SRP)	35
2.4 Materiais e Métodos	38
2.5 Considerações Finais do Capítulo	47
3 Pré-processamento de Imagens RXT	48
3.1 Contextualização	48
3.2 Aperfeiçoamento	49
3.3 Segmentação da Caixa Torácica	59
3.4 Detecção de Artefatos Estranhos	70
3.5 Restauração	77
3.6 Identificação e Correção de Orientação	84
3.7 Considerações Finais do Capítulo	91
4 Classificação de Pneumonia	93
4.1 Contextualização	93
4.2 Método Proposto	94
4.3 Dinâmica dos Testes	96
4.4 Análise dos Resultados	100
4.5 Considerações Finais do Capítulo	101

5	Classificação de COVID-19	102
5.1	Contextualização	102
5.2	Método Proposto	104
5.3	Dinâmica de Testes	109
5.4	Análise dos Resultados	112
5.5	Considerações Finais do Capítulo	114
6	Classificação de Tuberculose	116
6.1	Contextualização	116
6.2	Experimento 1	118
6.3	Experimento 2	126
6.4	Configurações Auspiciosas	137
6.5	Comparação com a Literatura	138
6.6	Considerações Finais do Capítulo	139
7	Conclusões	141
7.1	Contribuições	143
7.2	Trabalhos Futuros	143
	Referências Bibliográficas	145
A	Contribuições Científicas	179
A.1	Publicações Resultantes da Tese	179
A.2	Publicações Relacionadas à Tese	180
A.3	Outras Publicações	181
A.4	Publicações em Processo de Revisão ou Publicação	182
A.5	Artigos em Preparação	183
A.6	Premiações	183

Lista de Figuras

2.3	Mapa de incidência de Tuberculose (TB) traduzido de [315]. Em 2021, 68% dos casos de TB concentraram-se em 8 países, e 87% em 30 países com alta incidência.	35
2.4	Uma representação gráfica das fases típicas de um SRP. A fase de aprendizagem inclui a seleção e o treinamento do modelo, enquanto a fase de classificação compreende aplicação do modelo em novos dados não vistos na fase de treinamento.	37
2.5	Representação gráfica DSC por [244].	43
2.6	Representação gráfica IoU por [244].	43
2.7	Representação gráfica HD por [244].	44
2.8	Representação gráfica CM.	44
3.1	Esquema descritivo de uma Radiografia de Tórax (RXT). <i>Fonte: www.kenhub.com</i>	49
3.2	Exemplos de aperfeiçoamento no domínio espacial (a-c), e no domínio da frequência (d-f). Imagens geradas pelo autor.	50
3.3	O fluxograma do método de aperfeiçoamento proposto.	52
3.4	Fluxo da filtragem homomórfica.	53
3.5	Comparativo dos valores de PSNR, Entropia, AMBE e IQR.	56
3.6	Comparação dos histogramas e das segmentações por limiarização de Otsu. Imagens a-f) base IPTSP/UFG, g-f) base JSRT e m-r) base Shenzhen (SH).	57
3.7	Análise do impacto da limiarização em imagens da base IPTSP/UFG. Em linha imagem e resultante da limiarização, (a-f) imagens originais sem melhoramento e (g-l) imagens aperfeiçoadas pelo método proposto.	58
3.8	Imagens médicas radiográficas e resultados de processos de segmentação.	60
3.9	PRXT de bases públicas com estruturas estranhas à região torácica.	62
3.10	O fluxograma do método proposto para SCXT.	62
3.11	Pontos de referência marcados. Imagem base IPTSP/UFG.	63
3.12	Resultados dos passos na definição dos pontos esquerdo e direito.	64
3.13	Definição dos limites superior e inferior.	65
3.14	Medida ASD_i , representação gráfica.	66
3.15	Pontos detectados nas 50 imagens RXT da classe Normal.	67
3.16	Pontos detectados nas 50 imagens RXT da classe Bacteriana.	67
3.17	Pontos detectados nas 50 imagens RXT da classe Indeterminada.	67
3.18	Resultado da definição da ROI para o método de SCXT proposto. Classe das imagens (a-f) Normal, (g-l) Bacteriana, (m-r) Indeterminada e (s-x) os piores casos.	68

3.19	PRXT com presença de artefatos estranhos (rótulo, dedos e etiqueta).	70
3.20	Fluxograma do nosso método para detecção de artefatos estranhos.	71
3.21	Imagens do processo de subtração de canais.	72
3.22	Operação lógica de união em uma imagem RXT em recorte.	73
3.23	Resultado da detecção de artefatos estranhos em uma imagem PRXT.	74
3.24	Processo de definição dos artefatos. a-e) Recorte da PRXT de entrada, f-j) artefatos definidos e k-o) correspondentes Blob dos artefatos definidos.	74
3.25	Resultados da detecção de artefatos. Em linhas PRXT de entrada, artefatos identificados e checagem, em verde VP, em lilás FP e em azul FN. Imagens a-e) classe Bacteriana, f-j) classe Indeterminada e k-o) classe Normal.	75
3.26	Comparativo Fonseca <i>et al.</i> [97] x Método Proposto.	76
3.27	Propagação baseada em exemplar. (a) Notação – dado <i>patch</i> Ψ_p , \mathbf{np} é a normal para o contorno $\delta\Omega$ da região alvo Ω e ∇I_p é o isofote (direção e intensidade) no ponto \mathbf{p} . (b) Imagem com regiões Ω , Φ , contorno $\delta\Omega$ e Ψ_p . (c) Queremos sintetizar a área de Ψ_p centrado no ponto $\mathbf{p} \in \delta\Omega$. (d) Busca o candidato de melhor correspondência a Ψ_p ao longo do limite entre as duas texturas na região fonte, por exemplo $\Psi_{q'}$, e $\Psi_{q''}$. (e) <i>Patch</i> de melhor correspondência é copiado para a posição de Ψ_p preenchendo parcialmente Ω .	78
3.28	Processo de restauração em [50].	79
3.29	Definição de Φ^* . (a) PRXT de entrada, (b) Q_2 com área de Ω^* destacada em verde, (c-d) Definição de novos Ω^* e Φ^* expandidos por B, limites em vermelho.	80
3.30	Método proposto adaptado de [50]. (a)-(e) PRXT de entrada e seus quadrantes com regiões degradadas destacada em verde, (f)-(j) definição de Ω^* e Φ^* e (k)-(o) restauração final na PRXT de entrada e em seus quadrantes.	80
3.31	Comparação do resultado da restauração em 4 imagens da base IPTSP/UFG. (a)-(d) seções degradadas das imagens, (e)-(h) resultado obtido por Criminisi e Pérez [50], (i)-(l) resultado obtido pelo nosso método.	81
3.32	Resultados da restauração. Em linhas PRXT de entrada degradada com artefatos estranhos e imagem restaurada por nosso método proposto. Imagens a-d) classe Bacteriana, e-h) classe Indeterminada e i-l) classe Normal.	83
3.33	Fluxograma da proposta para identificação de orientação.	85
3.34	Faixas vertical e horizontal em destaque e seus perfis médios.	86
3.35	Algumas imagens e <i>kernels</i> usados no processo de extração de características. O tamanho dos <i>kernels</i> foi aumentado para melhor visualização. Valor do correspondente vetor binário $F = [1 \ 1 \ #]$, onde # pode ser 0 ou 1.	87
3.36	Diagrama representativo de nosso modelo de classificação.	88
3.37	Matrizes de confusão do classificador em cada banco de dados, fase de teste.	90
3.38	Modelo gráfico de nossa árvore de decisão.	90
3.39	Imagens RXT (redimensionadas para 512x512) que foram incorretamente classificadas. (a-b) imagens de DB1. (c-d) imagens de DB2.	91

4.1	Processo de decomposição pela TWD de Haar em uma RXT de entrada. Em detalhes, passos do esquema de emparelhamento e composição dos coeficientes.	95
5.1	A escala de gravidade da COVID (nível por pontuação RALE) é definida pelo número de regiões com manifestações (por exemplo, consolidação, opacidades alveolares, derrame pleural). Da esquerda para a direita, imagem sem manifestação (Normal) e com regiões mais acometidas (Severa) [281]	103
5.2	Fluxograma do método proposto para os dois modelos de classificação.	104
5.3	Segmentação etapas. (a) RXT do paciente; (b) máscara pelo algoritmo baseado em atlas; (c) sobreposição da máscara na RXT; (d) Em vermelho, fronteiras da máscara da segmentação pelo algoritmo baseado em atlas, em verde, fronteiras da máscara dilatada com elemento estruturante; (e) pulmões segmentados e ROI limitada e (f) Resultado do processo de segmentação a ser usado na etapa de extração de características.	105
5.4	Visão geral do processo de extração de características por BPPC em uma RXT com pulmões segmentados.	108
5.5	Estrutura básica de rede <i>Feed-Forward</i> usada em nossa proposta. nC é o número de classes, e K o número de características selecionadas.	109
5.6	Modelo 1 (Normal x COVID-19) - Performance da acurácia em função do número de características, com e sem ranqueamento pelo algoritmo <i>SVMAttributeEval</i> .	111
5.7	Resultados do Modelo 1 obtidos com: a) dados da primeira dobra da validação cruzada, b) dados da soma das 10 dobras, e com falsos negativos estratificados por nível de severidade e c) dados da última dobra da validação cruzada.	111
5.8	Modelo 2 (Níveis de severidade da COVID-19) - Performance da acurácia em função do número de características, com e sem ranqueamento pelo algoritmo <i>SVMAttributeEval</i> .	112
5.9	Resultados do Modelo 2 obtidos com: a) dados do primeira dobra da validação cruzada, b) dados da soma das 10 dobras e c) dados da última dobra da validação cruzada.	112
6.1	Etapas do método de detecção de tuberculose por extração e seleção de características por Padrões Binários de Congruência de Fase (BPPC) e Algoritmo <i>SVMAttributeEval</i> . Extração de características ocorre em três cenários de segmentação.	118
6.2	Performance da acurácia em função do número de características no conjunto MC, para os três cenários de segmentação.	120
6.3	Conjunto MC - Matrizes de confusão médias para cada esquema de segmentação, usando a melhor acurácia da etapa de seleção de características, com classes Normal (0) e TB (1).	121
6.4	Performance da acurácia em função do número de características no conjunto SH, para os três cenários de segmentação.	121
6.5	Conjunto SH - Matrizes de confusão médias para cada esquema de segmentação, usando a melhor acurácia da etapa de seleção de características, com classes Normal (0) e TB (1).	122

6.6	Performance da acurácia em função do número de características no conjunto MCSH, para os três cenários de segmentação.	122
6.7	Conjunto MCSH - Matrizes de confusão médias para cada esquema de segmentação, usando a melhor acurácia da etapa de seleção de características, com classes Normal (0) e TB (1).	123
6.8	t-SNE das 224 características do conjunto MCSH não segmentado.	123
6.9	t-SNE das 214 características do conjunto MCSH recorte em caixa.	123
6.10	t-SNE das 228 características do conjunto MCSH pulmões segmentados.	124
6.11	Fases do esquema hierárquico de detecção de TBP no conjunto TBX11K, com amostragem original.	128
6.12	Gráficos t-SNE sobre classes de estágio TB em características reais e após sobre-amostragem SMOTE. Características extraídas por BPPC das imagens RXT do conjunto TBX11K.	129
6.13	Comparativo resultados da estatística Kappa entre esquemas de classificação para os três cenários de amostragem de dados. No esquema Hierárquico valor corresponde ao produto das fases 1 e 2.	135

Lista de Tabelas

2.1	Comparativos entre doenças Pulmonares Infecciosas	36
3.1	Cálculo da ANOVA para o indicador PSNR.	54
3.2	Média e desvio padrão de PSNR, Entropia, AMBE e IQR,	55
3.3	Resultados das medidas de avaliação no Método de SCXT proposto, em cada uma das classes de imagens analisadas.	66
3.4	Comparação qualitativa com literatura de segmentação de RXT.	69
3.5	Resultado da detecção de artefatos.	76
3.6	Avaliação do desempenho da detecção de artefatos.	76
3.7	Algoritmo de definição região fonte.	80
3.8	Comparativo de medidas objetivas entre métodos.	82
3.9	Avaliação de treinamento e teste para a abordagem intra-banco de dados.	89
3.10	Avaliação para a abordagem inter-bancos de dados.	90
4.1	Descrição do experimental do conjunto de dados.	97
4.2	Acurácia para classificação binária nas etapas de treino e teste.	98
4.3	Acurácia classificação entre casos Pneumonia Covid-19, Normal e Pneumonia Viral (CxNxV), nas etapas de treino e teste.	99
4.4	Comparativo do desempenho com o estado da arte em tarefas de classificação binária (CxN) e multi-classe (CxNxV).	99
5.1	Descrição sumarizada do conjunto COVIDGR-1.0	110
5.2	Comparativo de acurácia (ACC) do Modelo 1 quanto a sensibilidade por nível de severidade.	111
5.3	Comparativo da detecção de COVID-19 com estudos da literatura.	114
6.1	Breve descrição das imagens RXT nos conjuntos de dados.	120
6.2	Sem segmentação - Comparação da detecção da tuberculose com alguns trabalhos relacionados.	125
6.3	Segmentação em recorte - Comparação da detecção da tuberculose com alguns trabalhos relacionados.	125
6.4	Segmentação dos pulmões - Comparação da detecção da tuberculose com alguns trabalhos relacionados.	126
6.5	Breve descrição do conjunto TBX11K usado no experimento.	127
6.6	Primeira Fase - Classificação entre Casos Saudáveis e Doentes.	131
6.7	Segunda Fase - Classificação entre Casos TB e Doentes Não-TB.	133
6.8	Terceira Fase - Classificação entre estágios TB Ativa, Latente e Ambas - Resultados compilados dos três cenários de amostragem.	134
6.9	Resultados compilados dos novos experimentos.	136

6.10	Comparativo de performance do modelo na primeira e segunda fase para diferentes amostragens de prevalência de TB	137
6.11	Comparação da detecção de TB com alguns trabalhos relacionados.	138

Lista de Abreviaturas e Siglas

H_0	Hipótese Nula. 54
AAM	Algoritmos de Aprendizagem de Máquina. 25
ACC	Acurácia. 130
Ag-RDT	Teste de Diagnóstico Rápido de Detecção de Antígenos. 33
AMBE	Erro de Brilho Médio Absoluto. 53
ANOVA	Análise de Variância. 54
AP	Antero-Posterior. 41
APS	Atenção Primária à Saúde. 35
ASD	Distância por Escala de Precisão. 65
ASM	Modelo de Forma Ativa. 60
AUC	Área sobre a Curva ROC. 113
BK	Bacilo de Koch. 34
BLOB	Grande Objeto Binário. 74
BPC	Busca Passiva de Casos. 34
BPPC	Padrões Binários de Congruência de Fase. 104
CADx	Sistemas de Detecção e Diagnóstico Assistidos por Computador. 49
CBIR	Recuperação de Imagens Baseada em Conteúdo. 49
CLAHE	Equalização de Histograma Adaptável Limitada por Contraste. 54
CT	Tomografia Computadorizada. 28
DFE	Extração de Características Profunda. 117
DL	Aprendizagem Profunda. 26
DPI	Doenças Pulmonares Infecciosas. 23
DSC	Coefficiente de similaridade DICE. 65
DX	Radiografia digital. 28
Err	Taxa de Erro. 74
ESPII	Emergência de Saúde Pública de Importância Internacional. 33

FFN	Rede Neural Feedforward. 104
fMRI	Ressonância Magnética Funcional. 28
FN	Falsos Negativos. 44
FP	Falsos Positivos. 44
GPU	Unidade Gráfica de Processamento. 66
HD	Distância de Hausdorff. 65
HE	Equalização do Histograma. 54
IA	Inteligência Artificial. 24
IoU	Índice Jaccard. 65
IQR	Intervalo Interquartilico. 53
LBP	Padrões Binários Locais. 107
LMT	Árvores de Modelo Logístico. 96
MC	Montgomery County. 69
MCL	MultiClass. 96
MCSH	Montgomery-Shenzhen. 119
MLP	Perceptron Multicamadas. 117
MP	Método Proposto. 54
MRI	Ressonância magnética. 28
ODS	Objetivos de Desenvolvimento Sustentável. 47
OMS	Organização Mundial de Saúde. 25
PA	Postero-Anterior. 29
PAC	Pneumonia Adquirida na Comunidade. 32
PACS	Sistema de Comunicação e Arquivamento de Imagens. 49
PC	Congruência de Fase. 105
PDI	Processamento Digital de Imagem. 69
PET-CT	Tomografia por Emissão de Pósitrons. 28
PHoG	Histograma Piramidal de Gradientes Orientados. 117
PPV	Precisão. 74
PQ	Programação Quadrática. 118
PRXT	RXT Pediátrica. 39
PSNR	Relação Sinal-Ruído de Pico. 53
RALE	Avaliação Radiográfica de Edema Pulmonar. 40
RGL	Regressão Logística. 96
RLL	Regressão Logística Linear. 117

RNA	Redes Neurais Artificiais. 108
ROC	Característica de Operação do Receptor. 110
ROI	Região de Interesse. 60
RP	Reconhecimento de Padrões. 24
RT-LAMP	Amplificação Isotérmica mediada por laço de Transcrição Reversa. 33
RT-PCR	Transcrição Reversa seguida de Reação em Cadeia da Polimerase. 33
RX	Raio-X. 29
RXT	Radiografia de Tórax. 14, 15
SARS	Síndrome Respiratória Aguda Grave. 31
SBS	Seleção Reversa Sequencial. 118
SCXT	Segmentação de Toda Caixa Torácica. 61
SH	Shenzhen. 53
SM	Imagem Original Sem Melhoramento. 54
SMO	Otimização Mínima Sequencial. 118
SMOTE	Sobre-amostragem Minoritária Sintética. 128
SP	Segmentação de Pulmões. 60
SRP	Sistema de Reconhecimento de Padrões. 27
SSIM	Índice de Similaridade Estrutural. 81
SSM	Modelo Estatístico de Forma. 67
SURF	Características Robustas Aceleradas. 117
SUS	Sistema Único de Saúde. 32
SVM	Máquina de Vetores de Suporte. 88
TB	Tuberculose. 14
TBP	Tuberculose Pulmonar. 117
TNR	Especificidade. 130
TP	Tempo de Processamento. 81
TPR	Sensibilidade. 74
TWD	Transformada <i>Wavelet</i> Discreta. 94
US	Máscara de Nitidez. 54
VN	Verdadeiros Negativos. 44
VP	Verdadeiros Positivos. 44

Introdução

Este capítulo traz informações sobre as doenças pulmonares infecciosas, destacando seu impacto como a doença transmissível mais mortal do mundo, bem como os desafios associados ao diagnóstico dessas doenças. Além disso, menciona como a inteligência artificial e o reconhecimento de padrões podem contribuir para a melhoria do diagnóstico das **Doenças Pulmonares Infecciosas (DPI)** por meio da análise de imagens **RXT**. Problemática, hipótese, objetivos e questões de pesquisa também são apresentados.

1.1 Motivação

DPI ou simplesmente infecções respiratórias inferiores, continuam a ser a doença transmissível mais mortal do mundo e a quarta principal causa de morte entre todas as doenças [313]. Essa doença representa um grupo diversificado de condições que afetam os pulmões e são causadas por agentes infecciosos, como bactérias, vírus, fungos e parasitas. Ao longo da história da medicina, as **DPI** têm sido uma preocupação significativa devido à sua capacidade de causar danos graves e potencialmente fatais no sistema respiratório humano. Essas doenças são um desafio importante para saúde pública global, sendo responsáveis por carga significativa de morbidade e mortalidade.

Pneumonias virais, como aquelas causada por influenza, parainfluenza, adenovírus e coronavírus, e **TB**, estão entre as **DPI** que mais comuns e mortais em todo o mundo. Elas causam alta demanda nos sistemas hospitalares e consomem uma enorme quantidade de recursos financeiros [315, 228, 313].

O diagnóstico das **DPI** pode ser desafiador devido a uma série de razões, incluindo a diversidade de patógenos envolvidos, a semelhança de sintomas com outras condições respiratórias e a complexidade das técnicas diagnósticas. Por exemplo, nos exames de **RXT** requer um nível avançado de conhecimento especializado, é um processo tedioso e apresenta uma grande variabilidade intra e interobservador. A avaliação clínica também está sujeita a julgamentos subjetivos dos profissionais de saúde, o que pode levar a erros e atrasos no tratamento adequado.

Outro aspecto importante é a rápida progressão de certas infecções causadas pelas **DPI**, que podem levar os pacientes a condições severas de saúde em um curto prazo. Associado a isso, o diagnóstico e o tratamento tardios reduzem substancialmente as chances de cura e recuperação dos pacientes.

Abordagens multidisciplinares, incluindo exames clínicos, cultura de amostras respiratórias, exames de imagem radiográfica e a busca ativa de casos, estão entre as estratégias para superar essas dificuldades.

Em relação às imagens radiográficas, cerca de dois bilhões de **RXT** são realizadas anualmente em todo o mundo, auxiliando no rastreamento, diagnóstico e acompanhamento do progresso das **DPI**. No entanto, esse expressivo volume de exames requer um número de profissionais para leitura e interpretação. A formação desses profissionais tem um alto custo e leva tempo, resultando em escassez de radiologistas, mesmo em países desenvolvidos. Isso resulta em atrasos e falhas no diagnóstico, um problema agravado em países subdesenvolvidos, onde a interpretação do exame de **RXT** é mais suscetível e difícil de ser realizada [118, 242, 157].

Durante a pandemia da SARS-Cov2 (COVID-19), uma das piores catástrofes sanitárias dos tempos modernos, esses e outros problemas ficaram evidentes, mostrando as fragilidades dos sistemas globais de saúde e a necessidade de mecanismos de resposta mais rápidos e eficazes em toda a cadeia de saúde [178, 20].

A partir de então, foi possível uma maior e mais rápida adesão da tecnologia na saúde, que, desde o desenvolvimento dos primeiros instrumentos cirúrgicos, caminha lado a lado com a medicina [161]. A telemedicina, o diagnóstico assistido por computador, o desenvolvimento de vacinas em tempo recorde, bem como o uso de modelos matemáticos para auxiliar na tomada de decisões, são alguns dos benefícios percebidos nos últimos anos em uma revolução sem precedentes na saúde. Relatório [228] apontou que 51% das pessoas no mundo fizeram consultas virtuais durante a pandemia da COVID-19, enquanto os investimentos em telemedicina somaram US\$ 4,3 bilhões somente em 2020, numa tendência que deve continuar crescendo.

Nesse sentido, o **Reconhecimento de Padrões (RP)** como uma área da ciência da computação e da **Inteligência Artificial (IA)**, que se concentra em desenvolver técnicas e algoritmos capazes de identificar regularidades ou padrões em conjuntos de dados complexos [22], se apresenta como um instrumento de apoio importante. Padrões podem ser de diferentes tipos, como visuais, acústicos, linguísticos ou de comportamento, e podem ser extraídos de várias fontes de dados, como imagens, sinais elétricos ou texto.

O objetivo do **RP** é automatizar a identificação e classificação de padrões em dados, permitindo que computadores e sistemas inteligentes possam realizar tarefas complexas de forma mais eficiente e precisa [22]. Aplicações práticas do **RP** incluem o reconhecimento de fala, o reconhecimento de escrita à mão, o reconhecimento facial,

o diagnóstico médico, a previsão do tempo, a análise de sentimentos em mídias sociais, entre outras.

Em relação às **DPI**, o **RP** é uma técnica que desempenha um papel importante, podendo apoiar na análise, detecção e diagnóstico. Em grandes conjuntos de dados clínicos, imagens e sinais fisiológicos, físicos, histológicos ou anatômicos, essa técnica pode ser usada para identificar padrões e regularidades ocultas ao olho humano, identificando correlações e auxiliando médicos na tomada de decisões.

Nas imagens **RXT**, o **RP** pode ser usado para encontrar e descrever os padrões radiômicos característicos das infecções. Por exemplo, **Algoritmos de Aprendizagem de Máquina (AAM)** podem ser treinados para identificar anomalias nas imagens, destacar áreas suspeitas, auxiliar na triagem de pacientes, apontar o tipo específico de infecção e avaliar sua progressão ou regressão. Outro uso importante é a possibilidade de diagnósticos mais precoces, uma vez que esses **AAM** se bem modelados e construídos podem detectar sutis anormalidades nas imagens, imperceptíveis ao olho humano.

Portanto, compreendendo a extensão e importância da **IA** e do **RP** na medicina, as possibilidades de descoberta e compartilhamento de conhecimento, o desenvolvimento de novas soluções e o aprimoramento de tratamentos mais personalizados, papel reconhecido inclusive pela **Organização Mundial de Saúde (OMS)** em relatório dedicado ao assunto [314], esta pesquisa considerou-se o uso dessas tecnologias para o apoio à detecção e o diagnóstico das **DPI**.

1.2 Hipótese

A pesquisa segue as diretrizes da **OMS** [314] e visa apoiar as metas da Agenda 2030 [34], que entre outras propõem o combate às doenças transmissíveis. Assim, nossa hipótese para nortear o estudo foi: *técnicas de reconhecimento de padrões combinadas a algoritmos de inteligência artificial permitem, por meio da construção de modelos adequadamente otimizados, desenvolver e aprimorar, com dados públicos, soluções computacionais para auxílio ao diagnóstico de **DPI** em imagens **RXT**.*

1.3 Problema

Como problema a ser investigado nesta tese, determinou-se: de que maneiras técnicas de reconhecimento de padrão aplicadas à imagens **RXT** podem apoiar na construção e aprimoramento de sistemas de auxílio ao diagnóstico de **DPI**?

1.4 Questões de pesquisa

- Quais e como técnicas de **RP** podem ser aplicadas com eficácia às imagens **RXT** para identificar características específicas relacionadas a **DPI**?
- Quais algoritmos de **IA** são mais adequados para otimizar a construção de modelos de diagnóstico de **DPI** a partir de dados públicos de imagens **RXT**?
- Quais são as principais considerações e critérios a serem considerados na escolha de um modelo de **AAM** para uma aplicação específica em imagens **RXT**, dadas limitações computacionais?
- Como a combinação de **RP** e **IA** pode contribuir para o desenvolvimento de soluções computacionais de auxílio ao diagnóstico de **DPI**, levando em consideração a acessibilidade a dados públicos, a limitação de recursos computacionais, o tempo de resposta e a escalabilidade das soluções?

1.5 Objetivos

Consideradas as exposições trazidas, o objetivo principal desta pesquisa foi construir modelos para o desenvolvimento e aprimoramento de sistemas computacionais de auxílio ao diagnóstico de **DPI** a partir de **IA**, **RP** e imagens públicas de **RXT**, considerando ambientes e configurações com limitações computacionais. Assim, dois cenários da aplicação de **RP** e **IA** foram trabalhados, um relacionado ao pré-processamento de imagens **RXT**, e outro relacionado à identificação, detecção e classificação das doenças em imagens **RXT**. Logo, como objetivos específicos, almejou-se ainda:

- Propor algoritmos de reconhecimento de padrões com eficiência e eficácia para pré-processamento de imagens radiográficas de tórax, especificamente relacionados ao aperfeiçoamento das imagens, segmentação da caixa torácica, remoção de artefatos estranhos, restauração e correção de orientação.
- Investigar algoritmos de reconhecimento de padrões para auxílio ao diagnóstico de Pneumonia, COVID-19 e Tuberculose, em imagens radiográficas de tórax.

É importante esclarecer que, embora as abordagens baseadas em **Aprendizagem Profunda (DL)** sejam consideradas o estado da arte nesse contexto, dadas as condições pré-estabelecidas do ambiente e da configuração, optamos por utilizar métodos clássicos de **AAM**. Essa decisão foi motivada por várias razões, incluindo a quantidade limitada de imagens **RXT** disponíveis, considerações de eficiência computacional, facilidade de implementação, a necessidade de um controle mais preciso sobre as variáveis usadas no

modelo, a robustez em relação a dados ruidosos e, por último, mas não menos importante, a capacidade de interpretação e auditoria mais clara dos resultados obtidos.

1.6 Organização da Tese

O restante desta tese é organizada como segue. No [Capítulo 2](#), uma fundamentação teórica sobre os pontos centrais é apresentada. São descritos aspectos principais sobre [Sistema de Reconhecimento de Padrões \(SRP\)](#) e suas fases, características e papel das imagens [RXT](#) na medicina, e descrições sobre as três [DPI](#) tratadas nessa pesquisa. O [Capítulo 3](#) apresenta propostas de pré-processamento em imagens [RXT](#), como foco a atender nosso primeiro objetivo específico. São apresentadas propostas para tarefas de aperfeiçoamento, segmentação, detecção de artefatos, restauração e correção de orientação de imagens [RXT](#). Os [Capítulos 4, 5 e 6](#) trazem respectivamente, propostas para classificação de Pneumonia, COVID-19 e Tuberculose, as três [DPI](#) cobertas nessa tese. Finalmente, no [Capítulo 7](#) são apresentadas nossas conclusões gerais e sugestões de trabalhos futuros.

Além disso, esta tese possui um [Apêndice A](#) que contém a lista completa das publicações científicas produzidas durante o curso de doutorado e prêmios recebidos.

1.7 Considerações Finais do Capítulo

Neste capítulo, apresentamos uma pequena contextualização sobre os avanços da tecnologia na medicina, sua contribuição na descoberta de novos conhecimentos, no desenvolvimento de novas soluções, e seu papel em tratamentos, terapias e diagnósticos mais rápidos, seguros, e personalizados.

Inserido nessa discussão, enfatizamos o papel e relevância do [RP](#) e da [IA](#) no desenvolvimento e aperfeiçoamento de sistemas inteligentes de suporte a análise e diagnóstico de doenças. Ressaltamos, contudo, que esses não devem substituir o julgamento clínico dos médicos, mas sim auxiliá-los na tomada de decisões mais precisas.

Problematização e hipótese também foram apresentadas e objetivos específicos colocados juntos à uma sucinta justificativa de nossa decisão em usar modelos clássicos de [AAM](#) em oposição aos modelos [DL](#). Por fim, ressaltamos a disposição dos capítulos que seguiu organizados no sentido de contemplar os objetivos colocados, alimentando nossa hipótese e respondendo nossas questões de pesquisa.

Contextualização e Fundamentação Teórica

Este capítulo fornece algumas definições sobre [RXT](#), [DPI](#) e [RP](#), além de informações preliminares sobre materiais, métricas e assuntos tratados nesse projeto de pesquisa, incluindo programas e bases de dados usadas.

2.1 Radiografia de Tórax (RXT)

Em 22 de dezembro de 1895 o físico alemão Wilhelm Conrad Röntgen revolucionou a medicina ao realizar em sua esposa Anna Bertha Roentgen a primeira radiografia que se tem notícia ([Figura 2.1](#)). Desse registro até os dias atuais esse método evoluiu bastante com novas técnicas e ferramentas de aquisição, quantificação e visualização de imagem médica [21, 182]. [Radiografia digital \(DX\)](#), [Ressonância magnética \(MRI\)](#), [Tomografia Computadorizada \(CT\)](#), [Tomografia por Emissão de Pósitrons \(PET-CT\)](#) e [Ressonância Magnética Funcional \(fMRI\)](#) são alguns exemplos que têm levado o diagnóstico por imagem a uma abrangência universal.

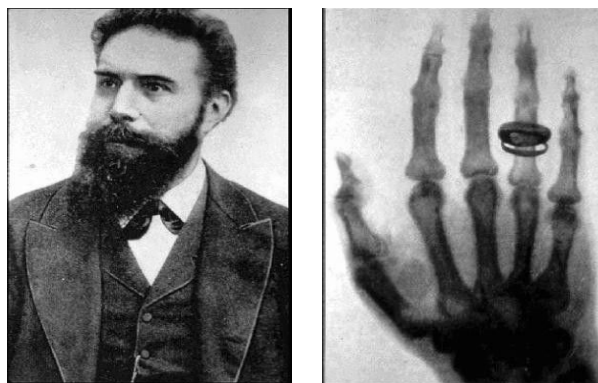


Figura 2.1: Wilhelm Röntgen e primeira radiografia, mão de sua esposa. Fonte: *Wilhelm Conrad Röntgen and the Early History of the Roentgen Rays* de Otto Glasser, 1934.

Contudo, essa evolução não está ao alcance de todos, e existe um gigantesco abismo separando-a das populações mais vulneráveis e urgentes de atendimento. Assim,

soluções e métodos tradicionais ainda são essenciais, e em muitos casos a única ferramenta disponível para o acompanhamento e diagnóstico de distúrbios dos pacientes.

Nesse sentido, a **RXT**, como exame de **Raio-X (RX)** mais realizado no mundo (cerca de 30%-40%), é defendida e recomendada pela **OMS** na investigação, triagem e detecção de doenças pulmonares [77]. Anualmente, cerca de dois bilhões de **RXT** são realizadas, e a demanda continua a crescer [241].

Também chamada de **RX** de tórax ou filme de tórax, a **RXT** é uma radiografia de projeção do tórax usada para investigação, diagnóstico e monitoramento das condições que afetam o tórax, seu conteúdo e estruturas próximas [48]. Essas imagens têm inúmeras indicações, que incluem, mas não se limitam a: doenças respiratórias, doenças cardíacas, hemoptise, suspeita de embolia pulmonar, investigação de pneumonia, pneumotórax, suspeita de metástase, acompanhamento do progresso de doenças já conhecidas, checar posição de equipamentos de monitoramento e suporte a vida, dispneia crônica, dor no peito, tosse e perda de peso, traumas, tumores, pneumonia, tuberculose, e mais recentemente COVID-19.

Imagens **RXT** são geralmente capturadas em ambientes controlados, como clínicas e departamentos de radiologia (**RXT** de qualidade superior), e, em menor quantidade, em ambientes de internação, junto à cama do paciente (**RXT** menor qualidade). Normalmente, as **RXT** são obtidas em projeção **Postero-Anterior (PA)**, enquanto o exame padrão do tórax é realizado pela leitura conjunta dessa projeção com a da vista Lateral. No entanto, em situações e indicações específicas, outras projeções também podem ser capturadas de forma complementar ou alternativa. As imagens da **Figura 2.2** mostram como são tomadas essas e outras projeções da **RXT**.

Essas imagens representam complexas estruturas tridimensionais (3D) do tórax, como ossos, tecidos e lesões por composição de sombras bidimensionais (2D) em termos de radiodensidade¹ e radioluscência², representando assim as densidades somadas de muitas camadas de tecido [229, 75].

A leitura e interpretação da **RXT**, entretanto, não é uma tarefa trivial ou rápida de ser realizada, requer tempo, experiência, atenção e elevada especialização por parte dos radiologistas. Diversas infecções pulmonares têm alterações semelhantes na aparência do tecido pulmonar. Por exemplo, infiltrados pulmonares, consolidação, cavitações, derrame pleural e atelectasia, não são exclusivas de uma única infecção pulmonar e frequentemente se manifestam como áreas opacas, sombras e manchas nas radiografias.

Além disso, o número insuficiente de profissionais radiologistas, a enorme quantidade de exames tomados a cada dia e a crescente demanda por laudos radiológicos con-

¹Radiodensidade (ou radiopacidade) - habilidade dos raios-X de passar por um determinado material.

²Radioluscência - o grau de densidade das estruturas à passagem dos feixes de raios-x, menor densidade, maior passagem.

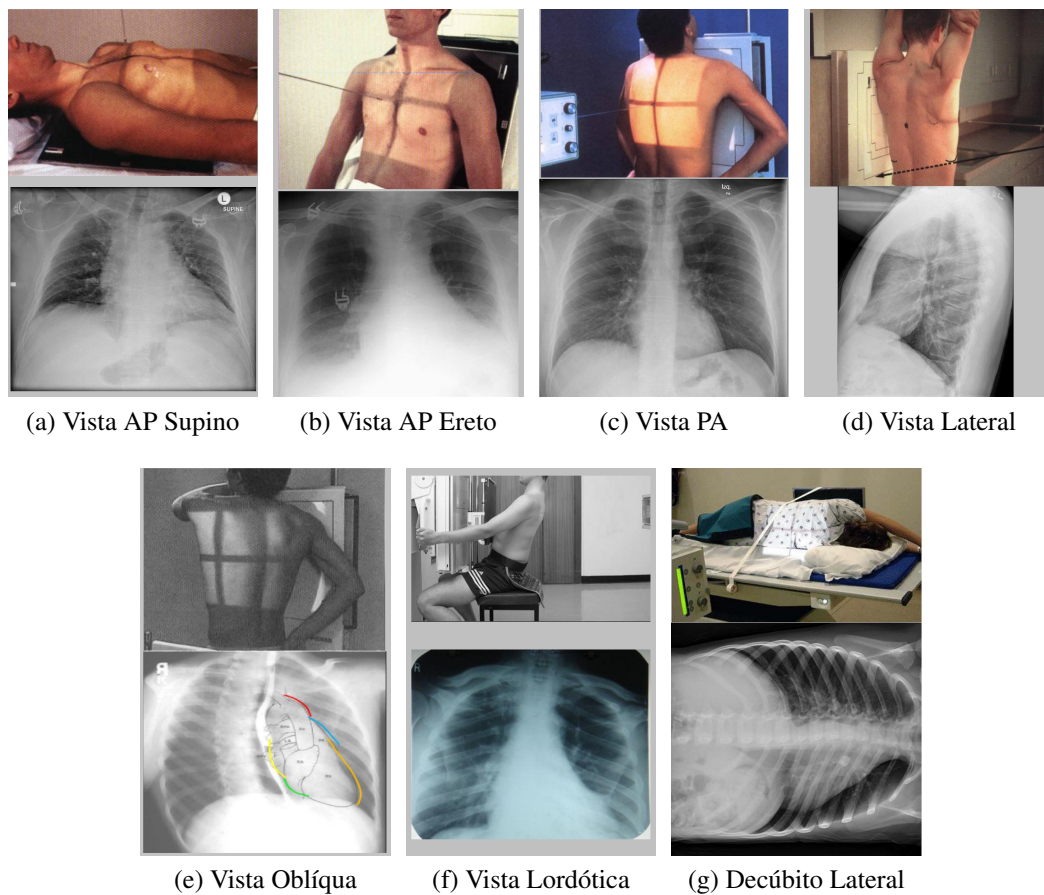


Figura 2.2: Projeções de uma RXT, montagem autor adaptado de [229].

duzem essa tarefa a um trabalho exaustivo e fadigante, num cenário que leva profissionais ao esgotamento e pode acarretar perda ou erros de diagnóstico. A literatura aponta taxas constantes de erro de 3-5% na prática radiológica diária, mesmo com os avanços tecnológicos [215, 163]. Em números estimados, só em 2018 foram cerca de 40 milhões de erros de diagnósticos em todo mundo [134], e o mais preocupante 80% desses erros resultam em sequelas permanentes no paciente ou sua morte [274].

Nesse sentido, soluções automatizadas de processamento de imagens e de auxílio a detecção e diagnóstico podem ser úteis tanto para estes profissionais quanto para os pacientes, quer seja reduzindo a sobrecarga de trabalho, agilizando o processo de interpretação e entrega de resultados ou melhorando a segurança e precisão dos diagnósticos.

2.2 Doenças Pulmonares Infecciosas (DPI)

Os pulmões são um ambiente imunologicamente único, expostos diariamente a inúmeros patógenos e partículas dos mais diversos materiais. A eliminação adequada de

patógenos e a resposta a poluentes são necessárias para evitar infecções excessivas, ao mesmo tempo, em que evitam danos aos tecidos e mantêm a troca gasosa eficiente [153].

Doenças infecciosas pulmonares, também chamadas de infecções respiratórias inferiores, é uma categoria de doença causada por agentes infecciosos, como bactérias, vírus, fungos ou parasitas, que invadem e infectam os pulmões [102]. Essas doenças podem ser transmitidas de pessoa para pessoa por meio de gotículas respiratórias, contato direto ou indireto com secreções infectadas, ou pelo contato com superfícies contaminadas, sendo a doença transmissível mais mortal do mundo, afetando todas as idades e custando milhões de vida anualmente [313].

Quando o agente infeccioso se multiplica nos pulmões, podem surgir inflamações e sintomas como febre, tosse, catarro, fadiga, dor no peito e dificuldade para respirar. A infecção pulmonar pode ser dividida em vários tipos, dependendo do local afetado no pulmão, da gravidade e dos sintomas apresentados. As mais comuns são a Pneumonia, a Bronquite e a Bronquiolite, mas também há a Tuberculose, COVID-19, [Síndrome Respiratória Aguda Grave \(SARS\)](#), Influenza, Legionelose e Histoplasmoose pulmonar, apenas para citar algumas.

Quando ocorre uma infecção nos pulmões, seja por bactérias, vírus ou microbactérias, o sistema imunológico responde à presença desses agentes infecciosos, desencadeando uma resposta inflamatória natural para combater a infecção e limitar a disseminação do agente infeccioso. Durante a resposta inflamatória, ocorrem uma série de eventos, como dilatação dos vasos sanguíneos, aumento da permeabilidade capilar, migração de células inflamatórias para o local da infecção e liberação de mediadores inflamatórios.

Esses processos inflamatórios contribuem para o recrutamento de células de defesa, como neutrófilos e macrófagos, para combater a infecção. No entanto, em alguns casos, a resposta inflamatória pode ser desregulada ou excessiva, levando a danos nos tecidos pulmonares e sintomas mais graves. Por exemplo, na COVID-19, a resposta inflamatória exacerbada, conhecida como tempestade de citocinas, pode causar danos significativos nos pulmões e em outros órgãos.

Embora essas doenças compartilhem a característica de serem doenças pulmonares infecciosas, é importante reconhecer suas diferenças em termos de agentes causadores, modos de transmissão, sintomas e tratamento adequado. Logo, o diagnóstico correto e a diferenciação adequada entre essas condições exigem uma avaliação clínica detalhada, exames de imagem, testes laboratoriais e, em alguns casos, biópsia pulmonar para análise histopatológica.

Particularmente no exame de imagens [RXT](#), objeto dessa tese, as doenças pulmonares infecciosas podem se manifestar de várias formas, com padrões radiológicos que podem auxiliar na sua identificação, diagnóstico, classificação e acompanhamento. Padrões radiológicos como cavitação, consolidações, derrame pleural, infiltrado intersticial

e opacidades alveolares são alguns dos achados mais comuns observados.

Assim, o exame **RXT** é essencial porque fornece informações relevantes sobre a apresentação da doença, sua extensão e seu curso durante o tratamento. Comparações com exames **RXT** anteriores do paciente, por exemplo, podem assistir na identificação de mudanças significativas nas imagens e auxiliar no diagnóstico diferencial, enquanto combinado a histórico clínico, exames complementares e avaliações multidisciplinares fornecem o cenário ideal para o correto diagnóstico [45].

2.2.1 Pneumonia

Pneumonia é uma forma de infecção respiratória aguda, estando entre as infecções pulmonares mais prevalentes e mortais, causando morbidade e mortalidade de milhões de pessoas em todo o mundo, principalmente entre menores de 5 anos e idosos³, mesmo antes da pandemia de COVID-19 [290].

No Brasil, em 2022 o **Sistema Único de Saúde (SUS)** registrou 638.311 internações e 66.119 mortes provocadas por essa doença⁴, colocando-a como uma das principais causas de internações e mortes no país. No mundo, dados da **OMS** apontam para de cerca de 2,5 milhões de mortes em 2019, incluindo 672.000 crianças menores de 5 anos e representando a maior causa infecciosa de morte em crianças.

Geralmente causada por bactérias, vírus ou fungos, a pneumonia pode ser definida clinicamente por um conjunto de sintomas, que vão de tosse, falta de ar, febre, sudorese e calafrios, fadiga, dor no peito, náuseas, vômitos ou diarreia e confusão mental, especialmente em idosos. A pneumonia pode ser adquirida na comunidade, em ambientes hospitalares ou em outras configurações. O tratamento geralmente envolve o uso de antibióticos, antivirais ou antifúngicos, dependendo da causa específica da infecção. O diagnóstico da pneumonia é essencialmente clínico, por anamnese e verificação ausculta, podendo ser ratificado por um exame de **RXT**.

Contudo, dado que menos de 40% dos médicos são capazes de diagnosticar pneumonias apenas com base em exame clínico, a **RXT** assume um papel crucial no caso de pacientes com suspeita de **Pneumonia Adquirida na Comunidade (PAC)**. É recomendada para todos os pacientes hospitalizados, bem como nos casos em que há dúvidas quanto ao diagnóstico, suspeita de câncer de pulmão ou quando a resposta clínica durante o tratamento é insatisfatória [49]. Além disso, a **RXT** é recomendada e defendida pela **OMS** para o exame e detecção de casos suspeitos de pneumonia infantil, sendo usada como uma importante medida de resultados em estudos epidemiológicos e ensaios de eficácia de vacinas [177].

³Organização Mundial de Saúde (OMS) - <https://www.who.int/health-topics/pneumonia>

⁴DataSus Tabnet - <http://tabnet.datasus.gov.br/cgi/defthtm.exe?sih/cnv/niuf.def>

Nas imagens da **RXT** a pneumonia aparece com um novo infiltrado, visto como pontos brancos em opacidades de vidro fosco [153, 288], característicos das inflamações nos sacos de ar (alvéolos - responsáveis pela troca de oxigênio e dióxido de carbono) e do acúmulo de líquido. Esse padrão é também comum em outras infecções pulmonares (COVID-19, Tuberculose, Edemas, etc), de modo que sua interpretação pode confundir e desorientar até mesmo médicos experientes [60, 186].

2.2.2 COVID-19

O novo coronavírus 2019 (COVID-19) é uma doença infecciosa causada pelo coronavírus SARS-CoV-2. Identificada pela primeira vez na cidade de Wuhan, na China, em dezembro de 2019, desde então se espalhou por todo o mundo, tornando-se uma das piores catástrofes sanitárias de todos os tempos. Transmitida principalmente por meio de gotículas respiratórias de uma pessoa infectada, seus sintomas variam de leves a graves e podem incluir febre, tosse seca, falta de ar, fadiga, dor de garganta, perda de paladar ou olfato, dores musculares e diarreia [316].

Em 11 de março de 2020, a doença foi declarada pela **OMS** como pandemia. Desde então, diversas mutações e variantes do vírus surgiram e causaram a morte de milhões de pessoas. Painel da **OMS**⁵ aponta o registro de 767.364.883 casos da doença e um número absurdo de 6.938.353 mortes até a data 31 de maio de 2023, e com Brasil estando em segundo (702.664 mortes), atrás apenas dos Estados Unidos (1.127.152) em número de mortes.

Embora tenham sido desenvolvidas vacinas eficazes para a prevenção da doença, e a **OMS** tenha decretado, em 05 de maio de 2023⁶, o fim da **Emergência de Saúde Pública de Importância Internacional (ESPII)** referente à COVID-19, a propagação mundial da doença continua caracterizada como uma pandemia, com milhares de casos sendo reportados diariamente e um número importante de mortes acontecendo. Assim, medidas de prevenção precisam ser reforçadas, e o manejo da doença não deve ser negligenciado. A vacinação é o principal meio, mas medidas de triagem, rastreamento de contatos e isolamento são ainda importantes, e nesse sentido o diagnóstico precoce é essencial.

O exame padrão ouro para diagnóstico da COVID-19 é o teste **Transcrição Reversa seguida de Reação em Cadeia da Polimerase (RT-PCR)**, contudo outros testes virológicos também são usados como o **Teste de Diagnóstico Rápido de Detecção de Antígenos (Ag-RDT)** e o **Amplificação Isotérmica mediada por laço de Transcrição Reversa (RT-LAMP)**. Outros exames também podem ser usados como complemento

⁵WHO Coronavirus (COVID-19) Dashboard - <https://covid19.who.int/>

⁶OPAS - <https://www.paho.org/pt/noticias/5-5-2023-oms-declara-fim-da-emergencia-saude-publica-importancia-internacional-referente>

ou em substituição desses, a depender dos sintomas, estágios ou indisponibilidades dos primeiros. A **RXT**, por exemplo, é recomendada pela **OMS** para o diagnóstico de casos sintomáticos, em locais onde o teste virológico não está disponível ou os resultados demoram, ou são inicialmente negativos na presença de sintomas atribuíveis ao COVID-19 [316]. A **RXT** também tem sido considerada para complementar a avaliação clínica e os parâmetros laboratoriais no manejo e acompanhamento de pacientes, hospitalizados ou não, e já diagnosticados com COVID-19.

O padrão radiológico da COVID-19 se assemelha ao de outras infecções pulmonares, apresentando opacidades de vidro fosco bilaterais e difusas, frequentemente envolvendo múltiplos lobos pulmonares, além de opacidades consolidativas que podem estar presentes em casos mais graves [35].

2.2.3 Tuberculose

TB é uma doença infectocontagiosa causada pela bactéria *Mycobacterium tuberculosis*, popularmente conhecida como **Bacilo de Koch (BK)**. Ela afeta principalmente os pulmões, mas pode se espalhar para outros órgãos, como rins, ossos, coração e sistema nervoso central. A transmissão ocorre por inalação de gotículas respiratórias contendo a bactéria de uma pessoa infectada. Os sintomas comuns incluem tosse prolongada, febre, perda de peso, suores noturnos e fadiga.

Apesar de descoberta no século XIX, ainda hoje **TB** é uma doença grave que causa diariamente a morte de mais de 4.000 pessoas. Em 2021, cerca de 10,6 milhões de pessoas adoeceram por **TB** e 1,6 milhão morreram em todo o mundo [315]. **TB** está entre as doenças mais mortais do mundo e é a segunda principal causa de morte infecciosa depois do SARS-CoV-2 (COVID-19) [24]. Estima-se que cerca de um quarto da população global esteja infectada com a bactéria da **TB** e que 5 a 10% dessas apresentarão sintomas e desenvolverão **TB** [315].

Assim, embora prevenível, tratável e curável, os números mostram que o controle efetivo da **TB** ainda não foi alcançado, e ela ainda representa um grave problema de saúde pública mundial, afetando principalmente as populações mais vulneráveis e distantes dos cuidados de saúde (veja **Figura 2.3**).

TB pode ser classificada como pulmonar (afetando os pulmões) ou extrapulmonar (afetando outros órgãos) e seu tratamento envolve o uso de medicamentos antimicrobianos por um período prolongado, geralmente vários meses, para erradicar a bactéria. A prevenção inclui vacinação, em crianças com a vacina BCG, identificação e tratamento de casos, além de medidas de controle de infecção para limitar a propagação da doença.

O diagnóstico da **TB** inclui testes de tuberculina, culturas bacterianas, baciloscopia, exames de sangue e **RXT** e geralmente segue uma abordagem de **Busca Passiva**

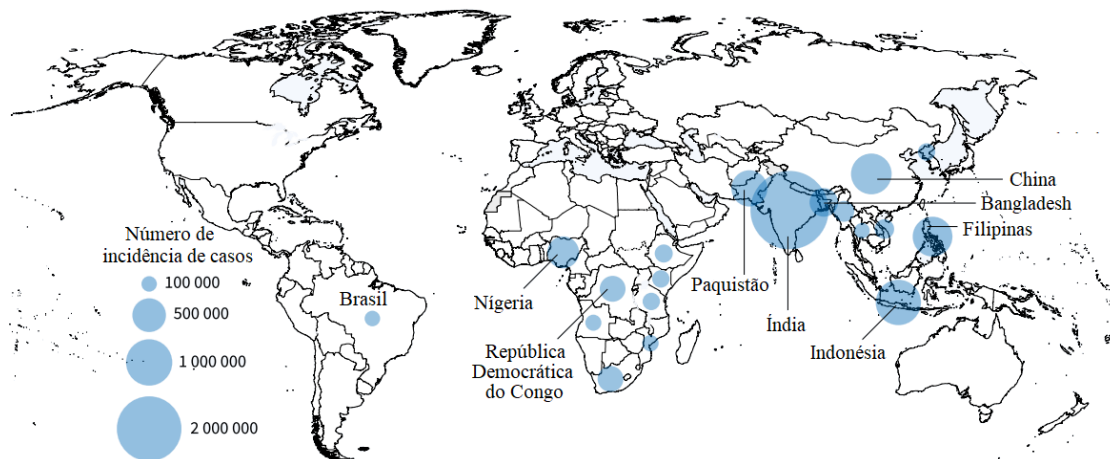


Figura 2.3: Mapa de incidência de TB traduzido de [315]. Em 2021, 68% dos casos de TB concentraram-se em 8 países, e 87% em 30 países com alta incidência.

de Casos (BPC) na Atenção Primária à Saúde (APS). O exame de cultura é considerado o padrão-ouro, mas pode levar até 42 dias [24], baciloscopia e testes moleculares são alternativas recomendadas, mas em função de custos, ainda distantes de comunidades economicamente desfavorecidas [323, 25]. Logo, o uso da RXT como alternativa de baixo custo e fácil acesso mostra-se uma abordagem eficaz para a detecção e controle da TB, mesmo em regiões mais vulneráveis.

Infiltrados nodulares ou em massa nos pulmões, opacidades cavitárias formadas nas lesões pulmonares e linfonodomegalias hilar ou mediastinais são alguns dos achados comuns na RXT, que fornecem importantes padrões radiômicos para o diagnóstico e identificação da TB.

Finalmente, na Tabela 2.1 trazemos um resumo com as características principais de cada uma das três DPI.

2.3 Sistema de Reconhecimento de Padrões (SRP)

Como em qualquer área do conhecimento, algumas definições são necessárias para compreender o todo. Logo, temos: *Padrão* – um agrupamento de dados com uma definição simples, que pode assumir um nome; *Classe* – conjunto de padrões que possuem características comuns entre si; *Característica* – dado significativo obtido mediante processamento. Geralmente compõe um vetor com vários outros dados, formando um objeto padronizável, também é nomeado como ‘atributo’ ou ‘recurso’; *Ruído* – imprecisão detectada na obtenção de dados de uma amostra, e *Classificação* – atribuição de classes para as amostras por meio de avaliação de suas características.

Um SRP é uma aplicação de IA que utiliza AAM para analisar e interpretar padrões ou características em um conjunto de dados [22]. Por exemplo, podemos usar

Tabela 2.1: Comparativos entre doenças Pulmonares Infecciosas

Item	Pneumonia	COVID-19	Tuberculose
Causa Infecção	Bactérias, vírus e fungos, além de substâncias químicas	Vírus SARS-CoV-2	Bactéria <i>Mycobacterium tuberculosis</i>
Sintomas	Tosse com ou sem catarro, dor no peito, falta de ar, febre, dor de cabeça e no corpo, mal-estar, falta de apetite	Tosse seca, febre alta, fadiga, diarreia, inflamação garganta, perda olfato e paladar, “dedos de covid”	Tosse persistente, febre, suor noturno, fadiga, fraqueza, falta de apetite, emagrecimento acentuado
Prevenção	Vacinação contra gripe e pneumococo em grupos de risco, higiene das mãos e distanciamento social	Vacinação, uso de máscara, distanciamento social, higiene das mãos	Vacinação (BCG em crianças), identificação, controle, tratamento e orientação dos infectados, melhorias nas condições de vida da população
Tratamento	Antibióticos, antivirais, antifúngicos, suporte respiratório	Repouso, medicamentos, suporte respiratório	Antibióticos
Diagnóstico	Exames de sangue, cultura de escarro e RXT	Testes de PCR, teste de antígeno, sorologia e RXT	Testes de tuberculina, culturas bacterianas, exames de escarro, exames de sangue e RXT
Fatores ambientais	Substâncias tóxicas, poluentes ambientais, fatores climáticos, resfriados malcuidados	Transmissão principalmente por gotículas respiratórias, favorecida por aglomerações e ambientes fechados	Condições de vida desfavoráveis, superlotação, desnutrição, acesso limitado à saúde
Transmissão	Principalmente pela inalação de gotículas respiratórias de uma pessoa infectada, bactérias presentes em outras partes do corpo ou inalação de esporos fúngicos	Principalmente pela inalação de gotículas respiratórias de uma pessoa infectada	Principalmente pela inalação de gotículas respiratórias de uma pessoa infectada
Padrões radiológicos	Opacidades focais ou multifocais nos pulmões, que podem ser consolidativas ou não, e derrame pleural	Opacidades em vidro fosco bilaterais e difusas, frequentemente envolvendo múltiplos lobos pulmonares, e opacidades consolidativas	Infiltrados nodulares ou em massa nos pulmões, opacidades cavitárias e linfonomegalias hilar ou mediastinais
RXT	Frequentemente usada para confirmar o diagnóstico, mostra opacidades e infiltrações nos pulmões	Pode ser usada para avaliar a gravidade da doença, identificando infiltrados e opacidades nos pulmões	Pode ser usada para diagnosticar a doença, revelando lesões e infiltrados nos pulmões
IA	Frequentemente usada para ajudar interpretar o RXT e detectar pneumonia com maior precisão	Utilizada em várias áreas, como análise de dados, triagem de sintomas e previsão de propagação da doença e auxílio a diagnóstico	Usada principalmente em sistemas de diagnóstico por imagem para ajudar a identificar sinais de tuberculose em RXT

Nota: Dados da tabela representam apenas informações mais comuns, não refletindo ou contemplando o todo de cada item.

uma rede neural convolucional para extrair características relevantes de imagens [RXT](#) e alimentá-las em um modelo, que poderá classificar as imagens como normais ou indicativas de uma determinada doença pulmonar. Esse modelo, associado a uma avaliação médica especializada, pode então garantir melhor diagnóstico e tratamento, auxiliando na identificação rápida de anomalias ou sinais de doenças, no diagnóstico precoce e na triagem eficiente de pacientes.

A Figura 2.4 traz uma representação gráfica das fases mais típicas de um [SRP](#). Começando pela aquisição de dados que envolve a coleta de dados brutos da fonte. Nessa

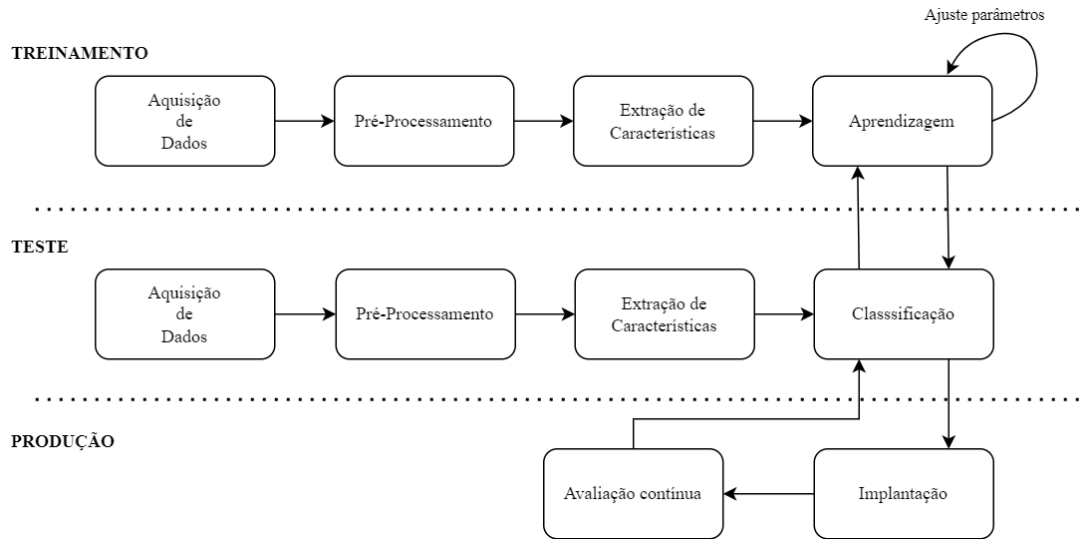


Figura 2.4: Uma representação gráfica das fases típicas de um SRP. A fase de aprendizagem inclui a seleção e o treinamento do modelo, enquanto a fase de classificação compreende aplicação do modelo em novos dados não vistos na fase de treinamento.

pesquisa, imagens **RXT** de hospitais e clínicas de radiologia, que por razões burocráticas e de tempo não foram possíveis de serem coletas. Logo, utilizamos imagens **RXT** obtidas de outros estudos da literatura e disponibilizadas em bases públicas.

A segunda fase é o pré-processamento, cujo objetivo é a preparação, organização e estruturação dos dados para deixá-los mais úteis para uso. Nessa fase, podemos usar técnicas como filtragem, remoção de ruído, segmentação, normalização, de-identificação, redimensionamento e registro, apenas para mencionar algumas. Neste estudo, dedicamos um capítulo ao pré-processamento de imagens **RXT**, que a depender do propósito também pode ser vistas como tarefas fins.

Seguindo, temos a fase de extração de características responsável por obter e identificar nos dados as características que melhor discriminem os objetos sob análise. Essas características são extraídas das imagens **RXT** e usadas como entrada em nossos modelos de **IA** que as classificaram entre casos normais ou indicativos de alguma doença pulmonar. Descritores, decomposição em valores singulares, análises estatísticas, análise de componentes principais, seleção de características, ou mesmo redes neurais profundas que abstraem a extração de características, são algumas das técnicas usadas nesse processo.

A próxima fase é a aprendizagem que envolve a escolha do modelo **AAM** para classificar ou descrever os dados de entrada, bem como o ajuste dos seus parâmetros. Entre as formas de aprendizagem principais temos a Supervisionada e a Não-Supervisionada. A primeira, caracterizada pelo uso de uma informação prévia já conhecida, rotulada, como entrada para treinar ou ‘supervisionar’ os algoritmos para classificar dados (classificação) ou prever resultados (regressão), a última, pelo uso de modelos de agrupamento de dados

(clusterização, associação, etc.), onde nenhuma informação prévia é dada como referência [22, 57]. O ajuste dos parâmetros ocorre no treinamento para minimizar o erro entre as saídas previstas e as saídas reais, no caso da aprendizagem não-supervisionada isso compreende a busca de um padrão de similaridade entre os dados de modo que estes possam ser agrupados. Em nossa pesquisa, essas duas formas de aprendizagem foram usadas e seguiram de abordagens estatísticas, conhecidas como ‘Teoria da Decisão’ até abordagem neuronal, do tipo ‘caixa preta’.

Realizada a aprendizagem, uma etapa de testes é executada com novos dados. Essa etapa irá avaliar o desempenho e capacidade de modelo em generalizar para dados não vistos durante o treinamento. Diversas medidas são usadas nessa avaliação, tanto para mensurar a real capacidade do modelo quanto para compará-lo a outros modelos.

Na etapa de produção, temos as últimas duas fases do SRP, implantação e avaliação contínua. Essas fases envolvem a implantação e acompanhamento do sistema no ambiente de produção, avaliando-o e atualizando-o continuamente para garantir que esteja funcionando de forma adequada e precisa. Coleta de novos dados e ajuste no modelo podem e devem ocorrer. Nosso projeto de pesquisa têm com foco hospitais e clínicas de radiologia, mas ainda estamos nos testes e essa etapa constitui-se com uma de nossas metas ainda não alcançadas.

Por fim, consideradas as fases, podemos compreender um SRP, em sua essência, como o processo de minerar dados para promover a descoberta de conhecimento. Conhecimento que seja fácil de verificar e validar e que auxilie a tomada de decisões. Logo, temos nesses sistemas o processamento de dados como tarefa essencialmente computacional e a significação das análises que requer habilidades humanas [69].

2.4 Materiais e Métodos

Nesta seção, são descritas informações sobre equipamento, programas e métricas utilizadas nesse projeto de pesquisa. Essas descrições fornecem uma visão geral sobre os requisitos que suportam nossas propostas, alguns estão presentes no corpo dessa tese outras apenas nos artigos publicados.

2.4.1 Equipamento

Todos os experimentos realizados nesse projeto de pesquisa foram conduzidos em um computador de mesa, Intel^(R) Core^(TM) i5-7500 CPU@ 3.4Ghz, 8GB de RAM, instalado com Windows 10 Pro 64 bits, sem placa de processamento gráfico acelerado por GPU e com acesso à internet.

2.4.2 Programas

Os seguintes principais programas foram usados para construção, testes e avaliações de nossas propostas.

- **StArt** - ferramenta para suporte ao gerenciamento e revisão da literatura [65].
- **MATLAB**® R2014a com os pacotes *Deep Learning Toolbox* e *Signal Processing Toolbox* - programa de alta performance voltado para análise e cálculo numérico, matrizes, processamento de sinais e construção de gráficos.
- **WEKA 3.0** - ferramenta de aprendizado de máquina de código aberto para mineração de dados [126].
- **Diagrams**⁷ - programa online gratuito para fazer fluxogramas, diagramas de processo, organogramas, UML, ER e diagramas de rede.
- **Overleaf**⁸ - editor LaTeX colaborativo baseado em nuvem usado para escrever, editar e publicar documentos científicos.

2.4.3 Bancos de Imagens RXT

Esta seção apresenta os bancos de imagens **RXT** que foram utilizados neste trabalho de pesquisa. Esses bancos foram selecionados devido à sua relevância e aderência aos objetivos e propostas do estudo.

- **Banco IPTSP/UFG** contém 500 imagens **RXT** **Pediátrica (PRXT)** convencionais com casos normais, pneumonia e diagnóstico indefinido. Esse banco de dados foi fornecido pelo Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública da Universidade Federal de Goiás (IPTSP/UFG), Brasil, e tornou-se publicamente disponível com o trabalho de [55]. As imagens têm a dimensão 768×1024 *pixels* sendo armazenadas no formato *JPEG*.
- **Banco Guangzhou**, formado por 5.856 imagens pediátricas **RXT** digitais com casos normais e de pneumonia diagnosticada sendo coletadas no Centro Médico Feminino e Infantil de Guangzhou na China. Essas imagens estão em várias dimensões diferentes, variando de 384×127 a 2916×2583 *pixels*, formato *JPEG* [147].
- **Banco JSRT**, composto de 247 imagens **RXT** digitais com e sem nódulos pulmonares. Foi disponibilizado pela Sociedade Japonesa de Tecnologia Radiológica (JSRT) em cooperação com a Sociedade Radiológica Japonesa (JRS), em 1998

⁷Disponível em <https://app.diagrams.net/>

⁸Disponível em <https://www.overleaf.com>

[267]. Suas imagens têm a dimensão de $2K \times 2K$ *pixels*, têm níveis de intensidade de 4.096 e estão no formato de imagem universal (sem cabeçalho, dados brutos *big-endian*).

- **Banco COVID-19 Chest X-ray**, um conjunto de *RXT* tomadas em projeção PA de casos positivo de COVID-19, juntamente com imagens de casos normais e de pneumonia viral [42]. Em sua versão 3 disponível em [230], seis diferentes sub-bancos de dados foram usados para criar esse banco, com 1.200 imagens *RXT* positivas para COVID-19 e outros 2.686 imagens, 1.341 com diagnóstico normal e 1.345 com diagnóstico para pneumonia viral. As imagens estão todas em formato *PNG* e com dimensões que variam de 256×256 a 1024×1024 *pixels*.
- **Banco COVIDGR 1.0**, criado e disponibilizado por [281] constitui um conjunto homogêneo e balanceado de imagens com casos confirmados de COVID-19. Todas as imagens deste conjunto de dados foram obtidas usando o mesmo equipamento e configurações de *RXT*. Ele contém 852 imagens de *RXT*, organizadas em duas classes: 426 casos positivos para COVID-19, confirmados pelo exame padrão ouro Reação em Cadeia da Polimerase – Transcriptase Reversa (RT-PCR+), e 426 casos negativos. As imagens foram tomadas em projeção posteroanterior (PA) e os casos positivos são divididos de acordo com a gravidade da infecção em 76 normais, 100 leves, 171 moderados e 79 graves, seguindo o escore *Avaliação Radiográfica de Edema Pulmonar (RALE)*. As imagens estão todas em formato *JPG* e com dimensões que variam de 492×518 a 3840×1804 *pixels*.
- **Banco Montgomery County (MC)**, coletado em colaboração com o Departamento de Saúde e Serviços Humanos, Condado de Montgomery, Maryland, EUA. O conjunto contém 138 *RXT* frontais do programa de triagem de *TB* do condado de Montgomery, das quais 80 são casos normais e 58 são casos com manifestações de *TB*. As *RXT* foram capturados com uma máquina estacionária de raios X (CR) Eureka em formato Portable Network Graphics (*PNG*) com nível de cinza em *12bits*, e imagens com dimensão de 4.020×4.892 ou 4.892×4.020 *pixels* [135]. Sexo e idade dos pacientes de cada *RXT* também são fornecidos.
- **Banco Shenzhen (SH)**, coletado em colaboração com o Shenzhen No.3 People's Hospital, Guangdong Medical College, Shenzhen, China. As *RXT* são de ambulatórios e foram capturadas como parte da rotina diária do hospital no período de 1 mês, principalmente em setembro de 2012, usando um sistema Philips DR Digital Diagnost. O conjunto contém 662 *RXT* frontais, das quais 326 são casos

normais e 336 são casos com manifestações de TB, incluindo PRXT em projeção Antero-Posterior (AP). As RXT são fornecidas no formato PNG. As dimensões das RXT variam, mas são de aproximadamente $3K \times 3K$ pixels [135]. Sexo e idade dos pacientes de cada RXT também são fornecidos.

- **Banco DA & DB**, dois conjuntos de RXT digitais, obtidas em projeção PA no Instituto Nacional de Tuberculose e Doenças Respiratórias, Nova Delhi. As RXT foram coletadas aleatoriamente durante um período de um ano com apresentações pulmonares variadas. O conjunto DA a partir de uma máquina de raios-X Diagnox-4050 fabricada pela Meditronics com RXT digitalizadas pela AGFA CR35-X. O conjunto DB foi obtido do PRORAD URS com detectores Canon CXDI. As imagens RXT de DA foram obtidas com 8 bits devido ao sistema de imagem usado pelos radiologistas e redimensionadas para 1024×1024 pixels. No conjunto DA há 78 casos TB e outros 78 de não-TB. No conjunto DB são 75 e 75 casos, respectivamente para TB e não-TB. Todos os casos foram confirmados numa avaliação de consenso de dois radiologistas independentes do Instituto Nacional de Tuberculose e Doenças Respiratórias, Nova Delhi, Índia e Indira Gandhi Medical College, Shimla, Índia [37].
- **Banco TBX11K**, estabelecido por [170] em cooperação com vários hospitais, consiste inicialmente em 11.200 RXTs únicos, com um tamanho de resolução de 512×512 pixels, distribuídos em 5.000 casos saudáveis (com um exame de RXT normal), 5.000 casos doentes sem TB e 1.200 casos com manifestações de TB compatíveis. Entre as 1.200 manifestações de TB, há casos descritos como infecções de TB ativa, TB latente e ambas (TB ativa e latente). Além disso, existem 10 casos com TB incerta cujos tipos de infecção por TB não podem ser reconhecidos nas condições médicas atuais. O TBX11K compreende imagens RXT dos conjuntos DA, DB, MC e SH.

2.4.4 Medidas de Avaliação

Esta seção apresenta as medidas utilizadas neste trabalho para avaliação das diferentes tarefas abordadas nesta pesquisa. Algumas medidas são usadas em uma única tarefa enquanto a grande parte é usada em várias.

- **Erro de Brilho Médio Absoluto (AMBE)**⁹, usado para calcular a diferença entre o brilho médio de duas imagens [285]. AMBE próximo a zero é desejável e indica

⁹do inglês *Absolute Mean Brightness Error*

preservação de brilho. A expressão matemática para calcular o AMBE é dada por:

$$AMBE = |\bar{I}_{in} - \bar{I}_{out}|, \quad (2-1)$$

sendo \bar{I}_{in} o brilho médio da imagem de entrada e \bar{I}_{out} da imagem processada.

- **Pico da Taxa de Sinal Ruído (PSNR)**¹⁰ está associado a degradação da informação e é comumente usado para representar a degradação ou perda de qualidade de uma imagem, entretanto é também amplamente usado para medir o realce do contraste, representando uma aproximação à percepção humana da qualidade de reconstrução de uma imagem. Um PSNR maior geralmente indica que a reconstrução é de maior qualidade [286]. Para calcular o PSNR entre duas imagens (cada imagem com L níveis de cinza), a expressão é:

$$PSNR = 10 \log_{10} \left(\frac{(L-1)^2}{MSE} \right), \quad (2-2)$$

$$MSE = \frac{1}{MN} \sum_{i=1}^M \sum_{j=1}^N (I_{in}(i,j) - I_{out}(i,j))^2, \quad (2-3)$$

onde MSE é o Erro Quadrático Médio, $I_{in}(i,j)$ e $I_{out}(i,j)$ as intensidades nas coordenadas (i,j) das imagens original e processada.

- **Entropia** (ou incerteza) é uma medida estatística da aleatoriedade, que pode caracterizar a textura de uma imagem, sendo um número quantificador de sua randomicidade, ou seja, quanto maior for este número, mais irregular, atípica será a imagem analisada [113], contudo altos valores de entropia também indicam detalhes e informações mais ricas [286]. A expressão da entropia é definida como:

$$Ent[P] = - \sum_{i=0}^{L-1} P(i) \log_2 P(i), \quad (2-4)$$

onde L é o número total níveis de cinza diferentes na imagem e $P(i)$ é a probabilidade do i-ésimo nível a ser utilizado [108].

- **Intervalo Interquartil (IQR)**¹¹ é uma medida de variabilidade, baseada na divisão de um conjunto de dados em quartis. Essa medida é muito usada para encontrar *outliers* (valores fora do padrão) de um conjunto de dados [311]. Aqui foi utilizada tomando como referência a distribuição de níveis de cinza, a fim de quantificar o

¹⁰do inglês *Peak Signal to Noise Ratio*

¹¹do inglês *Interquartile Range*

contraste global da radiografia [99].

- **Coefficiente de Similaridade DICE (DSC)**¹² desenvolvido pelo botânico Thorvald Julius Sørensen, que pode ser calculado fórmula Equação 2-5 e graficamente representado pela Figura 2.5.

$$DSC(A, B) = \frac{2|\cap(A, B)|}{|A| + |B|}, \quad (2-5)$$

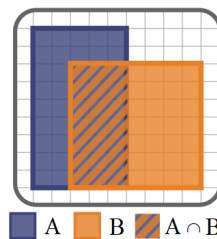


Figura 2.5: Representação gráfica DSC por [244].

- **Coefficiente de Similaridade (IoU)**¹³ Jaccard também desenvolvido por um botânico chamado Paul Jaccard, é representado pela Figura 2.6 e obtido pela seguinte equação:

$$IoU(A, B) = \frac{|\cap(A, B)|}{|\cup(A, B)|}, \quad (2-6)$$

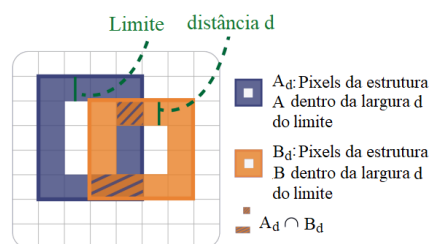


Figura 2.6: Representação gráfica IoU por [244].

- **Distância de Hausdorff (HD)** é a maior de todas as distâncias de um ponto em um limite ao ponto mais próximo no outro limite. O HD é representado graficamente na Figura 2.7 e obtido pela Equação 2-7.

¹²do inglês *Dice similarity coefficient*

¹³do inglês *Intersection over Union*

$$d(a, B) = \min_{b \in B} d(a, b)$$

$$HD(A, B) = \max \left\{ \max_{a \in A} d(a, B), \max_{b \in B} d(b, A) \right\} \quad (2-7)$$

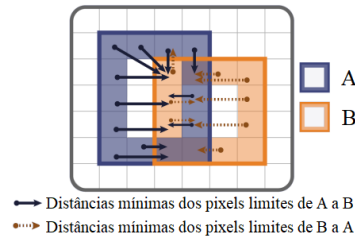


Figura 2.7: Representação gráfica HD por [244].

- **Matriz de Confusão (CM)**, também conhecida como matriz de erro [278], é um layout de tabela (Figura 2.8) que permite a visualização do desempenho de um algoritmo, geralmente de aprendizado supervisionado. Cada linha da matriz representa as instâncias em uma classe prevista, enquanto cada coluna representa as instâncias em uma classe real (ou vice-versa) [225].

Tomando condição positiva (P) o número de casos positivos reais nos dados, condição negativa (N) o número de casos negativos reais nos dados, **Verdadeiros Positivos (VP)** equivalente a acerto, **Verdadeiros Negativos (VN)** equivalente à rejeição correta, **Falsos Positivos (FP)** equivalente a um alarme falso, tipo de erro *I* ou subestimação e **Falsos Negativos (FN)** equivalente a falta, erro do tipo *II* ou superestimação.

		Classe Prevista	
Classe real		VP	FN
		FP	VN

Figura 2.8: Representação gráfica CM.

- **Acurácia (ACC)**, mais comumente, descreve erros sistemáticos, uma medida de viés estatístico; baixa acurácia causa uma diferença entre o resultado e valor “verdadeiro”. A ISO chama isso de veracidade. Em outras palavras, significa a porcentagem do total de itens classificados corretamente. A ACC é calculada por:

$$ACC = \frac{VP + VN}{P + N} = \frac{VP + VN}{VP + VN + FP + FN} \quad (2-8)$$

- **Taxa de Verdadeiros Positivos (TPR)**, também conhecido como *Sensibilidade*, *Revocação*, *Completude* ou *Taxa de acerto* é a fração de instâncias relevantes que foram recuperadas. A sensibilidade mede a proporção de positivos corretamente identificados (ou seja, a proporção daqueles que têm uma doença corretamente identificados como tendo esta condição).

$$\text{TPR} = \frac{\text{VP}}{\text{P}} = \frac{\text{VP}}{\text{VP} + \text{FN}} = 1 - \text{FNR}. \quad (2-9)$$

onde FNR é a taxa de falsos negativos.

- **Precisão (PPV)**, também chamada *Valor Preditivo Positivo* ou *Correção* é a fração de instâncias relevantes entre as instâncias recuperadas.

$$\text{PPV} = \frac{\text{VP}}{\text{VP} + \text{FP}} = 1 - \text{FDR}, \quad (2-10)$$

onde FDR é a taxa de falsas omissões ou simplesmente o complemento do valor preditivo negativo (NPV).

- **Taxa Verdadeiros Negativos (TNR)**, também conhecido como *Especificidade* ou *Seletividade* mede a proporção de negativos que são identificados corretamente (ou seja, a proporção daqueles que não uma doença que são corretamente identificados como não tendo esta condição).

$$\text{TNR} = \frac{\text{VN}}{\text{N}} = \frac{\text{VN}}{\text{VN} + \text{FP}} = 1 - \text{FPR}, \quad (2-11)$$

onde FPR é a taxa de falsos positivos.

- **Curva Característica de Operação do Receptor (curva ROC)** é um gráfico que ilustra a capacidade de diagnóstico de um classificador binário à medida que seu limiar discriminante muda. Ela é gerada plotando o TPR versus o FPR em várias configurações de limite, o que a torna também conhecida como curva de característica operacional relativa, pois compara duas características operacionais (TPR e FPR) à medida que o critério muda [280]. Assim, em resumo, a análise ROC fornece ferramentas para selecionar modelos potencialmente ótimos e descartar modelos sub-ótimos independentemente (e antes de especificar) da distribuição de classe ou contexto de custo. A análise ROC está direta e naturalmente relacionada à análise de custo/benefício para tomada de decisão diagnóstica.

- **Área sob a curva ROC (AUC)** é uma medida da qualidade geral do classificador. É usado na análise de classificação para determinar quais modelos preveem melhor as

classes. Ao usar unidades normalizadas, a AUC é igual à probabilidade de que um classificador classificará uma instância positiva escolhida aleatoriamente mais alta do que uma negativa escolhida aleatoriamente (assumindo classificações 'positivas' maiores que 'negativas') [68].

A AUC está intimamente relacionada com o Mann-Whitney U [116, 181], que testa se os positivos estão acima dos negativos. Também é equivalente ao teste de classificação de Wilcoxon [181]. Para um preditor f , um estimador imparcial de sua AUC pode ser expresso pela seguinte estatística Wilcoxon-Mann-Whitney [27]:

$$AUC(f) = \frac{\sum_{t_0 \in \mathcal{D}^0} \sum_{t_1 \in \mathcal{D}^1} \mathbf{1}[f(t_0) < f(t_1)]}{|\mathcal{D}^0| \cdot |\mathcal{D}^1|}, \quad (2-12)$$

onde $\mathbf{1}[f(t_0) < f(t_1)]$ denota uma função indicadora que retorna 1 *iff* $f(t_0) < f(t_1)$ caso contrário, retorne 0; \mathcal{D}^0 é o conjunto de exemplos negativos e \mathcal{D}^1 é o conjunto de exemplos positivos.

- **Estatística Kappa** é frequentemente usado para testar a confiabilidade entre avaliadores [183]. A importância da confiabilidade do avaliador reside no fato de que ela representa até que ponto os dados coletados no estudo são representações corretas das variáveis medidas. A fórmula para calcular o kappa de Cohen para dois avaliadores é:

$$k = \frac{P_o - P_e}{1 - P_e} = 1 - \frac{1 - P_o}{1 - P_e}, \quad (2-13)$$

onde $P_o = ACC$ = a concordância relativa observada entre avaliadores, e P_e = probabilidade hipotética de concordância casual dada como:

$$P_e = \frac{\frac{(VP+FP)*(FP+FN)}{P+N} + \frac{VP*(VN+FP)}{P+N}}{P+N}. \quad (2-14)$$

- **Medida F**, também conhecido como *pontuação F-1* é uma medida da precisão de um teste. É calculado a partir da precisão e revocação do teste.

$$F_1 = 2 \times \frac{PPV \times TPR}{PPV + TPR} = \frac{2VP}{2VP + FP + FN}. \quad (2-15)$$

- **Coefficiente de Correlação Matthews (MCC)** é uma medida alternativa não afetada pelo problema de conjuntos de dados desbalanceados, o MCC ou *coeficiente Phi* é um método de matriz de contingência para calcular o coeficiente de correlação momento-produto de Pearson [225] entre os valores reais e previstos.

$$MCC = \frac{TP \times TN - FP \times FN}{\sqrt{(TP + FP)(TP + FN)(TN + FP)(TN + FN)}}. \quad (2-16)$$

- **Taxa de Chances Diagnósticas (DOR)**¹⁴ mede a eficácia de um teste de diagnóstico. Comumente usado em exames médicos dicotômicos [105]. É definido como a razão entre a probabilidade de uma pessoa ter um teste positivo se tiver a doença e a probabilidade de ter um teste positivo se não tiver. Usamos o DOR porque, como o ACC, é um indicador de desempenho de teste único, mas, ao contrário do ACC, é independente da prevalência e é apresentado como uma razão de chances familiar aos médicos. DOR é definida matematicamente como:

$$\text{DOR} = \frac{\text{TP}/\text{FN}}{\text{FP}/\text{TN}} = \frac{\text{TP}/\text{FP}}{\text{FN}/\text{TN}} = \frac{\text{TP.TN}}{\text{FP.FN}}. \quad (2-17)$$

- **Diagrama Sankey** - é uma visualização usada para descrever fluxos de qualquer tipo de um conjunto de valores para outro, com a largura de cada fluxo representando sua quantidade [146]. Esses diagramas foram criados pelo capitão irlandês Matthew Henry Phineas Riall Sankey em 1989 [255], que os usou para mostrar a eficiência energética de uma máquina a vapor. Eles mapeiam de forma clara e intuitiva as conexões complexas e não complexas entre os conjuntos. Em problemas de classificação, eles representam uma visão descritiva para comunicar informações semelhantes a matrizes de confusão, enfatizando o mapeamento de valores de entrada da classe real para a classe prevista, bem como TPR e TNR.

2.5 Considerações Finais do Capítulo

Este capítulo forneceu uma fundamentação teórica sobre os principais assuntos tratados nesta tese, o que compreendeu explicações sucintas sobre SRP, RX e DPI. Informações sobre as três doenças que compõem o espoco da pesquisa, Pneumonia, Tuberculose e COVID-19, foram trazidas e comparadas, mostrando a importância e relevância de seus estudos.

O uso de RP em RXT para auxílio à identificação, controle e diagnóstico de DPI mostra-se viável no combate a essas doenças, com potencial de trazer benefícios consideráveis as pessoas e comunidades mais vulneráveis e urgentes de atenção a saúde. Além disso, a adoção dessas soluções de IA na medicina representam mais um meio para alcançar as metas estabelecidos pela OMS na Agenda 2030 [34], que propõem em seus Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS), a saúde e bem-estar (ODS 3), pelo combate a doenças transmissíveis, redução da mortalidade infantil e erradicação da TB, entre outros.

¹⁴do inglês *Diagnostic Odds Ratio*

Pré-processamento de Imagens RXT

Este capítulo explora uma das etapas do **SRP**, o pré-processamento, que como visto no **Capítulo 2** tanto pode ser uma tarefa meio como uma tarefa fim. O escopo está limitado à sua aplicação em imagens **RXT** e apresenta propostas com vistas a atender ao primeiro objetivo específico, levantado nesta pesquisa.

3.1 Contextualização

Em sistemas computacionais que têm nas imagens **RXT** sua principal fonte de dados, a realização de pré-processamento representa um passo crucial com impactos diretos no desempenho e precisão. Para profissionais médicos, pode trazer menos esforço, maior conforto e segurança na leitura, interpretação e julgamento.

A **RXT**, como exame de raio-X mais realizado no mundo, é frequentemente adquirida na rotina hospitalar para investigação, triagem, detecção de doenças, estudos epidemiológicos, orientação e monitoramento de progressos operatórios [77, 48, 21].

Contudo, ao contrário de técnicas mais modernas de imagiologia médicas, **MRI**, **CT**, **PET-CT** e **fMRI**, a **RXT** expressa complexas estruturas tridimensionais (3D) pela composição de sombras bidimensionais (2D) estando mais suscetível a variações e degradações de qualidade, tanto pelo equipamento com menores recursos quanto pelas variações de padrões no processo de tomada, aquisição, registro e armazenamento destas [229, 75, 91]. A **Figura 3.1** mostra diversas estruturas presentes em uma imagem **RXT**.

Degradações como baixo contraste, ruídos, artefatos e falta de padronização comprometem o uso das **RXT**, dificultam sua leitura e podem levar às interpretações equivocadas, com consequências perigosas e imprevisíveis. Em sistemas computadorizados isso pode representar vieses, perda de generalização, baixa eficiência e desempenho, para radiologista, cujo número não acompanha a crescente realização e demanda por **RXT**, torna a já tediosa tarefa de interpretação ainda mais desafiadora e suscetível a falhas, requerendo grau de especialização e competência cada vez maiores [118, 242, 157].

Logo, soluções computacionais que promovam a qualidade das imagens **RXT** ou reduzam o esforço gasto em sua leitura e interpretação são cruciais para apoiar a

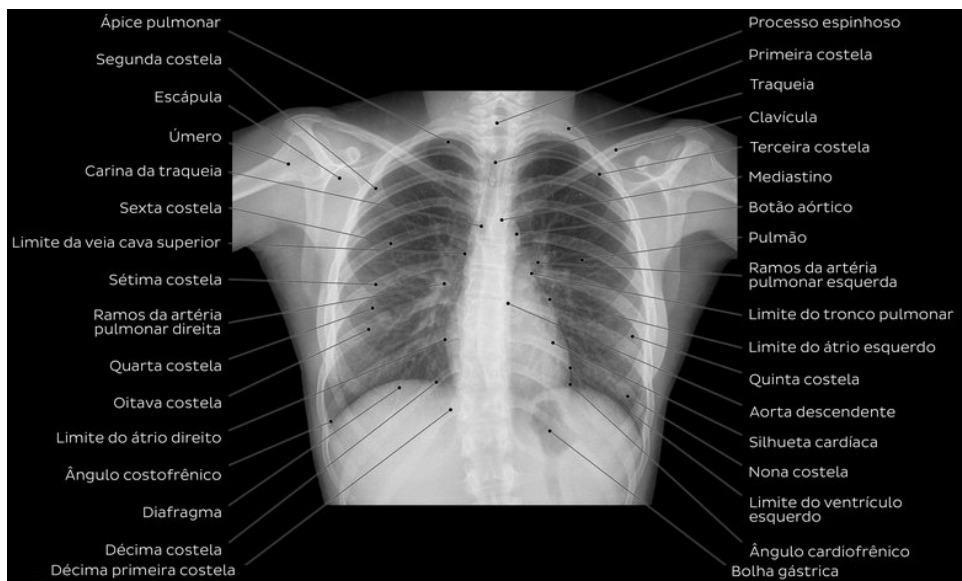


Figura 3.1: Esquema descritivo de uma RXT. Fonte: www.kenhub.com

rotina desses profissionais, garantir melhor padronização e a construção de sistemas informatizados mais eficientes e precisos.

Aperfeiçoamento, padronização, correção de orientação, remoção de ruídos, restauração e segmentação são alguns exemplos dos tipos de pré-processamento que se aplicam às imagens RXT e que comumente compõem os fluxos de trabalho dos profissionais e de sistemas computacionais, como os Recuperação de Imagens Baseada em Conteúdo (CBIR), Sistema de Comunicação e Arquivamento de Imagens (PACS), Sistemas de Detecção e Diagnóstico Assistidos por Computador (CADx) e os próprios SRP, para citar alguns [160, 318, 175, 46].

Nesse sentido, esse ponto da pesquisa dedica-se ao desenvolvimento de soluções de pré-processamento de imagens RXT que melhorem sua leitura, interpretação, manuseio e registro, tanto por profissionais médicos quanto por sistemas computacionais. As seções subsequentes apresentam propostas específicas que cobrem as seguintes tarefas:

- Aperfeiçoamento da RXT, para correção de brilho, contraste e remoção de ruídos;
- Segmentação da caixa torácica, região de interesse da RXT;
- Detecção e remoção de artefatos estranhos na RXT.
- Reconstrução de regiões degradadas na RXT;
- Identificação e correção automática de orientação da RXT;

3.2 Aperfeiçoamento

Aperfeiçoamento consiste em aprimorar a aparência visual de uma imagem ou deixá-la mais adequada para exibição e análise humana ou mecânica [213, 226, 233].

Realce ou aumento de detalhes e nitidez, ajuste de contraste ou intensidade e remoção de ruídos estão entre alguns dos objetivos do aperfeiçoamento de imagem [107].

Técnicas de aperfeiçoamento podem ser classificadas basicamente em: Métodos de domínio espacial, que operam diretamente os *pixels* da imagem e Métodos de domínio da frequência, baseados na manipulação da transformação ortogonal da imagem [144, 272, 107]. A Figura 3.2 traz alguns exemplos de técnicas de aperfeiçoamento.

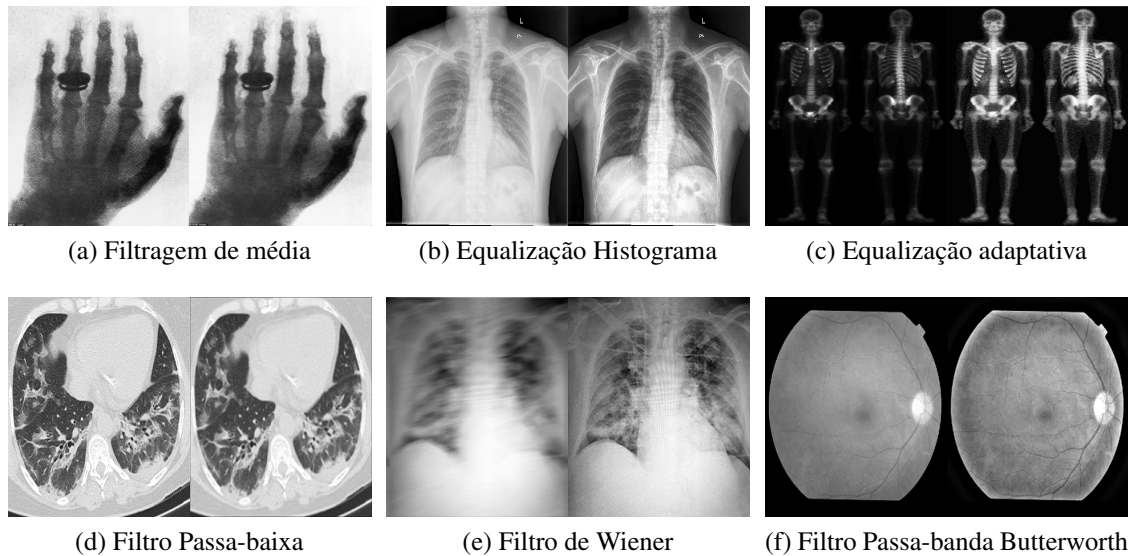


Figura 3.2: Exemplos de aperfeiçoamento no domínio espacial (a-c), e no domínio da frequência (d-f). Imagens geradas pelo autor.

Na imagiologia médica a qualidade da imagem é determinante para o sucesso de processos como detecção, classificação, diagnóstico e monitoramento de doenças [233, 329, 91].

Imagens radiográficas embora tenham grande faixa dinâmica de tons de cinza apresentam baixo contraste e sofrem com muitas interferências em seu processo de aquisição [287, 317] comprometendo sua qualidade que é essencial pra o sucesso de processos como detecção, classificação, diagnóstico e monitoramento de doenças [233, 329, 91]. Além disso, essas imagens são caracterizadas por grande volume de informação sensível. Assim, técnicas de aperfeiçoamento quando aplicadas devem garantir a manutenção dessas informações, sem perda ou inserções, o que poderia comprometer a análise e interpretação da imagem, e resultar em sérias consequências à vida do paciente [13, 188, 282].

Logo, nessas imagens o principal objetivo do aperfeiçoamento não é tornar-las visualmente bonitas, mas sim, melhor legíveis para interpretação e diagnóstico médico [91]. São as informações subjetivas que a imagem apresenta ao profissional e o como ela pode contribuir para a melhoria do seu trabalho o que importa, características objetivas (relacionadas à teoria da informação), portanto, estão em um nível de relevância secundário [202].

Assim, considerando esses fatores, observando a adoção crescente dos PACS e CADx, nos ambientes de saúde e a evolução da indústria de engenharia de saúde [101], diversos autores vem desenvolvendo técnicas no sentido de garantir imagens úteis e de qualidade a esses sistemas e aos profissionais que as utilizarão.

Em imagens RXT, Rahman *et al.* [233] avaliaram os efeitos de técnicas de aperfeiçoamento para detecção de COVID-19, e reportaram Correção Gama como a de melhor desempenho, com ganhos de cerca de 2% sobre outras técnicas. Afshar *et al.* [2] e Oh *et al.* [203] melhoram suas redes de detecção de COVID-19 utilizando técnicas semelhantes de aperfeiçoamento. Gozes e Geeenspan [111] treinaram uma rede neural totalmente conectada com imagens RXT sintéticas para extrair estruturas ósseas de imagens RXT reais, usando-as na sequência para promover o aperfeiçoamento das estruturas ósseas.

Filtragem homomórfica foi usada em [253] e [285], no primeiro para aperfeiçoamento de brilho e detalhes, no último combinando com correção gama e distribuição ponderada da probabilidade de luminância de *pixel* para aumento de contraste e nitidez com preservação de brilho. Outros autores usaram técnicas de decomposição e multi-escala para normalização de RXT [218, 277, 6].

Em imagens mamográficas, Vieira [307] avaliou funções de transferência óptica e espectros de *Wiener* do ruído, aplicando filtros digitais específicos. Filtragem adaptativa e transformadas de estabilização da variância do ruído foram usadas para remoção de ruídos quânticos e redução de radiação [306].

Zhu e Huang [330] apresentaram um algoritmo adaptativo baseado no histograma para preservação de entropia, que segundo os autores retém detalhes da imagem, evitando superexposição de áreas locais e contornos falsos, e promovendo aperfeiçoamento de imagens CT.

Como observado, as técnicas apresentadas por esses autores têm objetivos distintos, que vão da melhoria do diagnóstico, normalização à redução de radiação. Nesse trabalho, nossa proposta de aperfeiçoamento também tem um objetivo, auxiliar tarefas de segmentação.

3.2.1 Método Proposto

Combinamos técnicas de dois domínios, espacial e da frequência, para ao final promover uma segmentação mais precisa, de regiões de interesse em imagens RXT. Nossa hipótese é que essa proposta de aperfeiçoamento promova o agrupamento de regiões com padrões semelhantes, por meio da normalização, ajuste de iluminação e brilho, correção da superexposição, subexposição e remoção de ruídos. A Figura 3.3 mostra o fluxograma com as etapas que compõem essa proposta.

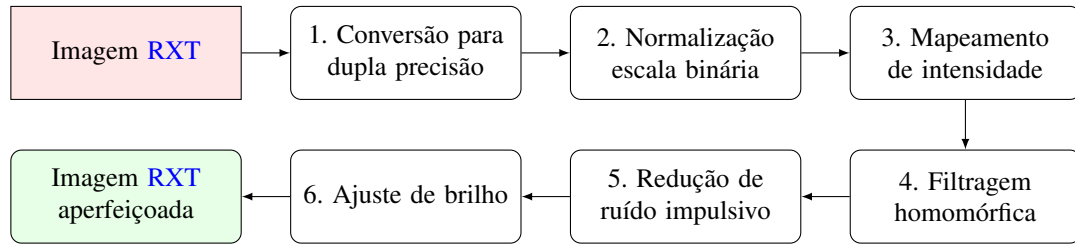


Figura 3.3: O fluxograma do método de aperfeiçoamento proposto.

Seja a imagem **RXT** representada em um espaço bidimensional com faixa dinâmica de tons de cinza. Nela cada *pixel* é representado com um valor que corresponde a quantidade de radiação que passa pelo sensor. Dependendo da configuração e resolução do equipamento esses valores de intensidade podem variar em escala.

Primeiro passo, conversão da imagem para precisão dupla (*Double*), fazendo que todos os valores dos *pixels* sejam representados com 64 *bits*.

Segundo passo, normalização em Escala Binária, inspirada na Escala Decimal [106], para garantir que todas as imagens **RXT** tenham a intensidade de seus x_i *pixels* na mesma faixa de valores [0 - 1]. A normalização é obtida pela aplicação da equação 3-1.

$$f(x_i) = \frac{x_i - \min(x)}{\max(x) - \min(x)} \quad (3-1)$$

A normalização garante fidelidade da imagem, sem perdas ou distorções, enquanto a precisão dupla permite cálculos mais precisos e sem perdas em arredondamentos ou risco de explosões numéricas, características desejáveis em algoritmos de processamento de imagem [154].

No passo 3, mapeamento de intensidades com limite de contraste é executado em todos os x_i *pixels* da imagem, conforme equação 3-2.

$$f(x_i) = \begin{cases} 0 & \text{if } x_i < 0.03, \\ 1 & \text{if } x_i > 0.97, \\ x_i & \text{caso contrário} \end{cases} \quad (3-2)$$

Este mapeamento garante ajuste de contraste com preservação do brilho, e melhora dos detalhes da imagem resultando em ganhos nas tarefas de processamento digital de imagens, como segmentação [108].

Passo 4, a filtragem homomórfica é executada para melhorar ou restaurar imagens degradadas com ruídos multiplicativos e uniformidade de iluminação [285]. Nela a imagem é caracterizada por duas componentes: Iluminância $L(x,y)$ – quantidade de iluminação incidente sobre o *pixel*, e apresenta variações lentas (baixa frequência); e Refletância $R(x,y)$ – razão entre o fluxo de radiação incidente e refletida pela superfície,

apresentando variações mais rápidas (alta frequência). Assim, uma imagem $f(x,y)$ pode ser definida como $I_{in} = f(x,y) = L(x,y) \cdot R(x,y)$. O método então consiste em atuar separadamente nessas componentes e assim atenuar a iluminância. A Figura 3.4 mostra os passos básicos da filtragem.

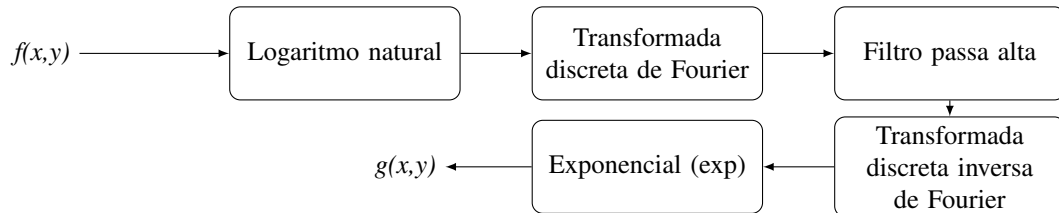


Figura 3.4: Fluxo da filtragem homomórfica.

Passo 5, remoção de ruídos impulsivos é alcançado por meio do filtro desenvolvido em [100], usando um esquema de comutação onde todos os pulsos são primeiro detectados e então corrigidos através de um filtro de média.

Finalmente, no passo 6 é aplicado um ajuste de brilho para e corrigir possíveis perdas e erros de brilho causados no passo 5. O ajuste é obtido pela Equação 3-3.

$$I_{out} = (\bar{I}_{in} - \bar{I}_{fb}) + I_{fb} \quad (3-3)$$

onde I_{fb} , \bar{I}_{in} , \bar{I}_{fb} são, respectivamente, a imagem resultante do passo 5, o brilho médio da imagem RXT de entrada e o brilho médio de I_{fb} . Assim, temos I_{out} como a imagem final resultante do método proposto.

3.2.2 Dinâmica de Testes

Para avaliar nossa proposta utilizamos 1.409 imagens RXT de três bases públicas, a base JSRT [267] composta por 247 imagens com nódulos pulmonares, a base Shenzhen (SH) [135] com 662 imagens entre normais e com manifestações de tuberculose e uma outra base privada de nossa instituição (IPTSP/UFG) [86]. A base IPTSP/UFG é composta por centenas de imagens PRXT com suspeita de pneumonia, dessas usamos 500 que estão distribuídas em três classes, quais sejam ‘Bacteriana’, ‘Indeterminada’ e ‘Normal’. Dois aspectos foram considerados, um relacionado a indicadores de qualidade de imagem, outro mais relacionado ao reconhecimento de padrões para segmentar a região dos pulmões na RXT.

Avaliação por Indicadores de Qualidade

Calculamos os indicadores Relação Sinal-Ruído de Pico (PSNR), Erro de Brilho Médio Absoluto (AMBE), Entropia e Intervalo Interquartílico (IQR), tomando sempre

a **Imagem Original Sem Melhoramento (SM)** como referência e então comparamos os resultado do nosso **Método Proposto (MP)** com aqueles obtidos pelos seguintes métodos da literatura – **Equalização do Histograma (HE)**, **Equalização de Histograma Adaptável Limitada por Contraste (CLAHE)**, **Máscara de Nitidez (US)** e **AGC_FIL** [285].

Para o **PSNR**, primeiro realizamos testes de *Lilliefors* e *Cochran* para checar normalidade e homogeneidade das variâncias das imagens, e estimar a **Análise de Variância (ANOVA)** que resultou na rejeição da hipótese nula com nível de significância de 5% para quaisquer diferenças entre as imagens selecionadas para cada uma das bases ou classes rotuladas.

Na Tabela 3.1, trazemos um resumo dos valores **ANOVA** encontrados para o indicador **PSNR** em 500 imagens de nossa base de dados (IPTSP). Sua leitura, indica a rejeição da hipótese nula para um nível de significância de 5%, dado os valores de F_{teste} e $F_{critico}$ e o valor de *valor-P*, bem inferior a 0,05. Adicionalmente, também realizamos o teste de Tukey-Kramer [311] que comprovou a diferença significativa das médias entre as bases e suas classes.

Tabela 3.1: Cálculo da ANOVA para o indicador PSNR.

Fonte da variação	SQ	gl	MQ	F_{teste}	valor-P	$F_{critico}$
Entre classes	684,55	2	342,27	315,20	6E-115	3,00
Dentro das classes	1625,57	1497	1,09			
Total	2310,12	1499				

SQ: soma dos quadrados, **gl:** graus de liberdade, **MQ:** erro quadrático médio, F_{teste} : razão entre os MQ, **valor-P:** probabilidade do teste estatístico ter um valor maior que o teste estatístico calculado, $\text{Prob}(F_{critico} > F_{teste})$.

Assim, rejeitada a **Hipótese Nula (H_0)**, selecionamos de cada base uma imagem de referência. Para seleção dessa imagem, foi tomada aquela imagem de cada base cujo produto dos indicadores de Entropia e **IQR** apresentou o maior valor. Este critério foi usado para garantir a escolha de uma imagem com bom contraste global e maior nível de detalhes de informação, características consideradas desejáveis em uma imagem **RXT** de qualidade [99, 286]. Realizada a seleção calculamos o indicador **PSNR** a partir dessa imagem para cada um dos métodos avaliados, e na sequência os demais indicadores.

As Tabela 3.2a, Tabela 3.2b e Tabela 3.2c apresentam os valores encontrados para cada um dos indicadores, por base e método avaliado, enquanto a Figura 3.5 apresenta uma comparação desses indicadores.

Avaliação por Segmentação Baseada em Limiarização de Otsu

Limiarização é o método mais simples de segmentação de imagens, ele é geralmente usado no processo de binarização [264].

Tabela 3.2: Média e desvio padrão de PSNR, Entropia, AMBE e IQR,

(a) Base IPTSP/UFG

Método	Indicador de Qualidade			
	PSNR \uparrow	Entropia \uparrow	AMBE \downarrow	IQR \Rightarrow
SM	12,41 \pm 1,47	7,48 \pm 0,22	N/A	205,20 \pm 50,68
HE	12,32 \pm 1,72	5,96 \pm 0,04	15,09 \pm 11,43	272,87 \pm 44,82
CLAHE	11,06 \pm 1,02	7,74 \pm 0,13	12,41 \pm 05,99	248,76 \pm 38,80
AGC_FIL	7,32 \pm 0,62	5,68 \pm 0,26	81,54 \pm 08,22	59,14 \pm 15,45
US	12,36 \pm 1,46	7,50 \pm 0,21	0,00	205,91 \pm 50,61
MP	11,78 \pm 0,79	6,52 \pm 0,23	0,00	108,09 \pm 23,54

(b) Base JSRT

Método	Indicador de Qualidade			
	PSNR \uparrow	Entropia \uparrow	AMBE \downarrow	IQR \Rightarrow
SM	12,47 \pm 1,38	6,93 \pm 0,25	N/A	219,16 \pm 34,30
HE	12,85 \pm 1,05	5,87 \pm 0,10	63,89 \pm 13,02	413,74 \pm 48,78
CLAHE	13,54 \pm 1,12	7,54 \pm 0,16	23,81 \pm 04,50	318,01 \pm 29,23
AGC_FIL	8,93 \pm 0,62	5,48 \pm 0,20	122,90 \pm 5,86	78,03 \pm 11,40
US	12,46 \pm 1,38	6,93 \pm 0,25	0,00	219,26 \pm 34,31
MP	11,79 \pm 1,34	6,88 \pm 0,14	0,00	164,91 \pm 18,43

(c) Base Shenzhen (SH)

Método	Indicador de Qualidade			
	PSNR \uparrow	Entropia \uparrow	AMBE \downarrow	IQR \Rightarrow
SM	7,22 \pm 2,31	7,44 \pm 0,14	N/A	310,70 \pm 49,73
HE	6,99 \pm 0,88	5,96 \pm 0,03	29,14 \pm 13,71	403,43 \pm 40,00
CLAHE	7,31 \pm 1,26	7,83 \pm 0,07	18,70 \pm 07,29	335,45 \pm 23,90
AGC_FIL	3,49 \pm 0,67	5,73 \pm 0,25	80,96 \pm 18,37	95,24 \pm 20,32
US	7,20 \pm 2,31	7,46 \pm 0,15	0,00	311,26 \pm 49,64
MP	8,34 \pm 2,46	6,65 \pm 0,42	0,00	162,97 \pm 46,39

*MP = Método Proposto, N/A - Não aplicável, \uparrow maior é melhor, \downarrow menor é melhor, \Rightarrow equilíbrio é melhor.

Nesta avaliação, verificamos o impacto do método em processos, segmentação e geração do perfil do histograma. Na segmentação, usando o algoritmo de limiarização por Otsu [208]. O objetivo desta avaliação é medir se nosso método promove melhora nesses processos.

A Figura 3.6 mostra uma comparação dos histogramas e segmentações resultantes dos métodos. Na Figura 3.7 temos o impacto da aplicação do MP no processo de segmentação, em outras seis imagens da nossa base IPTSP/UFG, comparado com os resultados sem a aplicação do método.

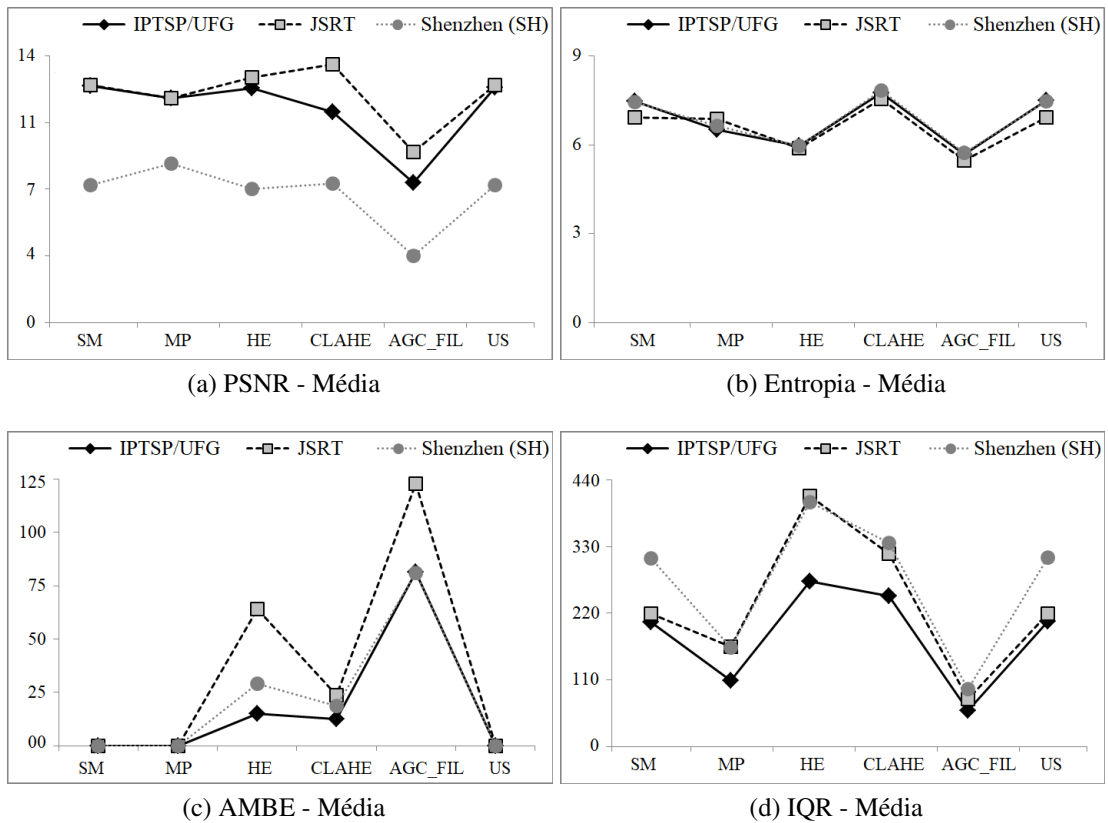


Figura 3.5: Comparativo dos valores de PSNR, Entropia, AMBE e IQR.

3.2.3 Análise dos Resultados

Iniciando pela análise da Tabela 3.2 e Figura 3.5 podemos notar que o MP figura entre o top 3 dos indicadores de qualidade. Por exemplo, para o PSNR, cujos valores mais altos são associados a imagens com melhor realce de contraste e qualidade de reconstrução, apresenta a primeira posição para base SH e a terceira para as bases IPTSP/UFG e JSRT, sem diferença importante para os primeiros, considerado o desvio padrão. Para Entropia, também mostra-se bem posicionado, o que garante manutenção de informações e riqueza de detalhes na imagem.

Sobre o indicador AMBE (não aplicável a imagem original, pois não há outra imagem de comparação para realizar o cálculo) o resultado mostra que o MP é capaz de eliminar degradações invariantes, padronizar a iluminação, remover ruídos impulsivos e ainda manter valor inexpressivo, comparável ao US.

Sobre IQR, temos valores que indicam expressiva diminuição do contraste global da imagem pelo MP, inferior apenas ao de AGC_FIL, mas ao contrário desse, compensa sua perda com um maior valor de Entropia. Note que, embora baixo IQR represente perda de contraste, por outro, indica melhor normalização, confiabilidade e consistência de valores dos *pixels* (menor variabilidade dos valores centrais), por conseguinte, menor

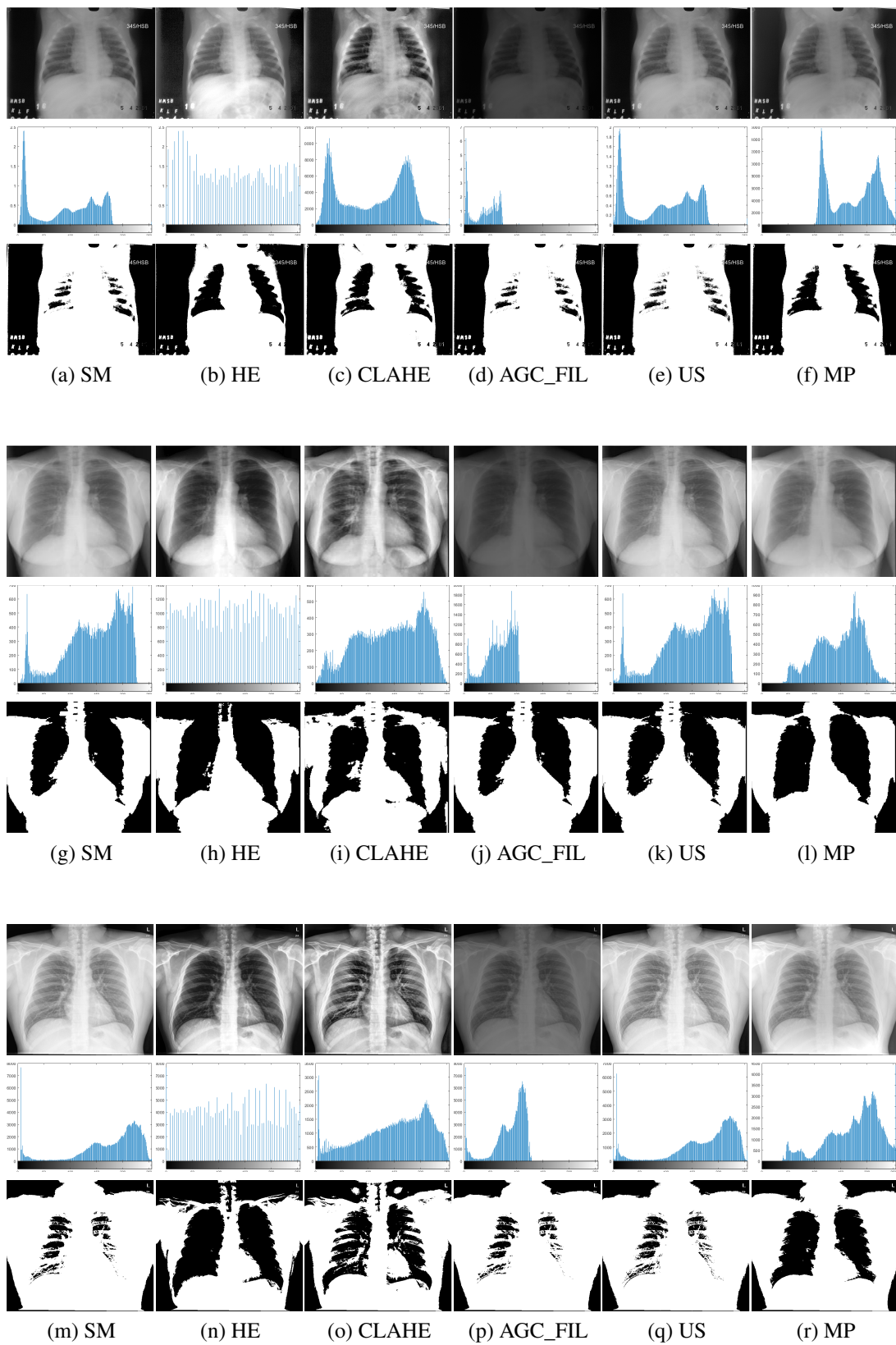


Figura 3.6: Comparação dos histogramas e das segmentações por limiarização de Otsu. Imagens a-f) base IPTSP/UFG, g-f) base JSRT e m-r) base Shenzhen (SH).

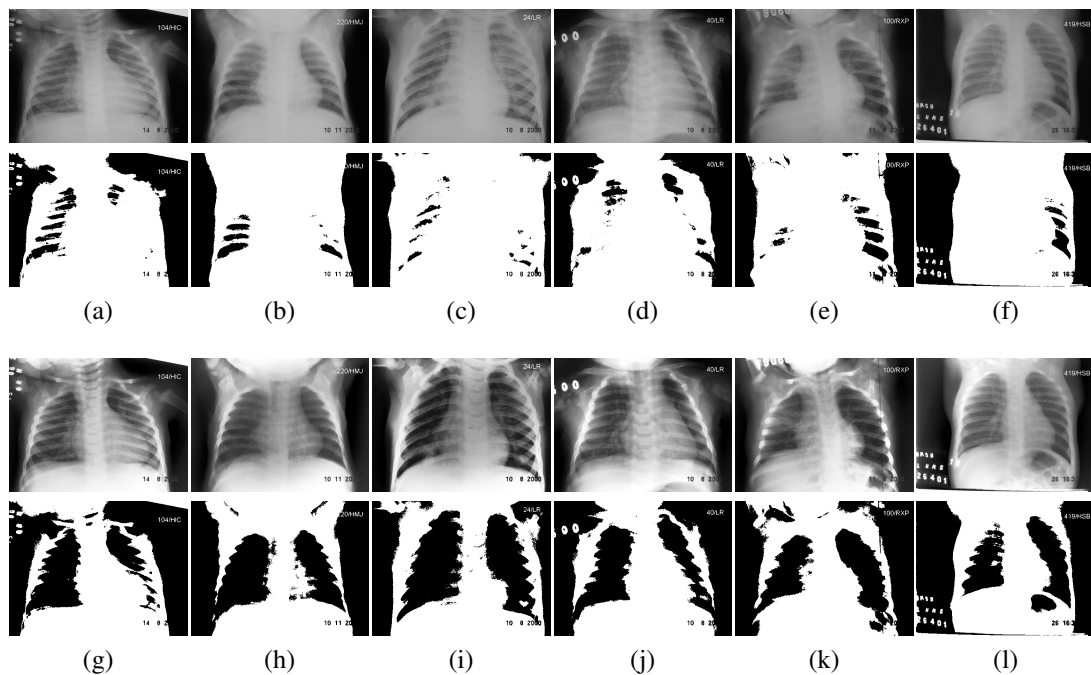


Figura 3.7: Análise do impacto da limiarização em imagens da base IPTSP/UFG. Em linha imagem e resultante da limiarização, (a-f) imagens originais sem melhoramento e (g-l) imagens aperfeiçoadas pelo método proposto.

número de *outliers*. Assim, é recomendado analisar **IQR** em conjunto com os outros indicadores. Por exemplo, o método **HE** apresenta grande aumento de contraste (maior **IQR**), porém ao custo de uma grande perda de informação (menor Entropia) [99].

Os indicadores de qualidade são uma importante medida do desempenho do aperfeiçoamento, mas sozinhos são insuficientes para indicar ganhos na leitura e interpretação das imagens por humanos ou por sistemas de **CADx**. Assim, é necessário que o método de aperfeiçoamento traga benefícios ao fluxo de trabalho dos profissionais e dos sistemas que manipularam a imagem, tanto pela percepção da qualidade visual quanto do ganho em tarefas subsequentes desses fluxos.

Assim, para medir o real impacto e ganho comparamos nosso **MP** com os outros métodos da literatura, avaliando a geração do perfil do histograma e o resultado da segmentação por limiarização de Otsu, tarefas comuns em sistemas computacionais, como **CADx** e **SRP**, presentes no escopo dessa pesquisa.

A observação do histograma é uma importante etapa para o reconhecimento de padrões, dele podemos extrair características como variância (contraste), *skewness* (assimetria em relação ao centro) e *kurtosis* (concentração em torno da média) e compreender como a distribuição das intensidades impactam a qualidade da imagem e promover, a partir daí, melhoramentos e normalizações.

Os histogramas na **Figura 3.6** mostram como cada método de aperfeiçoamento

trabalha. Enquanto **HE** procura distribuir uniformemente as intensidades entre os níveis, **AGC_FIL** concentra essas nos níveis mais baixos e **US** procurar manter a distribuição como na **SM**.

Nosso **MP**, por outro lado, busca um deslocamento controlado para os níveis mais altos, aumentando o contraste de regiões opacas (mediastino, retrocardíaco, diafragmas) sem comprometer detalhes dos pulmões. Esse processamento traz imagens com diferentes níveis de intensidade para um mesmo padrão, ajudando em tarefas como as de registro, extração de características e segmentação, comuns em **CADx**, **CBIR**, **PACS** e **SRP**.

Sobre a segmentação, as imagens da **Figura 3.6** e **Figura 3.7** mostram como o **MP** melhora a segmentação dos pulmões. Nas primeiras, vemos que o resultado do **MP** se assemelha ao de **HE**, mas com a vantagem de reduzir falsos positivos, como observado na comparação da imagem **3.6(h)** de **HE**, com ápices pulmonares se misturando com o fundo, e imagem **3.6(l)** do **MP**, melhor delimitando os ápices pulmonares. Das últimas, o quanto o aperfeiçoamento traz ganhos à segmentação em sua totalidade.

3.3 Segmentação da Caixa Torácica

Segmentação está entre as primeiras etapas dos sistemas **CADx** e **SRP**, e como vimos na proposta anterior exerce papel fundamental no desenvolvimento e aprimoramento desses sistemas. Segmentar é o processo de dividir em partes, regiões, estruturas ou objetos que constituem a imagem, sendo sempre guiado pelo problema a ser resolvido [107].

Em imagens radiográficas, a segmentação representa uma importante e desafiadora tarefa, dadas as características dessas imagens, como sobreposição de estruturas, baixo contraste entre as regiões de interesse e outras texturas, variações de iluminação e condições de aquisição, apenas para citar algumas [283]. É comum em imagens **RXT** querer segmentar a caixa torácica, pulmões, coração, clavículas, costelas, lesões e outras estruturas para auxiliar na análise, detecção e diagnóstico de doenças ou para aumentar a eficiência e precisão dos sistemas automatizados. Por exemplo, podemos segmentar caixa torácica e pulmões para diagnosticar derrame pleural, coração para diagnosticar cardiomegalia ou clavículas para identificar padrões de rotação da **RXT**.

As técnicas de segmentação disponíveis, entretanto, são específicas por aplicação, e os requisitos da segmentação do cérebro, por exemplo, diferem daqueles para segmentação do tórax [265], enquanto o processo manual é tedioso e custoso requerendo muito tempo e alto grau de experiência. A **Figura 3.8** mostra alguns exemplos de segmentação em imagens médicas.

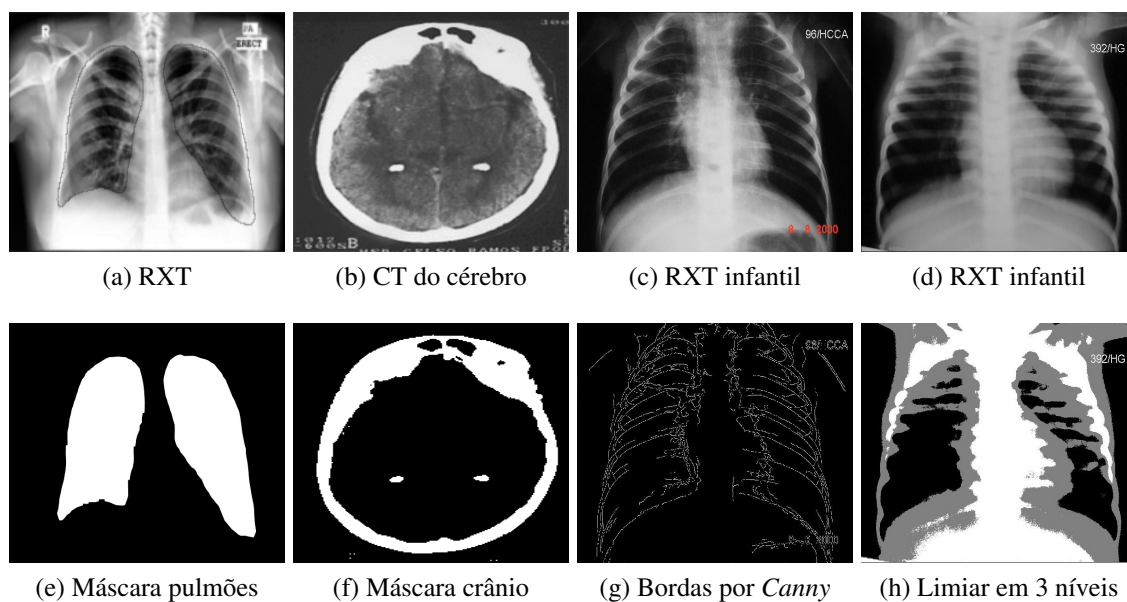


Figura 3.8: Imagens médicas radiográficas e resultados de processos de segmentação.

Nesse sentido, métodos automatizados são um meio de superar essas questões, além de prometerem reprodutibilidade, difícil com resultados definidos manualmente [43]. Entretanto, para atingir precisão por meios automáticos, vários problemas devem ser superados e essa área de pesquisa permanece ativa [41, 119, 328, 217].

Recentemente, vários estudos sobre segmentação de imagens médicas baseados em IA e DL tem sido publicados, estabelecendo alternativas robustas e levando essa tarefa a outro patamar [283, 176, 112, 312].

Shi *et al.* [266] e Fan *et al.* [66] abordaram a segmentação no contexto da COVID-19 em imagens RXT, os primeiros revisando técnicas e apontando sua aplicação na quantificação de lesões, os últimos identificando regiões afetadas pelo vírus.

Teixeira *et al.* [284] por sua vez, avaliou o impacto da **Segmentação de Pulmões (SP)** no diagnóstico e explicação da COVID-19 em RXT. Os autores apontaram redução de vieses, maior explicabilidade, interpretação e generalização dos modelos, destacando que a segmentação força os modelos a olharem para **Região de Interesse (ROI)**, aquela que realmente importa para o diagnóstico.

A SP em RXT também foi usada na detecção de COVID [203] e na análise de lesões e nódulos com suspeita de câncer [109]. Nessa última, combinando e comparando a segmentação na supressão de clavículas e sombra de costelas, concluindo que tais técnicas reduzem sobre-ajustes (*overfitting*) causados por regiões adjacentes aos pulmões.

Embora os modelos DL retratem o estado da arte desta tarefa, outras alternativas não devem ser desconsideradas. Técnicas tradicionais como classificação, corte gráfico e **Modelo de Forma Ativa (ASM)** entre outras, são ainda importantes e viáveis, constituindo alternativas úteis e eficientes para muitos cenários.

Nesse sentido, a literatura sobre segmentação em imagens radiográficas apresenta vários estudos com técnicas tradicionais que apresentam expressivos resultados.

Li *et al.* [165] usaram modelos de forma e estatísticas de aparência para **SP**. Hogeweg *et al.* [121] utilizaram classificação de *pixel* e **ASM** para segmentação de clavículas. Schalekamp *et al.* [262] avaliou o efeito da supressão de ossos em imagens **RXT** no diagnóstico de anormalidades pulmonares comuns. Os autores criaram o modelo a partir de perfis amostrados perpendicularmente à estrutura.

Em [132] um modelo baseado em **ASM** foi proposto para detecção dos campos pulmonares em imagens **RXT** portáteis com presença de infecções. O mesmo modelo foi usado posteriormente para criar um **SRP** e medir a extensão das infiltrações pulmonares [292].

Patil e Udipi [216] descreveram um algoritmo bastante simples para pré-processamento de imagens **CT** composto de 2 fases: filtragem de média e operações morfológicas, que utilizaram para aumentar o desempenho da segmentação de tumores.

Nossa proposta, é também baseada em técnicas tradicionais, com reconhecimento de padrões e operações de processamento digital de imagens. Nosso objetivo, entretanto, difere dos trabalhos citados, pois se concentra na definição/segmentação de uma maior **ROI**, que compreende toda a região da caixa torácica na imagem **RXT**.

A **Segmentação de Toda Caixa Torácica (SCXT)** é importante e justifica-se, embora possa parecer incomum principalmente comparada à **SP** mais comumente realizada e cujo desempenho relatado já se equivale à de interobservadores [11, 29], primeiro porque pode ser usada como etapa de pré-processamento em sistemas **CADx**, **PACS**, **SRP** e **CBIR**, segundo porque em fluxos mais complexos de segmentação de imagens **RXT** tem potencial de reduzir custo computacional (tempo e processamento). Essas características podem auxiliar na construção de modelos mais generalistas e precisos, reduzindo vieses e efeitos de *outliers*.

Ainda, uma vez que os exames de **RXT** são recomendados para avaliação de várias estruturas (pulmões, grade costal, mediastino, coração, etc.), realizar apenas **SP** embora importante, deixa de fora regiões necessárias para a análise de muitas anormalidades presentes nas imagens **RXT**. Assim, mesmo em estudos que realiza a **SP** é comum encontrar etapas adicionadas para recuperar e usar toda a região da caixa torácica.

Portanto, a proposta de **SCXT** é importante, pois recupera diversas estruturas, enquanto elimina as desnecessárias como braços, pescoço, cabeça, rótulos, etiquetas e/ou marcações que podem enviesar a construção dos modelos e sistemas, comprometendo a eficiência da análise automatizada dos exames [16, 3, 281, 172, 258]. A Figura 3.9 mostra exemplos de regiões desnecessárias, adjacentes à região torácica.



Figura 3.9: PRXT de bases públicas com estruturas estranhas à região torácica.

3.3.1 Método Proposto

Nossa proposta é baseada na construção de um método para definição de quatro pontos de fronteira da caixa torácica, definição alcançada pela busca de padrões na *RXT* que permitam prever os limites horizontais (esquerdo e direito) e verticais (superior e inferior) da caixa torácica. A [Figura 3.10](#) mostra os passos principais do método proposto.

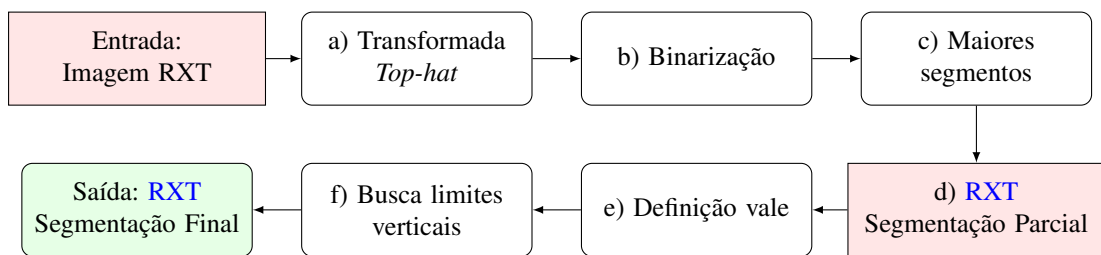


Figura 3.10: O fluxograma do método proposto para SCXT.

Na [Figura 3.11](#), um exemplo dos pontos definidos em uma imagem *PRXT*. Conforme se observa na imagem, os pontos horizontais correspondem exatamente aos limites mais extremos das costelas direitas (esquerdo) e esquerdas (direito), enquanto os pontos verticais são aqueles localizados no ápice pulmonar mais elevado (superior) e no seio costofrênico de maior extensão (inferior). Assim, nossa proposta pode ser dividida em duas etapas maiores, uma compreendendo a definição dos pontos esquerdo e direito, e outra a definição dos pontos superior e inferior. Na sequência, a descrição de cada passo dessas etapas maiores é dada em detalhes.

Definição dos pontos esquerdo e direito

A primeira etapa da proposta, marcação dos pontos esquerdo e direito na *RXT*, é alcançada pela execução sequencial dos passos a-d do fluxograma da [Figura 3.10](#).

a) Transformada *top-hat*: é a combinação de uma operação morfológica de abertura com uma de subtração, definida como: $T_{hat}(f) = f - (f \circ b)$, onde f é uma

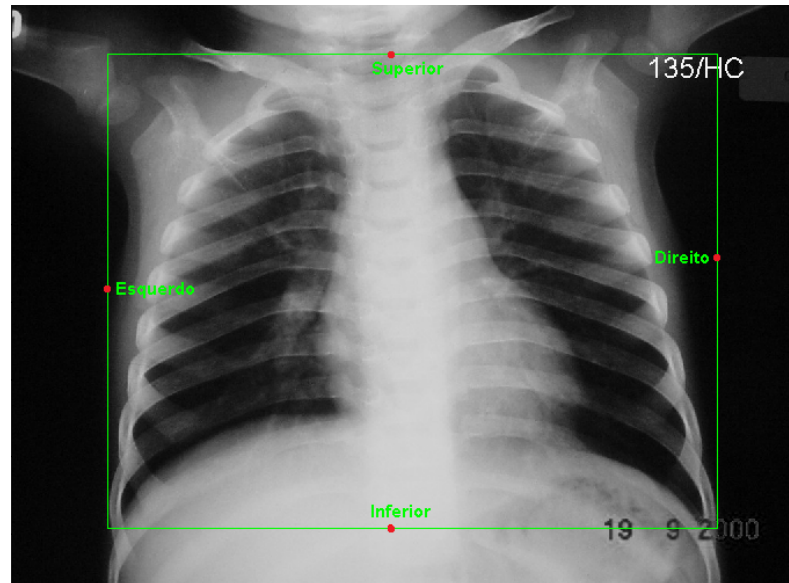


Figura 3.11: Pontos de referência marcados. Imagem base IPTSP/UFG.

imagem em níveis de cinza e $(f \circ b)$ sua abertura. Essa transformada é usada para remoção de objetos, usando um elemento estruturante na operação de abertura, e para correção de efeitos de iluminação desuniforme. Aqui, usamos um elemento na forma de disco com 32 de raio, definido empiricamente.

b) Binarização : sobre a imagem resultante da transformada *top-hat* (T_{hat}) uma operação de binarização é realizada seguindo a seguinte regra:

$$I_{bin}(x,y) = \begin{cases} 0 & \text{se } T_{hat}(x,y) < \mu(T_{hat}) * 1,25 \\ 1 & \text{se } T_{hat}(x,y) \geq \mu(T_{hat}) * 1,25 \end{cases} \quad (3-4)$$

onde $\mu(T_{hat})$ é a intensidade média da imagem T_{hat} , x e y coordenadas na imagem. Como resultado temos as estruturas mais densas destacadas em branco e o resto em preto.

c) Seleção dos dois maiores segmentos: para eliminar pequenos segmentos, como aqueles decorrentes de artefatos, é selecionada na imagem binária I_{bin} os dois maiores segmentos, isso equivale manter o conjunto de costelas esquerdas e direitas. Para a execução desse passo utilizamos a função *bwareafilt* do software do *Matlab*.

d) Segmentação parcial: os pontos esquerdo e direito são definidos pela localização do primeiro *pixel* mais à esquerda e do último *pixel* mais à direita da imagem obtida no passo c). Definido esses pontos, a imagem é então recortada/segmentada, removendo as regiões externas aos limites destes pontos.

A Figura 3.12 mostra as imagens resultantes, após cada passo dessa primeira etapa do método, na imagem RXT da Figura 3.11, aqui tomada como entrada.

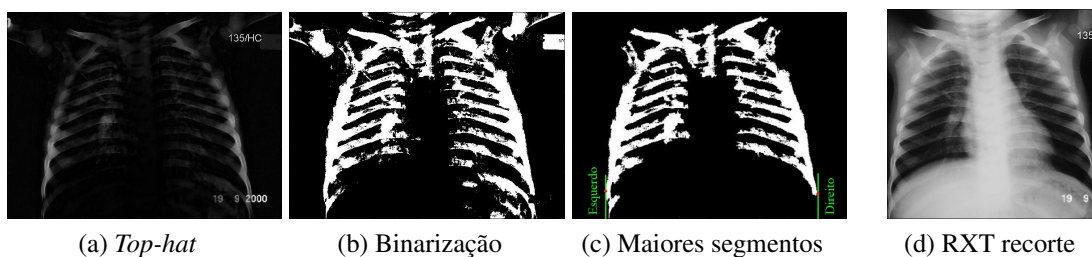


Figura 3.12: Resultados dos passos na definição dos pontos esquerdo e direito.

Definição dos pontos superior e inferior

Tomando como entrada a imagem resultante da primeira etapa, a definição dos pontos superior e inferior, que compreende a segunda e última etapa do método, é alcançada pela execução dos passos e) e f) do nosso fluxograma, visto na [Figura 3.10](#).

e) Definição do vale: em nosso método nomeamos como vale a região central que vai do topo à base da [RXT](#), passando entre os pulmões. Para alcançar a definição automática dessa região, excetuamos os seguintes passos: i) Limiarização por Otsu invertida – para criar uma imagem binária onde as regiões mais claras da [RXT](#) (frente) assumem valor 0 e regiões mais escuras (fundo) assumem valor 1; ii) Inundação do vale – esse processo demarca o vale, num movimento de inundação que vai da primeira a última linha da imagem binária. Em cada linha, partindo do ponto central e se expandindo à esquerda e à direita até encontrar um *pixel* com valor 1.

f) Busca limites verticais: corresponde a definição dos pontos superior e inferior da imagem alcançada seguindo as seguintes regras: i) Calcule o perfil da imagem binária obtida no passo e) – somando os *pixels* com valor 1 em cada linha da imagem. Isso permite recuperar informação de regiões descontínuas de fundo, diferente da informação do vale; ii) Divida verticalmente a imagem em três faixas de mesmo tamanho – faixa topo, meio e base; iii) Defina margem de segurança – acrescente uma margem externa aos limites de até 64 *pixels*; iv) Assegure razão entre altura e largura – deve ser inferior a 0,85. Segundo Candemir *et al.* [30], o contorno cardíaco na [PRXT](#) é maior, até 60% do diâmetro torácico horizontal, o que resulta numa [ROI](#) ligeiramente retangular. Em nossas marcações manuais em imagens [PRXT](#) da base IPTSP/UFG a altura variou entre 0,412 a 0,848 da largura; v) Defina ponto inferior – deve ser localizado na faixa base da imagem, procurando na região do vale a linha com comprimento máximo; vi) Defina ponto superior – deve ser localizado na faixa topo da imagem, procurando a primeira linha do vale com comprimento $\geq 90\%$ ao maior comprimento, não existindo, ou se a linha estiver num ponto $> 20\%$ da altura da imagem, procurar no perfil calculado a primeira ocorrência cujo valor seja $\geq 80\%$ da largura da imagem. Se ainda assim não encontrar nenhuma ocorrência, então o ponto superior considerado será a primeira da linha do vale com o

comprimento mínimo.

Segmentação final

Definidos os pontos superior e inferior, todas as linhas acima do primeiro e abaixo do último ponto são removidas da imagem, e caso alguma regra não tenha sido atendida, novas buscas são realizadas até que todas as regras sejam atendidas.

A [Figura 3.13](#) mostra as imagens resultantes, após cada passo dessa etapa, e por consequente do método.

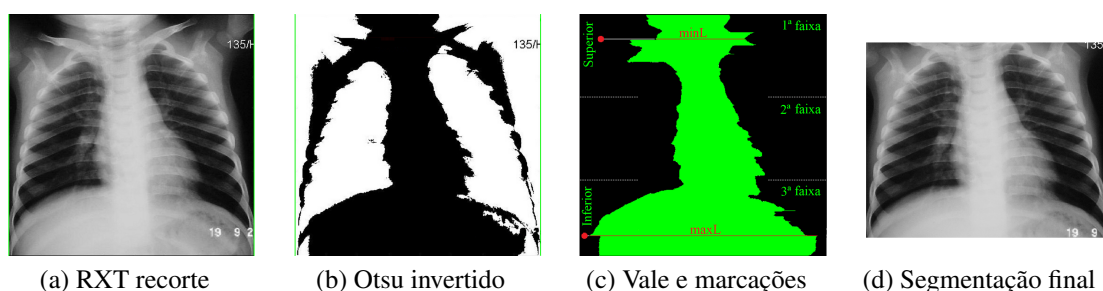


Figura 3.13: Definição dos limites superior e inferior.

3.3.2 Dinâmica dos Testes

Para os testes, 150 [RXT](#) da base IPTSP/UFG foram selecionadas, 50 imagens em cada uma das classes (Bacteriana, Indeterminada e Normal). Para cada imagem, os quatro pontos da [ROI](#) foram definidos por um radiologista experiente, e então tomados como referência. Em seguida, comparando esses pontos de referência com os obtidos pelo método, calculamos as medidas: [Coeficiente de similaridade DICE \(DSC\)](#), [Distância de Hausdorff \(HD\)](#), [Índice Jaccard \(IoU\)](#) e adicionalmente propomos uma [Distância por Escala de Precisão \(ASD\)](#). Para definição da ASD_i , tomamos a altura média das costelas como fator de escala, chegando a um valor de 32 *pixels*. Este valor foi usado porque é uma tolerância aceitável na definição do [ROI](#), uma vez que os ápices pulmonares estão acima da primeira costela. A precisão é então tabulada nos seguintes níveis. Nível zero quando uma distância menor que 32 *pixels* do ponto de referência é detectada. Níveis positivos da escala (+1, +2 ou +3) representam o número de pontos detectados além dos limites de referência ou, de forma equivalente, os falsos positivos. Por fim, os níveis negativos da escala (-1, -2 ou -3) representam os pontos detectados abaixo dos limites de referência, correspondendo a falsos negativos. A [Figura 3.14](#) traz uma representação gráfica da medida e suas escalas.

A [Tabela 3.3](#) apresenta os valores obtidos pelo método. Os resultados correspondem a análise da [SCXT](#) para cada uma das três classes de imagens [RXT](#) analisadas.

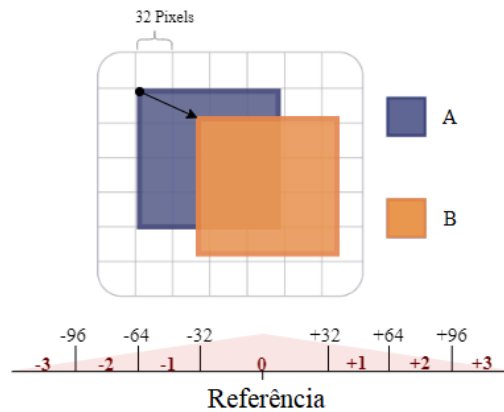


Figura 3.14: Medida ASD_i , representação gráfica.

Tabela 3.3: Resultados das medidas de avaliação no Método de SCXT proposto, em cada uma das classes de imagens analisadas.

Medida	Classe da Imagem RXT			MÉDIA
	Normal	Bacteriana	Indeterminada	
ASD_0	$0,79 \pm 0,04$	$0,82 \pm 0,04$	$0,84 \pm 0,04$	$0,82 \pm 0,04$
ASD_1	$0,97 \pm 0,09$	$0,94 \pm 0,09$	$0,98 \pm 0,10$	$0,96 \pm 0,09$
DSC	$0,96 \pm 0,03$	$0,96 \pm 0,03$	$0,96 \pm 0,02$	$0,96 \pm 0,03$
IoU	$0,92 \pm 0,05$	$0,92 \pm 0,05$	$0,93 \pm 0,04$	$0,92 \pm 0,05$
HD	6.42 ± 7.54	6.64 ± 7.24	5.31 ± 6.74	6.12 ± 7.17

Nas Figuras 3.15, 3.16 e 3.17 os gráficos em números absolutos dos 4 pontos detectados, respectivamente nas imagens das classes Normal, Bacteriana e Indeterminada.

Na Figura 3.18 uma comparação da ROI referência (linhas verdes) e a ROI detectada pelo método (linhas vermelhas) em imagens de cada classe, e nos piores casos.

A Tabela 3.4 traz uma comparação com outros estudos de segmentação de radiografia de tórax. Embora esses estudos realizem a segmentação dos pulmões, diferentemente da nossa proposta, que segmenta toda a caixa torácica, uma comparação ainda é pertinente em posicionar qualitativamente nossos resultados em relação a estudos anteriores. Os estudos variam bastante no modelo e conjunto de dados utilizados, bem como em termos de resolução de imagem, tempo de inferência, modo de treinamento (supervisionado ou semi-supervisionado) e uso de Unidade Gráfica de Processamento (GPU). Alguns prós e contras de cada trabalho anterior também são indicados.

3.3.3 Análise dos Resultados

Observando os valores das medidas na Tabela 3.3 podemos deduzir não haver grande diferença entre classes, embora para métrica ASD_1 a classe Bacteriana apresente valor fora do padrão. Os valores mais baixos de ASD_0 são explicados por corresponderem

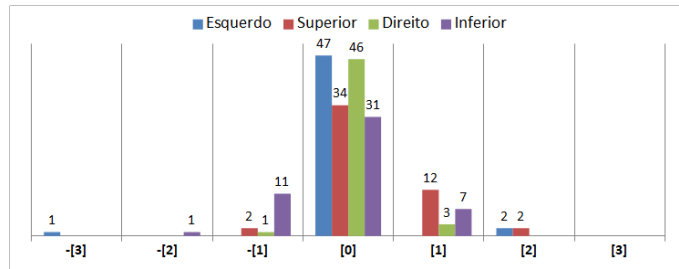


Figura 3.15: Pontos detectados nas 50 imagens RXT da classe Normal.

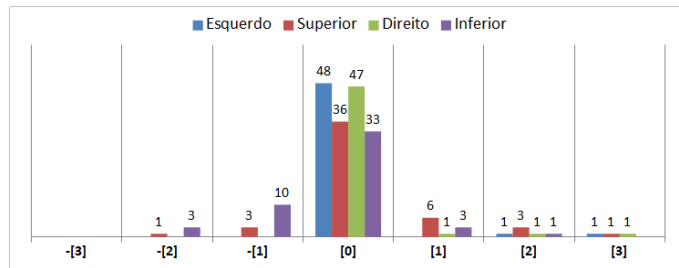


Figura 3.16: Pontos detectados nas 50 imagens RXT da classe Bacteriana.

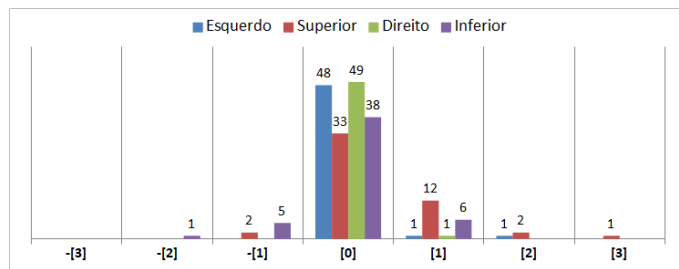


Figura 3.17: Pontos detectados nas 50 imagens RXT da classe Indeterminada.

a sobreposição ‘mais perfeita’ entre a referência e a predição. Os valores de DSC e ASD_1 são mais relevantes visto que tendem a medir algo mais próximo do desempenho médio, enquanto IoU penaliza em maior grau os erros.

Dos gráficos das Figuras 3.15, 3.16 e 3.17 fica claro que a definição dos limites esquerdo e direito são melhor resolvidos (precisão média de 95% para o nível 0) do que os pontos superior e inferior (precisão média de 68,3% para o nível 0) apontando a dificuldade do método em identificar esses pontos. Essa dificuldade pode encontrar explicação na baixa qualidade das imagens (baixa resolução e contraste) que impossibilita por vezes a identificação dos ápices pulmonares (que define o ponto superior) e dos seios costofrênicos (que define o ponto inferior).

Em relação à Tabela 3.4, temos que entre os estudos listados, Li *et al.* [165] alcançaram alta precisão no processo de segmentação usando Modelo Estatístico de Forma (SSM) e ASM no conjunto de dados JSRT. No entanto, o desempenho dos modelos está condicionado a um maior tempo de treinamento e amostras. Vidal *et al.* [300] alcançaram um desempenho robusto usando um modelo UNET com aprendizado de transferência no

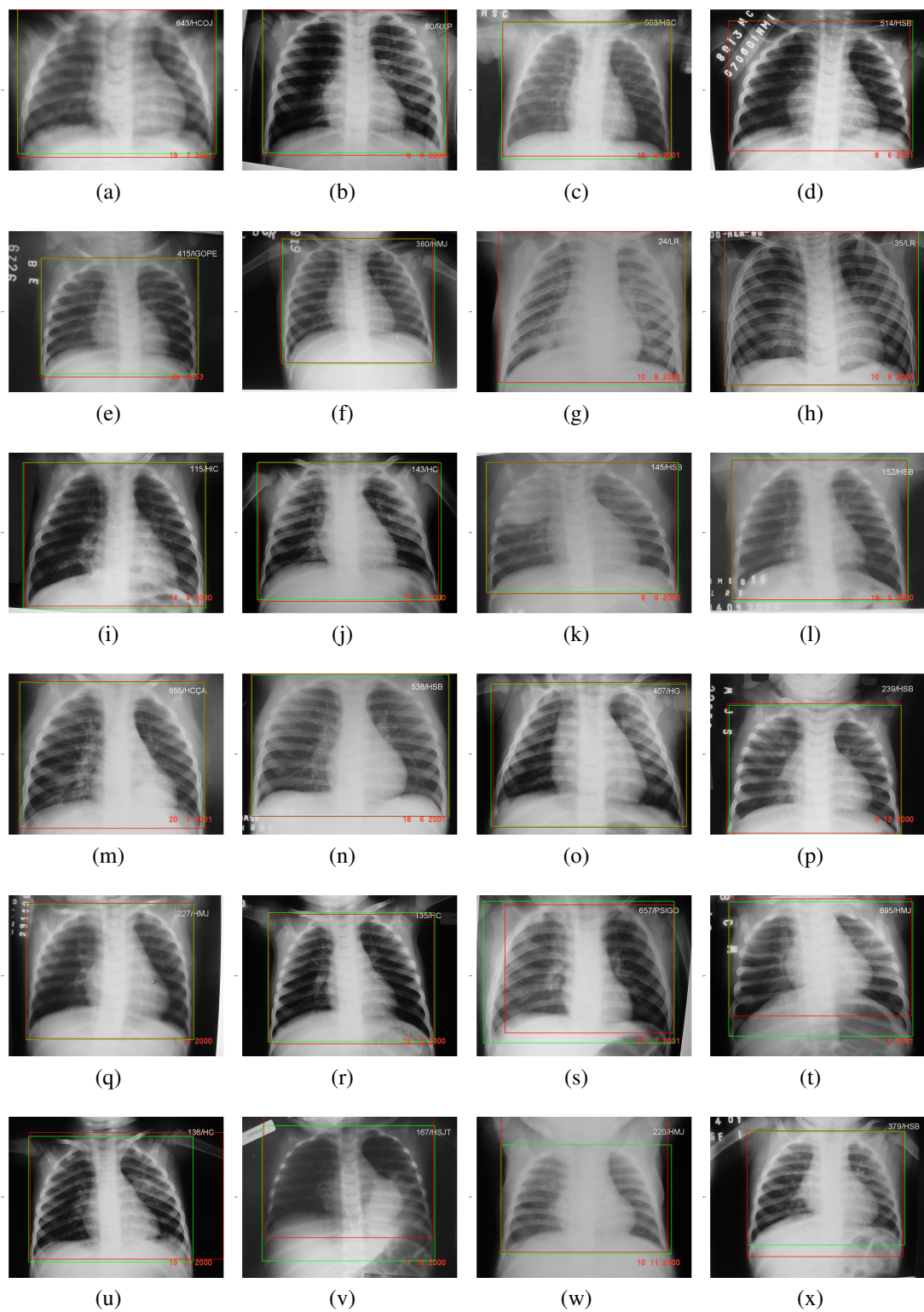


Figura 3.18: Resultado da definição da ROI para o método de SCXT proposto. Classe das imagens (a-f) Normal, (g-l) Bacteriana, (m-r) Indeterminada e (s-x) os piores casos.

Tabela 3.4: Comparação qualitativa com literatura de segmentação de RXT.

Estudo	Modelo	Base	Imagem	Tempo	Modo	GPU	DSC	IoU	Prós	Contras
Vidal <i>et al.</i> [300]	UNET	COVID	256×256	-	S	Sim	0,944 ±0,02	0,894 ±0,04	RXT portáteis, performance robusta	Menor IoU, requer treino
Li <i>et al.</i> [165]	SSM, SAM	JSRT	1024×1024	40s	S	Não	0,964 ±0,01	0,931 ±0,02	Alta precisão	Muito tempo para treino e número de amostras
Huynh <i>et al.</i> [291]	FCNN	Privado	512×512	-	S	-	0,870 ±0,04	-	Personalizado, baixa complexidade relativa	Menor DSC
Al-Eiadeh [5]	DeepLabv3 e ResNet-18	MC	256×256	-	S	Sim	0,969	0,941	Alta precisão	Alta complexidade computacio- nal, risco de overfitting
Cao e Zao [33]	UNET	JSRT	512×512	0,45s	S	Sim	-	0,9201	Baixo tempo de inferência	Treino pode requerer muitos dados, menor IoU
Chavan <i>et al.</i> [39]	ResU- NET++	MC	256×256	-	S	Sim	0,959	0,937	Performance robusta	Imagens de baixa resolução
Nossa SCXT	Regras e PDI	Privado	768×1024	0,81s	SS	Não	0,960 ±0,03	0,920 ±0,05	Rapidez e precisão, não requer treino	Menor IoU

Nota: O modo de treinamento refere-se a S: Supervisionado - usando dados anotados ou SS: Semi-Supervisionado - uma combinação de dados anotados e não anotados. **Tempo:** aqui representa o tempo de inferência, depois do modelo já treinado. **PDI:** Processamento Digital de Imagens. **GPU:** Unidade gráfica de processamento.

conjunto de dados COVID-19, que tinha a vantagem de imagens portáteis. No entanto, essa abordagem tinha um IoU menor e exigia aprendizado prévio. Al-Eiadeh [5] usou os modelos DeepLabv3 e ResNet-18 no conjunto de dados de Montgomery County (MC), que obtiveram alta precisão, mas alta complexidade computacional e maior risco de *overfitting*. Chavan *et al.* [39] usaram um modelo ResUNET++ no conjunto de dados de MC, que também teve um desempenho robusto, mas com RXT de menor resolução.

Enquanto isso, nossa proposta usa Regras e Processamento Digital de Imagem (PDI) em uma base PRXT da nossa instituição. Como resultado, uma segmentação rápida, precisa e de alta sensibilidade é alcançada, sem etapa de treinamento e com IoU e DSC consideráveis em comparação aos outros estudos. Cada estudo tem pontos fortes e limitações, dependendo da base e dos requisitos do estudo. Portanto, é essencial considerar cuidadosamente as compensações entre precisão, velocidade e complexidade ao escolher um modelo de segmentação apropriado para uma aplicação específica.

Por fim, destacamos a importância da SCXT para auxiliar na segmentação pulmonar, conforme relatado em [234, 276, 237]. Assim, nossa proposta pode servir como instrumento essencial para segmentar outras regiões de interesse dentro da região torácica, como pulmões, coração e clavícula, reduzindo o tamanho original das imagens (aproximadamente 26,75%) a serem analisadas. Além disso, sem grandes impactos de

desempenho (gasta menos de 1s), pode ajudar a aumentar a acurácia de outros métodos de classificação, como os voltados para o diagnóstico de doenças pulmonares em sistemas CADx ou fluxos de PACS, CBIR e SRP.

3.4 Detecção de Artefatos Estranhos

Em radiografias, artefato representa uma área com densidade óptica diferente da esperada, que não foi causada pela interação do feixe de raios-x com a estrutura examinada, mas por algum problema durante a aquisição, processamento, manuseio ou armazenamento da imagem. As causas podem estar relacionadas ao paciente, ao profissional de saúde ou aos materiais e equipamentos utilizados [123, 124, 195, 260, 321]. Artefatos afetam a qualidade e as características dos exames, prejudicando sua análise e interpretação, por humanos ou computadores.

Em imagens PRXT, a presença de artefatos é muito comum, uma vez que essas imagens apresentam grande heterogeneidade e são expostas a mais questões técnicas relacionadas ao profissional e pacientes, como o posicionamento e manuseio dos pacientes nesse grupo etário. Além disso, nesses pacientes a presença de artefatos pode representar um grave problema, por exemplo, a inspiração de objetos estranhos é uma importante causa de morbidade e mortalidade em pacientes pediátricos, ocorrendo principalmente em crianças menores de 3 anos [173]. A Figura 3.19 mostra exemplos de PRXT com presença de artefatos estranhos.

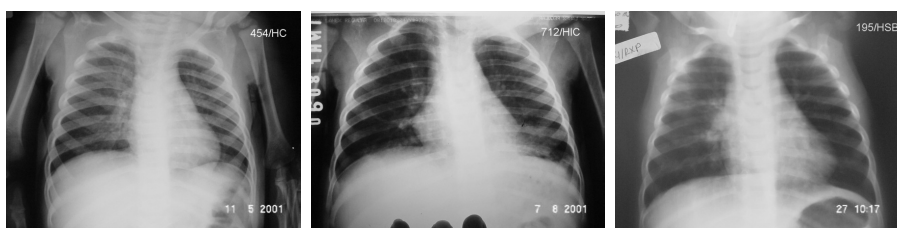


Figura 3.19: PRXT com presença de artefatos estranhos (rótulo, dedos e etiqueta).

Detectar artefatos em radiografias, entretanto, não é uma tarefa trivial para humanos ou computadores. Em computadores, por exemplo, a escolha da técnica mais eficiente depende muito da origem, natureza e forma dos artefatos. Uma técnica excelente para identificar um determinado tipo de artefato pode não ser satisfatória para outros. Por exemplo, as técnicas utilizadas para detectar objetos circulares [257, 331, 321] não se aplicam a detecção de setas [260] ou a detecção de estruturas alongadas [125].

Assim, consideradas essas questões, propomos um método para detecção de artefatos estranhos em imagens PRXT. Nossa proposta é uma versão melhorada de nosso trabalho prévio [97], onde os artefatos estranhos são detectados e removidos das imagens

PRXT pela execução de operações comuns de **PDI**, que buscam o reconhecimento de padrões desses artefatos.

3.4.1 Método Proposto

Nossa proposta é composta por uma sequência de operações básica de **PDI**, que incluem: subtração de canais, detecção de bordas e operações morfológicas. A **Figura 3.20** mostra o fluxograma do método proposto.

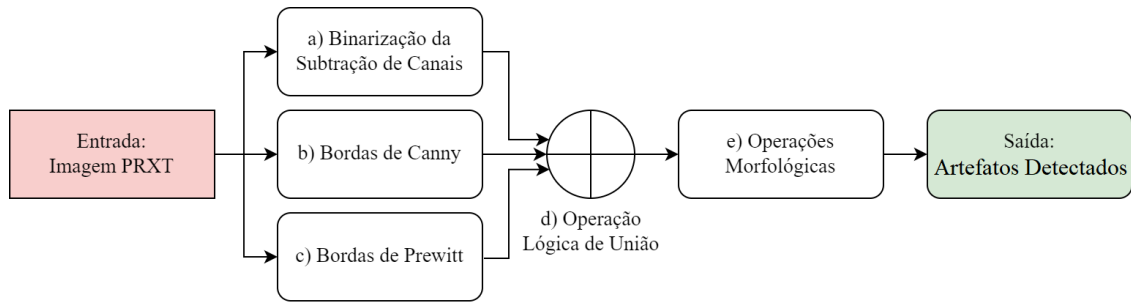


Figura 3.20: Fluxograma do nosso método para detecção de artefatos estranhos.

a) Binarização da Subtração de Canais

Em bases de imagens **RXT** é comum essas serem armazenadas no padrão RGB. Logo, no primeiro passo uma operação de subtração de canais é executada para identificar quaisquer artefatos que estejam fora da escala de cinzas que é o padrão em imagens radiográficas, e que geralmente se relacionam a rótulos inseridos em processos de registro de imagem.

Assim, seja I uma imagem **PRXT** no padrão RGB e I_r , I_g e I_b suas sub-imagens em cada um dos respectivos canais RGB. A subtração dos canais é obtida pela seguinte equação: $I_{sub}(x,y) = I_r(x,y) - I_b(x,y)$, enquanto a binarização é calculada por:

$$I_{bin}(x,y) = \begin{cases} 0 & \text{se } I_{sub}(x,y) < 0 \\ 1 & \text{se } I_{sub}(x,y) \geq 0 \end{cases} \quad (3-5)$$

onde I_{sub} é a imagem obtida da subtração de canais e I_{bin} a obtida na binarização. A **Figura 3.21** mostra as resultantes desse primeiro passo em uma imagem **PRXT** em recorte.

b) Bordas de Canny

O detector de bordas de Canny [32] foi executado sobre a imagem **PRXT** de entrada (I), com seus parâmetros setados com os seguintes valores: limiar superior (l_{sup}) = 35% do limiar de Otsu; limiar inferior (l_{inf}) = 40% de l_{sup} , valor padrão; e Sigma

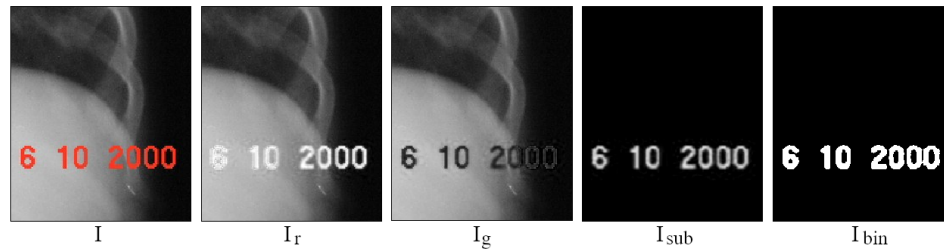


Figura 3.21: Imagens do processo de subtração de canais.

$\sigma = 1,2$. Esses valores foram definidos empiricamente, por apresentarem os melhores resultados durante bateria de testes com várias combinações.

Executada a detecção de bordas de Canny sobre a imagem I , uma imagem binária com as bordas detectadas é obtida como saída, aqui a nomeamos como I_{can} .

c) Bordas de Prewitt

Executamos o detector de bordas de Prewitt [227] sobre a imagem $PRXT$ de entrada (I) com seus parâmetros padrões e como saída obtivemos uma imagem binária com as bordas detectadas que nomeamos como I_{prew} .

d) Operação Lógica de União

Aplicados os detectores de bordas sobre uma imagem RXT de entrada, temos como resposta as duas novas imagens I_{can} e I_{prew} correspondendo respectivamente aos resultados das detecções de Canny e Prewitt.

Na sequência as imagens I_{bin} , obtida no primeiro passo, I_{can} e I_{prew} são combinadas por meio da operação lógica de união, gerando uma imagem de saída I_{mask} representada pela expressão: $I_{mask}(x,y) = I_{bin}(x,y) \wedge I_{can}(x,y) \wedge I_{prew}(x,y)$.

Essa união tem por objetivo agrupar os resultados de cada uma das operações realizadas anteriormente, de modo a garantir o mínimo de perda possível na detecção dos artefatos, dado que cada operação traz uma resposta diferente.

Na subtração de canais, por exemplo, a resposta são os artefatos em tons destoantes, já nas detecções de Canny e Prewitt as bordas se complementam produzindo bordas mais contíguas dos objetos. Na Figura 3.22 as resultantes dos passos da união em uma imagem $PRXT$ em recorte.

e) Operações Morfológicas

Para atingir a detecção final, um conjunto de operações morfológicas é executada sobre I_{mask} de modo a obter-se a máscara correspondente aos artefatos presentes na imagem. Esse conjunto compreende as seguintes operações morfológicas: *Spur* – para

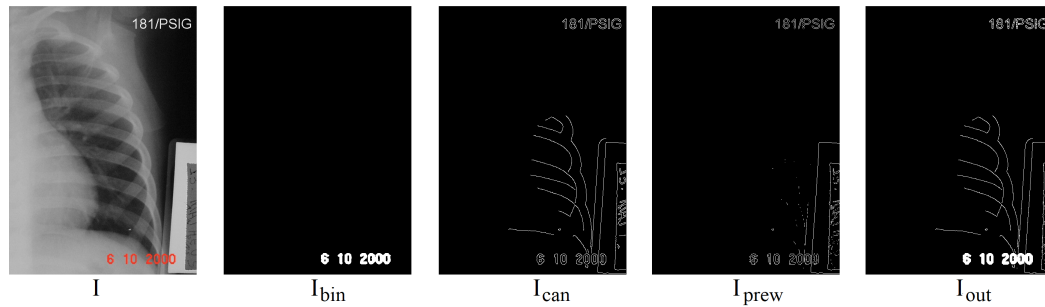


Figura 3.22: Operação lógica de união em uma imagem **RXT** em recorte.

remover componentes esporões; *Clean* – para remover componentes isolados; *Bridge* – para ligar pontos próximos; *Fill* – para preencher/inundar buracos, *Erosão* – para diminuir componentes, usado elemento estruturante Linha de tamanho 3; *Abertura* – para conectar componentes, usado área de tamanho 6; *Dilatação* – para unir lacunas, expandir componentes, usado elemento estruturante Linha de tamanho 5; *Abertura* – suavizar contornos, romper os istmos e eliminar saliências finas, usado área de tamanho 64.

Adicionalmente, após executadas as operações morfológicas, um alinhamento final é realizado sobre (I_{mask}), deslocando a máscara um *pixel* à direita e um *pixel* abaixo. Como algoritmos de detecção de bordas se baseiam em transições de níveis de cinza, é comum ocorrer um deslocamento das bordas, logo o alinhamento é necessário para garantir maior precisão dos artefatos identificados.

Artefatos Detectados

Realizadas todas as operações, o método entrega como saída a imagem I_{mask} com a máscara final dos artefatos detectados.

Assim, uma remoção dos artefatos pode ser alcançada realizando uma simples operação de multiplicação entre a imagem de entrada (I) e o complemento da máscara detectada $\sim I_{mask}$, que pode ser definida pela expressão: $I_{out}(x,y) = I(x,y) \times \sim I_{mask}(x,y)$, com I_{out} representado a imagem de saída sem os artefatos presentes.

A [Figura 3.23](#) mostra o resultado de cada etapa do nosso método de detecção de artefatos.

3.4.2 Dinâmica dos Testes

Para os testes, 200 imagens da base IPTSP/UFG, divididas em três classes (100 Bacteriana, 50 Normal e 50 Indeterminada), foram inspecionadas e então tiveram manualmente marcados e contabilizados 3.422 artefatos, média de 17 artefatos por imagem **PRXT**. Cada artefato localizado (máscara correspondente a sua região) foi

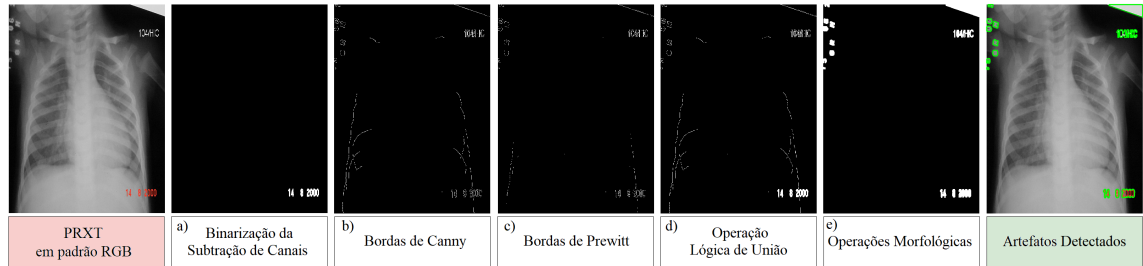


Figura 3.23: Resultado da detecção de artefatos estranhos em uma imagem PRXT.

definido como um **Grande Objeto Binário (BLOB)**, respeitando os seguintes critérios: área ≥ 128 pixels; máscara deveria obrigatoriamente cobrir todo artefato; artefatos sobrepostos seriam contados com um único artefato e finalmente nenhuma estrutura morfológica natural é considerada como artefato.

A **Figura 3.24** mostra exemplos do processo de definição dos artefatos nas imagens da base. Cada artefato é representado por um **BLOB**, numa cor específica.

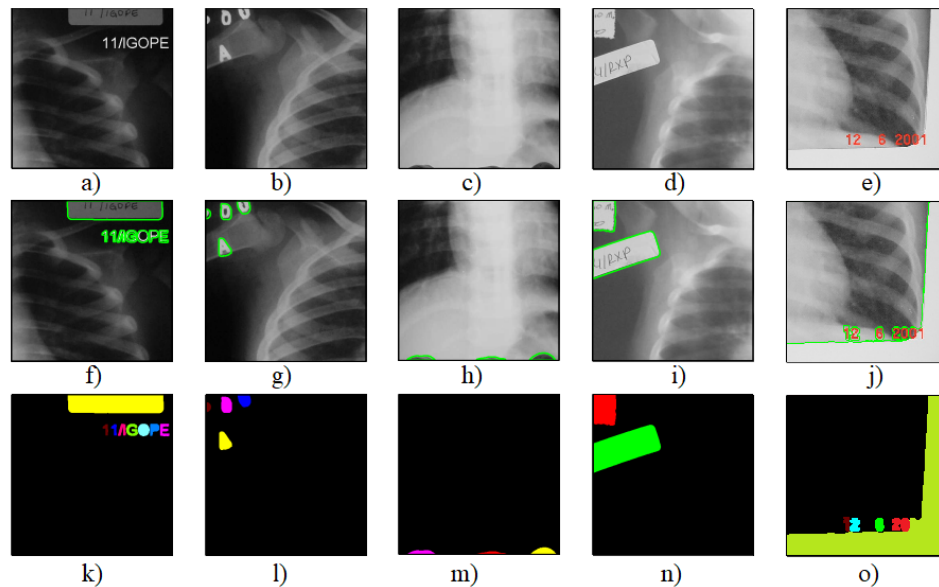


Figura 3.24: Processo de definição dos artefatos. a-e) Recorte da PRXT de entrada, f-j) artefatos definidos e k-o) correspondentes Blob dos artefatos definidos.

Realizadas as definições e contabilizados os artefatos, esses foram usados como referência e comparados com os resultados do método proposto.

Assim, para medir a eficiência da proposta foram geradas matrizes de confusão e calculados os seguintes indicadores de confiabilidade: **Sensibilidade (TPR)**, **Precisão (PPV)**, **Taxa de Erro (Err)** e medida F1. A **Tabela 3.5** traz o resultado consolidado e por classe, da detecção de artefatos nas 200 imagens PRXT da base IPTSP/UFG.

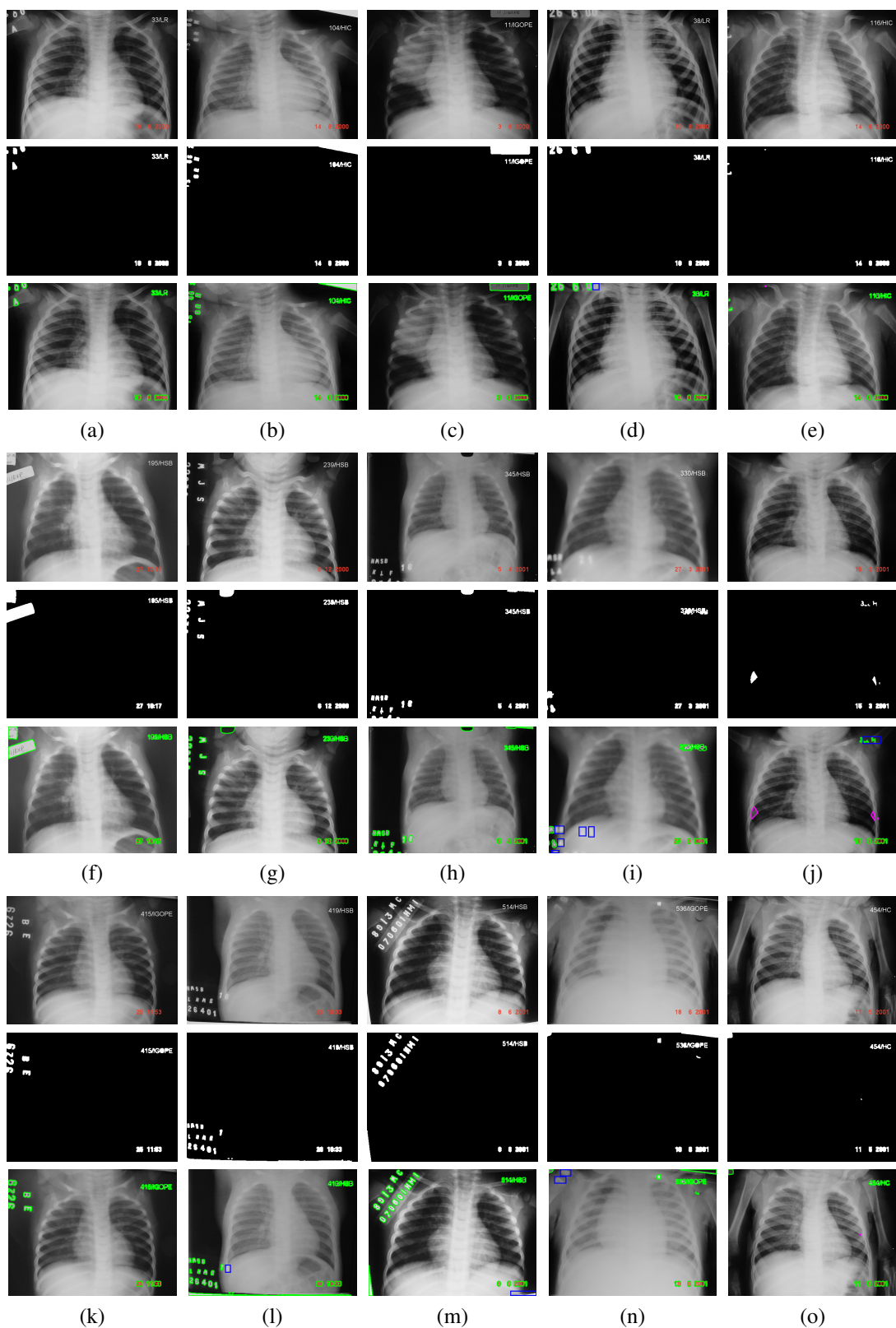


Figura 3.25: Resultados da detecção de artefatos. Em linhas PRXT de entrada, artefatos identificados e checagem, em verde VP, em lilás FP e em azul FN. Imagens a-e) classe Bacteriana, f-j) classe Indeterminada e k-o) classe Normal.

Tabela 3.5: Resultado da detecção de artefatos.

Classe	Num	Pop	VP	FP	FN	TPR	PPV	Err	F1
Bacteriana	100	1800	1763	31	37	0,98	0,98	0,04	0,98
Normal	50	827	817	12	10	0,99	0,99	0,03	0,99
Indeterminada	50	795	730	30	65	0,92	0,96	0,12	0,94
Total	200	3422	3310	73	112	0,97	0,98	0,05	0,97

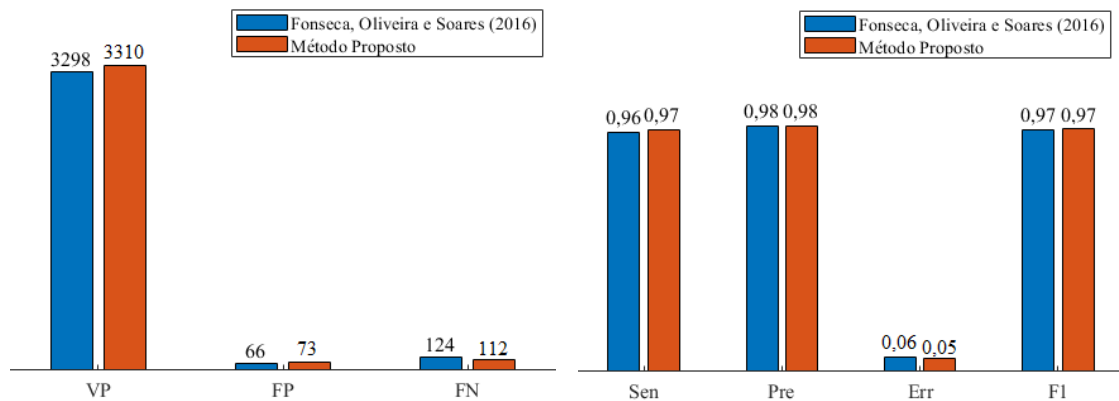
Nota: **Num** - número de imagens PRXT na classe, **Pop** - população ou número total de artefatos na classe, **VP** - verdadeiros positivos, **FP** - falsos positivos e **FN** - falsos negativos.

A [Figura 3.25](#) traz alguns resultados do método de detecção de artefatos proposto em imagens PRXT das classes Bacteriana, Normal e Indeterminada. As bordas em verde correspondem aos VP, ou seja, artefatos corretamente detectados. Os retângulos em azul (nas imagens d,i,l,m,n) correspondem aos FN, isto é, artefatos não detectados. As bordas em lilás (nas imagens c,j) correspondem aos FP, quer dizer falsos artefatos detectados.

A [Tabela 3.6](#) mostra o tempo gasto, pelo método proposto, para detectar os artefatos nas 200 imagens (74,97s) e o tempo médio por imagem ($\approx 368ms$), e a comparação com uma versão prévia do método [97], desenvolvida durante o mestrado, mostra o ganho de *SpeedUp* dessa nova versão. Enquanto a [Figura 3.26](#) traz a comparação dos métodos em termos de matriz de confusão e indicadores de confiabilidade.

Tabela 3.6: Avaliação do desempenho da detecção de artefatos.

Método	Tempo (s)		SpeedUP
	Total	Médio	
[97]	147,75	0,74	1,97x
Nosso método proposto	74,97	0,37	1,97x

Figura 3.26: Comparativo Fonseca *et al.* [97] x Método Proposto.

3.4.3 Análise dos Resultados

Iniciando pela análise da [Tabela 3.5](#), podemos observar diferenças entre as classes. Enquanto, imagens [PRXT](#) da classe Normal obtiveram os melhores resultados, as da classe Indeterminada obtiveram os piores, isso indica que a qualidade da imagem (classe) repercute no desempenho do método. Imagens da classe Indeterminada têm esse rótulo por sua qualidade não permitir um diagnóstico conclusivo. Outro ponto, o método recupera com grande precisão e boa sensibilidade os artefatos presentes e apresenta expressivos valores de F1 (0,97) e [Err](#) (0,05).

A [Figura 3.25](#) mostra exemplos da variedade dos artefatos estranhos presentes nas imagens da base IPTSP/UFG, usada nos testes. Artefatos com diferentes estruturas, formas, texturas e localizações, que incluem, entre outros, rótulos, etiquetas e marcas de dedo. Por sua vez, podemos observar que o método consegue detectar esses diferentes artefatos com alta precisão, diferenciando-se dos trabalhos da literatura [[123](#), [124](#), [185](#), [259](#), [260](#), [321](#)] que concentram-se na detecção de artefatos com estruturas e formas específicas.

As falhas do método, [FN](#) na [Figura 3.25\(d,i,l,m,n\)](#), e [FP](#) na [Figura 3.25\(e,j\)](#) apontam as principais situações onde o método tem dificuldade em detectar artefatos – regiões onde há baixo contraste com a região de fundo e na detecção de artefatos com corpos delgados.

Ainda, a [Tabela 3.6](#) e a [Figura 3.26](#) mostram que o método entrega resultados satisfatórios, com alta sensibilidade e baixa taxa de erros, e tempo de processamento por imagem igual a $0,367ms$, que comparado ao trabalho [[97](#)] representa ganho de *SpeedUp* de $1,97x$, enquanto preserva os valores da matriz de confusão e dos indicadores de confiabilidade.

Assim, as características do método, seu alto desempenho e tempo de resposta fortalecem sua recomendação para uso como etapa de pré-processamento em sistemas [CADx](#), [PACS](#), [CBIR](#) e [SRP](#), inclusive em situações que exijam resposta de execução em tempo real.

3.5 Restauração

Como no realce de imagens, o principal objetivo das técnicas de restauração é melhorar uma imagem em algum sentido predefinido. Apesar de haver áreas de sobreposição, o realce de imagens é principalmente um processo subjetivo, enquanto a restauração de imagens é, em grande parte, um processo objetivo. Dessa forma, técnicas de restauração se orientam na direção da definição da degradação e da aplicação do processo inverso para recuperar a imagem original [[107](#)].

Esta proposta complementa a tarefa realizada na [Seção 3.4](#), que permite remover artefatos estranhos detectados nas imagens [PRXT](#), mas ao fazer deixa as regiões correspondentes com valores setados em zero, resultando numa imagem com ‘buracos’ nas regiões onde originalmente estavam os artefatos.

Assim, a ideia é restaurar essas regiões (correspondentes aos artefatos removidos) devolvendo os aspectos visuais e as características funcionais naturais da imagem e, principalmente, favorecendo sua análise e interpretação por sistemas automatizados. Além disso, a restauração ainda auxilia na de-identificação das imagens, aumentando a privacidade de pacientes e instituições. Para alcançar esta restauração, propomos uma adaptação ao algoritmo de *Inpainting* desenvolvido por Criminisi e Pérez [50].

No algoritmo [50], duas imagens são usadas, uma correspondendo a região fonte (Φ) que é a imagem original com as regiões degradadas ([PRXT](#) com artefatos), e outra correspondendo a região alvo (Ω) que é a imagem da máscara dessas regiões (máscara dos artefatos detectados). A partir dessas imagens, a restauração é alcançada pela propagação de exemplares de informações de textura e estrutura. Técnicas baseadas em exemplares, por razões de eficiência, usam *patches* (Ψ) ao invés de *pixels*. [Figura 3.27](#) mostra o esquema de propagação e sua notação, enquanto na [Figura 3.28](#) temos uma visão resumida do processo de restauração.

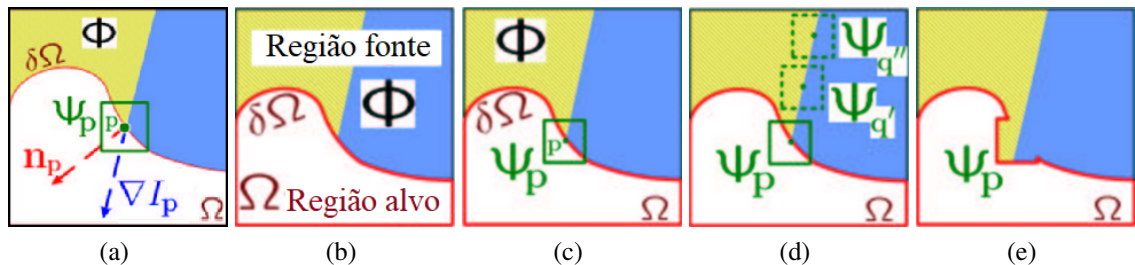


Figura 3.27: Propagação baseada em exemplar. (a) Notação – dado *patch* Ψ_p , \mathbf{n}_p é a normal para o contorno $\delta\Omega$ da região alvo Ω e ∇I_p é o isofote (direção e intensidade) no ponto \mathbf{p} . (b) Imagem com regiões Ω , Φ , contorno $\delta\Omega$ e Ψ_p . (c) Queremos sintetizar a área de Ψ_p centrado no ponto $\mathbf{p} \in \delta\Omega$. (d) Busca o candidato de melhor correspondência a Ψ_p ao longo do limite entre as duas texturas na região fonte, por exemplo $\Psi_{q'}$, e $\Psi_{q''}$. (e) *Patch* de melhor correspondência é copiado para a posição de Ψ_p preenchendo parcialmente Ω .

3.5.1 Método Proposto

Um dos gargalos apresentados pelas técnicas de *Inpainting* é o alto custo computacional, linearmente proporcional ao tamanho das regiões alvo (Ω) e fonte (Φ) [245]. Logo, o custo da busca por um candidato Ψ_q depende do tamanho da região Φ .

Desse modo, nosso método adapta o algoritmo de Criminisi e Pérez [50], trabalhando na redução automática e controlada da região Φ , tomando as regiões de Ω

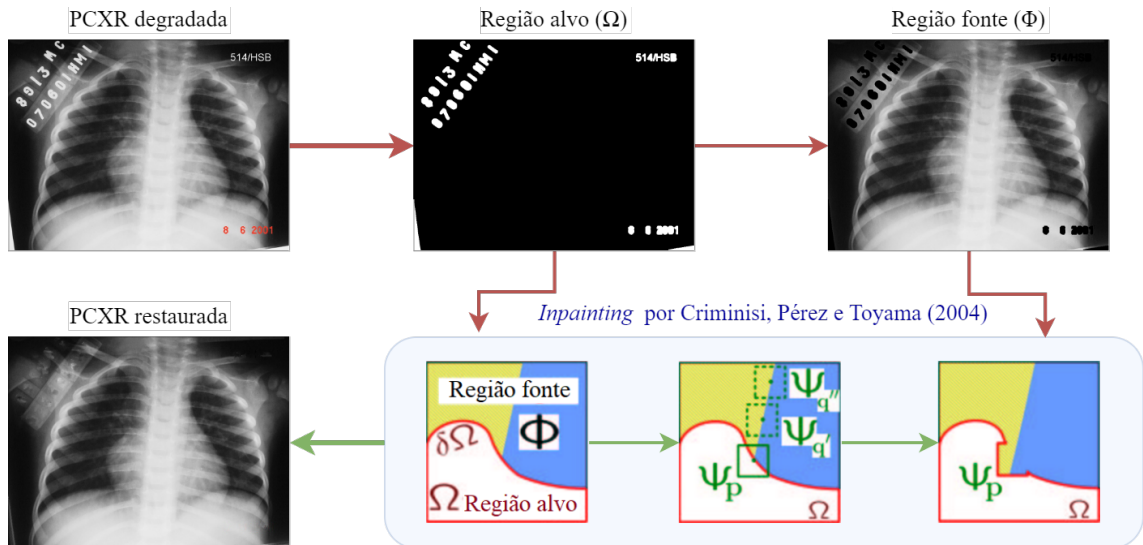


Figura 3.28: Processo de restauração em [50].

como referência. Nossa hipótese é que essa adaptação promova tanto a redução do custo computacional, aumentando a eficiência, enquanto mantém a eficácia.

Assim, para realizar a adaptação nosso método primeiro divide a imagem degradada em quadrantes (Q_i). Na sequência, para cada quadrante, identifica as máscaras das regiões degradadas (Ω^*) e define uma região fonte (Φ^*) baseada nessas regiões identificadas. Por fim, tomando Ω^* e Φ^* executa a restauração como no algoritmo original.

Definição de Φ^*

A definição de Φ^* busca reduzir a região de busca por candidatos Ψ_q , mantendo, entretanto, informações necessárias e representativas de textura e estrutura. Assim, as dimensões de Ω^* são usadas como parâmetros para definir Φ^* , garantido que a área de Φ^* seja de no mínimo 2 vezes a de Ω^* .

O pseudocódigo na Tabela 3.7 mostra os passos para a definição de Φ^* . Na Figura 3.29 temos o resultado dos passos sobre o segundo quadrante (Q_2) de uma imagem PRXT da base IPTSP/UFG, enquanto a Figura 3.30 traz o resultado da execução de nosso método proposto na mesma imagem. Note, em Q_1 e Q_3 não temos áreas degradadas, logo não são definidas Ω^* ou Φ^* e nenhum processamento é executado pelo método.

Algoritmo - Definição de Φ^* **Entrada:** Imagem PRXT.**Saída:** Regiões Φ^* e Ω^* definidas, uma para cada quadrante.

1. Divida em quadrantes ($Q_{i=1-4}$) e então para cada Q_i :
2. Identifique a área que cobre Ω^* (região degradada por artefatos).
 - (a) Calcule as dimensões da área, altura (\mathbf{T}) e largura (\mathbf{L}).
 - (b) Registre limite esquerdo superior (\mathbf{ES}).
 - (c) Registre limite direito inferior (\mathbf{DI}).
 - (d) Registre expansão dos limites $\mathbf{B} = \max(\min(\mathbf{T}, \mathbf{L}), 50)$.
3. Defina novos limites da regiões como:
 - (a) Limite esquerdo superior $\mathbf{ES} = \max(1, (\mathbf{ES} - \mathbf{B}))$.
 - (b) Limite direito inferior $\mathbf{DI} = \min(\mathbf{T}, (\mathbf{DI} + \mathbf{B}))$.
4. Registre Φ^* e Ω^* do quadrante Q_i

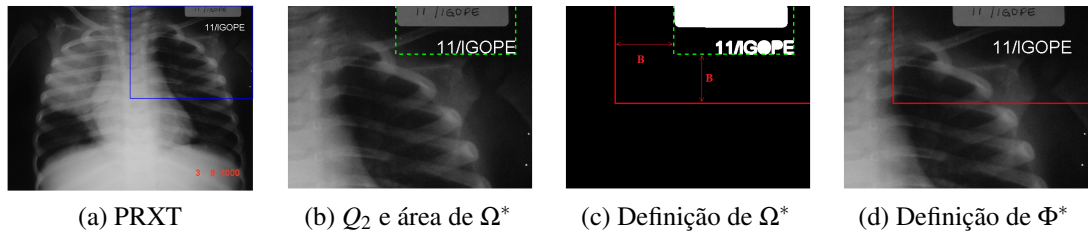


Figura 3.29: Definição de Φ^* . (a) PRXT de entrada, (b) Q_2 com área de Ω^* destacada em verde, (c-d) Definição de novos Ω^* e Φ^* expandidos por B , limites em vermelho.

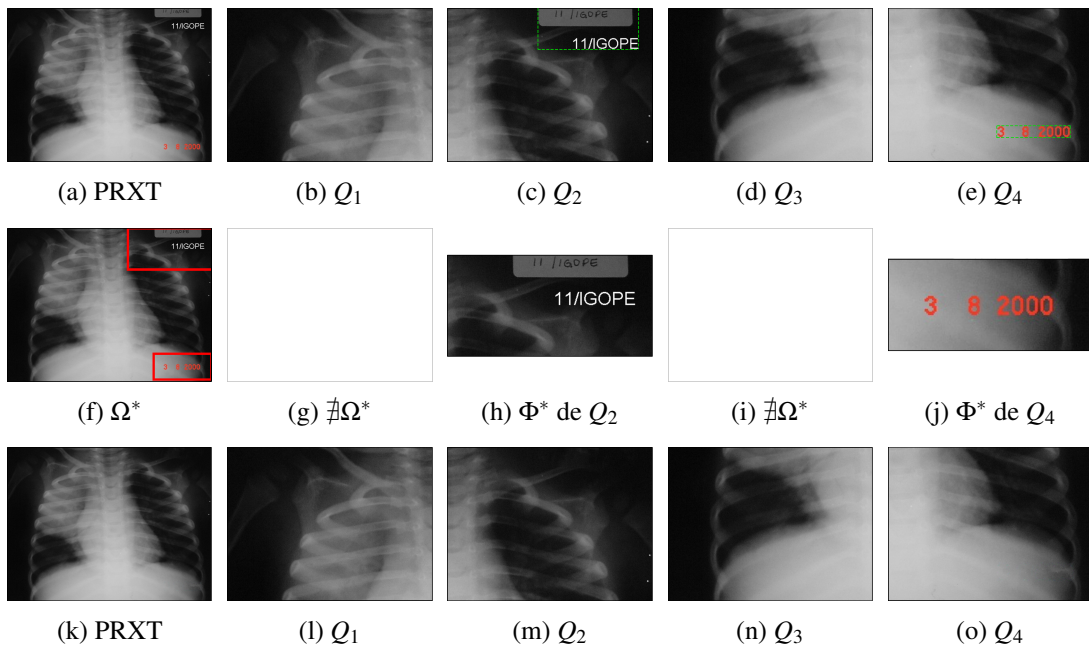


Figura 3.30: Método proposto adaptado de [50]. (a)-(e) PRXT de entrada e seus quadrantes com regiões degradadas destacada em verde, (f)-(j) definição de Ω^* e Φ^* e (k)-(o) restauração final na PRXT de entrada e em seus quadrantes.

3.5.2 Dinâmica dos Testes

Para os testes, utilizamos as 200 imagens **PRXT** da nossa base IPTSP/UFG e tomamos o resultado da detecção dos artefatos, apresentada na [Seção 3.4](#), para definir a região Ω a ser restaurada. As restaurações foram então realizadas pelo método de Criminisi e Pérez [50] (tomado como referência) e depois por nosso método, adaptado do primeiro. Em ambos, foram usados *patches* (Ψ) de 9×9 pixels.

Realizadas as restaurações, calculamos as seguintes medidas objetivas: Pico da taxa do sinal ruído **PSNR**, em decibéis, **Índice de Similaridade Estrutural (SSIM)**, de [0 - 1] e **Tempo de Processamento (TP)**, em segundos. Para **PSNR** e **SSIM**, foi usada a componente luminância (Y) das imagens antes e depois da restauração.

A [Figura 3.31](#) mostra uma comparação das restaurações, obtidas pelos dois métodos, em seções de quatro imagens de nossa base, enquanto a [Tabela 3.8](#) apresenta os valores de **PSNR**, **SSIM** e **TP** obtidos nas mesmas imagens, tomadas como exemplo e que representam os valores médios obtidos nas 200 imagens **PRXT** da base.

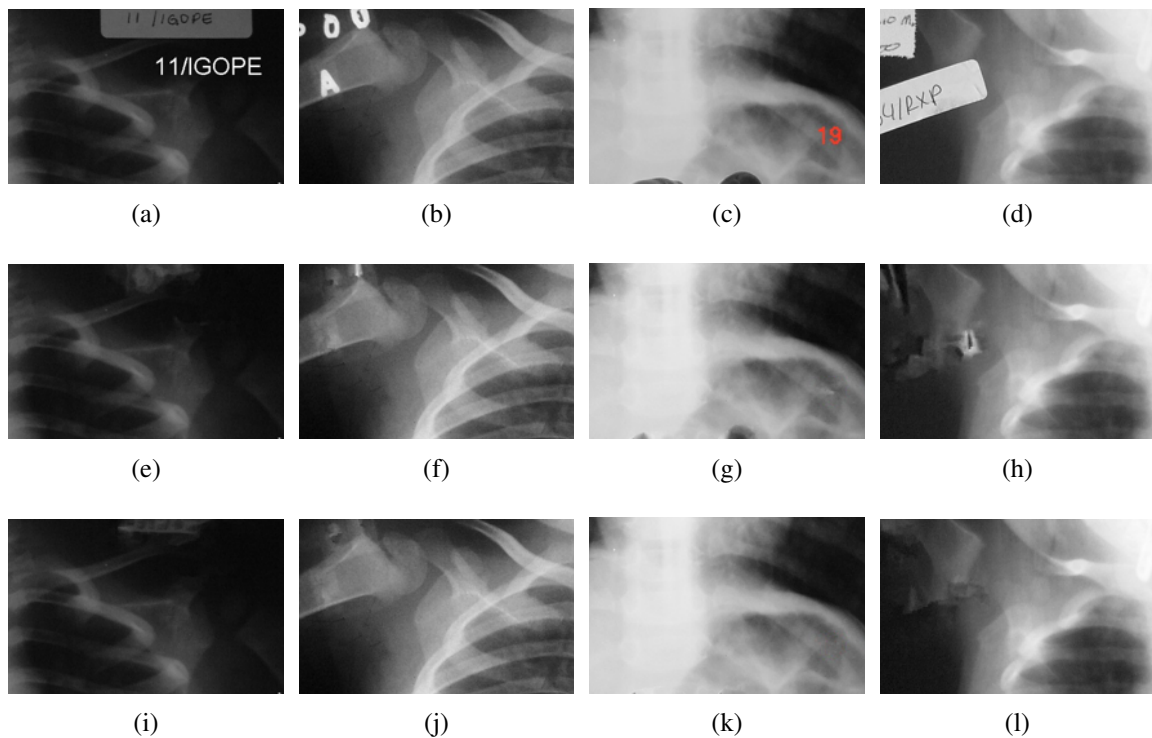


Figura 3.31: Comparação do resultado da restauração em 4 imagens da base IPTSP/UFG. (a)-(d) seções degradadas das imagens, (e)-(h) resultado obtido por Criminisi e Pérez [50], (i)-(l) resultado obtido pelo nosso método.

A [Figura 3.32](#) traz resultados da restauração obtida por nosso método em imagens das três classes presentes em nossa base IPTSP/UFG.

Tabela 3.8: Comparativo de medidas objetivas entre métodos.

Imagem	Criminisi e Pérez [50]			Nosso Método		
	PSNR(dB)	SSIM	TP(s)	PSNR(dB)	SSIM	TP(s)
A	26,25	0,98	252,97	25,90	0,98	29,95
B	21,77	0,97	140,29	21,71	0,97	11,70
C	18,93	0,95	593,54	19,58	0,95	51,23
D	21,56	0,96	334,15	21,67	0,96	11,64
Média	22,13	0,96	330,23	22,21	0,96	26,13

TP(s): Tempo de processamento em segundos. dB: unidade decibel.

3.5.3 Análise dos Resultados

Baseado nas medidas objetivas, tomadas das imagens após a restauração pelos métodos de referência e proposto, podemos a partir da leitura da Tabela 3.8 observar que não há diferenças importantes de PSNR e SSIM entre os métodos.

Assim, podemos dizer que a adaptação, proposta por nosso método, não impacta a qualidade da restauração, consideradas essas medidas.

Em relação ao TP, nossa proposta (média de 26,13s por imagem) é cerca de 13 vezes mais rápida que o método de referência (média de 330,23s), indicando alto ganho de desempenho promovido pela adaptação.

Ainda, sobre essas medidas, conforme apontando por [286], temos que PSNR próximos de 22dBs indicam uma baixa qualidade subjetiva das imagens. Esses valores, no entanto, se explicam pelas características da base IPTSP/UFG usada, cujas imagens são obtidas por aparelhos convencionais de X-ray e então digitalizadas por meio de fotografias.

O valor de SSIM (0,96), por outro lado, aponta que a restauração mantém com alto grau de fidelidade as estruturas, intensidade e contraste das imagens. Essa medida, nesse sentido, talvez seja mais adequada que o PSNR para avaliar a restauração promovida pelos métodos, ao menos nesse caso, conforme observar-se na Figura 3.31 e Tabela 3.8.

Assim, o valor SSIM nos parece mais adequado, representativo, e próximo da análise subjetiva, baseada na percepção visual do observador e onde o que importa são os aspectos artísticos da restauração. A respeito dessa análise subjetiva, a Figura 3.31 indica ainda que nossa proposta, para além do ganho de desempenho sem perdas de PSNR e SSIM, entrega uma restauração mais natural e sutil, menos perceptível ao observador quais regiões foram restauradas.

Além disso, conforme a Figura 3.32 mostra, o método entrega bom desempenho, independente de classe das imagens. Para algumas imagens a aparência das regiões restauradas apresentam um aspecto de borramento, caso das imagens 3.32(j) e 3.32(k), mas essa

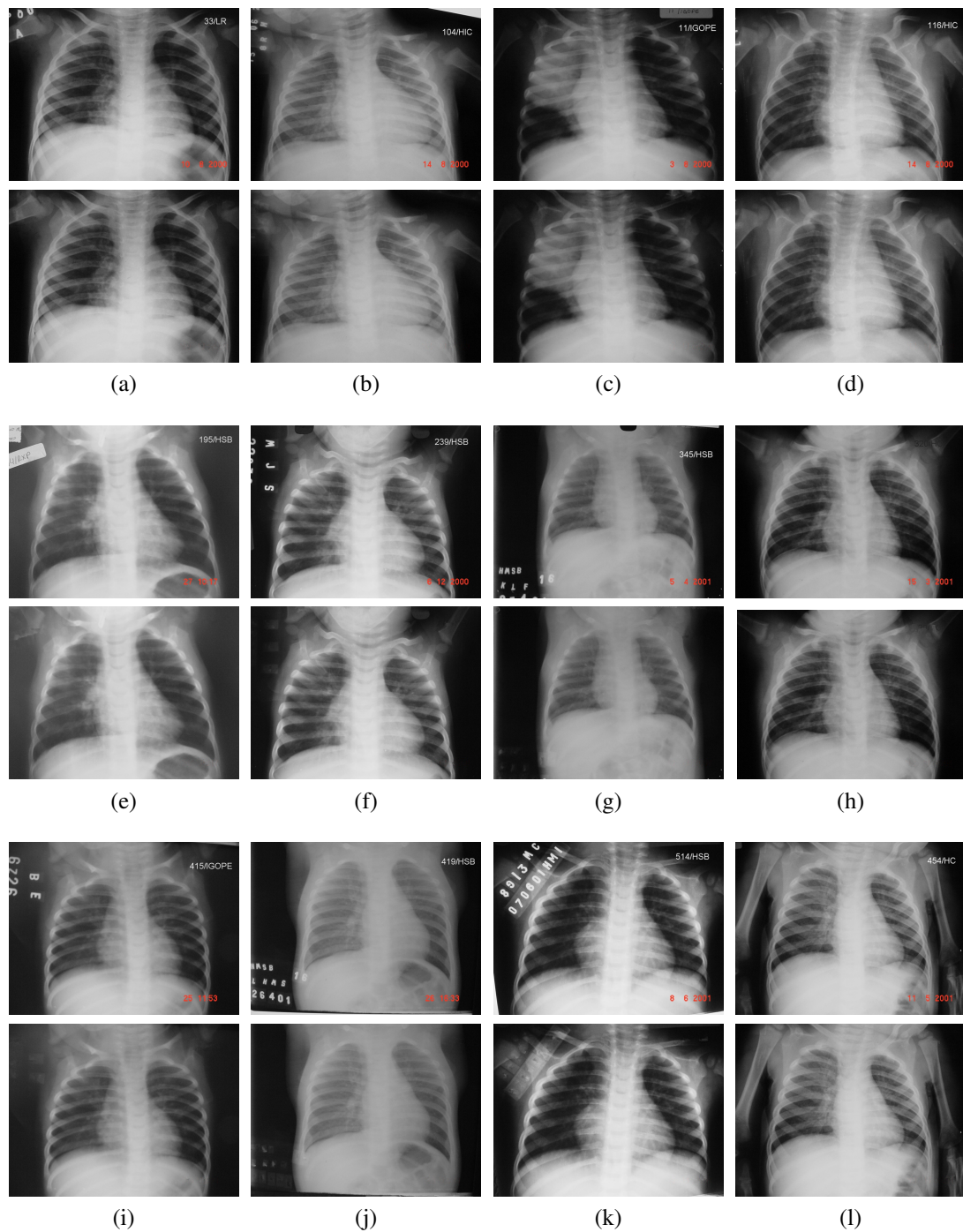


Figura 3.32: Resultados da restauração. Em linhas PRXT de entrada degradada com artefatos estranhos e imagem restaurada por nosso método proposto. Imagens a-d) classe Bacteriana, e-h) classe Indeterminada e i-l) classe Normal.

é uma característica própria da técnica, que usa difusão para equilibrar a propagação das informações de estrutura e textura.

Por fim, a restauração das regiões degradadas atinge seus objetivos, quais sejam de devolver características funcionais às imagens, tanto por meio da de-identificação

quanto pela redução de vieses provocados por regiões degradadas.

3.6 Identificação e Correção de Orientação

Esta seção, apresenta nossa última proposta para o pré-processamento de imagens **RXT**, nela o objetivo é a identificação e correção de orientação.

Embora trivial para humanos, a identificação de orientação não é uma tarefa fácil para sistemas computadorizados. Ao contrário dos humanos que usam o reconhecimento de objetos e informações contextuais, os computadores e as técnicas de reconhecimento de padrões ainda não conseguem inferir a abstração de conhecimento de alto nível dos objetos no mundo real [167].

Por essa razão, é altamente desejável em sistemas de registro, armazenamento, comunicação, leitura e interpretação de exames **RXT** que as imagens sejam padronizadas e tenham boa qualidade, isso facilita tanto o fluxo de trabalho dos que usam os sistemas, como a evolução dos próprios sistemas. Em **PACS** de grande escala, por exemplo, identificar as orientações corporais é um requisito essencial para indexar e categorizar com precisão os dados das imagens recebidas e armazenadas [143], na interpretação do exame, por médicos ou **CADx**, a correta orientação auxiliar a identificar com maior precisão a localização e a extensão das lesões ou avaliar o tamanho do coração e dos vasos sanguíneos [308].

Embora na maior parte desses sistemas haja fluxos para garantir essas questões, ainda é comum encontrar imagens fora do padrão desejável, tanto nesses sistemas como em bases públicas. A digitalização de filmes (**RXT** convencionais) ainda é uma prática comum em centros de saúde de países em desenvolvimento [219], e nem sempre segue protocolos adequados de qualidade.

A detecção de orientação em imagens **RXT** não é um tema novo, e vem sendo explorado há anos em muitas pesquisas [239, 256, 200, 175, 62, 64, 63, 23, 222, 23]. Cada pesquisa abordando o tema de modo particular, empregando técnicas que vão de estatísticas de sinal a redes neurais convolucionais profundas, da identificação em graus de rotação aos tipos de projeção da **RXT**, e apresentado vantagens, desvantagens e cenários de aplicação próprios.

3.6.1 Método Proposto

Nosso método consiste em três passos principais estruturadas em um fluxo que começa com o redimensionamento e seleção dos canais da imagem, segue por uma estratégia de extração de características e termina com um classificador que determina a orientação da imagem entre: 0° ou de pé (**Uo**), 180° ou de cabeça para baixo (**Do**),

90° ou rotacionada à direita (**Ro**) e -90° ou rotacionada à esquerda (**Lo**). A Figura 3.33 fornece uma visão geral do método proposto e uma explicação de cada etapa.

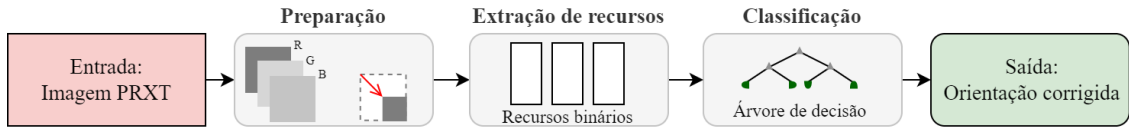


Figura 3.33: Fluxograma da proposta para identificação de orientação.

Preparação

Seja \mathbf{I}_{RGB} uma imagem **RXT** de tamanho $m \times n$ e padrão de cores nos canais **RGB**, tomemos os três canais como $r_{i,j} \in \mathbf{R}$, $g_{i,j} \in \mathbf{G}$, e $b_{i,j} \in \mathbf{B}$, onde $i \in \{1, \dots, m\}$ e $j \in \{1, \dots, n\}$. Nossa proposta começa com a seleção do canal **R** e o redimensionamento da imagem para o tamanho 512×512 *pixels* que nos dá uma nova imagem nomeada \mathbf{R}^* como tamanho m e n igual a 512.

Esse passo tem dois propósitos: (1) reduzir o esforço computacional, (2) tornar a parametrização do método mais concisa, padronizando as dimensões das imagens, dado que bancos de dados públicos costumam apresentar imagens em diferentes dimensões.

Extração de Características

Para cada imagem **RXT** três diferentes características são extraídas, cada um correspondendo à definição de uma característica binária para o classificador.

Na primeira característica ($F\{1\}$), dado $m = n$, e $t = \lfloor m * 0,2 \rfloor$, duas faixas são recortadas da imagem \mathbf{R}^* , uma horizontal μ_{hor} com altura t correspondente às linhas centrais, e outra vertical μ_{ver} com largura t correspondente as colunas centrais da imagem. Caso a **RXT** não esteja rotacionada, estas faixas corresponderam respectivamente a região do mediastino e a centro-média dos pulmões, veja Figura 3.34.

Calculamos então duas médias com base nos perfis médios dessas faixas. Cada média representa o valor da intensidade média dos *pixels* daquela faixa. A Equação 3-6 e Equação 3-7 trazem os cálculos dessas médias.

$$\mu_{hor} = \frac{1}{t * n} \sum_{i=t*2}^{t*3} \sum_{j=1}^n R_{i,j}^* \quad (3-6)$$

$$\mu_{ver} = \frac{1}{t * m} \sum_{i=1}^m \sum_{j=t*2}^{t*3} R_{i,j}^* \quad (3-7)$$

Tomadas as médias μ_{hor} e μ_{hor} , a primeira característica é definida pela Equação 3-8:

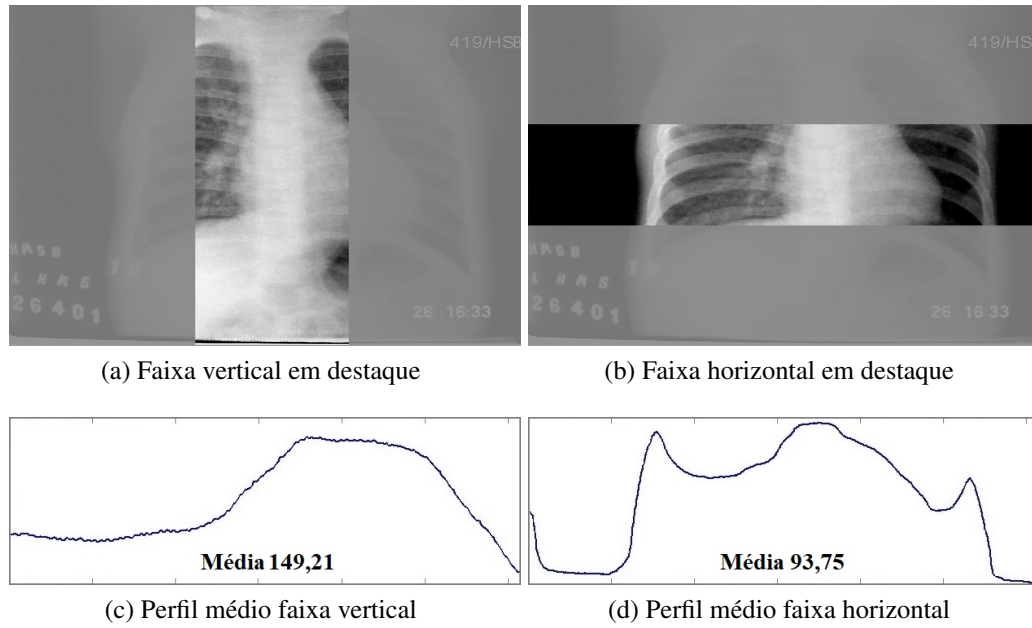


Figura 3.34: Faixas vertical e horizontal em destaque e seus perfis médios.

$$F\{1\} = \mu_{ver} > \mu_{hor}. \quad (3-8)$$

Esta primeira característica toma os padrões da região da coluna torácica para determinar se a **RXT** está na posição vertical. Se $F\{1\} = 1$, então a **RXT** está em uma posição vertical (**Uo** ou **Do**) caso contrário $F\{1\} = 0$ na posição horizontal (**Ro** ou **Lo**). Isso é possível porque sabemos que a coluna torácica se localiza na região central da imagem **RXT** e os *pixels* daquela região apresentam valores de intensidade superiores aos encontrados na área correspondente aos pulmões.

Para definição da segunda característica ($F\{2\}$), tomando \mathbf{R}^* , $m = n = 512$ e $t = \lfloor m * 0,2 \rfloor$ realizamos as seguintes operações:

- Calcule $\mathbf{g} = f(\text{"line"}, \mathbf{len}, \theta) \circ f([- \sigma : \frac{2\sigma}{\mathbf{len}-1} : \sigma], \mu, \sigma)$ onde "line" = *kernel* em forma de linha, $\sigma = 1$, $\mu = 0$, $\mathbf{len} = 9$ e $\theta = 30$ [256].
- Calcule \mathbf{edg} , imagem de bordas aplicando detector canny sobre \mathbf{R}^*
- Calcule \mathbf{O} , imagem da convolução de \mathbf{g} sobre \mathbf{edg} , expressa por $O(m,n) = \mathbf{g} \otimes \mathbf{edg}$.
- Calcule \mathbf{O}^* , imagem binarizada de $O(m,n)$ com limiar 0,99 seguida por operações binárias de abertura e esqueletização com elemento estruturante de tamanho 25.
- Calcule $\mathbf{E}(m'', \mathbf{n})$, imagem com t linhas descartadas da parte superior e inferior de \mathbf{O}^* e $m'' = t * 3$.
- Calcule $\mathcal{E}_{esq} = \sum_{i=1}^{m''} \sum_{j=1}^{n/2} E_{i,j}$
- Calcule $\mathcal{E}_{dir} = \sum_{i=1}^{m''} \sum_{j=\lfloor n/2 \rfloor + 1}^n E_{i,j}$
- Defina $\mathbf{F}\{2\} = \mathcal{E}_{esq} < \mathcal{E}_{dir}$.

Esta segunda característica olha a soma dos pontos em \mathcal{E}_{esq} e \mathcal{E}_{dir} , provenientes das linhas produzidas pela convolução e detecção de bordas, para determina se a orientação da **RXT** é **Uo**, de pé $F\{2\} = 1$, ou **Do**, de cabeça para baixo $F\{2\} = 0$. O ângulo de θ em **g** produz bordas mais proeminentes das costelas esquerdas, que estão num ângulo similar quando a **RXT** está em orientação **Uo**.

A terceira característica ($F\{3\}$) é uma ligeira variação de $F\{2\}$. Seja gr uma versão em 90° do *kernel* g , e $O_r(m,n) = gr \otimes edg$, **Or*** e **Er** os equivalentes de **O*** e **E**. Podemos proceder de maneira semelhante aos passos realizados na tomada da segunda característica.

Desta forma, (1) a margem de tamanho t descartada em **Er** é contrária a de **E**, é executada aqui à direita e à esquerda, e (2) as duas somas de **Er**(**m**, **n''**) correspondem às metades superior \mathcal{E}_{sup} e inferior \mathcal{E}_{inf} , como mostrado pelas Equações 3-9 e 3-10.

$$\mathcal{E}_{sup} = \sum_{i=1}^{\lfloor m/2 \rfloor} \sum_{j=1}^{n''} Er_{i,j}. \quad (3-9)$$

$$\mathcal{E}_{inf} = \sum_{i=\lfloor m/2 \rfloor + 1}^m \sum_{j=1}^{n''} Er_{i,j}. \quad (3-10)$$

A terceira característica binária é então definido pela Equação 3-11:

$$F\{3\} = \mathcal{E}_{sup} > \mathcal{E}_{inf}. \quad (3-11)$$

Novamente, a ideia é semelhante à da segunda característica binária. No entanto, consideramos a possibilidade de a imagem de entrada **I_{RGB}** estar rotacionada em 90° . Portanto, $F\{3\} = 1$ indica que a imagem **RXT** está rotacionada à direita porque os *pixels* da borda são mais proeminentes na metade superior da imagem **RXT**.

A Figura 3.35 mostra algumas das imagens resultantes e os *kernels* que foram usados durante o processo de extração, junto a um possível vetor binário correspondente.

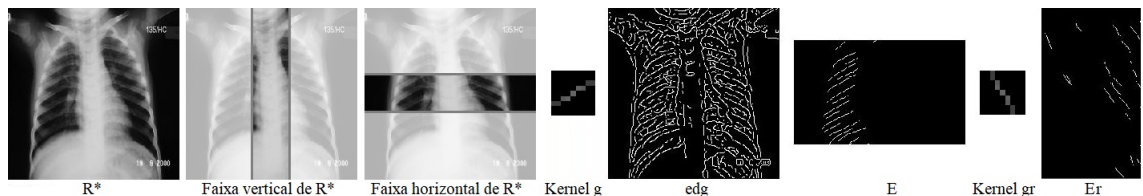


Figura 3.35: Algumas imagens e *kernels* usados no processo de extração de características. O tamanho dos *kernels* foi aumentado para melhor visualização. Valor do correspondente vetor binário $F = [1 \ 1 \ \#]$, onde $\#$ pode ser 0 ou 1.

Classificação

Para classificação da orientação, vários classificadores de aprendizado de máquina foram testados, [Máquina de Vetores de Suporte \(SVM\)](#), Naïve Bayes, Regressão Linear e [Árvore de Decisão](#), para citar alguns. Como não houve diferenças significativas de desempenho entre os classificadores, optamos por trazer aqui o classificador de [Árvore de Decisão](#) por entender ser o que melhor representa o nosso problema, além de ser de mais fácil entendimento.

Assim, realizada a extração das características, usamos uma abordagem de subamostragem aleatória de dados 70/30, em que 70% dos dados foram usados para treinamento e os 30% restantes foram usados para teste do classificador.

No conjunto de treinamento, projetamos nosso classificador de árvore de decisão com o método de validação cruzada K-dobras ($k = 10$), validado com o conjunto de teste (intra-banco de dados). Além disso, também testamos seu *design* com dados de outras bases de dados (inter-banco de dados) para avaliar a robustez e generalização da proposta.

A Figura 3.36 mostra o diagrama representativo do processo de construção e validação de nosso modelo.

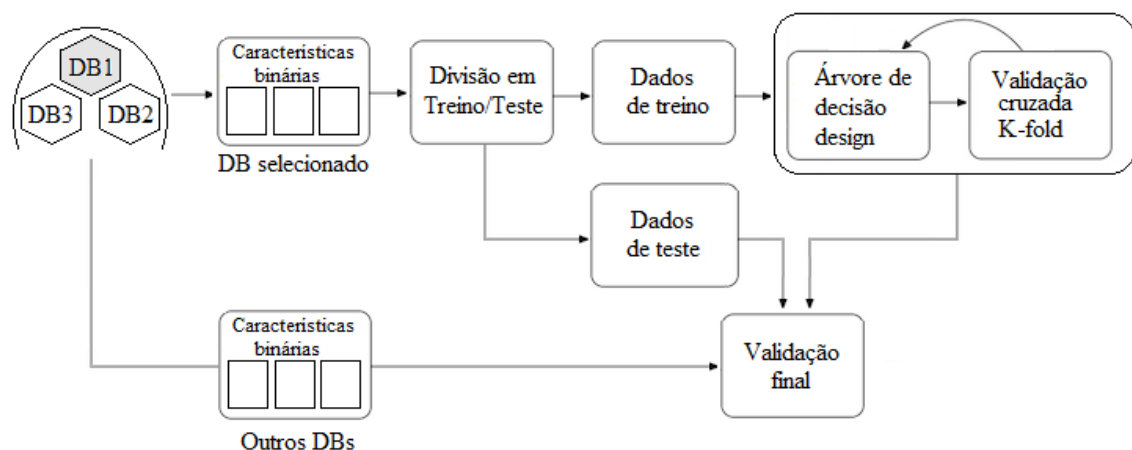


Figura 3.36: Diagrama representativo de nosso modelo de classificação.

Realizada a classificação, a correção de orientação é atingida executando uma rotação no sentido oposto ao da orientação identificada. Por exemplo, se identificada orientação **Ro** (90°) executa-se uma rotação em -90° colocando a imagem na orientação adequada **Uo** (0°).

3.6.2 Dinâmica dos Testes

Para avaliação da proposta foram usados três bancos de imagens [RXT](#) tomadas em visão [PA](#). O primeiro (DB1) com 500 imagens [PRXT](#) da nossa base IPTSP/UFG [55], o segundo (DB2) com 5.856 imagens [PRXT](#) coletadas do Centro Médico Feminino

e Infantil de Guangzhou na China [148] e o último (DB3) com 247 RXT de adultos disponibilizadas pela Sociedade Japonesa de Tecnologia Radiológica [267].

Como todas as imagens RXT estavam originalmente na orientação de 0° (rótulo **Uo**), um aumento de dados foi realizado para permitir avaliação do método. Assim, novas imagens foram criadas a partir das originais girando essas em três diferentes ângulos: 90° (**Ro**), 180° (**Do**) e -90° (**Lo**) e as associando a um correspondente rótulo. O processo multiplica o tamanho inicial de cada banco de dados por quatro e balanceia o número de imagens nas diferentes orientações.

Avaliações intra-banco de dados e inter-banco de dados

Seguindo o esquema mostrado na Figura 3.36, duas avaliações foram feitas por testes intra e inter-banco de dados.

a) Avaliação intra-banco de dados: nessa abordagem, quatro modelos de classificação foram construídos, um para cada um dos bancos DB1, DB2, DB3 e um quarto denominado DB*, resultante da união dos três primeiros. As fases de treinamento e teste foram realizadas individualmente para cada banco e os resultados são mostrados na Tabela 3.9. Note, a avaliação de DB* não é um somatório das avaliações de DB1, DB2 e DB3. Isso pode ser checado no seu número de imagens de treinamento e teste.

Tabela 3.9: Avaliação de treinamento e teste para a abordagem intra-banco de dados.

Banco de Dados	Qtde RXTs		Acurácia (%)		Área ROC
	Treino	Teste	Treino	Teste	média.
DB1	1400	600	99,4	99,8	0,999
DB2	16404	7020	99,5	99,5	0,998
DB3	692	296	100	100	1,000
DB*	18488	7924	99,5	99,5	0,998

A Figura 3.37 apresenta as matrizes de confusão obtidas nos dados de teste (30% para cada banco de dados), para DB1, DB2 e DB3, respectivamente.

A Figura 3.38 mostra a representação gráfica do nosso modelo de árvore de decisão, com as características binárias.

Avaliação Inter-banco de dados: visando verificar a robustez e portabilidade do nosso método entre diferentes bases, também realizamos uma avaliação inter-conjunto de dados. Nessa abordagem, o treinamento é realizado em um banco de dados selecionado e o teste é executado em outro banco de dados. Nessa avaliação, DB* não aparece, pois, aqui, não faz sentido, uma vez que ele reúne todos os bancos analisados. A Tabela 3.10 traz os resultados dessa avaliação.

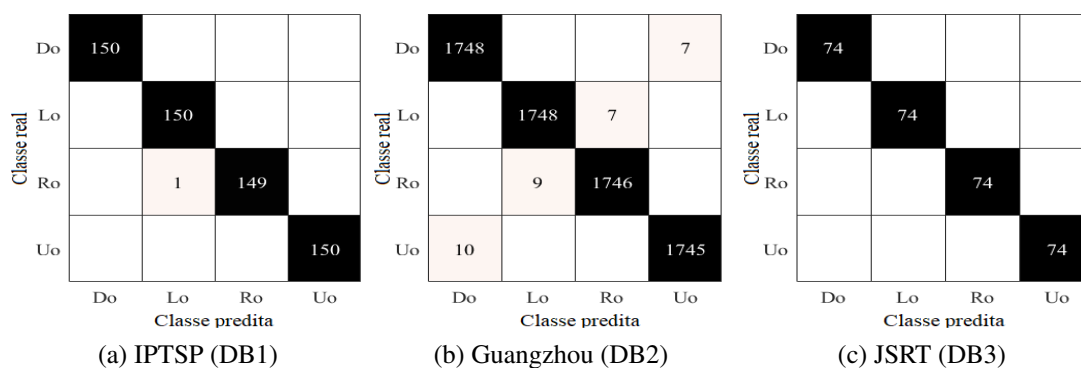


Figura 3.37: Matrizes de confusão do classificador em cada banco de dados, fase de teste.

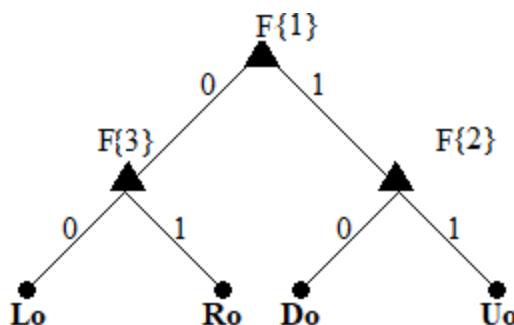


Figura 3.38: Modelo gráfico de nossa árvore de decisão.
Tabela 3.10: Avaliação para a abordagem inter-bancos de dados.

Banco de Treino	Acurácia (%)		
	DB1 Teste	DB2 Teste	DB3 Teste
DB1	99,8	99,5	100
DB2	99,5	99,5	100
DB3	99,5	99,4	100
Média	99,6	99,5	100

3.6.3 Análise dos Resultados

Os resultados da avaliação intra-banco de dados da Tabela 3.9 mostram não haver diferenças significativas de acurácia e área ROC entre bancos de dados. Também revelam o alto poder preditivo das características extraídas, corroborado pelas matrizes de confusão da Figura 3.38 onde a diagonal principal (cor preta) mostra positivos verdadeiros muito altos, quase 100% para a maioria das orientações e pouca confusão no pior caso para classificações entre orientações “Uo” e “Do” e entre “Ro” e “Lo”, diagonal secundária (cor rosa). Essas matrizes de confusão se referem a fase de teste, ou seja, aquela onde as imagens testadas não foram usadas para construir/treinar o modelo.

Em relação à avaliação inter-banco de dados cujos resultados são mostrados na Tabela 3.10 a conclusão é a mesma, não há diferenças significativas entre as bases e embora DB3 apresente 100% de acurácia independente do banco de dados usados na

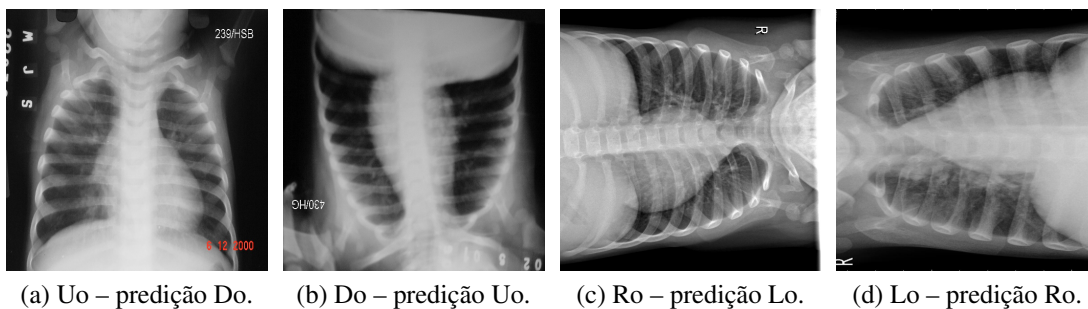


Figura 3.39: Imagens RXT (redimensionadas para 512x512) que foram incorretamente classificadas. (a-b) imagens de DB1. (c-d) imagens de DB2.

fase de treino isso só reforça a robustez do modelo e o alto nível de importância das características extraídas. A própria [Figura 3.38](#) explica o comportamento, visto que as características para a classificação são invariantes ao banco usado no treinamento.

Em relação aos erros de classificação, mesmo com os alto nível de significância dos características, a explicação pode ser encontrada na variedade dos padrões de aquisição e qualidade das imagens. A [Figura 3.39](#) traz algumas amostras de imagens RXT de DB1 e DB2 que foram classificadas incorretamente é que ajudam nessa explicação. A principal causa dos erros de classificação em nosso método está relacionada ao ângulo de inclinação das costelas, numa RXT padrão é próximo a 30° , mas nessas imagens aparecem com ângulos próximos a 0° , o que causa imprecisão na definição das características $F\{2\}$ e $F\{3\}$ que usam essa informação.

Assim, os resultados apresentados mostram que nossa estratégia de extração de características é eficiente, extrai características com alto nível de significância e garante alta precisão ao método proposto, invariante ao bando de dados selecionado ou às suas características, como idade do paciente, por exemplo. Apenas alguns erros foram apresentados e esses podem ser amenizados adicionando etapas de pré-processamento.

3.7 Considerações Finais do Capítulo

Neste capítulo, foram apresentadas propostas para o pré-processamento de imagens RXT no contexto de SRP. O papel das imagens RXT para o diagnóstico médico foi lembrado, e destacou-se a importância e impacto que a qualidade dessas imagens têm no trabalho de investigação, triagem, detecção e acompanhamento das doenças, tanto por profissionais médicos quanto por sistemas automatizados.

Em cada proposta, contextualização, motivação e objetivos próprios foram apresentados, testes e avaliações realizadas e acompanhadas de análises que detalharam o impacto para o diagnóstico. As propostas tiveram em comum a aplicação de técnicas de RP

e [PDI](#), e mostraram entre outras características o uso de poucos recursos computacionais, alta eficiência e eficácia, com resultados comparados ao da literatura relacionada.

As propostas, embora abordadas como etapas de pré-processamento para fluxos de sistemas automatizados mais complexos ([CADx](#), [PACS](#), [CBIR](#)), também constituem tarefas fins, compreendendo em alguns casos todas as etapas de um [SRP](#). Ainda, as propostas geraram publicações em veículos (inter)nacionais, relacionadas no [Apêndice A](#), o que permite o compartilhamento do conhecimento e contribui para o progresso da pesquisa relacionada.

Finalmente, salientamos que outras técnicas de pré-processamento foram usadas nesta pesquisa, mas não estão descritas no corpo deste capítulo.

Classificação de Pneumonia

Neste capítulo, iniciamos os trabalhos para cobrir nosso segundo objetivo específico. Exploramos **RP** em imagens **RXT** para auxílio ao diagnóstico da Pneumonia, a primeira das três **DPI** abordadas nessa tese.

4.1 Contextualização

Como mencionado na [Seção 2.2](#), imagens **RXT** são essenciais para o diagnóstico de doenças pulmonares, fornecendo informações relevantes sobre apresentação, local, extensão e características. Na pneumonia, por exemplo, indicando os lobos envolvidos, presença de derrame pleural e cavitação [187].

Os últimos anos têm mostrado um importante avanço do uso de técnicas de **IA** aplicadas a imagens **RXT** para auxílio à detecção e diagnóstico automático da pneumonia [150, 98, 298], com a maioria dos esforços recentes explorando técnicas de **DL** em oposição a **AAM** clássicos. Os resultados reportados impressionam em termos de sensibilidade e acurácia [114, 326, 210, 201, 42, 148, 236, 309] e apontam desempenho a níveis de radiologistas [240, 131].

Soluções **DL** são atualmente a opção de primeira ordem para muitos problemas, mas algumas ressalvas merecem atenção antes de sua adoção. Modelos **DL** exploram arquiteturas que extraem características automaticamente dos dados, se comportando com uma caixa preta, o que pode reduzir a interpretabilidade médica da saída do modelo e prejudicar a eficácia clínica de sua utilização [150].

Para produzir resultados aceitáveis, modelos **DL** exigem grande volume de dados, requerendo, por conseguinte, longos períodos de treinamento e sistemas computacionais caros [18, 139]. Modelos **DL** utilizam milhares de parâmetros que mal projetados podem enviesar resultados e reduzir generalizações. Por exemplo, ao invés de aprender padrões relacionados à doença, o modelo pode usar padrões relacionados à origem da **RXT**, equipamento de aquisição ou forma de registro [324, 284].

Embora existam iniciativas no sentido de contornar essas questões relacionadas ao uso de **DL**, pesquisas e soluções baseadas em **AAM** ainda permanecem ativas.

Importante dizer que soluções com [AAM](#) também possuem limitações, geralmente têm menor poder de generalização, obtêm resultados menos competitivos, não sendo portanto recomendadas para certos problemas. Contudo, na literatura, há muitos estudos recentes apontando soluções viáveis da aplicação de [AAM](#) na detecção de pneumonia [247, 319, 104, 59, 151, 36].

Assim, entendendo que técnicas tradicionais de aprendizagem de máquina ainda podem contribuir no suporte ao diagnóstico da pneumonia, apresentamos uma proposta baseada em [AAM](#) e técnicas de [RP](#), como alternativa às pesquisas existentes. Nossa proposta é baseada na extração de padrões radiômicos da [RXT](#), por meio da aplicação de *Wavelets* e medidas estatísticas de primeira ordem.

As *Wavelets* são uma ferramenta que fornece simultaneamente informações de tempo e de frequência de um sinal. A decomposição *wavelet* de um sinal ajuda a extrair diferentes informações do sinal principal, como partes de alta ou baixa frequência [164]. Essas informações fornecem dados dos padrões da imagem e possuem alto poder discriminante em imagens [RXT](#), e como mostrado em [205, 4] podem efetivamente indicar a presença de pneumonia.

A [Transformada Wavelet Discreta \(TWD\)](#) é uma transformada para funções discretas utilizada para analisar sinais digitais. A *wavelet* de Haar, inventada pelo matemático húngaro Alfréd Haar [164], é a primeira e também uma das mais simples funções básicas da [TWD](#). Nela, para uma dada entrada representada por uma lista de 2^n valores, ocorre uma espécie de emparelhamento dos valores de entrada, armazenando suas diferenças e passando suas somas. Esse processo é repetido recursivamente, pareando as somas para alcançar a próxima escala, que leva a $2^n - 1$ diferenças e uma soma final.

Uma imagem pode ser vista como funções bidimensionais. Assim, na análise 2-D da transformada *wavelet* em tempo discreto, o sinal é filtrado sucessivamente por filtros passa-banda, quebrando-o a cada etapa em detalhes [164].

4.2 Método Proposto

Nosso método usa a [TWD](#) de Haar para decompor (em um nível) uma imagem [RXT](#) (CA) de entrada em quatro sub-imagens, que representam os coeficientes de detalhes horizontais ($CD_{j+1}^{(h)}$), verticais ($CD_{j+1}^{(v)}$) e diagonais ($CD_{j+1}^{(d)}$) e outro, os coeficientes de aproximação (CA_{j+1}). A [Figura 4.1](#) mostra o processo da [TWD](#) de Haar.

Aplicada a transformada, de cada uma das sub-imagens são calculadas sete medidas estatísticas, para compor um vetor de características que será usado como entrada para construção de nossos modelos de aprendizagem de máquina. As medidas são nomeadamente, Diferença de variância, Energia, Entropia, Média, Desvio Padrão,

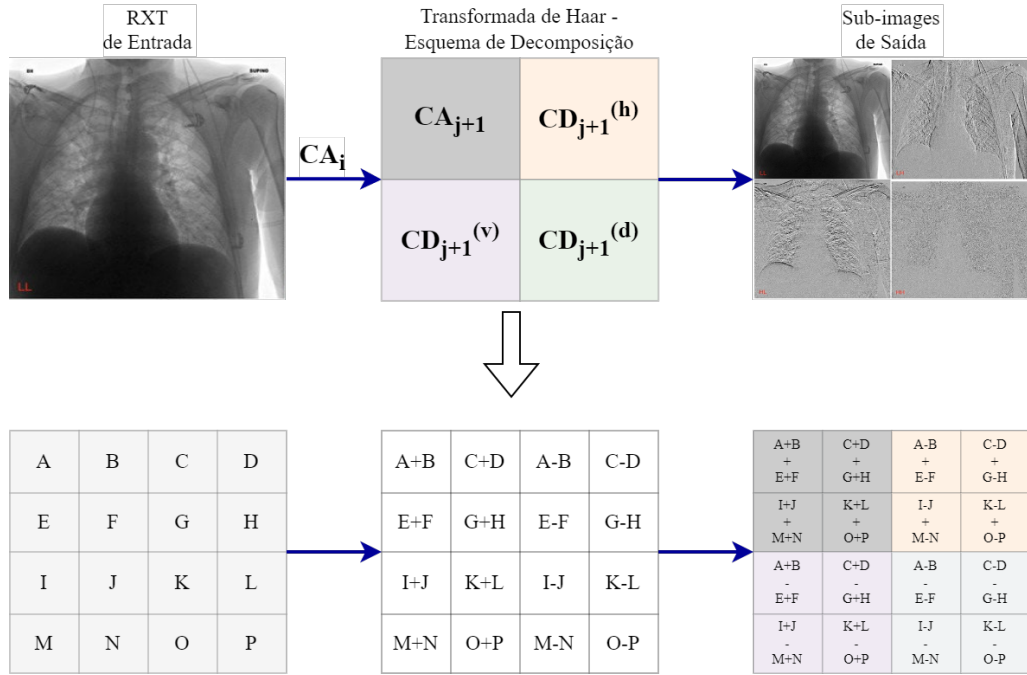


Figura 4.1: Processo de decomposição pela TWD de Haar em uma RXT de entrada. Em detalhes, passos do esquema de emparelhamento e composição dos coeficientes.

Assimetria (*Skewness*) e Variância. Desse modo, para uma dada imagem **RXT** de entrada temos um correspondente vetor com 28 características como saída.

As características de textura obtidas pelas medidas estatísticas são calculadas da seguinte forma. Seja $\mathbb{P}(i, j)$ o (i, j) -ésimo coeficiente de decomposição *wavelet*, $\wp(i, j)$ é a (i, j) -ésima probabilidade de ocorrência de um nível de cinza na imagem, $= \frac{\mathbb{P}(i, j)}{N}$, N é o número de *pixels* da imagem e $\wp_{x-y}(k)$ é igual $\sum_i \sum_j \wp(i, j)$, onde $k = |i - j|$, temos:

- Diferença de variância:

$$f_1 = \sigma^2 \wp_{x-y} \quad (4-1)$$

- Energia:

$$f_2 = \sum_i \sum_j \wp(i, j)^2 \quad (4-2)$$

- Entropia:

$$f_3 = - \sum_i \sum_j \wp(i, j) \log(\wp(i, j)) \quad (4-3)$$

- Média:

$$f_4 = \frac{1}{N} \sum_i \sum_j \wp(i, j) = \mu \quad (4-4)$$

- Desvio padrão:

$$f_5 = \sqrt{\frac{\sum_i \sum_j \{\wp(i, j) - \mu\}^2}{N - 1}} = \sigma \quad (4-5)$$

- *Skewness*:

$$f_6 = \sum \frac{\{\rho(i, j) - \mu\}^3}{\sigma^3} \quad (4-6)$$

- *Variância*:

$$f_7 = \sum_i \sum_j (i - \mu)^2 \rho(i, j) \quad (4-7)$$

4.3 Dinâmica dos Testes

Para realização dos testes foi usado o conjunto de imagens **RXT** disponibilizado por Chowdhury *et al.* [42]. A versão 3 desse conjunto é composta de imagens de 6 diferentes fontes e contêm imagens rotuladas como casos confirmados de COVID-19 (1200 **RXT**), pneumonia viral (1345 **RXT**) e outras como casos de controle ou diagnóstico normal (1341 **RXT**). Para cada imagem do conjunto foi aplicada a transformada **TWD** da Haar e extraídas suas características de textura.

Assim, tomando as 28 características extraídas e o rótulo associado de cada imagem, a próxima fase consistiu em definir um modelo de classificação eficaz para distinguir os casos de pneumonia dos casos de controle.

Em relação às características extraídas, foram analisados diferentes números e combinações dessas, e aqui reportaremos os resultados para três configurações, com 28 que correspondem a todas as características extraídas, 24 que exclui, de cada uma das 4 sub-imagens, o desvio padrão (fb_5) e 18 que adicionalmente exclui as características da sub-imagem $CD^{(h)}$ (Figura 4.1).

Na sequência dos testes, comparamos o desempenho de diversos modelos de classificadores de aprendizagem de máquina e os resultados são reportados para **Regressão Logística (RGL)** [162], **MultiClass (MCL)** [92], **Árvores de Modelo Logístico (LMT)** [159] e **SVM** [299].

Para condução dos testes e avaliação dos classificadores utilizamos ainda a técnica de validação cruzada. Essa técnica fornece uma boa medida de generalização dos modelos, ao dividir amostras de um conjunto de dados em k subconjuntos (dobras) mutuamente exclusivos, que são então usados em rodadas de treinamento e validação. A validação cruzada avalia, assim, como os resultados de uma análise estatística do modelo se generalizam para um conjunto de dados independente [190].

Assim, em nossa avaliação os dados foram divididos em 10 subconjuntos exclusivos estratificados por classe k – validação cruzada k -fold ($k = 10$) – com nove subconjuntos sendo usados para treinamento e o outro usado para validação, em um processo que se repete por dez vezes, alternando a cada vez os conjuntos de treinamento e validação. A **Tabela 4.1** mostra a divisão do conjunto pelo método de validação cruzada (treino com

90% dos dados), e um sub-conjunto teste deixado para uma avaliação final (com 10% dos dados).

Tabela 4.1: Descrição do experimental do conjunto de dados.

Rótulo/Classe	Treino		Teste	Total
	Dobra	Total		
{C} Covid-19	108	1080	120	1200 (30.9%)
{N} Normal (controle)	≈ 121	1207	134	1341 (34.5%)
{V} Pneumonia Viral	≈ 121	1211	134	1345 (34.6%)
TOTAL	≈ 350	3498 (90%)	388 (10%)	3886 (100%)

A ≈ mostrada em *Dobra* é porque o processo de divisão é realizado aleatoriamente

4.3.1 Classificação Binária

No primeiro esquema, avaliamos o poder discriminantes das características extraídas na classificação binária das imagens *RXT*. Assim, os classificadores foram treinados e testados para distinguir entre casos confirmados de Covid-19 (C) e casos de controle ou diagnóstico normal (N), entre casos Covid-19 e Pneumonia Viral (V), e por último, entre diagnóstico normal e casos de pneumonia Viral ou por Covid-19 (P). Para esse esquema, usamos os dados de treino, validação (dobra) e teste definidos como descrito na [Tabela 4.1](#), logo (P) representa a soma de (C) e (V). A [Tabela 4.2](#) mostra os resultados de acurácia obtidos pelos classificadores nas três configurações (número de características) para cada esquema binário de classificação. A matriz de confusão para o melhor resultado de cada classificador, na fase de teste, também é mostrada.

4.3.2 Classificação Multi-classe

Nesse esquema, avaliamos agora as características na classificação multi-classe das imagens *RXT*. Assim, os classificadores foram treinados e testados para distinguir entre casos confirmados de Covid-19 (C), controle ou diagnóstico normal (N) e casos de Pneumonia Viral (V). A mesma divisão de dados, descrita na [Tabela 4.1](#) é usada. A [Tabela 4.3](#) mostra os resultados de acurácia obtidos pelos classificadores nas três configurações (número de características) para esse esquema de classificação, acompanhados da matriz de confusão, para o melhor resultado de cada classificador na fase de teste.

A [Tabela 4.4](#) mostra um comparativo de desempenho da nossa proposta, com estudos da literatura que usaram dados similares aos nossos na classificação binária (CxP) e na classificação multi-classe (CxNxV).

Tabela 4.2: Acurácia para classificação binária nas etapas de treino e teste.

(a) Classificação entre casos Pneumonia Viral e Controle/Normal (VxN)

Modelo	Treinamento			Teste			Matriz de Confusão			
	Características			Características			Melhor Teste			
	28	24	18	28	24	18	VP	FN	FP	VN
RGL	96,94	96,90	97,19	98,13	97,76	97,76	129	5	0	134
MCL	96,94	96,90	97,19	98,13	97,76	97,76	129	5	0	134
LMT	96,86	96,77	97,02	97,76	97,39	96,27	128	6	0	134
SVM	97,85	97,64	97,81	98,13	98,51	97,76	130	4	0	134
Média	97,15	97,05	97,30	98,04	97,86	97,39	-	-	-	-

(b) Classificação entre casos Pneumonia Covid-19 e Controle/Normal (CxN)

Modelo	Treinamento			Teste			Matriz de Confusão			
	Características			Características			Melhor Teste			
	28	24	18	28	24	18	VP	FN	FP	VN
RGL	99,96	99,92	99,78	100	99,61	99,61	120	0	0	134
MCL	99,96	99,91	99,78	100	99,61	99,61	120	0	0	134
LMT	99,96	99,96	99,83	99,61	99,61	100	120	0	0	134
SVM	99,87	99,91	99,83	100	99,61	99,61	120	0	0	134
Média	99,94	99,92	99,80	99,90	99,61	99,71	-	-	-	-

(c) Classificação entre casos Pneumonia Covid-19 e Pneumonia Viral (CxV)

Modelo	Treinamento			Teste			Matriz de Confusão			
	Características			Características			Melhor Teste			
	28	24	18	28	24	18	VP	FN	FP	VN
RGL	99,83	99,87	99,61	99,61	99,61	100	120	0	0	134
MCL	99,83	99,87	99,61	99,61	99,61	100	120	0	0	134
LMT	99,78	99,74	99,78	100	100	100	120	0	0	133
SVM	99,83	99,78	99,74	99,61	100	100	120	0	0	134
Média	99,82	99,81	99,68	99,71	99,80	100	-	-	-	-

(d) Classificação entre casos Normal e Pneumonia Covid-19 ou Viral (NxP)

Modelo	Treinamento			Teste			Matriz de Confusão			
	Características			Características			Melhor Teste			
	28	24	18	28	24	18	VP	FN	FP	VN
RGL	97,43	97,46	97,57	97,42	97,16	97,16	247	7	3	131
MCL	97,43	97,46	97,57	97,42	97,16	97,16	247	7	3	131
LMT	97,48	97,40	97,40	97,68	97,16	97,68	246	8	1	133
SVM	94,25	94,28	94,40	93,81	94,07	93,81	232	22	1	133
Média	96,65	96,65	96,73	96,59	96,39	96,46	-	-	-	-

* Em negrito os melhores resultados na fase de teste, com melhor configuração de características. VP, FN, FP, VN são, respectivamente, verdadeiro positivo, falso negativo, falso positivo e verdadeiro negativo. Na matriz de confusão VP indicam casos C, V, e P, e VN os casos de controle/normal, para classificação CxV os casos de Pneumonia Covid-19 são considerados VP.

Tabela 4.3: Acurácia classificação entre casos Pneumonia Covid-19, Normal e Pneumonia Viral (CxNxV), nas etapas de treino e teste.

Modelo	Treinamento			Teste			Matriz de Confusão			
	Número de características			Número de características			Melhor Teste			
	28	24	18	28	24	18	C	N	V	
RGL	97,8	97,86	97,83	98,45	97,94	98,20	c	120	0	0
							n	1	133	0
							v	0	5	129
MCL	97,88	97,88	97,88	98,20	97,94	98,20	c	119	1	0
							n	1	133	0
							v	0	5	126
LMT	97,68	97,54	97,54	98,45	98,20	97,94	c	120	0	0
							n	0	133	1
							v	0	5	129
SVM	98,31	98,28	98,43	98,97	98,71	98,71	c	120	0	0
							n	0	133	1
							v	0	3	131
Média	97,92	97,89	97,92	98,52	98,20	98,26	-	-	-	-

* Em negrito o melhor resultado na fase de teste, com melhor configuração de características. VP, FN, FP, VN são, respectivamente, verdadeiro positivo, falso negativo, falso positivo e verdadeiro negativo. Na matriz de confusão VP indicam casos C, V, ou P, e os VN casos de controle/normal.

Tabela 4.4: Comparativo do desempenho com o estado da arte em tarefas de classificação binária (CxN) e multi-classe (CxNxV).

Estudo	Classes	#RXT	Modelo	ACC	TPR	TNR	PPV	F-1	AUC
Luján-García <i>et al.</i> [174]	NxP	2698	Xception	87,98	99,23	69,23	84,31	91,17	96,80
Darici <i>et al.</i> [53]	NxP	+5840	Ensemble CNNs	95,00	95,00	-	95,00	95,00	-
Mitall <i>et al.</i> [192]	NxP	5857	CapsNet + EnCC	96,36	98,28	91,14	96,77	97,52	-
Nahid <i>et al.</i> [197]	NxP	5856	CNN	97,92	97,47	94,26	98,38	97,97	-
Rahman <i>et al.</i> [231]	NxP	5247	DenseNet201	98,00	99,00	98,54	97,00	97,99	98,00
Toğaçar <i>et al.</i> [289]	NxP	5849	CNNs + SVM	98,21	98,51	97,89	97,91	98,20	99,00
Hashmi <i>et al.</i> [117]	NxP	+5856	CNNs	98,43	99,00	97,67	98,26	98,63	99,76
Yu <i>et al.</i> [322]	NxP	5856	CNN + Gnet	98,72	99,15	98,46	97,48	98,31	99,89
Nilanjan <i>et al.</i> [56]	NxP	7150	VGG19	97,94	97,56	98,08	95,02	96,27	97,70
Mannepalli <i>et al.</i> [179]	NxP	5863	CNN + SVR	97,00	97,00	-	95,00	96,00	-
Chowdhury <i>et al.</i> [42]	CxNxV	3487	CheXNet	97,46	96,61	98,31	96,61	96,61	-
Chowdhury <i>et al.</i> [42]	CxNxV	+3487	DenseNet201	97,94	-	98,80	-	-	-
Nour <i>et al.</i> [201]	CxNxV	+2905	CNN + SVM	98,97	89,39	99,75	-	96,72	99,50
Ouchicha <i>et al.</i> [209]	CxNxV	2905	CVDNet	96,69	96,84	-	96,72	96,68	-
Gupta <i>et al.</i> [114]	CxNxV	1088	CNNs Stacked	99,08	-	-	-	-	-
Aslan <i>et al.</i> [15]	CxNxV	+2905	CNN + SVM	96,29	96,42	98,12	96,42	96,41	-
Nosso estudo	NxP	3886	LMT	97,68	96,85	99,25	99,60	98,20	99,60
Nosso estudo	CxNxV	3886	SVM	98,97	99,00	99,48	99,01	99,01	99,02

+ indica o uso de aumento de dados. ACC, TPR, TNR, PPV, F-1 e AUC são, respectivamente, acurácia, sensibilidade, precisão, medida F-1 e área sobre a curva ROC.

4.4 Análise dos Resultados

A [Tabela 4.2](#) mostra que as características extraídas são representativas, e para classificação binária têm alto poder discriminante, apresentando valores de acurácia expressivos, próximos a 99%, exceto pela classificação NxP cuja melhor acurácia na fase de teste foi 97,68%. Os resultados ainda apontam que não há diferenças importantes de desempenho entre os classificadores avaliados, embora [LMT](#) tenha apresentado, majoritariamente, os melhores resultados. Sobre o número de características, a tabela também mostra que a configuração com 18 características é suficiente para discriminação entre as classes. Os menores resultados de acurácia, observados na [Tabela 4.2c](#), indicam maior dificuldade em discriminar os casos de controle/normal (N) dos de pneumonia (P), quando estes incluem conjuntamente pneumonia COVID-19 e Viral. As possíveis explicações para essa dificuldade são: i) desbalanceamento entre as classes, promovido pela união das pneumonias, que deixa a classe P com quase o dobro de amostras da classe N, ii) as características extraídas são menos discriminantes para classificação VxN, como visto na [Tabela 4.2a](#), o que também reflete na classificação NxP e iii) no conjunto de dados usado, conforme apontado por Chowdhury *et al.* [42], as imagens COVID-19 são bastante diferentes das normais enquanto nas com pneumonia Viral o mesmo não ocorre.

Para classificação multi-classe, observações semelhantes ao da classificação binária são notadas na [Tabela 4.3](#), portanto, sem diferenças relevantes quanto ao classificador utilizado ou ao número de características adotada. Ainda, a estratégia de validação cruzada, adotada na fase de treinamento, mostra boa generalização de desempenho dos modelos, refletindo em resultados bastante semelhantes na fase de teste com variações ascendentes marginais.

No sentido de investigar os resultados de maneira mais quantitativa, a [Tabela 4.4](#) mostrou uma comparação com trabalhos de ponta, em dois esquemas de classificação. Os resultados mostraram que nossa proposta, para ambos os esquemas, entrega desempenho comparável à literatura relacionada, enquanto usa modelos que requerem menos recursos computacionais e tempo de treinamento, e não requerem estratégias de aumento de dados. Como principais vantagens do método proposto estão o reduzido número de características necessárias e o alto poder de discriminação.

Os resultados da proposta são expressivos, assim como os da literatura relacionada, mas é necessário reconhecer suas limitações. Primeiro, conforme listado por [247, 319], na maioria dos trabalhos publicados até agora, nenhum estudo sobre viés dos dados é realizado, mesmo na versão mais atualizada do conjunto de dados. Além disso, essas imagens foram criadas com protocolos, padrões e configurações de equipamentos que podem não representar uma gama completa de ambientes hospitalares, e não são acompanhadas de metadados associados aos pacientes. Portanto, também não foi consi-

derado em nosso modelo de avaliação, enquanto o protocolo de anotação adotado para construir os casos de pneumonia COVID-19 não é claro. Por fim, nosso modelo considera as características de toda a imagem já que nenhum pré-processamento é realizado, desta forma, pode ser que esteja considerando outros aspectos além das características visuais das doenças para diferenciar as classes envolvidas.

Assim, consideradas as ressalvas, os resultados mostram que nossa proposta é promissora e pode representar mais um passo na construção de um sistema de apoio à triagem de pacientes com pneumonia, inclusive, com habilidade em distinguir casos de pneumonia COVID-19 de casos de pneumonia viral. Os padrões extraídos da **TWD** de Haar produzem características com alto poder discriminantes, são eficientes e eficazes, e constituem como uma alternativa de baixo custo computacional na construção de **SRP** acessíveis, portáteis e com capacidades de uso mesmo em equipamentos ou locais com poucos recursos, ou infraestrutura, típicas características das próprias imagens **RXT**.

4.5 Considerações Finais do Capítulo

Neste capítulo, apresentamos um método simples e eficiente para suporte ao diagnóstico da pneumonia. Exploramos padrões radiômicos obtidos a partir de imagens **RXT** decompostas pela **TWD** de Haar. Avaliamos o capacidade discriminatória das características em diferentes esquemas de classificação, combinando diferentes modelos de **AAM** e seleção de características. Os resultados obtidos, tanto em nossa proposta quanto nos diversos estudos comparativos, demonstram que a base de imagens **RXT** usada não é tão desafiadora, permitindo alcançar alto desempenho com métodos de diferentes categorias. No entanto, nossa proposta, comparada a esses estudos, mantém-se alinhada, distinguindo-se pelo uso de um número reduzido de características extraídas manualmente. Além disso, em oposição aos métodos de **DL**, nossa abordagem é mais simples, tem menor custo computacional e requerer menos tempo de treinamento, mesmo ao utilizar um esquema de validação cruzada pra promover generalização. Portanto, a proposta apresentada mostra-se com grande potencial tanto para apoiar o diagnóstico quanto para distinguir casos de pneumonia, com um bom equilíbrio entre custo e eficácia.

Classificação de COVID-19

Continuando os trabalhos para atingir nosso segundo objetivo específico, neste capítulo, trabalharemos um método para suporte ao diagnóstico de COVID-19 em imagens [RXT](#), a segunda das três [DPI](#) cobertas por essa tese.

5.1 Contextualização

A crise global de saúde desencadeada pela COVID-19, em dezembro de 2019, movimentou governos, sociedade civil, profissionais de saúde e científicas de todo o mundo no enfrentamento dessa doença. A rápida disseminação, alta taxa de contágio e mortalidade demandou métodos eficientes de diagnóstico e triagem para identificar casos suspeitos e auxiliar no controle da propagação do vírus.

Entre as medidas para frear a doença a testagem em massa esteve entre as principais estratégias, e o teste [RT-PCR](#) o padrão ouro para o diagnóstico, mas que em muitas partes do mundo esteve com baixa disponibilidade, além de requerer mais infraestrutura e tempo de resposta.

Testes por imagem também foram usados como alternativa completar ou mesmo substituta para o diagnóstico. A [CT](#) de tórax, por exemplo, com maior sensibilidade para COVID-19 do que o [RT-PCR](#) foi tomada como uma ferramenta de diagnóstico primário[247], porém, ainda dispendiosa e menos acessível, especialmente em países subdesenvolvidos. A [RXT](#), de outro modo, mostrou-se como uma alternativa viável, de baixo custo e rápida resposta, útil na triagem, diagnóstico e acompanhamento dos pacientes [84, 130]. Além disso, pesquisadores investigavam técnicas de [IA](#) associadas a [RXT](#) para suportar profissionais de saúde na triagem, interpretação e pré-diagnóstico, no sentido de dar resultados mais rápidos e confiáveis [220].

Os resultados das pesquisas até aqui, embora animadores, pouco se traduziram em aplicações para uso clínico [141]. Logo, novos estudos e investigações nesse campo ainda são de interesse e devem avançar até que seus resultados forneçam níveis de confiabilidade e segurança adequados para adoção em ambientes clínicos.

A grande parte das pesquisas relacionadas ao diagnóstico de COVID-19 em imagens RXT por IA concentra-se no diagnóstico através da classificação de casos normais e de infecção por COVID-19. Geralmente, utilizando-se de imagens públicas coletadas de diferentes fontes e sem qualquer definição de coorte ou protocolo conhecido. Por outro lado, em menor número, outras utilizam dados privados com coorte e protocolo específicos, mas de difícil checagem por terceiros [319, 133, 138, 149, 19, 172, 247]. Logo, embora importantes, estas pesquisas podem ter vieses de seleção e amostragem, colocando em suspeição e com alto risco de previsão seus modelos construídos.

Logo, para melhorar a eficiência, segurança e confiabilidade destes sistemas temos entre outras alternativas:

- a construção e compartilhamento de conjuntos de dados bem formatados, seguindo protocolos bem definidos e com metadados associados;
- a combinação de dados demográficos entre coortes;
- a avaliação de vieses de seleção e
- as análises de robustez e sensibilidade dos modelos construídos.

Em uma tentativa de atender a esses critérios, Tabik *et al.* [281] construíram um conjunto de dados (COVIDGR-1.0) equilibrado e homogêneo para desmitificar os níveis de sensibilidade e robustez dos modelos de classificação de COVID-19. Esse conjunto foi criado em parceria com o Hospital Universitário Clínico San Cecilio (Granada, Espanha) e contém imagens com todos os graus de severidade da doença, seguindo o *score* de RALE [310]. Além disso, os autores, como prova de conceito, criaram uma rede, que chamaram COVID-SDnet, para melhorar a capacidade de generalização de modelos de classificação de COVID-19, e alcançaram resultados satisfatórios para diferentes níveis de severidade da doença. A Figura 5.1 ilustra a escala em que o grau de severidade é definido pela quantidade de regiões da radiografia com características de consolidação e opacidades em vidro fosco.

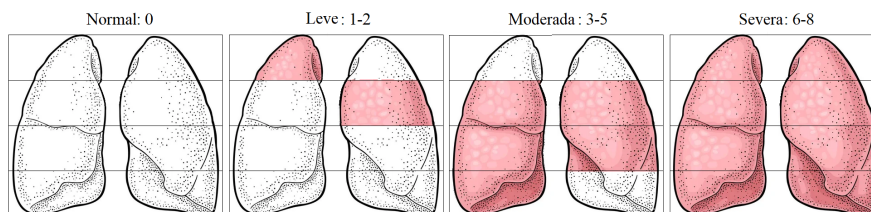


Figura 5.1: A escala de gravidade da COVID (nível por pontuação RALE) é definida pelo número de regiões com manifestações (por exemplo, consolidação, opacidades alveolares, derrame pleural). Da esquerda para a direita, imagem sem manifestação (Normal) e com regiões mais acometidas (Severa) [281]

Assim, usando o mesmo conjunto COVIDGR-1.0, propomos uma solução para auxiliar na detecção de COVID-19 e, adicionalmente, definir o grau de severidade da

doença. Nossa proposta combina segmentação dos pulmões de imagens **RXT**, extração de características por **Padrões Binários de Congruência de Fase (BPPC)** e ranqueamento e seleção das características mais relevantes por **SVM** para alimentar modelos de **Rede Neural Feedforward (FFN)** para classificação.

5.2 Método Proposto

Dando continuidade a exploração de padrões radiômicos em imagens **RXT** para construção de sistemas automatizados que auxiliem o diagnóstico de **DPI**, nessa proposta, apresentamos um método orientado a extração de características de **BPPC** [155], que é aplicado à construção de dois modelos. O primeiro modelo, usado para classificar casos **COVID-19** entre casos Normais, e o segundo, para indicar os níveis de severidade da doença. A **Figura 5.2** mostra uma visão geral das etapas da proposta.

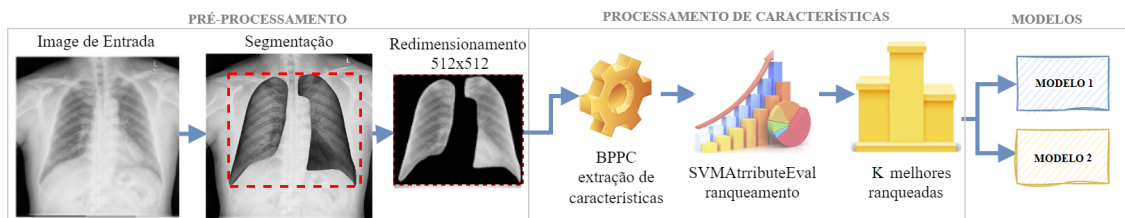


Figura 5.2: Fluxograma do método proposto para os dois modelos de classificação.

5.2.1 Segmentação dos pulmões

O problema da segmentação pulmonar já foi enfrentado e abordado com sucesso em [29, 191, 221]. Segmentar apenas os pulmões, descartando o resto da **RXT**, potencialmente elimina possíveis fontes de viés, como, por exemplo, a presença de dispositivos médicos (normalmente correlacionados a pacientes hospitalizados) ou anotações incorporadas na varredura. Outra questão é o tamanho e posicionamento do paciente, que pode implicar na inclusão de mais partes do corpo, como cabeça, braços, pescoço e estômago.

Como todas as imagens do conjunto **COVIDGR-1.0** são **RXT** frontais e incluem regiões externas aos pulmões, que não estão relacionadas à detecção da **COVID-19**, realizou-se a segmentação dos pulmões para reduzir a influência destas regiões externas presentes nas imagens, mas não relacionadas à patologia da **COVID-19**, e que poderiam, portanto, distorcer o resultado da sua detecção.

A abordagem utilizada para realização desta tarefa é um algoritmo de segmentação baseado em atlas proposto por [31]. O atlas é um conjunto de **RXT** de vários pacientes com os limites pulmonares delimitados por especialistas. O algoritmo executa primeiro

uma busca entre os modelos para encontrar aqueles com a forma do pulmão mais semelhante ao **RXT** do paciente, em seguida uma deformação e realizada nos modelos selecionados usando o algoritmo de registro de fluxo SIFT [168]. Então, o modelo do pulmão específico do paciente é definido como a média dos modelos registrados. Por fim, o sistema combina os valores de intensidade da **RXT** e o modelo definido com uma função objetivo para definir a segmentação final.

Executado o algoritmo para segmentar as **RXT**, obtemos como saída uma máscara que corresponde à região delimitada dos pulmões. Então, para garantir que partes dos pulmões não sejam perdidas neste processo de segmentação, uma operação de dilatação desta máscara é realizada com elemento estruturante em forma de disco de tamanho 25. Ao final, a máscara dilatada é então usada para definir a **ROI** pulmonar, que será redimensionada para 512×512 *pixels* e na sequência usada como entrada para etapa de extração de características. A Figura 5.3 mostra os passos desta etapa.

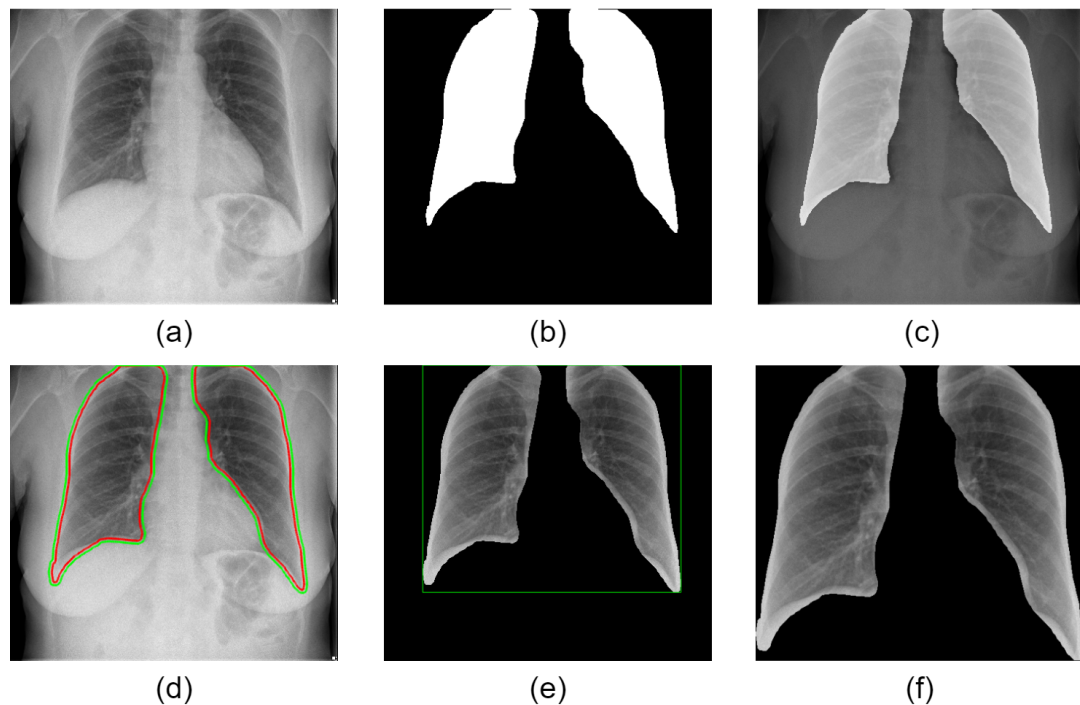


Figura 5.3: Segmentação etapas. (a) RXT do paciente; (b) máscara pelo algoritmo baseado em atlas; (c) sobreposição da máscara na RXT; (d) Em vermelho, fronteiras da máscara da segmentação pelo algoritmo baseado em atlas, em verde, fronteiras da máscara dilatada com elemento estruturante; (e) pulmões segmentados e ROI limitada e (f) Resultado do processo de segmentação a ser usado na etapa de extração de características.

5.2.2 Padrões Binários de Congruência de Fase (BPPC)

Os modelos de **Congruência de Fase (PC)** são importantes descritores de padrão, pois fornecem uma medida que é independente da magnitude geral do sinal, tornando-o

invariável a iluminação e contraste da imagem, isso porque, ao contrário de detectores de borda focados em detectar mudanças bruscas de intensidade, eles captam pontos de ordem no espectro de fase. Esse atributo dá a esses modelos, alta capacidade de descrever e distinguir imagens, desejável em modelos cujo objetivo é separar amostras entre classes [155].

Contudo, na literatura há poucos relatos do uso de **PC** em imagens **RXT**. Por exemplo, Rijal *et al.* [193] extraiu recursos estatísticos de primeira ordem (média, variância, coeficiente de variação e valores máximos) de imagens **RXT** usando seis zonas distintas de imagens **PC** derivadas da **RXT**. Além disso, Ebrahimian *et al.* [58] combinou **PC** e discriminante linear em um algoritmo para diferenciar entre manifestações de **TB** e pneumonia em **RXT**. Outras aplicações de **PC** em imagens de **RX** incluem segmentação de costelas e clavículas [12] e detecção de câncer de pulmão e pneumonia lobar [246].

No cálculo da **PC** de uma imagem, é necessária a informação da sua frequência localizada espacialmente, normalmente realizada pela transformada *wavelet* [155]. Logo, seja I uma imagem **RXT** e M_n^e e M_n^o as *wavelets* simétricas par e ímpar na escala n respectivamente. Então a resposta de cada par de filtros de quadratura forma um vetor de resposta dado por:

$$[e_n(x), o_n(x)] = [I(x) * M_n^e, I(x) * M_n^o]. \quad (5-1)$$

As informações de amplitude e fase da transformada em uma determinada escala *wavelet* são formuladas como:

$$A_n(x) = \sqrt{e_n(x)^2 + o_n(x)^2}. \quad (5-2)$$

$$\phi_n(x) = \text{atan2}(e_n(x), o_n(x)). \quad (5-3)$$

Então a **PC** é expressa como a energia local normalizada pela soma dos componentes de amplitude de *Fourier* como:

$$PC(x) = \frac{E(x)}{\sum_n A_n(x)}. \quad (5-4)$$

onde $E(x)$ é a energia local definida como:

$$E(x) = \sqrt{F(x)^2 + H(x)^2}. \quad (5-5)$$

$$F(x) = \sum_n e_n(x). \quad (5-6)$$

$$H(x) = \sum_n o_n(x). \quad (5-7)$$

Levando em consideração o ruído, característico do equipamento usado na

geração da **RXT**, a expressão de **PC** pode ser modificada da seguinte forma:

$$PC(x) = \frac{\lfloor E(x) - T \rfloor}{\sum_n A_n(x) + \varepsilon}. \quad (5-8)$$

onde o símbolo $\lfloor \cdot \rfloor$ denota que a quantidade incluída não pode ser negativa. T é um limiar de ruído determinado a partir das estatísticas da resposta do filtro aos dados calculados conforme descrito em [155] e ε é um pequeno deslocamento para evitar a divisão por zero.

Recentemente, uma variação do método baseado em **PC** tem sido aplicada a diferentes desafios devido à sua simplicidade e eficiência. Intitulada **BPPC**, esta técnica combina características de **Padrões Binários Locais (LBP)** e **PC** em um único descritor.

Essa técnica foi primeiro e efetivamente usado para reconhecimento facial [268] e posteriormente em outras aplicações [180, 51, 26, 52, 293, 189].

No **BPPC** temos os valores **PC** de cada *pixel* substituindo o valor de intensidade original calculado no **LBP** tradicional. Logo, o **BPPC** é projetado em várias fases (orientações/direções) para capturar diferentes categorias de características da imagem. Para compor essas diferentes fases, *wavelets* logarítmicas de Gabor são usadas como recurso na criação de um banco de filtros orientados.

Desse modo, o primeiro passo do **BPPC** é calcular a **PC** da imagem para cada uma das orientações, dividindo o plano de frequência uniformemente pelo número de orientações desejadas. O vetor final de características da imagem de entrada é então obtido pela concatenação dos histogramas de cada imagem **BPPC**.

Assim, adotando 177 faixas para o cálculo do histograma [293] e tomando 8 direções teremos como saída um vetor com 1416 características representando a imagem de entrada. O processo geral do método **BPPC** com essa configuração é mostrado na **Figura 5.4**.

5.2.3 Ranqueamento e Seleção de Características

No sentido de remover dados irrelevantes, reduzir sobreajuste (*overfitting*) e melhorar a precisão e generalização dos modelos, um processo de seleção de características foi realizado na sequência da extração por **BPPC**. Para essa tarefa, o algoritmo *SVMAtributeEval* [115] foi usado. Esse algoritmo avalia a importância de uma característica usando um classificador **SVM**, que então a ranqueia pelo quadrado do peso atribuído pelo **SVM**. Em modelos de múltiplas classes, o algoritmo ranqueia as características para cada classe separadamente usando a estratégia de um contra todos (OvA do inglês *One-vs-All*) e, em seguida, “negociando” do topo de cada pilha para obter um ranqueamento final. Os valores dos parâmetros usados pelo algoritmo neste trabalho são dados a seguir.

- Limiar de eliminação constante = 0,

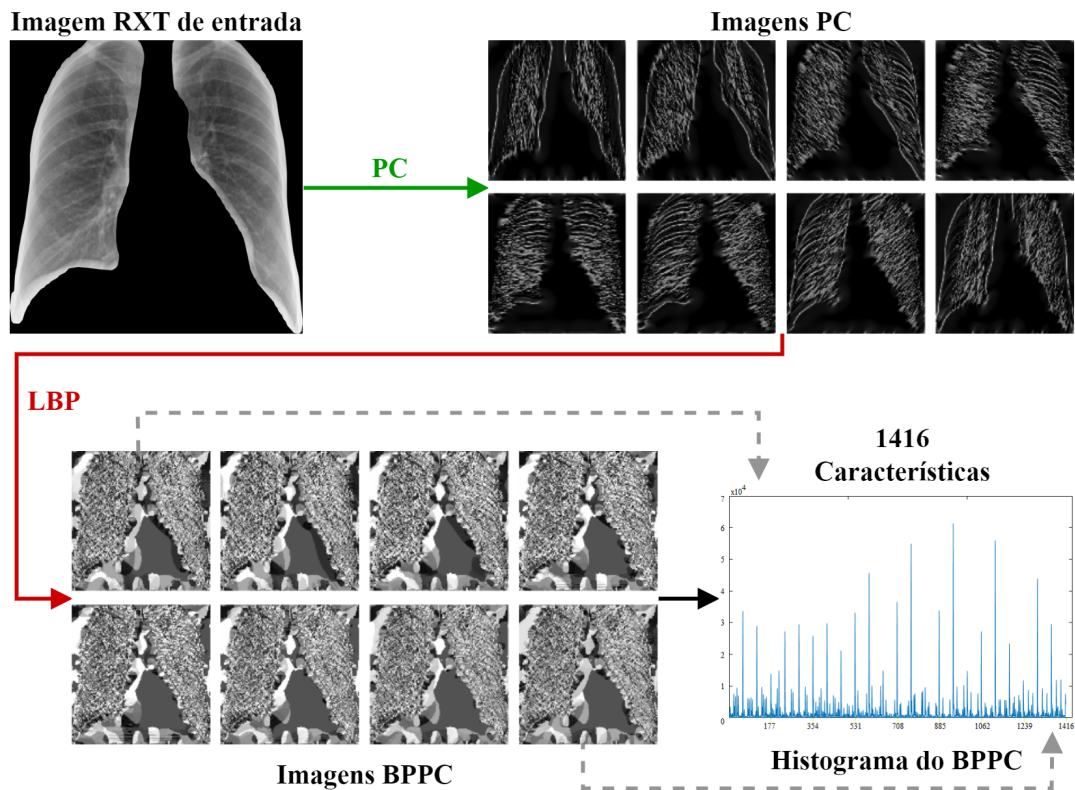


Figura 5.4: Visão geral do processo de extração de características por BPPC em uma RXT com pulmões segmentados.

- Filtragem usada pelo *SVM* = normalização dos dados de treinamento,
- Tolerância $T = 1,0^{-10}$,
- Complexidade $C = 1,0$,
- *Epsilon* $P = 1,0^{-25}$,
- Taxa constante eliminação de característica = 0,
- Taxa percentual eliminação de característica = 0 e
- Checagem do avaliador = Sim.

Realizado o ranqueamento das características, os modelos foram treinados e testados tomando de 1 à 284 características (20% das 1.416 extraídas). Esse processo foi realizado para selecionar um número suficiente de características que entregassem boa precisão aos modelos. Assim, para o nosso Modelo 1 o número de características (K) selecionadas ficou em 275, e para nosso Modelo 2 esse número foi de 199.

5.2.4 Redes *Feed-Forward* (FFN)

As Redes Neurais *Feed-Forward* (FFN) foram as primeiras e mais simples categorias de [Redes Neurais Artificiais \(RNA\)](#) desenvolvidas [263]. Nestas redes, as conexões entre os nós não formam um ciclo, de modo que as informações se movem

apenas em uma direção – para a frente – partindo dos nós da camada de entrada, e passando através dos nós das camadas ocultas até os nós da camada de saída [325].

Uma importante característica das **FFN** é sua grande capacidade de previsão, independente de dados e informações de distribuição de probabilidade, aplicadas com sucesso em uma ampla gama de aplicações médicas, incluindo a doença de Alzheimer [140], doença renal crônica [10], detecção de câncer de pulmão [14] e previsão de surtos de COVID-19 [9].

Nessa proposta, para cada modelo/esquema de classificação, construímos uma rede **FFN** específica. A primeira rede (Modelo 1), usada para diagnosticar casos de COVID-19 entre casos normais/controlados (número de classes $nC = 2$), a segunda rede (Modelo 2), para classificar os quatro níveis de gravidade dos casos de COVID-19 ($nC = 4$). Para ambas as redes, com exceções à camada de saída (valor nC) e o número de características (K) selecionadas, os demais parâmetros foram definidos igualmente – uma única camada oculta de 3 neurônios; função de treinamento de *backpropagation* de Levenberg-Marquardt [261] e de custo por erro quadrático médio, para ajuste de pesos (w) e vieses (b); função de transferência Softmax; número máximo de épocas igual a 50 e um número máximo de falhas de validação igual a 5 para prevenir sobreajustes. A **Figura 5.5** traz a estrutura básica da rede **FFN** usada na proposta, onde nC representa as classes de saída de cada modelo/esquema de classificação.

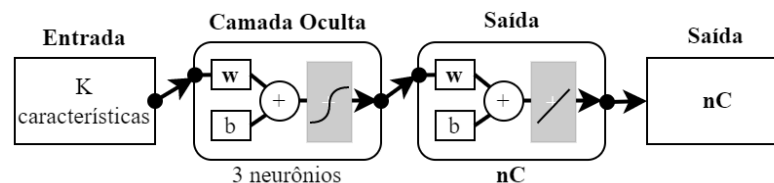


Figura 5.5: Estrutura básica de rede *Feed-Forward* usada em nossa proposta. nC é o número de classes, e K o número de características selecionadas.

5.3 Dinâmica de Testes

Como já mencionado, para essa proposta usamos o conjunto COVIDGR-1.0. Esse conjunto contém 852 imagens **RXT**, tomadas em projeção **PA**, que estão distribuídas em 426 casos positivos para COVID-19, confirmados por exame padrão ouro de reação em cadeia da polimerase – transcriptase reversa (RT-PCR+), e 426 casos negativos (normal/controlado). Os casos positivos estão divididos em 76 normais, 100 leves, 171 moderadas e 79 severas, seguindo a pontuação **RALE** conforme **Figura 5.1**. Uma descrição sumarizada do conjunto é apresentada na **Tabela 5.1**.

Para avaliação dos modelos/esquemas de classificação: a) pacientes saudáveis contra doentes (Normal x COVID-19) e, b) nível de severidade da COVID-19 (Normal

Tabela 5.1: Descrição sumarizada do conjunto COVIDGR-1.0

Classe	COVID-19	Normal
Projeção das imagens	PA	PA
Dimensão das imagens	[514-3840]×[466-300]	[492-3840]×[464-2877]
Número imagens (%)	426 (1,00)	426 (1,00)
Homens (%)	236 (0,55)	187 (0,44)
Normal RTPCR+ (%)	76 (0,18)	n/a
Leve infecção (%)	100 (0,23)	n/a
Moderada infecção (%)	171 (0,40)	n/a
Severa infecção (%)	79 (0,19)	n/a

n/a: Não se aplica.

com PCR+, Leve, Moderado e Severo) – é usado um conjunto de métricas que incluem (ACC), análise da Curva [Característica de Operação do Receptor \(ROC\)](#) e análise de regressão, entre outras. A técnica de validação cruzada com 10 dobras também é usada na avaliação, e comparações com trabalhos relacionados da literatura são realizadas.

5.3.1 Modelo 1: Detecção de COVID-19

Na avaliação do Modelo 1, classificação entre pacientes com casos normais e casos COVID-19, também é medida a resposta de sensibilidade aos diferentes níveis de severidade da infecção COVID-19. Nessa medição, usamos a mesma fórmula dada em [281] para calcular a acurácia por nível de severidade e então comparar com outros trabalhos da literatura.

Antes, porém, na [Figura 5.6](#) trazemos o resultado da avaliação da seleção de características com e sem ranqueamento pelo algoritmo *SVMAttributeEval*, tomada pela acurácia do modelo. A partir dessa avaliação, o conjunto de características com melhor desempenho de acurácia é tomado para análise dos demais resultados.

A [Figura 5.7](#) mostra os resultados do modelo com a curva da função de custo por erro quadrático médio, a matriz de confusão e as curvas [ROC](#), para as 275 características selecionada com base no ranqueamento, enquanto na [Tabela 5.2](#) temos uma comparação com estudos da literatura, da resposta de sensibilidade aos diferentes níveis de severidade.

5.3.2 Modelo 2: Classificação do Nível de Severidade da COVID-19

No Modelo 2, somente [RXT](#) com presença de COVID-19 são consideradas, [RXT](#) de pacientes com casos normais são deixadas de fora. Logo, esse modelo aborda uma nova tarefa, a classificação multi-classe dos níveis de severidade da infecção, e mede o poder da rede em avaliar a extensão da infecção nas imagens [RXT](#) com presença de COVID-19, diferente da classificação binária realizada no Modelo 1.

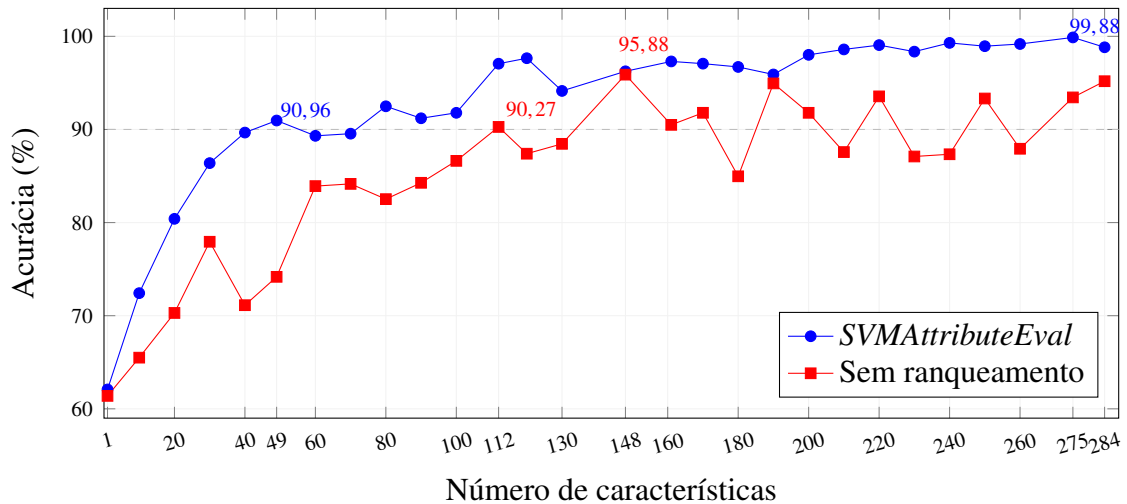


Figura 5.6: Modelo 1 (Normal x COVID-19) - Performance da acurácia em função do número de características, com e sem ranqueamento pelo algoritmo *SVMAttributeEval*.

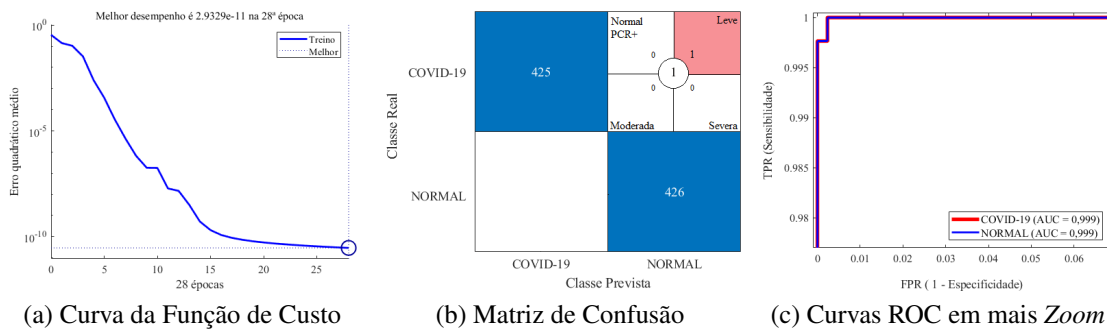


Figura 5.7: Resultados do Modelo 1 obtidos com: a) dados da primeira dobra da validação cruzada, b) dados da soma das 10 dobras, e com falsos negativos estratificados por nível de severidade e c) dados da última dobra da validação cruzada.

Tabela 5.2: Comparativo de acurácia (ACC) do Modelo 1 quanto a sensibilidade por nível de severidade.

ESTUDO	NÍVEL DE SEVERIDADE			
	Normal PCR+	Leve	Moderada	Severa
Tabik <i>et al.</i> [281]	-	46,00	85,38	97,22
Öksüz <i>et al.</i> [204]	36,92	60,51	85,95	96,36
Oh <i>et al.</i> [203] ^λ	50,00	68,42	91,43	100,00
Lin <i>et al.</i> [166]	60,00	73,68	91,43	100,00
Cores <i>et al.</i> [47]	41,63	62,40	89,38	99,50
Chauhan e Modi [38]	-	90,54	96,88	96,49
Nosso Modelo 1	100,00	99,00	100,00	100,00

λ: Valores obtidos através do trabalho de [166].

A Figura 5.8 apresenta o desempenho de acurácia na seleção de características, a Figura 5.9 os resultados do modelo com o melhor conjunto de características, para curva da função de custo por erro quadrático médio, matriz de confusão e curvas ROC.

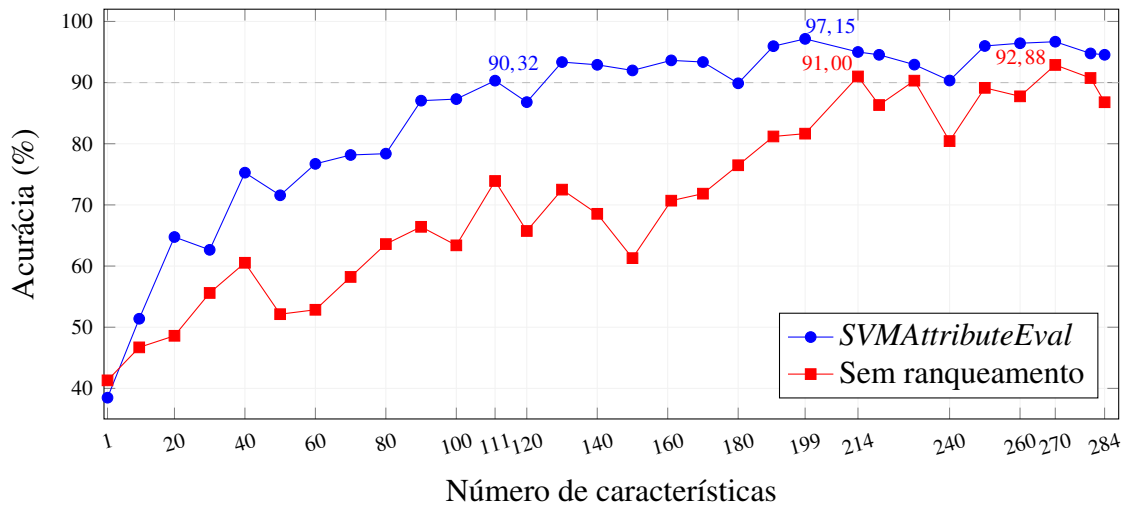


Figura 5.8: Modelo 2 (Níveis de severidade da COVID-19) - Performance da acurácia em função do número de características, com e sem ranqueamento pelo algoritmo *SVMAttributeEval*.

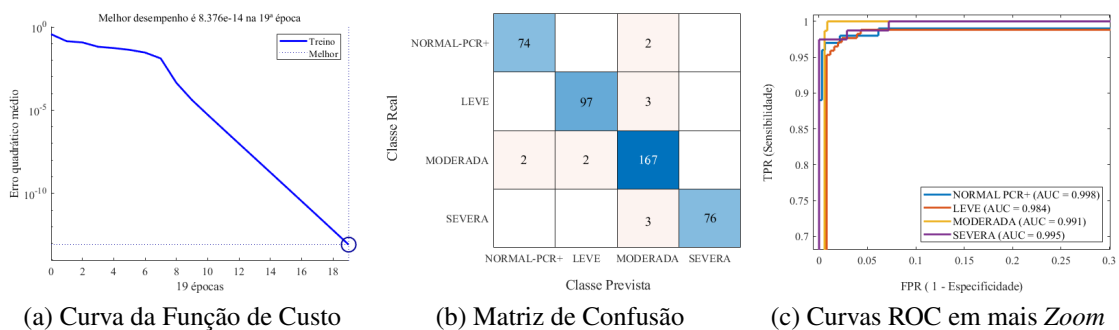


Figura 5.9: Resultados do Modelo 2 obtidos com: a) dados do primeira dobra da validação cruzada, b) dados da soma das 10 dobras e c) dados da última dobra da validação cruzada.

5.4 Análise dos Resultados

Começando pela análise do impacto do ranqueamento das características pelo algoritmo *SVMAttributeEval*. As Figura 5.6 e Figura 5.8 mostram que o ranqueamento das características melhora o desempenho de ambos os modelos. Primeiro, porque entrega ganhos expressivos de acurácia, cerca de 10% no Modelo 1 e 20% no Modelo 2, segundo, exige menor número de características para atingir maior acurácia (Modelo 1 são 49 ao invés de 112 e Modelo 2 são 111 ao invés de 214, para 90% de acurácia), e terceiro,

na adição de características selecionadas mantêm acurácia mais estável. Além disso, quando ranqueadas, as características possibilitam construir modelos com alta acurácia, superiores a 97%, ainda que usando menos de 20% das 1.416 características extraídas (275 no Modelo 1 e 199 no Modelo 2).

Seguindo nossa análise, a [Figura 5.7](#) mostra que a rede construída para no Modelo 1 tem boa resposta de precisão. O gráfico da função de custo por erro quadrático médio confirma essa precisão, apresentando baixa perda ($2,9329e - 11$) no processo de aprendizagem e rápida convergência (28^a época). A matriz de confusão com apenas um erro (caso COVID-19 com severidade leve classificado como Normal) mostra altíssima sensibilidade e extraordinária especificidade do modelo, enquanto os valores da [Área sobre a Curva ROC \(AUC\)](#), próximos de 1, confirmam a alta capacidade preditiva na classificação dos casos de COVID-19.

Da observação da [Tabela 5.2](#), relacionada à resposta de sensibilidade aos diferentes níveis de severidade, nosso modelo apresenta grande desempenho, superando os trabalhos relacionados e com especial destaque no nível Normal PCR+ onde atinge 100%. Note, esses valores são tomados da classificação binária, de modo que, a sensibilidade se dá pela resposta à detecção da COVID-19 e ao posterior cruzamento com o nível de severidade que cada imagem COVID-19 pertence.

Sobre o Modelo 2, a curva da função de custo apresentada na [Figura 5.9a](#) mostra uma descida rápida e vertiginosa (19^a época) com menor erro quadrático médio, traduzindo num modelo com boa resposta de precisão. Da matriz de confusão ([Figura 5.9b](#)), dois aspectos chamam atenção, primeiro a alta precisão do método observada pelos valores da diagonal principal (em azul), segundo a concentração dos erros no nível de severidade Moderada. Nossa hipótese é que as razões estejam em: i) desbalanceamento das classes, podendo o modelo estar favorecendo a classe majoritária e ii) processo de segmentação que pode potencialmente exclui partes dos pulmões, principalmente aquelas mais comprometidas pela infecção COVID-19.

Ainda em relação ao Modelo 2, a [Figura 5.9c](#) mostra que nossa proposta entrega bom desempenho com independência à distribuição de classes, e apresenta valores de [AUC](#) superiores as 98% para todas as classes, demonstrado alto poder preditivo para diferentes pontos de corte ou observação.

Finalizando a análise, na [Tabela 5.3](#) trazemos uma comparação com estudos da literatura, que abordaram a mesma tarefa e usaram o mesmo conjunto de dados COVIDGR-1.0. Os resultados da tabela mostram que nossa proposta supera as abordagens anteriores com grande margem em todas as medidas avaliadas. Além disso, nossa proposta usa poucas características, superior apenas ao estudo [103] com 128 características (mesmo com esse número obtêm melhor resultado como visto na [Figura 5.6](#)), têm uma arquitetura de rede mais simples, com apenas uma camada oculta e 3 neurônios, e

requer menos recursos computacionais, como menor tempo e memória para construção, treinamento e teste. Por fim, nosso Modelo 2, proposto como uma nova tarefa de classificação, mostra excepcional desempenho com resultados que habilitam seu uso como um segundo passo para classificação dos níveis de severidade da infecção por COVID-19.

Tabela 5.3: Comparativo da detecção de COVID-19 com estudos da literatura.

Estudo	$\leq nC$	Método	ACC ($\mu \pm \sigma$)	TPR	TNR	PPV	F-1	AUC
Tabik <i>et al.</i> [281]	M	COVID-SDNet	81,00 \pm 2,87	76,80	85,20	84,23	80,07	-
Panetta <i>et al.</i> [212]	M	P.Fibonacci, SVM	75,11 \pm 1,76	72,65	77,72	76,41	74,03	-
Oksuz <i>et al.</i> [204]	605	Xception, SVM	76,06 \pm 2,00	*78,64	*73,47	*74,78	*76,66	-
Gazda <i>et al.</i> [103]	128	Resnet-50	79,50	83,50	75,60	-	78,80	86,60
Lin <i>et al.</i> [166]	M	AANet	*84,30	*83,15	*85,54	*86,05	*84,57	-
Fang <i>et al.</i> [67]	M	MSRCovXNet	82,20 \pm 2,83	82,01	82,35	85,12	83,46	-
Zhao <i>et al.</i> [327]	M	SC2Net	84,23 \pm 3,39	77,05	90,12	86,89	81,31	-
Cores <i>et al.</i> [47]	M	CBIR, EMD	81,13 \pm 2,76	83,96	75,12	85,30	79,68	-
Chauhan e Modi [38]	M	AMSF-ChexNet	78,00	67,00	88,00	85,00	80,00	-
Nosso Modelo 1	275	BBPC, SVM, FFN	99,88 \pm 0,01	99,88	99,88	99,88	99,88	99,99
Nosso Modelo 2 (μ)	199	BBPC, SVM, FFN	97,15 \pm 0,08	97,06	98,92	97,69	97,38	98,76

$\leq nC$ Menor número de características usadas pelos modelos avaliados, onde **M** representa milhares de características, * valores estimados a partir dos resultados disponíveis no trabalho citado. μ : média, σ : Desvio Padrão, **ACC**: Acurácia, **TPR**: Sensibilidade, **TNR**: Especificidade, **PPV**: Precisão, **F1**: Medida F-1 e **AUC**: Área sobre a curva.

5.5 Considerações Finais do Capítulo

Neste capítulo, continuamos a exploração de técnicas de **RP** para suporte ao diagnóstico de **DPI** em imagens **RXT**. Uma proposta para detecção e classificação de severidade de casos COVID-19 foi apresentada. Nossa proposta investigou o uso de **BPPC** no contexto da imagiologia médica. Um processo de ranqueamento e seleção via avaliação de características por **SVM** foi utilizado e então usado para alimentar modelos **FFNs** com as características mais relevantes. Dois modelos destas redes foram construídos e avaliados em um esquema de validação cruzada com 10 subconjuntos. Os modelos atingiram desempenho superior a estudos relacionados em todas as métricas avaliadas.

Os resultados mostraram que a proposta é promissora e pode representar mais um passo na construção de sistemas de apoio a rastreamento e detecção de COVID-19, com o Modelo 1 apresentando sensibilidade de 100% em imagens **RXT** sem marcas

aparentes de infecção (NORMAL-PCR+). A proposta apresentada é eficaz e requer poucos recursos computacionais, número reduzido de características, permitindo sua adoção em equipamentos portáteis e com configuração limitada.

Ademais, nossa proposta combina o uso de [FFN](#) e [BPPC](#), que é, até onde sabemos, o primeiro método totalmente automático a usar [BPPC](#) em imagens [RXT](#).

Classificação de Tuberculose

Neste capítulo, trabalhamos propostas para auxílio à detecção e diagnóstico da TB, a última das três DPI cobertas por essa tese. São apresentados dois experimentos conduzidos em diferentes conjuntos de dados de imagens RXT, para diferentes cenários e configurações de classificação e abordando técnicas de RP.

6.1 Contextualização

O uso de IA para detectar TB na RXT progrediu significativamente nas últimas três décadas. Mais recentemente, as RNA impulsionaram um rápido progresso na análise de imagens médicas, onde a detecção e o diagnóstico de TB estão surgindo como áreas de interesse de pesquisa [156].

Nesse sentido, fortalece a percepção da comunidade científica de que os principais benefícios de tais tecnologias são o suporte aos profissionais de saúde que atuam em regiões com poucos recursos [158].

Pesquisadores em todo o mundo tem investigado e desenvolvido soluções computacionais para diagnóstico e triagem de TB em imagens de RXT. Esses usando várias técnicas computacionais e métodos de IA para extração de padrões de imagens RXT, indo do aprendizado de máquina clássico aos modelos DL, de estratégias artesanais às automáticas. Na literatura, diversas revisões mostram a transformação deste campo de pesquisa ao longo tempo [137, 223, 156, 28]. [127, 129] apresentou uma pesquisa abrangente de métodos CADx para detecção de TB, cobrindo trabalhos importantes para todas as quatro fases comumente adotadas nesses sistemas.

Para auxiliar especialistas no diagnóstico de casos de TB, pesquisadores têm combinado extração artesanal de características em RXT com métodos de aprendizado de máquina. [135] explorou abordagens para detecção de objetos usando padrões baseados em histogramas e descritores de recuperação de imagem CBIR, como textura, cor e borda. Em seguida, eles usaram um classificador de regressão logística linear, alcançando os melhores resultados no conjunto de dados de Shenzhen, com 90% de precisão e 84% de AUC. Em 2014, [275] apresentou uma avaliação de classificadores para pneumonia em

CADx com base na extração de características de nove sub-espacos de *Wavelets* de Haar. Uma combinação de extração de características Gist e **Histograma Piramidal de Gradientes Orientados (PHoG)** é experimentada por [37] em pulmões segmentados de imagens **RXT** com seleção pelo Qui-quadrado, atingindo 90,5% **AUC** com um classificador **SVM**.

Outras categorias de estratégias de extração e seleção de características também foram experimentadas com vários descritores, predominantemente histogramas, forma, texturas, canais de cor e arestas [273, 295, 122, 297], padrões binários [90, 320] e **Características Robustas Aceleradas (SURF)** [8]. Entre os métodos de aprendizado de máquina, os mais usados são **SVM**, **Perceptron Multicamadas (MLP)** e **Regressão Logística Linear (RLL)**.

Modelos **DL** têm sido usados principalmente para re-treinar ou transferir aprendizado, usando pesos de diferentes modelos ou domínios [171, 158, 1, 198, 120, 170, 232, 238, 199], outros usando modelos **DL** para refinar parâmetros de ajuste [169, 110, 237, 196] e alguns pesquisadores construindo e treinando modelos **DL** a partir do zero [128, 279, 214, 294, 7]. Além disso, **Extração de Características Profunda (DFE)**, extraídas de modelos **DL**, também são combinadas com **AAM** para selecionar características mais significativas e classificar automaticamente casos de **TB** [235, 110, 254, 276, 142, 206].

As primeiras e mais simples categorias de **RNA**, ou seja, **FFN**, também são usadas na pesquisa relacionada à **TB** [61, 207, 54, 76, 152, 79]. O excelente desempenho e capacidade preditiva da **FFN**, combinado ao tamanho, muito menor que modelos **DL**, colocam essas redes com uma opção de baixo custo e alta efetividade no auxílio ao diagnóstico de **TB**.

Nesse sentido, dado o exposto e buscando contribuir com esta área, exploramos nesta proposta soluções computacionais de baixo custo e alta eficiência para auxiliar no rastreamento, diagnóstico e identificação dos estágios de **Tuberculose Pulmonar (TBP)**, especialmente desenvolvida para regiões, ambientes e equipamentos com poucos recursos. Nossa proposta, com enfoque originalmente brasileiro, tem como um dos objetivos a busca ativa da **TB**, a fim de melhorar o controle da doença.

Exploramos técnicas de **RP**, principalmente, combinando **FFN** e extração de características por **BPPC**. Diferentes modelos de classificação são criados e avaliados com e sem uso de etapas de pré-processamento. Na sequência, são descritos em detalhes 2 experimentos realizados nesse contexto, que exemplificam parte de nossas estratégias.

6.2 Experimento 1

6.2.1 Método Proposto

Nesse primeiro experimento, a proposta é continuar a explorar o poder dos Padrões Binários de Congruência de Fase (BPPC). Com na proposta anterior (classificação de COVID-19), também extraímos características radiômicas das RXT por BPPC e as ranqueamos com o algoritmo *SVMAttributeEval*. A diferença aqui é que usamos no BPPC somente 6 direções no cálculo das PC, ao invés de 8 da proposta anterior, com isso temos agora 1062 características representando a imagem RXT ao invés de 1416 anteriores. Outra diferença, temos agora nova estratégia de seleção de características, baseada em Seleção Reversa Sequencial (SBS), e outro classificador, o algoritmo de Otimização Mínima Sequencial (SMO). Adicionalmente, realizamos experimentos para checar o possível impacto do processo de segmentação das imagens RXT. Assim, a classificação de casos normais e TB é avaliada para três cenários distintos: (1) tomando toda a imagem RXT, sem qualquer segmentação; (2) tomando o recorte em caixa da região dos pulmões e (3) considerando apenas a região segmentada dos pulmões. A Figura 6.1 traz uma visão das etapas do método.

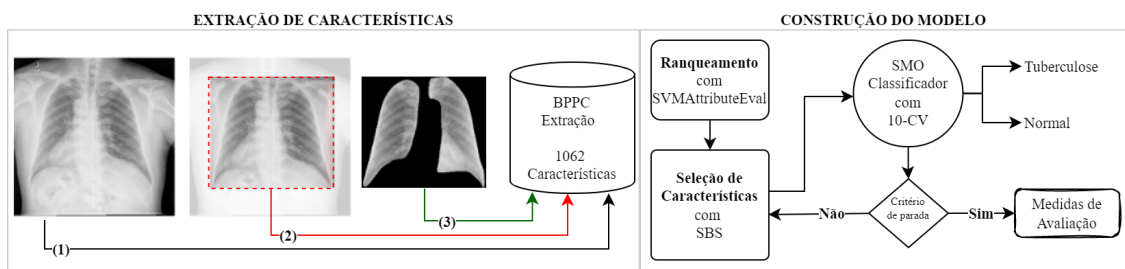


Figura 6.1: Etapas do método de detecção de tuberculose por extração e seleção de características por Padrões Binários de Congruência de Fase (BPPC) e Algoritmo *SVMAttributeEval*. Extração de características ocorre em três cenários de segmentação.

Algoritmo Otimização Mínima Sequencial (SMO)

O algoritmo SMO é uma resposta avançada desenvolvida por John Platt para treinar um SVM. Como o treinamento de um SVM requer uma resposta a um problema de otimização de Programação Quadrática (PQ) massiva, a solução SMO divide esse problema de PQ em uma série de problemas de PQ menores possíveis, resolvidos analiticamente. Essa solução evita o uso de uma otimização PQ numérica demorada como um *loop* interno. Ao mesmo tempo, o uso de memória é linear ao tamanho do conjunto de treinamento, o que permite que o SMO manipule conjuntos de treinamento substanciais. Além disso, como a computação de matriz massiva é evitada, o SMO escala em algum lugar entre linear e quadrático no comprimento do conjunto de treinamento para vários

problemas. Finalmente, o tempo de computação do **SMO** é controlado pela avaliação do **SVM**, então o **SMO** é mais rápido para **SVMs** lineares e conjuntos de dados esparsos [224, 145].

Neste estudo, diagnosticamos a Tuberculose classificando as imagens de **RXT** como Normal (saudáveis) ou com Tuberculose. Usamos a implementação **SMO** que normaliza todos os recursos por padrão (neste caso, os coeficientes na saída são baseados nos dados normalizados, não nos dados originais — isso é importante para interpretar o classificador). Além disso, também utilizamos a precisão do algoritmo como função objetivo no processo de seleção de atributos, conforme explicaremos a seguir.

Seleção Reversa Sequencial (SBS)

Depois de ranquear as características da mais para a menos significativas pelo algoritmo *SVMAttributeEval*, realizamos um processo de seleção de característica usando o método **SBS** [243] tomando a precisão do classificador **SMO** como função objetivo. Primeiro, para otimizar e reduzir os custos computacionais de construção dos modelos, definimos um teto para o número de características a serem testadas em cada conjunto de dados. Esse teto ficou definido com 30% do número de imagens no respectivo conjunto de dados, então temos 42, 199 e 240 características para os conjuntos de dados **MC**, **SH** e agrupamento **Montgomery-Shenzhen (MCSH)**, respectivamente. Portanto, começamos com 30% e removemos características menos significativas que mantiveram ou melhoraram a precisão do modelo a cada iteração. O método termina quando percorre todo o vetor de características, e nenhuma remoção é feita, resultando em nosso modelo final, conforme mostrado na [Figura 6.1](#).

6.2.2 Dinâmica de Testes

Em nossos testes, dois bem conhecidos conjuntos públicos de imagens **RXT** de tuberculose foram usados. O conjunto **SH** da China com 662, e o conjunto **MC** dos Estados Unidos com 138 imagens **RXT** [135]. Adicionalmente, agrupamos os dois conjuntos para criar um conjunto maior, e que aqui é nomeado por **MCSH**. Para cada conjunto de imagens, treinamos e testamos o classificador **SMO** com esquema de validação cruzada com 10 dobras e avaliando número de características e cenários de segmentação. Definido o número de características com melhor acurácia, em seguida comparamos os resultados com estudos da literatura, para cada cenário.

A [Tabela 6.1](#) apresenta uma descrição resumida dos conjuntos de dados, enquanto suas imagens **RXT** e máscaras pulmonares (relativas a segmentação dos pulmões) podem ser baixadas, respectivamente, em nih.gov e kaggle.com.

Tabela 6.1: Breve descrição das imagens RXT nos conjuntos de dados.

Conjunto	Montgomery (MC)	Shenzhen (SH)	MCSH
No. TB+ cases	58	336	394
No. Normal cases	80	326	406
Resolução das Imagens	4020 × 4892	948-3001 × 1130-3001	-
Idade média (anos)	33,1 ± 18,1	33,4 ± 14	33,3 ± 14,7
Homens (%)	44,2	66,4	62,6
TB+ derrame pleural (%)	12/58 (20,7)	22/336 (6,5)	34/394 (8,6)
TB+ miliar (%)	2/58 (3,5)	3/336 (0,9)	5/394 (1,3)
TB+ cavitação (%)	11/58 (19)	34/336 (10,1)	45/394 (11,4)

TB+: Casos positivos para Tuberculose

6.2.3 Avaliação dos Resultados

Iniciamos nossa avaliação pelo gráfico da [Figura 6.2](#), que mostra a relação entre a acurácia do método, o número de características e os cenários de segmentação para o conjunto **MC**. Esse gráfico mostra que a máxima acurácia pode ser alcançada com 27, 31 e 36 características, respectivamente, nos cenários sem segmentação, pulmões segmentados e recorte em caixa. Na [Figura 6.3](#) temos as matrizes de confusão da melhor acurácia alcançada, para cada um desses cenários de segmentação.

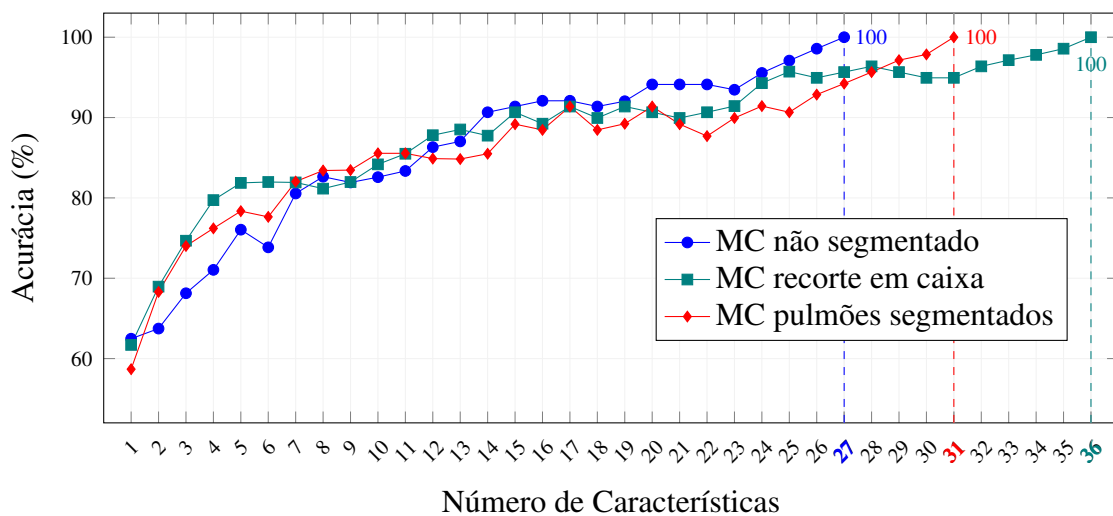


Figura 6.2: Performance da acurácia em função do número de características no conjunto MC, para os três cenários de segmentação.

Na [Figura 6.4](#) e [Figura 6.5](#), temos o gráfico e as matrizes de confusão do modelo para o conjunto **SH**. A máxima acurácia é alcançada com 166 características nas **RXT** não segmentadas, com 174 nas **RXT** com recorte em caixa e com 183 nas **RXT** com pulmões segmentados. Esse número de características é bem superior ao do conjunto **MC**, mas mantém-se proporcional ao tamanho do conjunto, indicando uma relação entre

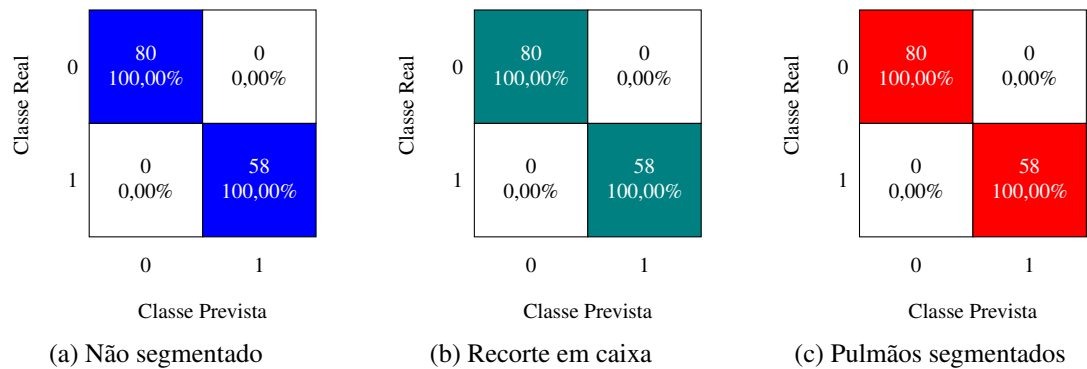


Figura 6.3: Conjunto MC - Matrizes de confusão médias para cada esquema de segmentação, usando a melhor acurácia da etapa de seleção de características, com classes Normal (0) e TB (1).

o tamanho do conjunto e o número de características necessárias para atingir a melhor acurácia ($\approx 1/5$ característica/RXT).

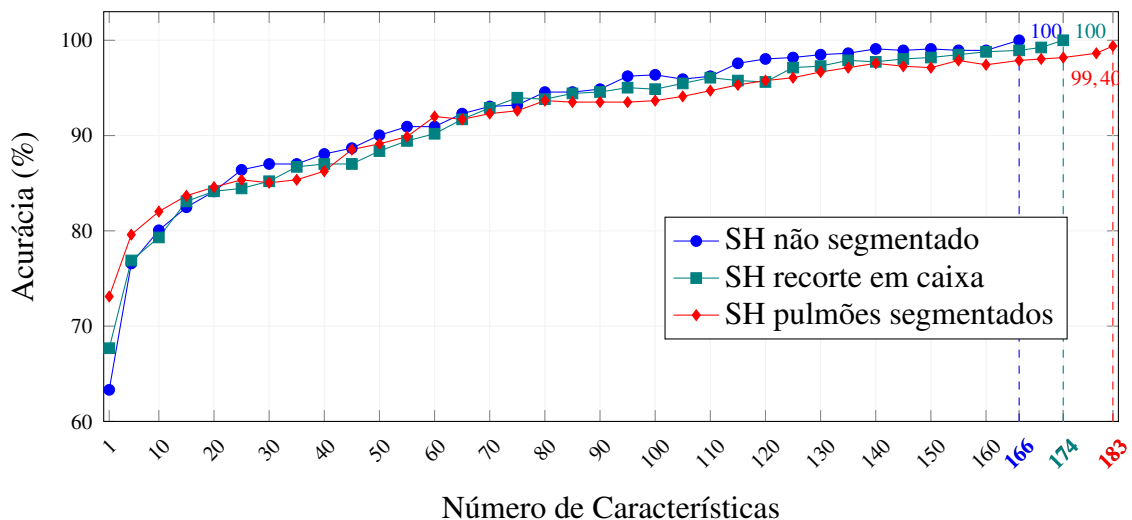


Figura 6.4: Performance da acurácia em função do número de características no conjunto SH, para os três cenários de segmentação.

Na [Figura 6.6](#) e [Figura 6.7](#), agora temos o gráfico e as matrizes de confusão do modelo para o conjunto **MCSH**, resultado da combinação dos dois primeiros. O modelo alcança os melhores resultados de acurácia com 214, 224 e 228 características, nas **RXT** com recorte em caixa, não segmentadas e com pulmões segmentados, respectivamente. Novamente, a relação entre número de características e tamanho do conjunto se mantém.

Ao analisar esses gráficos, que mostram a relação entre a acurácia do método, o número de características e os cenários de segmentação nos três conjuntos, podemos notar alguns pontos, primeiro, o limite de seleção de características de 30% mostra-se suficiente para alcançar altas taxas de acurácia; segundo, mesmo que o tipo de

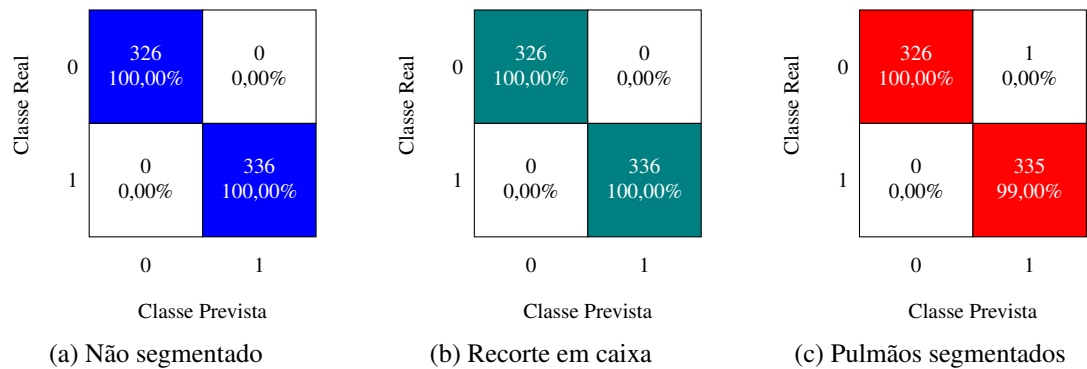


Figura 6.5: Conjunto SH - Matrizes de confusão médias para cada esquema de segmentação, usando a melhor acurácia da etapa de seleção de características, com classes Normal (0) e TB (1).

segmentação e tamanho do conjunto influencie no número de características selecionadas, isso não impede o alcance da acurácia máxima. Esses pontos sugerem que nossa estratégia de extração e seleção de características, juntamente com o modelo de classificação, apresenta uma boa capacidade de distinguir casos normais de TB, independentemente da segmentação adotada. Por outro lado, é preciso uma melhor avaliação do quanto o modelo se mantém estável à medida que o tamanho do conjunto aumenta em maior proporção, do contrário pode ocorrer do número de características extraídas ser insuficiente para discriminar corretamente as classes ou atingir os 30% definidos para seleção.

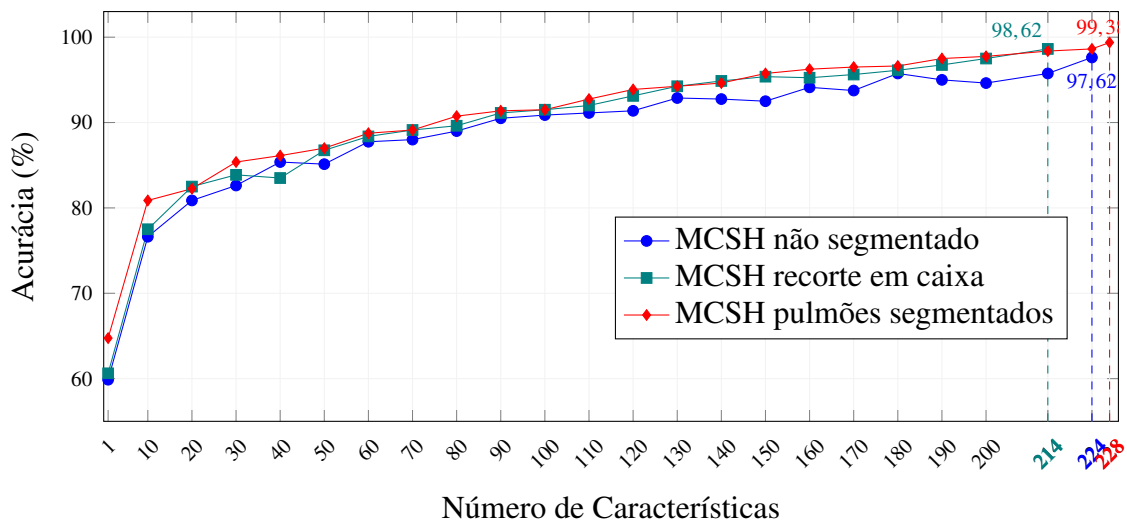


Figura 6.6: Performance da acurácia em função do número de características no conjunto MCSH, para os três cenários de segmentação.

Para auxiliar a compreender a complexidade da tarefa abordada, e o quanto a resposta do modelo proposto é eficiente na discriminação das classes, na Figura 6.8, Figura 6.9 e Figura 6.10 trazemos gráficos de incorporação estocástica de vizinhos distribuí-

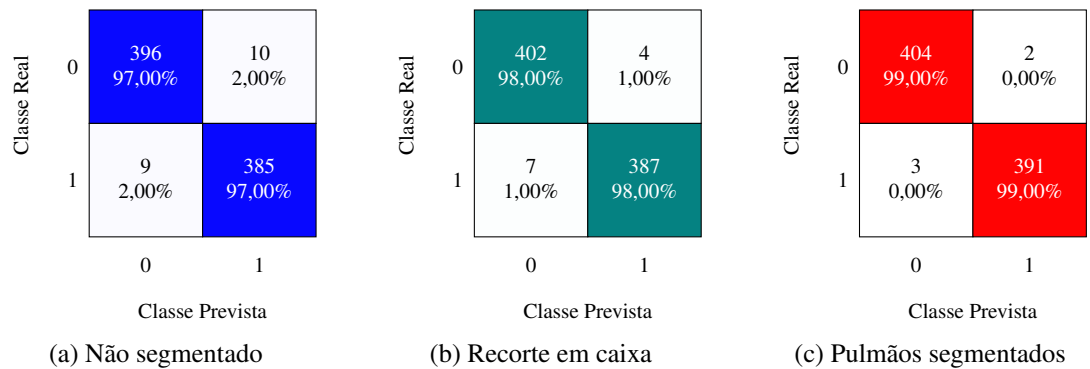


Figura 6.7: Conjunto MCSH - Matrizes de confusão médias para cada esquema de segmentação, usando a melhor acurácia da etapa de seleção de características, com classes Normal (0) e TB (1).

dos (t-SNE do inglês *t-distributed Stochastic Neighbor Embedding*) [296]. Essas figuras mostram a dispersão dos dados no conjunto MCSH, com as características selecionadas em cada cenário de segmentação, usando diferentes medidas de distância, e tomando uma distribuição uniforme entre classes.

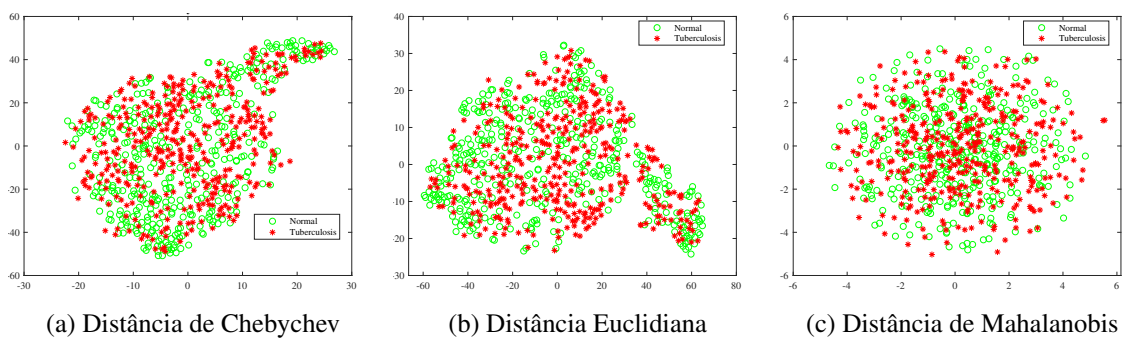


Figura 6.8: t-SNE das 224 características do conjunto MCSH não segmentado.

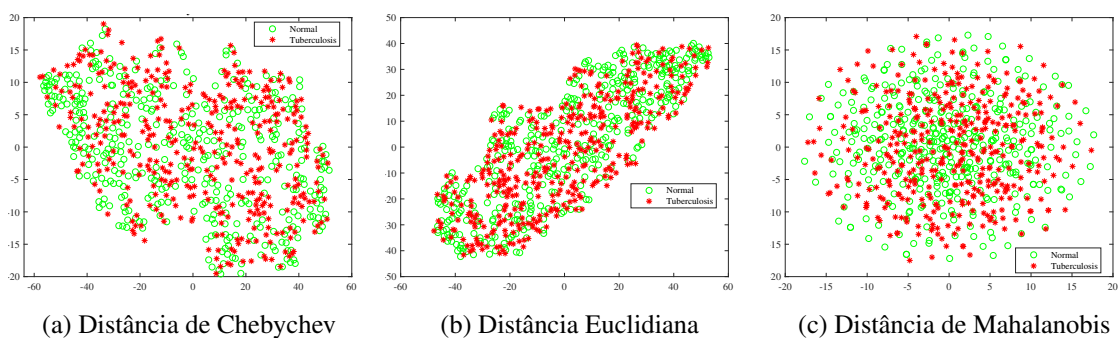


Figura 6.9: t-SNE das 214 características do conjunto MCSH recorte em caixa.

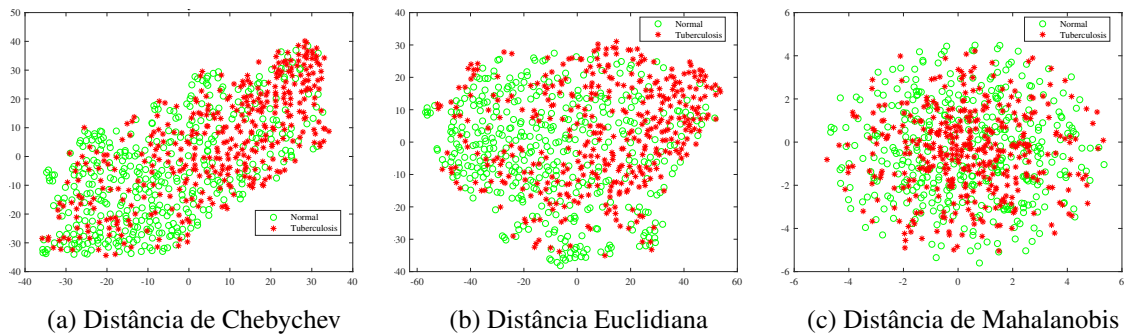


Figura 6.10: t-SNE das 228 características do conjunto MCSH pulmões segmentados.

Na sequência de nossa análise, uma comparação com trabalhos relacionados, para cada cenário de segmentação é traçada. Iniciando com o cenário sem segmentação, a [Tabela 6.2](#) mostra que nossa proposta tem resultados iguais ou superiores aos trabalhos relacionados, para todas as medidas avaliadas, mesmo no conjunto [MCSH](#), que apresenta menor desempenho, supera os trabalhos de [110] e [196], ainda que considerado o desvio padrão das 10 dobras da validação cruzada. Nosso modelo, portanto, diferencia-se dos trabalhos relacionados, por combinar um modelo de classificação e processo de extração de características mais simples, entrega características radiômicas com alto poder discriminante e requer menos poder computacional ou tempo de treinamento. Por outro lado, os trabalhos relacionados usam modelos de aprendizagem profunda, com milhares de parâmetros/características, exigindo maiores recursos computacionais e podendo estar mais suscetíveis a sobre-ajuste.

Considerando agora os trabalhos que realizam a segmentação em recorte, a [Tabela 6.3](#) apresenta os resultados em comparação com a literatura. Para esse cenário de segmentação, menos trabalhos foram encontrados, contudo, assim como no cenário sem segmentação, nossos resultados indicam excepcional desempenho, superando com grande margem os trabalhos relacionados, em todas as medidas.

Na [Tabela 6.4](#) temos a comparação com estudos da literatura que realizaram a segmentação pulmonar. Destaca-se, que nesse cenário de segmentação, as características radiômicas são extraídas somente da região de interesse. Entendemos, portanto, que esse cenário de segmentação é o que produz os melhores padrões, respondendo pelas características radiômicas mais fidedignas às patologias sob análise. Assim, os resultados alcançados por nossa proposta mostram que a estratégia adotada para extração e seleção de características, de fato captura os padrões discriminantes necessários para classificar com precisão as imagens [RXT](#) com diagnóstico Normal daquelas com [TB](#).

Para esse cenário de segmentação, os resultados de [232] e [196], no conjunto [MCSH](#), são similares aos nossos no desvio padrão, contudo, são obtidos de modelos de maior porte e complexidade, requerendo, como já dito, mais esforço computacional e

Tabela 6.2: Sem segmentação - Comparação da detecção da tuberculose com alguns trabalhos relacionados.

Estudo	Metodologia	Conjunto	Resultado nos Testes (%)			
			ACC $\pm\sigma$	TPR	TNR	AUC $\pm\sigma$
Lakhani e Sundaram [158]	Ensemble GoogleNet, AlexNet	MC,SH,BE,TJ	96,00	97,30	94,70	99,00
Pasa <i>et al.</i> [214]	Modelo CNN customizado	MC	79,00	-	-	81,10
		SH	84,40	-	-	90,0
Nguyen <i>et al.</i> [198]	DenseNet	MC	-	-	-	84,00
		SH	-	-	-	99,00
Ho <i>et al.</i> [120]	DenseNet121, ChestX-ray14	MC	-	-	-	93,84
		SH	84,40	-	-	91,39
Gozes e Greenspan [110]	ChexNet	MC	-	-	-	95,20
	MetaChexNet (DFE+Metadata)	SH	-	-	-	96,50
	ChexNet	MCSH	-	-	-	94,40
Ul Abideen <i>et al.</i> [294]	B-CNN	MC	96,42	-	-	-
		SH	86,46	-	-	-
Sahlol <i>et al.</i> [254]	DFE(MobileNet), Metaheuristic	SH	90,20	91,94	90,14	-
Oltu <i>et al.</i> [206]	DFE(MobileNet), SVM	SH	96,60	-	-	99,00
Karaca <i>et al.</i> [142]	DFE de 5 DCNNs, SVM	MC	98,90	-	-	100
Rajaraman <i>et al.</i> [238]	VGG-16 e supressão óssea	MC	92,30 \pm 3,12	87,70	96,90	96,40 \pm 1,06
		SH	88,80 \pm 2,47	88,00	89,50	95,40 \pm 1,86
Nafisah e Muhammad <i>et al.</i> [196]	EfficientNetB3, DA	MC	85,50	85,70	85,20	-
	EfficientNetB3, DA	SH	92,60	93,40	91,80	-
	InceptionRenNetV2, DA	MCSH	91,70	87,60	94,30	-
Nossa proposta	FE(BPPC), FS(SVM), SMO	MC	100	100	100	100
		SH	100	100	100	100
		MCSH	97,63 \pm 2,16	97,49	97,79	97,64 \pm 2,14

FE: Processo de extração de características, **FS:** Processo de seleção de características, **DFE:** Processo de extração profunda de características, **DA:** Aumento de dados, **BE:** Conjunto Belarus [17], **TJ:** Conjunto TB do Hospital Universitário Thomas Jefferson. **ACC:** Acurácia, **TPR:** Sensibilidade, **TNR:** Especificidade, **AUC:** Área sobre a curva, σ : Desvio Padrão.

Tabela 6.3: Segmentação em recorte - Comparação da detecção da tuberculose com alguns trabalhos relacionados.

Estudo	Metodologia	Conjunto	Resultado nos Testes(%)			
			ACC $\pm\sigma$	TPR	TNR	AUC $\pm\sigma$
Rajaraman <i>et al.</i> [234]	Modelo AlexNet customizado	MC	72,50	-	-	81,80
		SH	85,30	-	-	92,60
Srimathi <i>et al.</i> [276]	DFE(AlexNet), SVM	MC	72,70	-	-	80,10
		SH	84,30	-	-	91,30
Rajaraman <i>et al.</i> [237]	VGG-16 Fine-tuned	SH,BE,IND	92,30	96,90	85,60	95,30
Nossa proposta	FE(BPPC), FS(SVM), SMO	MC	100	100	100	100
		SH	100	100	100	100
		MCSH	98,63 \pm 1,09	98,22	99,00	98,61 \pm 1,10

FE: Processo de extração de características, **FS:** Processo de seleção de características, **DFE:** Processo de extração profunda de características, **BE:** Conjunto Belarus [17], **IND:** Conjunto India [37]. **ACC:** Acurácia, **TPR:** Sensibilidade, **TNR:** Especificidade, **AUC:** Área sobre a curva, σ : Desvio Padrão.

tempo de processamento, traduzindo em maior custo.

Por fim, a análise indica que nossa proposta apresenta acurácia estável, invariante aos cenários de segmentação ou conjunto de dados apresentados, com resultados ao nível dos trabalhos da literatura relacionada. Dessa forma, a proposta constitui-se como mais uma alternativa para a classificação de TB em imagens RXT, apresentado como diferenciais um SRP de baixo custo e alto desempenho, e um processo de extração e seleção de características radiômicas com alto poder discriminante.

Tabela 6.4: Segmentação dos pulmões - Comparação da detecção da tuberculose com alguns trabalhos relacionados.

Estudo	Metodologia	Conjunto	Resultado nos Testes (%)			
			ACC $\pm\sigma$	TPR	TNR	AUC $\pm\sigma$
Jaeger <i>et al.</i> [136]	FE(SetA,B), SVM, LLR	MC	78,30	86,76	70,00	86,90
		SH	84,00	-	-	90,00
Lopes e Valiati [171]	Bag(GoogleNet, VggNet, ResNet)	MC	82,60	-	-	92,60
		SH	84,70	-	-	92,60 \pm 0,05
Vajda <i>et al.</i> [295]	FE(SetA,B,C), FS exaustivo, MLP	MC	84,70 \pm 11,16	-	-	91,00 \pm 0,11
		SH	97,00 \pm 1,71	-	-	99,00 \pm 0,05
Abbas e Abdelsamea [1]	Custom CNN model	MC	-	99,70	99,90	99,80
Singh e Hamde [273]	FE(SetA,B), SVM	MC	96,00	91,00	100	98,00
		SH	97,80	95,00	100	96,00
Rahman <i>et al.</i> [232]	DenseNet201	MCSH+BNR	98,60	98,56	98,54	-
Fonseca <i>et al.</i> [90]	FE(LBP), FS(MBO), KNN	MC	83,33 \pm 7,16	65,50	96,25	82,90
		SH	90,33 \pm 3,06	85,42	95,40	92,40
		MCSH	87,00 \pm 3,29	80,00	93,80	88,90
Nafisah e Muhammad <i>et al.</i> [196]	EfficientNetB3, DA InceptionRenNetV2, DA EfficientNetB3, DA	MC	89,90	89,30	90,70	-
		SH	93,70	93,60	93,80	-
		MCSH	98,70	98,30	99,00	-
Nossa proposta	FE(BPPC), FS(SVM), SMO	MC	100	100	100	100
		SH	99,40 \pm 0,78	98,83	100	99,40 \pm 0,77
		MCSH	99,38 \pm 1,01	99,23	99,51	99,37 \pm 1,13

FE: Processo de extração de características, **FS:** Processo de seleção de características, **DFE:** Processo de extração profunda de características, **LLR:** Regressão Logística Linear, **SetA:** IH, GM, SD, LD, HOG, LBP, **SetB:** Descritor de textura Tamura, CEDD e FCTH, Momentos Hu, CLD e EHD, *Path* primitivo, Frequência de Borda, Autocorrelação e Características de forma, **SetC:** Medidas de forma e tamanho, orientação, excentricidade, extensão e centroide. **DA:** Aumento de dados, **BNR:** composto de imagens dos conjuntos Belarus [17], NIADID [252] e RSNA [309]. **ACC:** Acurácia, **TPR:** Sensibilidade, **TNR:** Especificidade, **AUC:** Área sobre a curva, σ : Desvio padrão.

6.3 Experimento 2

6.3.1 Método Proposto

Neste segundo experimento, aprofundamos a pesquisa de padrões radiômicos por características BPPC, reduzindo as PC em 4 direções e compondo um vetor de 708 características para cada RXT. A proposta desse experimento é uma solução baseada em

classificação hierárquica de TB, que estende o escopo do primeiro experimento sendo focada na busca ativa de casos de TBP. A solução é um passo para a construção de uma ferramenta de identificação precoce TB, denominada XmarTB, parte de um projeto de pesquisa aprovado pelo comitê de ética CEP/CONEP da Universidade Federal de Goiás (5083) sob número CAAE: 28772019.7.0000.5083, com extensão até o ano de 2025, cujo objetivo é a identificação precoce de casos TBP por busca ativa.

Nessa proposta, avaliamos a detecção da TB num esquema hierárquico (cascata), mais próximo aquilo que ocorre na prática clínica. Assim, na primeira camada/fase, um modelo binário de classificação é construído para distinguir RXT com padrão normal (saudáveis) daquelas com padrão anormal (doentes). Na sequência, segunda fase, as RXT com padrões anormais são tomadas, e um novo modelo é treinado para identificar os casos de TBP, finalmente, na terceira fase, os casos identificados como TBP são classificados em TB latente, ativa ou ambas. Outros esquemas de classificação também são experimentados, mas diferente do Experimento 1, agora enfatizam outros cenários, como níveis distintos de prevalência de TB, e balanceamento de amostras, por sobre-amostragem (aumento de dados) ou sub-amostragem (redução de dados). A Figura 6.11 mostra o esquema hierárquico proposto com a divisão das amostras originais, para cada classe e em cada fase, no conjunto TBX11K descrito na sequência.

6.3.2 Dinâmica de Testes

Para esse experimento utilizamos o conjunto TBX11K [170] já descrito em Subseção 2.4.3, que contém 11.200 RXTs únicos, com tamanho de resolução 512×512 pixels. Embora todas as imagens RXT no conjunto de dados TBX11K sejam rotuladas conforme o padrão-ouro e divididas em subconjuntos de treinamento, validação e teste, o subconjunto de teste não está totalmente disponível. Assim, consideramos apenas os rótulos e imagens RXT dos subconjuntos de treinamento e validação, conforme disponibilizados, que totalizam 8.976 imagens, as quais são distribuídas conforme a Tabela 6.5.

Tabela 6.5: Breve descrição do conjunto TBX11K usado no experimento.

	Classe	RXT	Subtotal
Não-TB	Saudável	3.800 (42,33%)	7.600 (84,67%)
	Doente Não-TB	3.800 (42,33%)	
TB	TB Ativa	630 (7,02%)	1.376 (15,33%)
	TB Latente	140 (1,56%)	
	Ambas (Ativa & Latente)	30 (0,33%)	
	DA & DB [37]	176 (1,96%)	
	MC & SH [135]	400 (4,45%)	
	TOTAL		

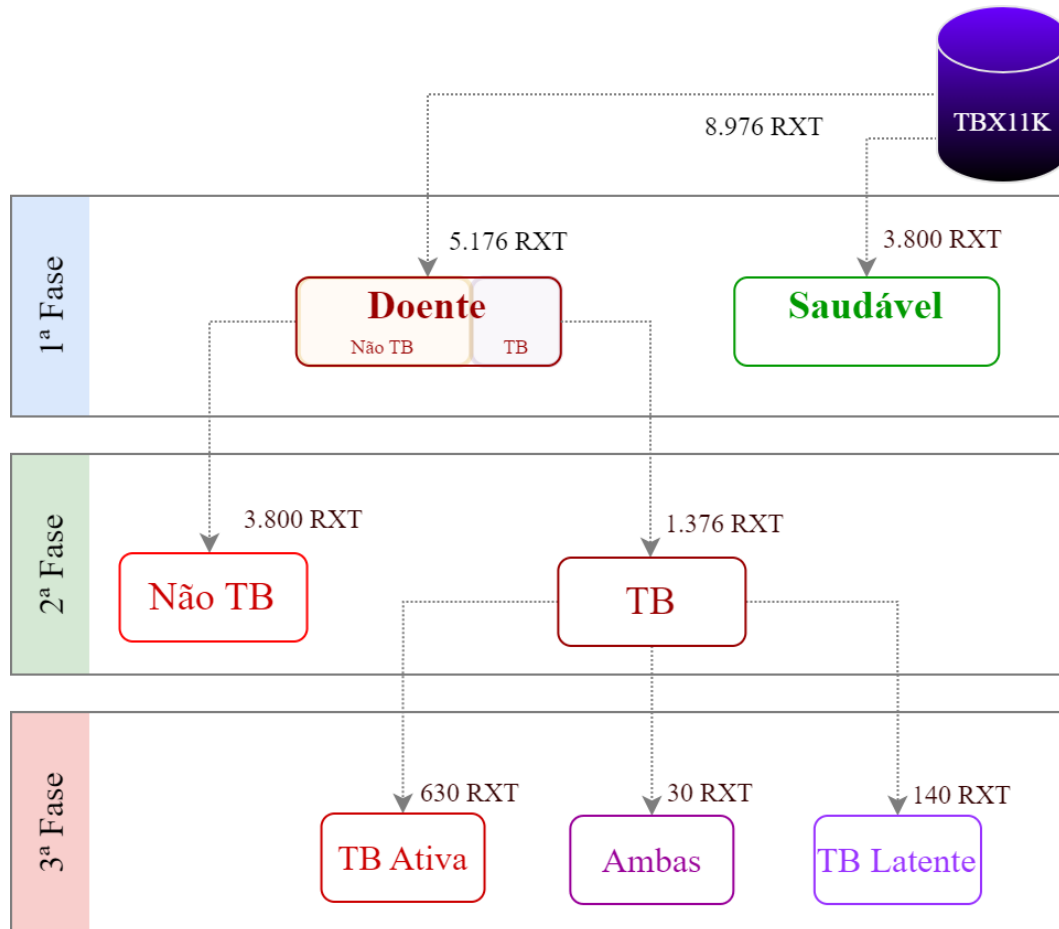


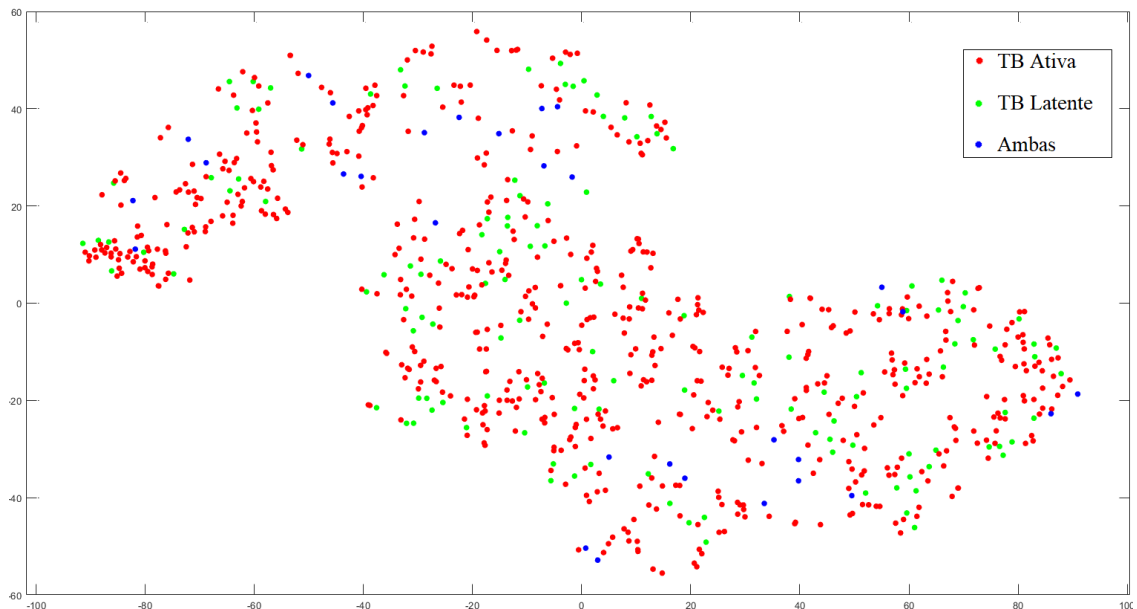
Figura 6.11: Fases do esquema hierárquico de detecção de TBP no conjunto TBX11K, com amostragem original.

Balanceamento de dados

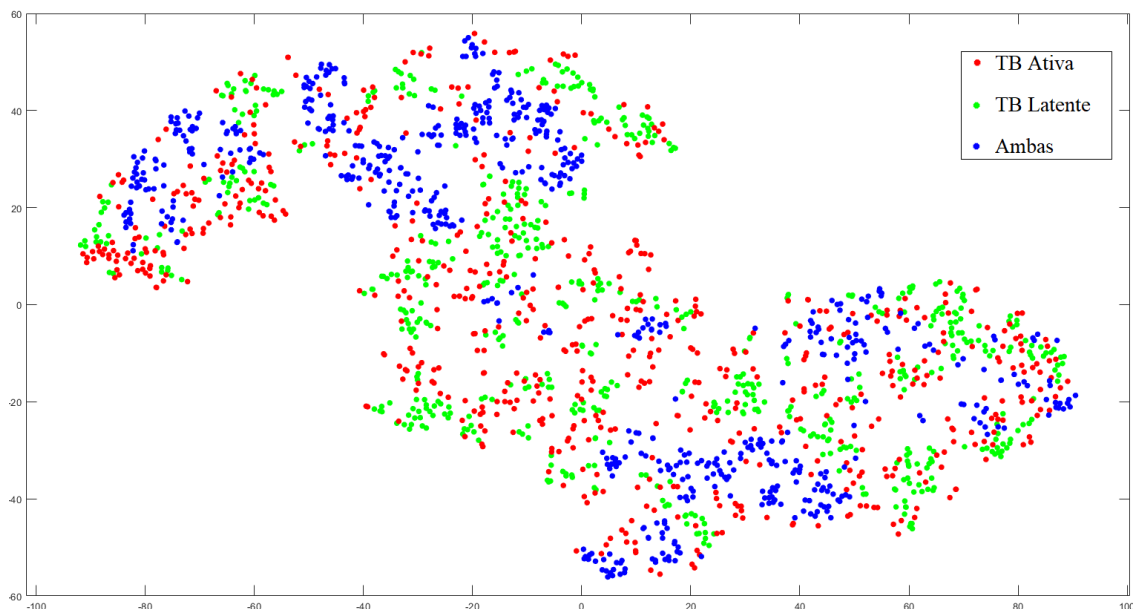
O conjunto TBX11K é composto por um número desbalanceado de amostras entre as classes, como visto na Tabela 6.5. Assim, para equilibrar o número de amostras entre classes, duas abordagens podem ser adotadas. A primeira, sub-amostragem, consiste em selecionar aleatoriamente, nas classes com maior número de amostras, o mesmo número de amostras da classe com menor número. A segunda abordagem, sobre-amostragem, consiste do processo inverso, onde o objetivo é aumentar o número de amostras das classes minoritárias, geralmente por meio da criação de amostras sintéticas, para ficarem com o mesmo número de amostras da classe majoritária. Para ambas a técnicas, as entradas consideradas são sempre os vetores de características radiômicas extraídas por BPPC.

Para a sobre-amostragem, adotamos a técnica de **Sobre-amostragem Minoritária Sintética (SMOTE)** [40]. A técnica consiste na reamostragem tomando como referência a vizinhança de uma amostra original e criando uma nova instância conectando-se a esta vizinhança. O gráfico t-SNE na Figura 6.12b mostra o efeito da reamostragem por SMOTE, com a distribuição das novas amostras sintéticas geradas, para as classes de

estágio TB do conjunto TB11K, em comparação à distribuição das amostras originais mostradas na Figura 6.12a. Para esse cenário, o número final de amostras em cada classe após SMOTE é igual ao número de amostras da classe majoritária. Assim, as classes TB Latente, e Ambas, originalmente com 140 e 30 amostras, respectivamente, passam a 630 amostras, mesmo número da classe TB Ativa.



(a) Distância Euclidiana - Conjunto Original



(b) Distância Euclidiana - Após SMOTE

Figura 6.12: Gráficos t-SNE sobre classes de estágio TB em características reais e após sobre-amostragem SMOTE. Características extraídas por BPPC das imagens RXT do conjunto TBX11K.

Por fim, definidos o esquema hierárquico de detecção de TB e as estratégias de

balanceamento de classes, usamos a abordagem de validação cruzada com 10 dobras, para garantir melhor generalização de resultados, e como classificador, a mesma [FFN](#) e configurações já descritas na classificação de COVID-19 no [Capítulo 5](#). Medidas de [Acurácia \(ACC\)](#), [TPR](#), [Especificidade \(TNR\)](#), estatística Kappa e [AUC](#), entre outras, são calculadas para cada configuração (fase/balanceamento), e comparadas a resultados da literatura. Além disso, análises estatísticas, considerados diferentes níveis de prevalência de [TB](#), demonstram a eficácia do modelo proposto.

6.3.3 Avaliação dos Resultados

Nossa avaliação, inicia-se pela avaliação das 3 fases da detecção da [TB](#). Primeiramente, tomando o desempenho do modelo, individualmente, em cada fase e configuração de distribuição de amostras. Na sequência, calculando o desempenho geral do modelo, tomado do produto dos resultados de cada fase.

Avaliação Primeira Fase

A [Tabela 6.6](#) traz os resultados da primeira fase, para distribuição original das amostras ([Tabela 6.6a](#)), para a sobre-amostragem por [SMOTE](#) ([Tabela 6.6b](#)) e para a sub-amostragem ([Tabela 6.6c](#)). Os resultados são mostrados para cada dobra da validação cruzada, e no final é compilado pela média com o desvio padrão. Por esses resultados, fica claro que o desbalanceamento entre as classes Saudável e Doente não afeta a precisão do modelo. De modo geral e sem diferenças importantes, os resultados são bastante similares para todos os cenários de amostragem de dados, embora, para a sobre-amostragem por [SMOTE](#) apresente pequena vantagem.

Assim, desses resultados podemos concluir que o modelo têm alta capacidade em distinguir as imagens com diagnóstico anormal (Doente) daquelas com diagnóstico normal (Saudável), com valores mínimos de acurácia, sensibilidade, especificidade de 99,41%, 99,42% e 99,40%, respectivamente. Em relação aos cenários de amostragem dos dados, as mínimas diferenças podem ser explicadas tanto pelas características da [FFN](#) adotada, quanto pelo baixo desbalanceamento na amostragem original. Por outro lado, os melhores resultados com a sobre-amostragem por [SMOTE](#), estão mais relacionados ao fato das amostras sintéticas geradas pelas técnicas, embora diferentes das originais, têm seus valores próximo destas, ajudando na especificidade de modelo e no seu desempenho geral.

Avaliação Segunda Fase

Na segunda fase, descartamos os casos saudáveis e concentramos nossa análise apenas nos casos com diagnóstico anormal. Como o objetivo é a busca ativa dos casos de

Tabela 6.6: Primeira Fase - Classificação entre Casos Saudáveis e Doentes.

(a) Modelo com Amostragem Original

Dobra	Matriz de Confusão				ACC (%)	TPR (%)	TNR (%)	Kappa (%)	AUC (%)
	VP	FN	FP	VN					
1	374	6	18	499	97,32	98,42	96,52	97,31	98,55
2	364	16	13	505	96,77	95,79	97,49	96,76	98,49
3	380	0	0	518	100	100	100	100	98,96
4	380	0	0	518	100	100	100	100	99,20
5	380	0	0	518	100	100	100	100	99,35
6	380	0	0	518	100	100	100	100	99,45
7	380	0	0	518	100	100	100	100	99,52
8	380	0	0	517	100	100	100	100	99,58
9	380	0	0	517	100	100	100	100	99,63
10	380	0	0	517	100	100	100	100	99,66
Total					Média±Desvio Padrão				
3.778 22 31 5.145					99,41±1,19 99,42±1,30 99,40±1,22 99,41±1,19 99,24±0,41				

(b) Modelo com Sobre-amostragem SMOTE

Dobra	Matriz de Confusão				ACC (%)	TPR (%)	TNR (%)	Kappa (%)	AUC (%)
	VP	FN	FP	VN					
1	505	12	7	511	98,16	97,68	98,65	98,16	99,04
2	518	0	4	514	99,61	100	99,23	99,61	99,54
3	518	0	0	518	100	100	100	100	99,70
4	518	0	0	517	100	100	100	100	99,78
5	518	0	0	517	100	100	100	100	99,82
6	518	0	0	517	100	100	100	100	99,85
7	518	0	0	517	100	100	100	100	99,87
8	517	0	0	518	100	100	100	100	99,88
9	516	1	0	518	99,90	99,81	100	99,90	99,88
10	517	0	0	518	100	100	100	100	99,89
Total					Média±Desvio Padrão				
5.163 13 11 5.165					99,77±0,55 99,75±0,70 99,79±0,44 99,77±0,55 99,72±0,25				

(c) Modelo com Sub-amostragem

Dobra	Matriz de Confusão				ACC (%)	TPR (%)	TNR (%)	Kappa (%)	AUC (%)
	VP	FN	FP	VN					
1	375	5	15	365	97,37	98,68	96,05	97,36	99,51
2	377	3	5	375	98,95	99,21	98,68	98,94	99,57
3	379	1	2	378	99,61	99,74	99,47	99,60	99,66
4	379	1	1	379	99,74	99,74	99,74	99,74	99,74
5	379	0	1	379	99,87	100	99,74	99,87	99,80
6	380	0	1	379	99,87	100	99,74	99,87	99,83
7	380	0	1	379	99,87	100	99,74	99,87	99,85
8	380	0	0	380	100	100	100	100	99,87
9	380	1	0	380	99,87	99,74	100	99,87	99,89
10	380	0	0	380	100	100	100	100	99,90
Total					Média±Desvio Padrão				
3.789 11 26 3.774					99,51±0,77 99,71±0,41 99,32±1,15 99,51±0,77 99,76±0,13				

VP: Verdadeiro positivo (Saudáveis), VN: Verdadeiro negativo (Doentes TB ou Não-TB), FP: Falso positivo, FN: Falso negativo. ACC: Acurácia, TPR: Sensibilidade, TNR: Especificidade, Kappa: Estatística Kappa, e AUC: Área sobre a curva.

TBP, nossa preocupação nessa fase é diferenciar os casos de **TBP** de outras doenças. Assim, medimos a sensibilidade do modelo pela correta classificação dos casos **TB**, enquanto a especificidade é relacionada às outras doenças (Doentes Não-TB).

O modelo deve conseguir discriminar os padrões radiômicos característicos da **TBP** em comparação com os padrões de outras doenças, representando um desafio maior em relação à primeira fase. A patologia de muitas doenças têm alterações pouco específicas no exame radiológico e exibem padrões radiômicos semelhantes. Por exemplo, opacidades de vidro fosco são achados comuns em pneumonia, COVID-19, edema pulmonar e na tuberculose.

A **Tabela 6.7** mostra os resultados do modelo para essa fase. Os valores expressivos, obtidos nos três cenários de amostragem de dados, demonstram que nosso modelo mantém desempenho semelhante à alcançada na primeira fase, no desvio padrão, confirmado por valores de estatística Kappa superiores a 99%.

O modelo construído com dados Sobre-amostrados por **SMOTE** apresenta os melhores resultados (**Tabela 6.7c**), como na primeira fase, mas agora há uma maior diferença para medida **TPR**, em comparação à amostragem original ($99,45 \pm 1,32\%$ vs $98,11 \pm 3,18\%$). Nessa fase, o desbalanceamento entre as classes **TB** e Não-TB é mais acentuado. Portanto, quando usando a amostragem original (desbalanceada), o modelo tende a favorecer a classe majoritária, resultando em um valor maior para especificidade ($99,74 \pm 0,79\%$) em detrimento de um valor menor de sensibilidade ($98,11 \pm 3,18\%$).

Avaliação da Terceira Fase

Embora, não haja consenso sobre a classificação de estágios de **TB** na **RXT** ou um padrão-ouro para o diagnóstico da infecção latente por **TB** [211], nessa terceira fase, investigamos a habilidade do modelo em discriminar os estágios da **TBP** considerando os dados disponíveis no conjunto TBX11K. Entendemos que a discriminação correta entre pacientes com casos ativos e latentes é importante, e pode representar para os últimos uma redução do risco de desenvolvimento da doença, enquanto para os primeiros a possibilidade de controle e tratamento rápido.

A **Tabela 6.8** mostra os resultados do modelo construído com dados com amostragem Original, Sobre-amostragem por **SMOTE** e Sub-amostragem por seleção aleatória. Esses resultados evidenciam algumas características do modelo, primeiro, a quantidade de amostras influencia o desempenho das redes **FFN**. O desbalanceamento acentuado entre as classes envia o modelo a favorecer a classe majoritária, como se observa nos números da matriz de confusão para a amostragem Original. Segundo, o balanceamento com aumento de dados melhora substancialmente o desempenho do modelo, reduzindo o desvio padrão e incrementando os valores de **AUC** em mais de 10%. Ainda, os valores das **AUC** mostram que, apesar dos padrões radiológicos entre a **TB** Ativa e **TB** Latente serem

Tabela 6.7: Segunda Fase - Classificação entre Casos TB e Doentes Não-TB.

(a) Modelo com Amostragem Original

Dobra	Matriz de Confusão				ACC (%)	TPR (%)	TNR (%)	Kappa (%)	AUC (%)		
	VP	FN	FP	VN							
1	124	13	10	370	95,55	90,51	97,37	95,54	98,16		
2	136	2	0	380	99,61	98,55	100	99,61	98,72		
3	138	0	0	380	100	100	100	100	99,08		
4	129	9	0	380	98,26	93,48	100	98,26	99,28		
5	136	2	0	380	99,61	98,55	100	99,61	99,43		
6	138	0	0	380	100	100	100	100	99,52		
7	138	0	0	380	100	100	100	100	99,59		
8	137	0	0	380	100	100	100	100	99,64		
9	137	0	0	380	100	100	100	100	99,68		
10	137	0	0	380	100	100	100	100	99,72		
Total					Média±Desvio Padrão						
1.350				26	10	3.790	99,30±1,35	98,11±3,18	99,74±0,79	99,30±1,35	99,28±0,48

(b) Modelo com Sobre-amostragem SMOTE

Dobra	Matriz de Confusão				ACC (%)	TPR (%)	TNR (%)	Kappa (%)	AUC (%)		
	VP	FN	FP	VN							
1	363	17	17	363	95,53	95,53	95,53	95,50	98,27		
2	378	2	2	378	99,47	99,47	99,47	99,47	98,87		
3	378	2	2	378	99,47	99,47	99,47	99,47	99,22		
4	380	0	0	380	100	100	100	100	99,41		
5	380	0	0	380	100	100	100	100	99,53		
6	380	0	0	380	100	100	100	100	99,61		
7	380	0	0	380	100	100	100	100	99,67		
8	380	0	0	380	100	100	100	100	99,71		
9	380	0	0	380	100	100	100	100	99,74		
10	380	0	0	380	100	100	100	100	99,77		
Total					Média±Desvio Padrão						
3.779				21	21	3.779	99,45±1,32	99,45±1,32	99,45±1,32	99,44±1,33	99,38±0,45

(c) Modelo com Sub-amostragem

Dobra	Matriz de Confusão				ACC (%)	TPR (%)	TNR (%)	Kappa (%)	AUC (%)		
	VP	FN	FP	VN							
1	123	15	10	127	90,91	89,13	92,70	90,87	95,42		
2	137	1	0	138	99,64	99,28	100	99,64	96,42		
3	138	0	0	138	100	100	100	100	97,34		
4	137	0	0	138	100	100	100	100	97,89		
5	137	0	0	138	100	100	100	100	98,26		
6	137	0	0	138	100	100	100	100	98,52		
7	137	0	0	138	100	100	100	100	98,71		
8	138	0	0	137	100	100	100	100	98,86		
9	138	0	0	137	100	100	100	100	98,98		
10	138	0	0	137	100	100	100	100	99,08		
Total					Média±Desvio Padrão						
1.360				16	10	1.366	99,06±2,72	98,84±3,24	99,27±2,19	99,05±2,73	97,95±1,15

VP: Verdadeiro positivo (TB), VN: Verdadeiro negativo (Não-TB), FP: Falso positivo, FN: Falso negativo. ACC: Acurácia, TPR: Sensibilidade, TNR: Especificidade, Kappa: Estatística Kappa, e AUC: Área sobre a curva.

de difícil discriminação, nosso modelo consegue classificá-los com aceitável precisão. O modelo tem desempenho com independência à distribuição de classes e apresenta **AUC** mínima de $94,18 \pm 5,14\%$, quando balanceando as classes por Sobre-amostragem por **SMOTE**.

Tabela 6.8: Terceira Fase - Classificação entre estágios TB Ativa, Latente e Ambas - Resultados compilados dos três cenários de amostragem.

Amostra	Matriz de Confusão			ACC(%) ($\mu \pm \sigma$)	TPR(%) ($\mu \pm \sigma$)	TNR(%) ($\mu \pm \sigma$)	Kappa(%) ($\mu \pm \sigma$)	AUC(%)
	Ativa	Ambas	Latente					
Original	Ativa	611	2	90,50±8,22	72,33±15,48	89,78±10,50	84,07±13,68	77,86±15,35
	Ambas	3	15					83,85±16,73
	Latente	41	1					76,56±13,02
Sobre-Am	Ativa	587	4	97,30±5,22	97,30±05,22	98,65±02,61	96,19±07,19	94,18±05,14
	Ambas	0	630					99,99±00,01
	Latente	8	0					97,19±02,73
Sub-Am	Ativa	29	1	93,33±21,08	93,33±21,08	96,67±10,54	93,33±21,08	95,22±08,45
	Ambas	2	27					84,26±23,27
	Latente	1	1					94,22±10,22

Em Amostra: **Original** - dados de TBX11K, **Sobre-Am** - Balanceados com Sobre-amostragem por SMOTE, e **Sub-Am** - Balanceados por Sub-amostragem aleatória. **ACC**: Acurácia, **TPR**: Sensibilidade, **TNR**: Especificidade e **Kappa**: Estatística Kappa, μ : média e σ : desvio padrão.

Portanto, a análise dos resultados das três fases indicam que nossa proposta pode efetivamente contribuir para identificação precoce dos casos de **TBP**, e que a construção da ferramenta XmarTB representa um passo importante nesse sentido. A estratégia de identificação em fases entrega uma alternativa inteligente para o processo de busca ativa dos casos de **TB**, com potencial de redução de carga de trabalho dos profissionais, aumento de precisão e melhor acompanhamento de casos suspeitos. Temos, dessa forma, o desempenho geral do modelo definido pelo produto das três fases, de modo que, para as amostragem original, sobre-amostragem por **SMOTE** e sub-amostragem, respectivamente, são alcançadas acurácias finais de $89,34\%$ ($99,41 \times 99,30 \times 90,50$), $96,54\%$ ($99,77 \times 99,45 \times 97,30$) e $92,00\%$ ($99,51 \times 99,06 \times 93,33$). Consideradas somente as duas primeiras fases, essas acurácias sobem à $98,72\%$ com amostragem original, $99,22\%$ com sobre-amostragem por **SMOTE** e $98,57\%$ com sub-amostragem, na identificação da **TBP** em **RXT**.

Avaliação Sem Esquema hierárquico

Continuando a avaliação do esquema hierárquico (em fases) e das características por **BPPC**, realizamos dois novos experimentos. No primeiro, treinamos o modelo para uma classificação Binária, um contra todos, identificando casos de **TB** entre casos Saudáveis ou Doentes Não-TB. No segundo experimento, realizamos uma classificação Multi-classe, todos contra-todos, para identificar imagens **RXT** como casos de **TB**, casos Saudáveis ou casos Doentes Não-TB.

Esses dois novos experimentos, em termos de identificação dos casos de TB, são equivalentes à aplicação das 2 primeiras fases do esquema hierárquico. O primeiro experimento, retornando apenas o resultado da identificação dos casos de TB, enquanto o segundo retornando cruzadamente a parcial das 2 fases.

Na Tabela 6.9, os resultados compilados dos experimentos para amostragem de dados Original, balanceada por Sobre-amostragem SMOTE e por Sub-amostragem aleatória, mostram desempenho bastante semelhante ao do esquema hierárquico, confirmando o poder discriminante dos padrões radiômicos extraídos por BPPC.

Em termos gerais, o esquema hierárquico tem ganhos em relação aos esquemas binário e multi-classe, entregando resultados melhores (ainda que marginais, Figura 6.13) além de ser uma abordagem mais próxima à prática clínica. Outra vantagem do esquema hierárquico é que, uma vez que o modelo foca a atenção nas imagens RXT com alterações radiológicas, isso reduz a ocorrência de falsos positivos e, por consequente, aumenta a sensibilidade, independente da distribuição de amostragem dos dados.

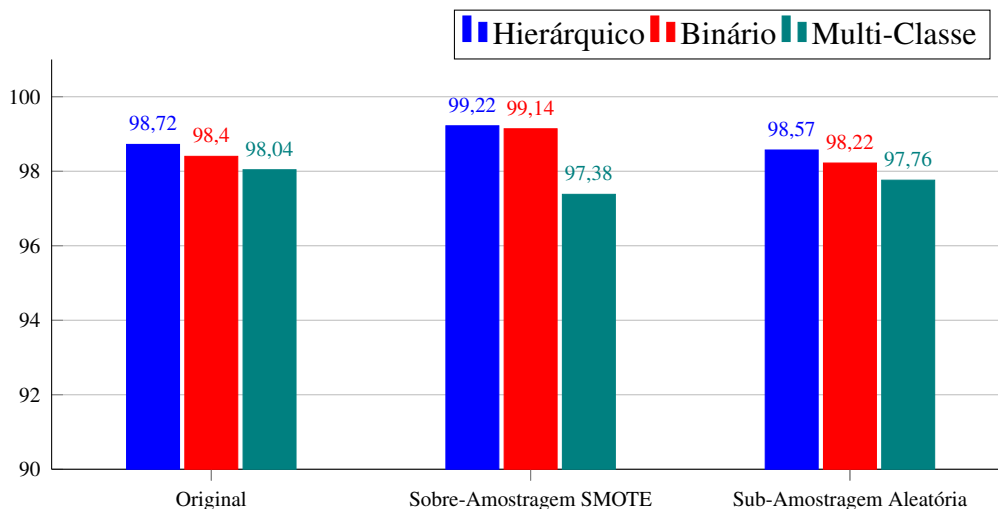


Figura 6.13: Comparativo resultados da estatística Kappa entre esquemas de classificação para os três cenários de amostragem de dados. No esquema Hierárquico valor corresponde ao produto das fases 1 e 2.

Avaliação por Expressão de Prevalência de TBP

Para avaliar o impacto da taxa de prevalência da TB em nosso modelo, criamos aleatoriamente, com base na amostragem original do conjunto TBX11K, duas novas amostragens obedecendo à expressão de TB em prevalências (P) de 5% e 10%. Em seguida, por meio do teste de McNemar [184] comparamos os resultados obtidos pelo modelo nas duas primeiras fases, tomando a amostragem original e as duas novas amostragens.

Tabela 6.9: Resultados compilados dos novos experimentos.

(a) Classificação Binária de TB

Amostra	Matriz de Confusão				ACC (%)	TPR (%)	TNR (%)	Kappa (%)	AUC (%)
	VP	FN	FP	VN	$\mu \pm \sigma$	$\mu \pm \sigma$	$\mu \pm \sigma$	$\mu \pm \sigma$	$\mu \pm \sigma$
Original	1.130	46	98	7.502	98,40±1,54	96,66±4,77	98,71±1,03	98,40±1,54	97,70±0,99
Sobre-Am	7.541	59	71	7.529	99,14±1,29	99,22±1,04	99,07±1,55	99,14±1,29	99,06±0,47
Sub-Am	1.345	31	18	1.358	98,22±3,65	97,75±3,84	98,69±3,70	98,22±3,65	98,05±1,28

VP: Verdadeiro positivo (Casos TB), **VN:** Verdadeiro negativo (Saudáveis ou Doentes Não-TB), **FP:** Falso positivo, **FN:** Falso negativo. Em Amostra: **Original** - dados de TBX11K, **Sobre-Am** - Balanceados com Sobre-amostragem por SMOTE, e **Sub-Am** - Balanceados por Sub-amostragem aleatória. **ACC:** Acurácia, **TPR:** Sensibilidade, **TNR:** Especificidade, **Kappa:** Estatística Kappa, e **AUC:** Área sobre a curva. μ : média e σ : desvio padrão.

(b) Classificação Multi-Classe

Amostra	Matriz de Confusão			ACC (%)	TPR (%)	TNR (%)	Kappa (%)	AUC (%)	
	Saudável	Não-TB	TB	$\mu \pm \sigma$	$\mu \pm \sigma$	$\mu \pm \sigma$	$\mu \pm \sigma$	$\mu \pm \sigma$	
Original	Saudável	3.793	4	3				99,69±0,16	
	Não-TB	1	3.759	40	99,13±1,48	98,85±2,21	99,59±0,74	98,04±3,33	98,85±1,07
	TB	9	21	1.346					97,92±1,16
Sobre-Am	Saudável	3.782	12	6				99,78±0,17	
	Não-TB	7	3.735	58	98,83±1,45	98,83±1,45	99,42±0,72	97,38±3,25	99,62±0,24
	TB	9	41	3.750					99,71±0,17
Sub-Am	Saudável	1.369	2	5				99,29±0,33	
	Não-TB	3	1.358	15	99,00±3,06	99,01±3,06	99,50±1,53	97,76±6,89	97,02±1,60
	TB	6	10	1.360					98,27±1,20

VP: Verdadeiro positivo, **VN:** Verdadeiro negativo, **FP:** Falso positivo, **FN:** Falso negativo. Em amostragem: **Original** - dados de TBX11K, **Sobre-Am** - Balanceados com Sobre-amostragem por SMOTE, e **Sub-Am** - Balanceados por Sub-amostragem aleatória. **ACC:** Acurácia, **TPR:** Sensibilidade, **TNR:** Especificidade, **Kappa:** Estatística Kappa, e **AUC:** Área sobre a curva. μ : média e σ : desvio padrão.

Para ambas as fases (primeira e segunda), nenhuma diferença significativa ($p > 0,05$) foi encontrada no teste diagnóstico entre as diferentes amostragens (original e com prevalências (ρ) de 5% e 10%). A Tabela 6.10 traz um resumo comparativo dos resultados, para cada amostragem e em cada fase.

Na rotina médica, essas duas fases compreendem o fluxo padrão do diagnóstico. Primeiro os profissionais classificam os casos de risco (primeira fase) e direcionam sua atenção aos pacientes que mais precisam, afastando os casos saudáveis, e depois (segunda fase) promovem um diagnóstico mais assertivo, baseado nos resultados do exame e na análise clínica. Dessa forma, a ferramenta proposta, independente de sítios com prevalência distintas de TB, mostra que pode efetivamente e com alta acurácia ($\geq 99\%$) ajudar na melhora do fluxo diagnóstico.

Por fim, destacamos que no processo de aprendizagem das redes FFN os pesos (w) e vieses (b) são iniciados zerados, e essa é a razão pela qual os resultados de nosso

Tabela 6.10: Comparativo de performance do modelo na primeira e segunda fase para diferentes amostragens de prevalência de TB

Fase	ρ_{TB}	Matriz de Confusão				ACC (%)	TPR (%)	TNR (%)	Kappa (%)	AUC (%)
		VP	FN	FP	VN	$\mu \pm \sigma$	$\mu \pm \sigma$	$\mu \pm \sigma$	$\mu \pm \sigma$	$\mu \pm \sigma$
1 ^a	ρ	3778	22	31	5145	99,41 \pm 1,19	99,42 \pm 1,30	99,40 \pm 1,22	99,41 \pm 1,19	99,24 \pm 0,41
	10%	3797	3	8	3930	99,86 \pm 0,39	99,92 \pm 0,24	99,80 \pm 0,54	99,72 \pm 0,76	99,94 \pm 0,09
	5%	3797	3	11	3858	99,82 \pm 0,50	99,92 \pm 0,24	99,72 \pm 0,77	99,82 \pm 0,51	99,62 \pm 0,17
2 ^a	ρ	1350	26	10	3790	99,30 \pm 1,35	98,11 \pm 3,18	99,74 \pm 0,79	99,30 \pm 1,35	99,28 \pm 0,48
	10%	129	9	1	3799	99,75 \pm 0,76	93,48 \pm 20,77	99,97 \pm 0,08	99,75 \pm 0,76	94,77 \pm 6,52
	5%	61	8	0	3800	99,79 \pm 0,40	88,41 \pm 25,24	100 \pm 0,0	99,79 \pm 0,40	99,71 \pm 0,47

Primeira Fase: Classificação entre Casos Saudáveis e Doentes onde **VP:** Verdadeiro positivo (Saudáveis), **VN:** Verdadeiro negativo (Doentes TB ou Não-TB). **Segunda Fase:** Classificação entre Casos TB e Doentes Não-TB onde **VP:** Verdadeiro positivo (TB), **VN:** Verdadeiro negativo. **FP:** Falso positivo, **FN:** Falso negativo. Em **TB** ρ é prevalência da amostragem original TBX11K, de 10% e de 5% dos casos TB, que têm, respectivamente, 1.376, 138 e 69 amostras de TBP. **ACC:** Acurácia, **TPR:** Sensibilidade, **TNR:** Especificidade, **Kappa:** Estatística Kappa, e **AUC:** Área sobre a curva. μ : média e σ : desvio padrão.

modelo nas primeiras dobras são menores. No entanto, a medida que as dobras vão sendo executadas, os (w) e (b) vão se ajustando e a desempenho do modelo tende a aumentar.

6.4 Configurações Auspiciosas

Como mencionado, nossa proposta é pensado e projetado para uso em regiões, ambientes e equipamentos com poucos recursos (físicos, financeiros, computacionais). Portanto, características do modelo como tempo (construção, treinamento e teste) e tamanho (espaço de armazenamento, processamento e memória) são essenciais para sua adoção como solução. Assim, embora os modelos baseados em DL sejam inquestionáveis em muitas tarefas, eles falham em alguns aspectos porque são construídos com milhares de parâmetros, exigem alto poder de processamento e tempo e, às vezes, são difíceis de interpretar. Além disso, os modelos DL geralmente requerem processamento paralelo usando equipamentos caros. Portanto, com base em AAM como SMO e FFN, que são RNA rasas, nossa proposta possui maior eficiência de parâmetros, usa poucas características como entrada para o modelo (≤ 708 características), tem menos graus de liberdade e está menos propenso a *overfitting*. Além disso, usando um computador de mesa padrão sem aceleração ou memória gráfica, a extração por BPPC leva em média 1,5s por imagem RXT. Para construção e treinamento de modelos, a memória necessária é inferior a 200Kb, e leva em média 0,15s para processar cada imagem. Depois que o modelos são treinados, menos de 7ms são necessários para inferir uma nova entrada.

6.5 Comparação com a Literatura

Tabela 6.11: Comparação da detecção de TB com alguns trabalhos relacionados.

Estudo	Metodologia	Conjunto	Param	Resultado nos Testes (%)			
				ACC $\pm\sigma$	TPR	TNR	AUC $\pm\sigma$
Lopes e Valiati [171]	① Bag(GoogleNet, VggNet, ResNet)	MC	10 ⁶	82,6	-	-	92,6
		SH		84,7	-	-	92,6
Lakhani e Sundaram [158]	② Ensemble GoogleNet, AlexNet	MC,SH,+	10 ⁶	96,0	97,3	94,7	99,0
Vajda <i>et al.</i> [295]	① FE(SetA,B,C), FS weary, MLP	MC	10 ²	84,7 \pm 11,16	-	-	91,0
		SH		97,0 \pm 1,71	-	-	99,0
Abbas e Abdelsamea [1]	① Custom CNN model	MC	10 ⁶	-	99,7	99,9	99,8
Rajaraman <i>et al.</i> [235]	③ AlexNet custom model	MC	10 ⁶	72,5	-	-	81,8
		SH		85,3	-	-	92,6
Singh e Hamde [273]	① FE(SetA,B), SVM	MC	10 ²	96,0	91,0	100	98,0
		SH		97,8	95,0	100	96,0
Pasa <i>et al.</i> [214]	② Custom CNN model	MC	10 ⁶	79,0	-	-	81,1
		SH		84,4	-	-	90,0
Nguyen <i>et al.</i> [198]	② DenseNet	MC	10 ⁶	-	-	-	84,0
		SH		-	-	-	99,0
Ho <i>et al.</i> [120]	② DenseNet121, CXR14	MC	10 ⁶	-	-	-	93,84
		SH		84,4	-	-	91,39
Gozes e Greenspan [110]	② ChexNet ② MetaChexNet (DFE+Metadata) ② ChexNet	MC		-	-	-	95,2
		SH	10 ⁶	-	-	-	96,5
		MCSH		-	-	-	94,4
Hooda <i>et al.</i> [128]	② CNNs Ensemble	MC,SH,+	10 ⁶	88,24	-	-	93,0
Rahman <i>et al.</i> [232]	① DenseNet201	MCSH,+	10 ⁶	98,6	98,56	98,54	-
Ul Abideen <i>et al.</i> [294]	② Bayesian-CNN	MC	10 ⁶	96,42	-	-	-
		SH		86,46	-	-	-
Sahlol <i>et al.</i> [254]	② DFE(MobileNet), Metaheuristic	SH	10 ⁶	90,20	91,94	90,14	-
Srimathi <i>et al.</i> [276]	③ DFE(AlexNet), SVM	MC	10 ⁶	72,7	-	-	80,1
		SH		84,3	-	-	91,3
Oltu <i>et al.</i> [206]	② DFE(MobileNet), SVM	SH	10 ⁶	96,6	-	-	99,0
Karaca <i>et al.</i> [142]	② DFE from 5 DCNNs, SVM	MC	10 ⁶	98,9	-	-	100
Rajaraman <i>et al.</i> [238]	② VGG-16 and Bone suppression	MC	10 ⁶	92,3 \pm 3,12	87,7	96,9	96,4
		SH		88,8 \pm 2,47	88,0	89,5	95,4
Rajaraman <i>et al.</i> [237]	③ VGG-16 Fine-tuned	SH,+	10 ⁶	92,3	96,9	85,6	95,3
Nafisah e Muhammad <i>et al.</i> [196]	① EfficientNetB3, DA ① InceptionRenNetV2, DA ① EfficientNetB3, DA	MC		89,9	89,3	90,7	-
		SH	10 ⁶	93,7	93,6	93,8	-
		MCSH		98,7	98,3	99,0	-
Fonseca <i>et al.</i> [90]	① FE(LBP), FS(MBO), KNN	MC		83,3 \pm 7,16	65,50	96,25	82,9
		SH	10 ²	90,3 \pm 3,06	85,42	95,4	92,4
		MCSH		87,0 \pm 3,29	80,0	93,8	88,9
Nosso - Experimento 1	① FE(BPPC), FS(SBS), SMO	MC		100	100	100	100
		SH	10 ²	99,4\pm0,78	98,83	100	99,40
		MCSH		99,4\pm1,01	99,23	99,51	99,37
Liu <i>et al.</i> [170]	② Faster R-CNN (ResNet w/FPN)	TBX11K	10 ⁶	89,70	91,20	89,90	93,6
Ngoc <i>et al.</i> [199]	③ EfficientNet-B5-FPA(KD)	TBX11K	10 ⁶	96,8	88,5	97,9	96,7
Nosso - Experimento 2	① FE(BPPC),FFNN ① FE(BPPC),FFNN, Sobre-Am ① FE(BPPC),FFNN, Sub-Am			98,40\pm1,54	96,66	98,71	97,70
		TBX11K	10 ²	99,14\pm1,29	99,22	99,07	99,06
				98,22\pm3,65	97,75	98,69	98,05

Nota – A comparação é com a tarefa de classificação binária entre casos TB e casos Não-TB (Saudáveis ou doentes não-TB). **Nosso -Experimento 1**: resultados da Tabela 6.4, **Nosso -Experimento 2**: resultados da Tabela 6.9a. **FE**: Processo de extração de características, **DFE**: Processo de extração de características profundas, **FS**: Processo de seleção de características, **LLR**: Regressão Logística Linear, **DA** Aumento de dados. **SetA**:{IH, GM, SD, LD, HOG, LBP}, **SetB**:{Descritor de textura Tamura, CEDD e FCTH, Hu Moments, CLD e EHD, Primitive Path, Edge Frequency, Autocorrelação e características de forma}, **SetC**:{Medidas de forma como tamanho, orientação, excentricidade, extensão e centróide}. **Conjunto**: **MC**: Montgomery e **SH**: Shenzhen [135], **MCSH**: MC e SH, e +: Outros conjunto de TB. **Param**: Número de parâmetros de entrada do modelo de classificação. ①: Segmentação dos pulmões, ②: Sem segmentação e ③: Segmentação em recorte.

A [Tabela 6.11](#) fornece uma comparação da nossa proposta com outros estudos recentes na literatura, para a tarefa de classificação binária de [TB](#). Tivemos em vista comparar cada experimento com os trabalhos que usaram o mesmo conjunto de dados, por isso na tabela estes aparecem separados pela linha tracejada. Embora esses trabalhos relacionados usem diferentes metodologias, conjuntos de dados e estratégias de divisão de dados, a comparação ainda fornece uma visão de ponta da detecção de tuberculose e suporta a avaliação da proposta apresentada. Vale ressaltar que parte das imagens dos conjuntos de dados [MC](#) e [SH](#) fazem parte do conjunto de dados [TBX11K](#). Portanto, o conjunto de dados [TBX11K](#) é mais completo e desafiador do que os conjuntos de dados existentes, justificando a realização do experimento 2. Além disso, destacamos que as comparações foram feitas apenas para a classificação binária, pois essa apresenta um maior número de trabalhos na literatura.

Como é possível notar que a maioria dos trabalhos experimentou modelos [DL](#) que usam milhares de parâmetros (10^6), enquanto nosso modelo, mesmo usando menor número ($\approx 10^2$) pode fornecer melhores resultados. Para o experimento 1, por exemplo, [[90](#), [295](#), [273](#)] também usaram parâmetros na casa 10^2 , porém esses obtiveram resultados inferiores, principalmente em relação a [TPR](#). Em relação ao experimento 2, usando o conjunto [TBX11K](#) há poucos estudos na literatura para comparação, contudo, nossa proposta ainda é superior em todas as medidas, além de usar menos recursos computacionais.

Finalmente, embora a presente proposta ainda não seja uma solução comercial, ela se destaca em comparação com aquelas já disponíveis. De acordo com uma avaliação independente de [[44](#)] de algumas soluções comerciais de [IA](#) para triagem de [TB](#), os melhores valores de [AUC](#) alcançados foram entre 0,70-0,86 para um intervalo de confiança (IC) de 95% quando combinadas a sensibilidade de um *Expert Reader* (médico especialista com mais de 30 anos de experiência trabalhando no Provincial Lung Hospital na cidade de Ho Chi Minh), o [TPR](#) e o [TNR](#) ficaram entre 90,4-98,3% e 42-52%, respectivamente. Nossos resultados, para ambos os experimentos, mostraram valores mais expressivos, com [AUC](#), [TPR](#), e [TNR](#) mínimos de 97,70%, 96,66% e 98,69%, respectivamente.

6.6 Considerações Finais do Capítulo

A identificação casos de [TBP](#) é fundamental para auxiliar profissionais de saúde no diagnóstico e tratamento dessa doença. Assim, ferramentas altamente confiáveis podem auxiliar a comunidade médica na erradicação da [TB](#) por meio de diagnóstico preciso e tratamento precoce. Nesse sentido, apresentamos neste capítulo uma solução computacional de baixo custo e alta eficiência para diagnosticar e classificar casos

de **TBP**. A proposta é conduzida em diferentes cenários e configurações para dois experimentos independentes, ambos aplicando **FFN** e extração de características por **BPPC**, e usando bases de dados públicas. Foram avaliados modelos com e sem uso de segmentação e aumento de dados, e apresentados resultados expressivos e equivalentes aos da literatura relacionada.

Os modelos construídos com diferentes números de características **BPPC** alimentando **FFNs** demonstraram que nossa proposta é útil e eficaz na discriminação de casos de **TB** em imagens **RXT**. Ela representa uma alternativa válida na construção de soluções computacionais de baixo custo por **IA** para diagnosticar casos de **TB**.

Por fim, nossos experimentos representam mais um passo na construção da ferramenta XmarTB, cujo objetivo é a identificação precoce de casos **TBP** por busca ativa, conduzida em parceria com a Faculdade de Medicina/UFG.

Conclusões

Neste projeto investigamos métodos automatizados para auxiliar no diagnóstico de doenças inflamatórias pulmonares infecciosas (**DPI**) em imagens de radiografia de tórax (**RXT**). Em particular, focamos em três **DPI**: Pneumonia, Covid-19 e Tuberculose.

Exploramos ferramentas e técnicas de inteligência artificial (**IA**) e reconhecimento de padrões (**RP**) para construção e aprimoramento de sistemas de auxílio ao diagnóstico de **DPI** com dois objetivos específicos traçados.

Para o primeiro objetivo, de pré-processamento de imagens **RXT**, no **Capítulo 3** apresentamos propostas cobrindo as tarefas de aperfeiçoamento, segmentação, detecção de artefatos, restauração e correção de orientação. Construídas sob o pilar da simplicidade, eficiência e eficácia, as propostas se destacam pela fácil implementação, alto desempenho e baixo custo computacional. A partir dessas propostas, quatro publicações foram geradas [95, 86, 77, 91] e outra está em fase de revisão [94].

Para o segundo objetivo, de investigar a aplicação de **RP** no auxílio ao diagnóstico de três importantes **DPI**, exploramos soluções aplicando técnicas de extração e seleção de características, balanceamento de amostras e segmentação.

A primeira **DPI**, Pneumonia, foi explorada no **Capítulo 4**. Uma abordagem baseada na extração e seleção de características a partir de imagens **RXT** decompostas pela **TWD** de Haar foi construída. Aplicando diferentes **AAM** e número de características avaliamos cenários distintos de classificação e os resultados alcançados mostraram-se em linha com o estado da arte. Parte dos resultados estão comunicados em [92].

No **Capítulo 5**, foi apresentada uma estratégia original de extração de padrões radiômicos por **BPPC** em **RXT** segmentadas, para discriminar casos de COVID-19 e identificar o nível de severidade da infecção. Comparada a estudos da literatura, a estratégia mostrou resultados superiores com ganhos de acurácia acima de 10%, na maior parte dos testes, validando seu uso na discriminação de padrões radiômicos característicos das **DPI** e potencial para auxílio ao diagnóstico dessas doenças. Duas publicações [83, 84] foram geradas desse estudo.

No **Capítulo 6**, foi discutida a classificação da Tuberculose (**TB**), a última das **DPI** cobertas por neste projeto. Ainda explorando características extraídas por **BPPC**,

conduzimos dois experimentos independentes. Um para avaliar o impacto de segmentação e seleção de características e o outro para avaliar esquemas distintos de classificação e amostragem de dados. Para o primeiro experimento, dois conjuntos conhecidos de imagens **RXT**, nomeadamente **MC** e **SH**, foram usados para distinguir casos **TB** de casos normais. Tomando o melhor conjunto de características **BPPC**, ranqueadas por *SVMAttributeEval* e selecionadas por **SBS**, conduzimos avaliações para cada cenário de segmentação e conjunto de dados, e então comparamos com trabalhos de estado da arte. Os resultados foram surpreendentes e superiores ao da literatura. Para o segundo experimento, um novo e maior conjunto de imagens **RXT** de **TB**, nomeado TBX11K, foi usado. Nesse experimento, diversas avaliações foram conduzidas para compreender o impacto do desbalanceamento de classes, da expressão de prevalência da **TBP** e da adoção de um esquema hierárquico de classificação de **TB**, em fases. As avaliações mostraram, de modo geral, que o balanceamento de classes por sobre-amostragem melhora a acurácia dos modelos, principalmente pelo aumento da **TPR**. Além disso, a adoção de um esquema hierárquico para diagnóstico da **TB** está mais próximo à prática clínica e favorece numa identificação mais precisa dos casos de **TBP**. Ainda, essas propostas já resultaram em seis estudos já publicados [79, 81, 80, 78, 84, 90] e outros três ainda em fase de revisão e publicação [88, 89, 87].

Mediante o exposto, entendemos que essas evidências corroboram e sustentam nossa hipótese¹. Nossas propostas usam **RP** e **IA** e estão apoiadas no tripé da simplicidade, eficiência e eficácia, entregam resultados em linha com literatura para todas as tarefas abordadas, e são soluções alternativas para auxílio ao diagnóstico de **DPI** construídas com modelos otimizados e bases públicas. Além disso, esses resultados suportam o progresso no projeto de desenvolvimento da ferramenta XmarTB, a ser usada na identificação precoce de casos **TBP** por busca ativa.

Desse modo, em resposta às nossas questões de pesquisa, compreendemos que a extração e seleção de características por expressividade dos padrões representativos das infecções das **DPI**, associada a um processo de treinamento por **AAM** orientado para performance, pode ser uma alternativa eficaz para identificar **DPI**, o que pode ser feito com modelos de classificação tradicionais. Além disso, o balanceamento de dados, o pré-processamento e os conhecimentos de outros domínios são opções que podem efetivamente ajudar ou complementar a otimização e generalização das soluções. Ressalta-se, ainda, que questões como o tamanho e a disponibilidade de dados, o uso de recursos e configurações computacionais e a interpretabilidade devem orientar a escolha

¹Hipótese: técnicas de reconhecimento de padrão combinadas a algoritmos de inteligência artificial permitem que, por meio da construção de modelos adequadamente otimizados, seja possível desenvolver e aprimorar, com dados públicos, soluções computacionais para auxílio ao diagnóstico de **DPI** em imagens radiográficas de tórax.

da solução para alcançar uma boa relação de custo-eficiência.

Finalmente, acreditamos que esta pesquisa consegue responder ao nosso problema ao demonstrar, por meio de resultados sólidos, que o uso de **RP** e **IA**, combinados ao conhecimento de outros domínios, como observado nos **BPPC**, pode concretamente ajudar na discriminação precisa de padrões radiômicos característicos das **DPI** e no aprimoramento do diagnóstico. Destarte, os algoritmos e técnicas propostos e discutidos, em consonância com os objetivos traçados, se colocam como opções viáveis, de baixo custo, alta eficiência e eficácia, podendo efetivamente contribuir com o desenvolvimento e aprimoramento de **CADx**, **PAC** e **CBIR**, suportando o trabalho médico e beneficiando pacientes em um atendimento mais célere e preciso.

7.1 Contribuições

A partir do problema investigado, a formulação de um conjunto de algoritmos que vão do pré-processamento de imagens **RXT** ao diagnóstico de **DPI**. Além disso, o presente trabalho apresenta resultados experimentais conduzidos com bases públicas que evidenciam as vantagens e desvantagens das nossas propostas em comparação a outros trabalhos do estado da arte. Como ineditismo desta pesquisa, estão a combinação de processos de extração e seleção de características e algoritmos de classificação guiado por custo-eficiência, o uso de técnicas de **RP** de outros domínios no contexto médico, como o **BPPC**, e a construções de soluções viáveis e eficientes em termos de complexidade, eficácia e interpretabilidade, e, por fim, os fundamentos e passos iniciais no desenvolvimento da ferramenta XmarTB.

Outras contribuições e resultados gerados no processo de construção desse projeto de pesquisa são listadas no **Apêndice A**. Algumas são diretamente relacionadas ao suporte ao diagnóstico de doenças, enquanto outras foram usadas na extrapolação das técnicas de **RP** e **IA** investigadas, tendo sido realizadas em parceria com colegas da pós-graduação.

7.2 Trabalhos Futuros

Apesar dos resultados excepcionais, algumas limitações devem ser consideradas: I) nossos experimentos usaram imagens **RXT** de bancos de dados públicos, a exceção do (IPTSP/UFG) [86] de nossa instituição, que embora valiosos são limitados a variações de cortes, aparelhos, sítios, e padrões de aquisição, reduzindo o poder de generalização; II) embora tenhamos usados estratégias de validação cruzada, os experimentos foram Majoritariamente em intra-conjuntos de dados, não sendo usados conjuntos externos na avaliação, exceto na tarefa de identificação de orientação **Seção 3.6**; III) em nossas

propostas para diagnóstico das **DPI**, não são indicadas as regiões do pulmão onde está localizada a infecção, o que pode auxiliar na decisão dos profissionais de saúde; e IV) exploramos apenas três **DPI** isoladamente, contudo, mono-patologias são difíceis de ocorrer, e outras infecções podem ter padrões radiômicos similares.

Assim, considerados esses pontos, como continuidade e ampliação da pesquisa, sugerimos o seguinte:

- Avaliar o impacto das outras etapas de pré-processamento no fluxo dos **CADx**, como o aperfeiçoamento, a detecção de artefatos e identificação da orientação.
- Explorar novos recursos radiômicos, incluindo extratores de características de outros domínios.
- Testar novos conjuntos de dados à medida que se tornam disponíveis e estender este estudo para detectar outras **DPI**, como Bronquite infecciosa, Aspergilose pulmonar, Abscesso pulmonar e Bronquiolite viral, apenas para citar algumas.
- Avaliar a otimização dos parâmetros dos modelos testados.
- Avaliar outros esquemas de validação e de seleção de características.
- Avaliar a eficácia de novos métodos de **IA** para classificar **DPI**;
- Testar modelos combinando dados radiômicos das imagens com informações clínicas e históricas dos pacientes.
- Avaliar como integrar características de modelos **AAM** de baixo custo computacional com modelos **DL**, garantindo eficaz e eficiência.
- Explorar modelos que possibilitem a identificação e localização das infecções nas imagens **RXT**.
- Finalizar as etapas de teste e validação da ferramenta XmarTB, colocando-a em implantação e avaliação contínua, num ambiente real.
- Criar e tornar públicas novas bases de dados de imagens **RXT** que possibilitem a expansão da pesquisa.
- Transformar a ferramenta XmarTB, originalmente brasileiro, em um produto disponível e acessível ao público. Atualmente existem 11 soluções **IA** certificadas e disponíveis no mercado ² para suporte ao diagnóstico de **TB**, contudo, nenhuma é brasileira e são de alto custo.

²<https://www.ai4hlth.org/> acessado em junho de 2023

Referências Bibliográficas

- [1] ABBAS, A.; ABDELSAMEA, M. M. **Learning transformations for automated classification of manifestation of tuberculosis using convolutional neural network.** In: *2018 13th International Conference on Computer Engineering and Systems (ICCES)*, p. 122–126. IEEE, 2018.
- [2] AFSHAR, P.; HEIDARIAN, S.; NADERKHANI, F.; OIKONOMOU, A.; PLATANIOTIS, K. N.; MOHAMMADI, A. **COVID-CAPS: a capsule network-based framework for identification of covid-19 cases from x-ray images.** *Pattern Recognition Letters*, 138:638–643, 2020.
- [3] AHSAN, M.; BASED, M.; HAIDER, J.; KOWALSKI, M.; OTHERS. **Covid-19 detection from chest x-ray images using feature fusion and deep learning.** *Sensors*, 21(4):1480, 2021.
- [4] AKGUNDOGDU, A. **Detection of pneumonia in chest x-ray images by using 2d discrete wavelet feature extraction with random forest.** *International Journal of Imaging Systems and Technology*, 31(1):82–93, 2021.
- [5] AL-EIADEH, M. R. **Automatic lung field segmentation using robust deep learning criteria.** *International Journal of Hybrid Innovation Technologies*, 1(1):69–82, 2021.
- [6] ALAVIJEH, F. S.; MAHDAVI-NASAB, H.; NASAB, H. M. **Multi-scale morphological image enhancement of chest radiographs by a hybrid scheme.** *Journal of medical signals and sensors*, 5(1):59–68, 2015.
- [7] ALAWI, A. E. B.; AL-BASSER, A.; SALLAM, A.; AL-SABAEI, A.; AL-KHATEEB, H. **Convolutional neural networks model for screening tuberculosis disease.** In: *2021 International Conference of Technology, Science and Administration (ICTSA)*, p. 1–5. IEEE, 2021.
- [8] ALFADHLI, F. H. O.; MAND, A. A.; SAYEED, M. S.; SIM, K. S.; AL-SHABI, M. **Classification of tuberculosis with surf spatial pyramid features.** In: *2017*

- International Conference on Robotics, Automation and Sciences (ICORAS)*, p. 1–5. IEEE, 2017.
- [9] ALJAAF, A. J.; MOHSIN, T. M.; AL-JUMEILY, D.; ALLOGHANI, M. **A fusion of data science and feed-forward neural network-based modelling of covid-19 outbreak forecasting in iraq.** *Journal of Biomedical Informatics*, 118:103766, 2021.
- [10] ALMANSOUR, N. A.; SYED, H. F.; KHAYAT, N. R.; ALTHEEB, R. K.; JURI, R. E.; ALHIYAFI, J.; ALRASHED, S.; OLATUNJI, S. O. **Neural network and support vector machine for the prediction of chronic kidney disease: A comparative study.** *Computers in biology and medicine*, 109:101–111, 2019.
- [11] ANIS, S.; LAI, K. W.; CHUAH, J. H.; ALI, S. M.; MOHAFAZ, H.; HADIZADEH, M.; YAN, D.; ONG, Z.-C. **An overview of deep learning approaches in chest radiograph.** *IEEE Access*, 8:182347–182354, 2020.
- [12] ANNANGI, P.; RAJA, A. **Lung partitioning for x-ray cad applications.** In: *Medical Imaging 2011: Computer-Aided Diagnosis*, volume 7963, p. 510–517. SPIE, 2011.
- [13] ANTUN, V.; RENNA, F.; POON, C.; ADCOCK, B.; HANSEN, A. C. **On instabilities of deep learning in image reconstruction and the potential costs of ai.** *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 117(48):30088–30095, 2020.
- [14] ARULMURUGAN, R.; ANANDAKUMAR, H. **Early detection of lung cancer using wavelet feature descriptor and feed forward back propagation neural networks classifier.** In: *Computational vision and bio inspired computing*, p. 103–110. Springer, 2018.
- [15] ASLAN, M. F.; SABANCI, K.; DURDU, A.; UNLERSEN, M. F. **Covid-19 diagnosis using state-of-the-art cnn architecture features and bayesian optimization.** *Computers in biology and medicine*, p. 105244, 2022.
- [16] ASLAN, M. F.; UNLERSEN, M. F.; SABANCI, K.; DURDU, A. **Cnn-based transfer learning–ilstm network: A novel approach for covid-19 infection detection.** *Applied Soft Computing*, 98:106912, 2021.
- [17] B. P. HEALTH. [ONLINE]. **BELARUS TUBERCULOSIS PORTAL**, 2020. Available: <http://tuberculosis.by/>. [Accessed on 09-June-2020].
- [18] BARAKAT, N.; AWAD, M.; ABU-NABAH, B. A. **A machine learning approach on chest x-rays for pediatric pneumonia detection.** *Digital health*, 9:20552076231180008, 2023.

- [19] BASU, S.; MITRA, S.; SAHA, N. **Deep learning for screening covid-19 using chest x-ray images**. In: *2020 IEEE Symposium Series on Computational Intelligence (SSCI)*, p. 2521–2527. IEEE, 2020.
- [20] BIGONI, A.; MALIK, A. M.; TASCA, R.; CARRERA, M. B. M.; SCHIESARI, L. M. C.; GAMBARDILLA, D. D.; MASSUDA, A. **Brazil's health system functionality amidst of the covid-19 pandemic: An analysis of resilience**. *The Lancet Regional Health-Americas*, 10:100222, 2022.
- [21] BIRKFELLNER, W. **Applied medical image processing: a basic course (Second Edition)**. CRC Press, 2016.
- [22] BISHOP, C. M.; NASRABADI, N. M. **Pattern recognition and machine learning**, volume 4. Springer, 2006.
- [23] BOONE, J. M.; SESHAGIRI, S.; STEINER, R. M. **Recognition of chest radiograph orientation for picture archiving and communications systems display using neural networks**. *Journal of Digital Imaging*, 5(3):190, 1992.
- [24] BRASIL, M. S. **Manual de Recomendações para o Controle da Tuberculose no Brasil**. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Doenças de Condições Crônicas e Infecções Sexualmente Transmissíveis, Brasília, 2019.
- [25] BRASIL, M. S. **Manual de Recomendações para o Diagnóstico Laboratorial de Tuberculose e Micobactérias não Tuberculosas de Interesse em Saúde Pública no Brasil**. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Doenças de Condições Crônicas e Infecções Sexualmente Transmissíveis, Brasília, 2022.
- [26] CAI, L.; WANG, X.; WANG, Y.; GUO, Y.; YU, J.; WANG, Y. **Robust phase-based texture descriptor for classification of breast ultrasound images**. *Biomedical engineering online*, 14(1):1–21, 2015.
- [27] CALDERS, T.; JAROSZEWICZ, S. **Efficient auc optimization for classification**. In: *European Conference on Principles of Data Mining and Knowledge Discovery*, p. 42–53. Springer, 2007.
- [28] ÇALLI, E.; SOGANCIOGLU, E.; VAN GINNEKEN, B.; VAN LEEUWEN, K. G.; MURPHY, K. **Deep learning for chest x-ray analysis: A survey**. *Medical Image Analysis*, 72:102125, 2021.

- [29] CANDEMIR, S.; ANTANI, S. **A review on lung boundary detection in chest x-rays.** *International journal of computer assisted radiology and surgery*, 14(4):563–576, 2019.
- [30] CANDEMIR, S.; ANTANI, S.; JAEGER, S.; BROWNING, R.; THOMA, G. R. **Lung boundary detection in pediatric chest x-rays.** In: *Proc. SPIE, Medical Imaging 2015: PACS and Imaging Informatics: Next Generation and Innovations*, volume 9418, p. 94180Q–94180Q–6, Mar 2015.
- [31] CANDEMIR, S.; JAEGER, S.; PALANIAPPAN, K.; MUSCO, J. P.; SINGH, R. K.; XUE, Z.; KARARGYRIS, A.; ANTANI, S.; THOMA, G.; McDONALD, C. J. **Lung segmentation in chest radiographs using anatomical atlases with nonrigid registration.** *IEEE transactions on medical imaging*, 33(2):577–590, 2013.
- [32] CANNY, J. **A computational approach to edge detection.** *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, PAMI-8(6):679–698, Nov 1986.
- [33] CAO, F.; ZHAO, H. **Automatic lung segmentation algorithm on chest x-ray images based on fusion variational auto-encoder and three-terminal attention mechanism.** *Symmetry*, 13(5):814, 2021.
- [34] CEPAL, N. **The 2030 agenda and the sustainable development goals: An opportunity for latin america and the caribbean**, 2018.
- [35] CHAMORRO, E. M.; TASCÓN, A. D.; SANZ, L. I.; VÉLEZ, S. O.; NACENTA, S. B. **Diagnóstico radiológico del paciente con covid-19.** *Radiología*, 63(1):56–73, 2021.
- [36] CHANDRA, T. B.; VERMA, K. **Pneumonia detection on chest x-ray using machine learning paradigm.** In: *Proceedings of 3rd International Conference on Computer Vision and Image Processing: CVIP 2018, Volume 1*, p. 21–33. Springer, 2020.
- [37] CHAUHAN, A.; CHAUHAN, D.; ROUT, C. **Role of Gist and PHOG features in computer-aided diagnosis of tuberculosis without segmentation.** *PloS one*, 9(11):e112980, 2014.
- [38] CHAUHAN, H.; MODI, K. **Amsfmap methodology to improve prediction accuracy of cnn model for covid19 using x-ray images.** *Procedia Computer Science*, 218:1394–1404, 2023.
- [39] CHAVAN, M.; VARADARAJAN, V.; GITE, S.; KOTECHA, K. **Deep neural network for lung image segmentation on chest x-ray.** *Technologies*, 10(5):105, 2022.

- [40] CHAWLA, N. V.; BOWYER, K. W.; HALL, L. O.; KEGELMEYER, W. P. **Smote: synthetic minority over-sampling technique.** *Journal of artificial intelligence research*, 16:321–357, 2002.
- [41] CHEN, J.; LU, Y.; YU, Q.; LUO, X.; ADELI, E.; WANG, Y.; LU, L.; YUILLE, A. L.; ZHOU, Y. **Transunet: Transformers make strong encoders for medical image segmentation.** *arXiv preprint arXiv:2102.04306*, 2021.
- [42] CHOWDHURY, M. E. H.; RAHMAN, T.; KHANDAKAR, A.; MAZHAR, R.; KADIR, M. A.; MAHBUB, Z. B.; ISLAM, K. R.; KHAN, M. S.; IQBAL, A.; EMADI, N. A.; REAZ, M. B. I.; ISLAM, M. T. **Can AI help in screening viral and covid-19 pneumonia?** *IEEE Access*, 8:132665–132676, 2020. doi: 10.1109/ACCESS.2020.3010287.
- [43] CLARKE, L.; VELTHUIZEN, R.; CAMACHO, M.; HEINE, J.; VAIDYANATHAN, M.; HALL, L.; THATCHER, R.; SILBIGER, M. **MRI segmentation: methods and applications.** *Magnetic resonance imaging*, 13(3):343–368, 1995.
- [44] CODLIN, A. J.; DAO, T. P.; VO, L. N. Q.; FORSE, R. J.; VAN TRUONG, V.; DANG, H. M.; NGUYEN, L. H.; NGUYEN, H. B.; NGUYEN, N. V.; SIDNEY-ANNERSTEDT, K.; OTHERS. **Independent evaluation of 12 artificial intelligence solutions for the detection of tuberculosis.** *Scientific reports*, 11(1):23895, 2021.
- [45] COMMITTEE, B. T. S. B. G.; OTHERS. **a subcommittee of standards of care committee of british thoracic society.** *British Thoracic Society guidelines on diagnostic flexible bronchoscopy. Thorax*, 56(Suppl 1):i1–21, 2001.
- [46] COOKE JR, R. E.; GAETA, M. G.; KAUFMAN, D. M.; HENRICI, J. G. **Picture archiving and communication system**, June 3 2003. US Patent 6,574,629.
- [47] CORES, D.; VILA-BLANCO, N.; PÉREZ-ALARCÓN, M.; MARTÍNEZ-DE ALEGRÍA, A.; MUCIENTES, M.; CARREIRA, M. J. **A few-shot approach for covid-19 screening in standard and portable chest x-ray images.** *Scientific Reports*, 12(1):21511, 2022.
- [48] CORNE, J.; KUMARAN, M. **Chest X-Ray Made Easy E-Book.** Elsevier Health Sciences, 4th edition, 2015.
- [49] CORRÊA, R. D. A.; COSTA, A. N.; LUNDGREN, F.; MICHELIN, L.; FIGUEIREDO, M. R.; HOLANDA, M.; GOMES, M.; TEIXEIRA, P. J. Z.; MARTINS, R.; SILVA, R.; OTHERS. **2018 recommendations for the management of community acquired pneumonia.** *Jornal Brasileiro de Pneumologia*, 44:405–423, 2018.

- [50] CRIMINISI, A.; PÉREZ, P.; TOYAMA, K. **Region filling and object removal by exemplar-based image inpainting.** *IEEE Transactions on image processing*, 13(9):1200–1212, 2004.
- [51] DALL’ALBA, D.; FIORINI, P. **Bipco: ultrasound feature points based on phase congruency detector and binary pattern descriptor.** *International journal of computer assisted radiology and surgery*, 10(6):843–854, 2015.
- [52] DALMIYA, C.; SANTHI, N.; SATHYABAMA, B. **Semi-supervised change detection method using phase congruency and local binary pattern (pc-lbp).** *International Journal of Simulation–Systems, Science & Technology*, 19(6), 2018.
- [53] DARICI, M.; OTHERS. **Pneumonia detection and classification using deep learning on chest x-ray images.** *International Journal of Intelligent Systems and Applications in Engineering*, 8(4):177–183, Dec. 2020. doi: 10.18201/ijisae.2020466310.
- [54] DARMANAYAGAM, S. E.; HARICHANDRAN, K. N.; CYRIL, S. R. R.; ARPUTHARAJ, K. **A novel supervised approach for segmentation of lung parenchyma from chest ct for computer-aided diagnosis.** *Journal of digital imaging*, 26(3):496–509, 2013.
- [55] DE ANDRADE, A. L. S. S.; OTHERS. **Effectiveness of haemophilus influenzae b conjugate vaccine on childhood pneumonia: a case-control study in brazil.** *International journal of epidemiology*, 33(1):173–181, 2004.
- [56] DEY, N.; ZHANG, Y.-D.; RAJINIKANTH, V.; PUGALENTHI, R.; RAJA, N. S. M. **Customized vgg19 architecture for pneumonia detection in chest x-rays.** *Pattern Recognition Letters*, 143:67–74, 2021. doi: 10.1016/j.patrec.2020.12.010.
- [57] DOMINGOS, P. **A few useful things to know about machine learning.** *Communications of the ACM*, 55(10):78–87, 2012.
- [58] EBRAHIMIAN, H.; RIJAL, O. M.; NOOR, N. M.; YUNUS, A.; MAHYUDDIN, A. A. **Phase congruency parameter estimation and discrimination ability in detecting lung disease chest radiograph.** In: *2014 IEEE Conference on Biomedical Engineering and Sciences (IECBES)*, p. 729–734, 2014.
- [59] ELAZIZ, M. A.; HOSNY, K. M.; SALAH, A.; DARWISH, M. M.; LU, S.; SAHLOL, A. T. **New machine learning method for image-based diagnosis of covid-19.** *Plos one*, 15(6):e0235187, 2020. doi: 10.1371/journal.pone.0235187.

- [60] ELEMRAID, M. A.; MULLER, M.; SPENCER, D. A.; RUSHTON, S. P.; GORTON, R.; THOMAS, M. F.; EASTHAM, K. M.; HAMPTON, F.; GENNERY, A. R.; CLARK, J. E.; OTHERS. **Accuracy of the interpretation of chest radiographs for the diagnosis of paediatric pneumonia.** *PloS one*, 9(8):e106051, 2014.
- [61] ER, O.; TEMURTAS, F.; TANRIKULU, A. Ç. **Tuberculosis disease diagnosis using artificial neural networks.** *Journal of medical systems*, 34(3):299–302, 2010.
- [62] EVANOFF, M. G.; MCNEILL, K. M. **Computer recognition of chest image orientation.** In: *Proceedings. 11th IEEE Symposium on Computer-Based Medical Systems (Cat. No.98CB36237)*, p. 275–279, Jun 1998.
- [63] EVANOFF, M. G.; MCNEILL, K. M. **Automatically determining the orientation of chest images.** In: *Medical Imaging 1997: PACS Design and Evaluation: Engineering and Clinical Issues*, volume 3035, p. 299–308. International Society for Optics and Photonics, 1997.
- [64] EVANOFF, M. G. **Automatic identification of chest orientation in digital radiographic images.** PhD thesis, The University of Arizona, 11 1998.
- [65] FABBRI, S.; OTHERS. **Improvements in the start tool to better support the systematic review process.** In: *Proceedings of the 20th International Conference on Evaluation and Assessment in Software Engineering*, p. 21. ACM, 2016. doi: 10.1145/2915970.2916013.
- [66] FAN, D.-P.; ZHOU, T.; JI, G.-P.; ZHOU, Y.; CHEN, G.; FU, H.; SHEN, J.; SHAO, L. **Inf-net: Automatic covid-19 lung infection segmentation from ct images.** *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 39(8):2626–2637, Aug 2020.
- [67] FANG, Z.; REN, J.; MACLELLAN, C.; LI, H.; ZHAO, H.; HUSSAIN, A.; FORTINO, G. **A novel multi-stage residual feature fusion network for detection of covid-19 in chest x-ray images.** *IEEE Transactions on Molecular, Biological and Multi-Scale Communications*, 8(1):17–27, 2021.
- [68] FAWCETT, T. **An introduction to roc analysis.** *Pattern recognition letters*, 27(8):861–874, 2006.
- [69] FAYYAD, U. M.; HAUSSLER, D.; STOLORZ, P. E. **Kdd for science data analysis: Issues and examples.** In: *KDD*, p. 50–56, 1996.
- [70] FELIX, J.; FONSECA, A. U.; NASCIMENTO, H. A. D.; GUIMARÃES, N. **Rede Neural Multicamadas para Classificação de Doenças Neurodegenerativas a partir de**

- Sinais de Marcha.** In: *XXIV Congresso Brasileiro de Automática (CBA 2022)*. SBA, 2022. [No prelo].
- [71] FELIX, J.; FONSECA, A. U.; NASCIMENTO, H. A. D.; GUIMARÃES, N. N. **Análise automática da marcha para diagnóstico e classificação de severidade da doença de parkinson.** In: *18º Congresso de Pesquisa, Ensino e Extensão (CONPEEX)*, volume 1, p. 148–148. UFG, 2021.
- [72] FELIX, J.; FONSECA, A. U.; NASCIMENTO, H. A. D.; GUIMARÃES, N. N. **Uma abordagem multiclasse para classificação de doenças neurodegenerativas por meio da marcha.** In: *19º Congresso de Pesquisa, Ensino e Extensão (CONPEEX)*, volume 1, p. 1–1. UFG, 2022.
- [73] FELIX, J. P.; FONSECA, A. U.; ARAÚJO, R. J. S.; NASCIMENTO, H. A. D.; GUIMARÃES, N. **Classificação de Severidade da Doença de Parkinson Utilizando Sinais de Marcha e Aprendizado de Máquina.** In: *IX Congresso Latino-Americano de Engenharia Biomédica e XXVIII Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica (CLAIB & CBEB 2022)*. SBA, 2022. [No prelo].
- [74] FELIX, J. P.; DO NASCIMENTO, H. A. D.; GUIMARÃES, N. N.; PIRES, E. D. O.; DA FONSECA, A. U.; VIEIRA, G. D. S. **Automatic classification of amyotrophic lateral sclerosis through gait dynamics.** In: *2021 IEEE 45th Annual Computers, Software, and Applications Conference (COMPSAC)*, p. 1942–1947. IEEE, 2021.
- [75] FMCUHK, F. O. M. T. C. U. O. H. K. **Interpretation of radiographs (version 1.0) [aplicativo móvel]**, 2017. Acesso Julho de 2023 em https://eduapps.hkbu.edu.hk/?page_id=6747#Medical-Science-Apps.
- [76] FOJNICA, A.; OSMANOVIĆ, A.; BADNJEVIĆ, A. **Dynamical model of tuberculosis-multiple strain prediction based on artificial neural network.** In: *2016 5th Mediterranean Conference on Embedded Computing (MECO)*, p. 290–293, 2016.
- [77] FONSECA, A.; VIEIRA, G. S.; FELIX, J.; FREIRE SOBRINHO, P.; SILVA, Á. V. P.; SOARES, F. **Automatic orientation identification of pediatric chest x-rays.** In: *2020 IEEE 44th Annual Computers, Software, and Applications Conference (COMPSAC)*, p. 1449–1454, 2020.
- [78] FONSECA, A. U.; FELIX, J.; SOARES, F. **Uma rede neural artificial inteligente para diagnóstico de tuberculose por recursos bppc.** In: *19º Congresso de Pesquisa, Ensino e Extensão (CONPEEX)*, volume 1, p. 1–1. UFG, 2022.
- [79] FONSECA, A. U.; FELIX, J.; VIEIRA, G. D. S.; FERNANDES, D. S. A.; SOARES, F. **Automatic tuberculosis detection using binary pattern of phase congruency.**

- In: *2022 International Conference on Computational Science and Computational Intelligence (CSCI)*, 2022. [No prelo].
- [80] FONSECA, A. U.; FELIX, J.; VIEIRA, G. S.; ROCHA, B. M.; NOGUEIRA, E.; EGITO, C.; FERNANDES, D. S. A.; SOARES, F. **Diagnosticando tuberculose com redes neurais artificiais e recursos bppc**. In: *XIX Congresso Brasileiro de Informática em Saúde (CBIS)*, 2022.
- [81] FONSECA, A. U.; FELIX, J.; VIEIRA, G. S.; ROCHA, B. M.; NOGUEIRA, E.; FERNANDES, D. S. A.; SOARES, F. **Detecção eficiente de tuberculose em raio-x de tórax via seleção de atributos lbp por algoritmo de otimização da borboleta monarca**. In: *XIX Congresso Brasileiro de Informática em Saúde (CBIS)*, 2022. [No prelo].
- [82] FONSECA, A. U.; FELIX, J. P.; PINHEIRO, H.; VIEIRA, G. S.; MOURÃO, Y. C.; MONTEIRO, J. C. G.; SOARES, F. **An intelligent system to improve diagnostic support for oral squamous cell carcinoma**. *Healthcare*, 11(19), 2023.
- [83] FONSECA, A. U.; FELIX, J. P.; VIEIRA, G. S.; FERNANDES, D. S. A.; SOARES, F. **Detecção de COVID-19 e Avaliação de Nível de Severidade: Uma abordagem com BPPC e Redes Neurais Artificiais Rasas**. In: *XXIV Congresso Brasileiro de Automática (CBA 2022)*. SBA, 2022. [No prelo].
- [84] FONSECA, A. U.; FELIX, J. P.; VIEIRA, G. S.; FERNANDES, D. S.; SOARES, F. **Artificial neural networks and bppc features for detecting covid-19 and severity level**. In: *2022 IEEE International Conference on Systems, Man, and Cybernetics (SMC)*, p. 1822–1827. IEEE, 2022.
- [85] FONSECA, A. U.; FELIX, J. P.; VIEIRA, G. S.; MOURÃO, Y. C.; MONTEIRO, J. C. G.; SOARES, F. **Uma Rede Neural Artificial para Suporte ao Diagnóstico de Carcinoma Espinocelular Oral**. In: *IX Congresso Latino-Americano de Engenharia Biomédica e XXVIII Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica (CLAIB & CBEB 2022)*. SBA, 2022. [No prelo].
- [86] FONSECA, A. U.; OLIVEIRA, L. L.; MOMBACH, J.; FERNANDES, D. S.; SALVINI, R.; SOARES, F. **Foreign artifacts detection on pediatric chest x-ray**. In: *2020 IEEE Canadian Conference on Electrical and Computer Engineering (CCECE)*, p. 1–4. IEEE, 2020.
- [87] FONSECA, A. U.; PARREIRA, P. L.; CONTE, M. B.; RABAHI, M. F.; SOARES, F. **Chest X-ray evaluation by Machine Learning to support the early diagnosis**

- of Pulmonary Tuberculosis: The XmarTB Tool.** *International Journal of Tuberculosis and Lung Disease*, 2023. Submetida em maio de 2023.
- [88] FONSECA, A. U.; PARREIRA, P. L.; CONTE, M. B.; RABAHI, M. F.; SOARES, F. **Machine learning applied to chest x-rays to support the diagnosis of pulmonary tuberculosis.** In: *European Respiratory Society International Congress (ERS)*, 2023. Aceito.
- [89] FONSECA, A. U.; PARREIRA, P. L.; VIEIRA, G. S.; FELIX, J. P.; CONTE, M. B.; RABAHI, M. F.; SOARES, F. **A Novel Tuberculosis Diagnosis Approach Using Feed-Forward Neural Networks and Binary Pattern Phase of Congruency.** *Intelligent Systems with Applications*, 2023. Submetida em outubro de 2022, segunda rodada de revisão.
- [90] FONSECA, A. U.; ROCHA, B. M.; NOGUEIRA, E. A.; VIEIRA, G. S.; FERNANDES, D. S.; LIMA, J. C.; FERREIRA, J. C.; SOARES, F. **Tuberculosis detection in chest radiography: A combined approach of local binary pattern features and monarch butterfly optimization algorithm.** In: *2022 IEEE 46th Annual Computers, Software, and Applications Conference (COMPSAC)*, p. 1408–1413. IEEE, 2022.
- [91] FONSECA, A. U.; SOARES, F.; OLIVEIRA, L. L.; RAMADA, M. S.; SALVINI, R.; FERNANDES, D. S. A.; FERREIRA, C. B. R.; FERREIRA, W. D. **X-ray image enhancement: A technique combination approach.** In: *2019 IEEE 31st International Conference on Tools with Artificial Intelligence (ICTAI)*, p. 1686–1690, 2019.
- [92] FONSECA, A. U.; VIEIRA, G. S.; SOARES, F. **Screening of viral pneumonia and covid-19 in chest x-ray using classical machine learning.** In: *2021 IEEE 45th Annual Computers, Software, and Applications Conference (COMPSAC)*, p. 1936–1941, 2021.
- [93] FONSECA, A. U.; VIEIRA, G. S.; SOARES, F. A.; BULCÃO-NETO, R. F. **A research agenda on pediatric chest x-ray: Is deep learning still in childhood?** *arXiv preprint arXiv:2007.11369*, 2020.
- [94] FONSECA, A. U.; VIEIRA, G. S.; FELIX, J. P.; SOARES, F. **Automated Lung Region Segmentation in Pediatric Chest Radiography.** *Revista de Informática Teórica e Aplicada*, 2023. Submetida em abril de 2023.
- [95] FONSECA, A. U.; FELIX, J. P.; SOARES, F. **Segmentação da região pulmonar em radiografias pediátricas de tórax.** In: *Anais da X Escola Regional de Informática de Goiás*, p. 48–59. SBC, 2022.

- [96] FONSECA, A. U.; FELIX, J. P.; VIEIRA, G. S.; ROCHA, B. M.; NOGUEIRA, E. A.; ARAÚJO, C. E. E.; FERNANDES, D.; SOARES, F. **Diagnosticando tuberculose com redes neurais artificiais e recursos bppc.** *Journal of Health Informatics*, 15(Especial), 2023.
- [97] FONSECA, A. U.; OLIVEIRA, L. L. G.; SOARES, F. **Deteção de artefatos estranhos em radiografias de tórax.** In: *XV CBIS- Congresso Brasileiro de Informática em Saúde*, p. 721–730, Goiânia, Brasil, Novembro 2016.
- [98] FONSECA, A. U.; VIEIRA, G. S.; SOARES, F.; BULCÃO-NETO, R. F. **Pediatric chest radiography research agenda: Is deep learning still in childhood?** *arXiv preprint arXiv:2007.11369*, 2020.
- [99] FROSIO, I.; LUCCHESI, M.; LISSANDRELLO, F.; BORGHESE, N. A. **Automatic contrast enhancement in digital radiography.** In: *2008 IEEE Nuclear Science Symposium Conference Record*, p. 4331–4334, Oct 2008.
- [100] FROSIO, I.; BORGHESE, N. A. **Statistical based impulsive noise removal in digital radiography.** *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 28(1):3–16, 2009.
- [101] FU, S.; ZHANG, M.; MU, C.; SHEN, X. **Advancements of medical image enhancement in healthcare applications.** *Journal of healthcare engineering*, 2018, 2018.
- [102] GAIOLLA, P. **Recomendações para o atendimento aos pacientes com infecção do trato respiratório inferior: pneumonia adquirida na comunidade, pneumonia associada aos cuidados de saúde, pneumonia hospitalar, exacerbação de doença pulmonar obstrutiva crônica, exacerbação de bronquiectasia/paula schmidt azevedo gaiolla; liana sousa coelho, ricardo de sousa cavalcante.** *Botucatu–SP. Hospital das Clínicas da Faculdade de Medicina de Botucatu. Botucatu–SP*, 2015.
- [103] GAZDA, M.; PLAVKA, J.; GAZDA, J.; DROTAR, P. **Self-supervised deep convolutional neural network for chest x-ray classification.** *IEEE Access*, 9:151972–151982, 2021.
- [104] GIL, D.; DÍAZ-CHITO, K.; SÁNCHEZ, C.; HERNÁNDEZ-SABATÉ, A. **Early screening of sars-cov-2 by intelligent analysis of x-ray images.** *arXiv preprint arXiv:2005.13928*, 2020.
- [105] GLAS, A. S.; LIJMER, J. G.; PRINS, M. H.; BONSEL, G. J.; BOSSUYT, P. M. **The diagnostic odds ratio: a single indicator of test performance.** *Journal of clinical epidemiology*, 56(11):1129–1135, 2003.

- [106] GOLDSCHMIDT, R.; BEZERRA, E. **Data Mining: Conceitos, técnicas, algoritmos, orientações e aplicações**. Elsevier Brasil, 2015.
- [107] GONZALEZ, R. C.; WOODS, R. E. **Processamento digital de imagens**. Pearson Prentice Hall, São Paulo, 3 edition, 2010.
- [108] GONZALEZ, R. C.; WOODS, R. E.; EDDINS, S. L. **Digital Image Processing Using MATLAB**. New Jersey: Prentice Hall, 3 edition, 2004.
- [109] GORDIENKO, Y.; GANG, P.; HUI, J.; ZENG, W.; KOCHURA, Y.; ALIENIN, O.; ROKOVYI, O.; STIRENKO, S. **Deep learning with lung segmentation and bone shadow exclusion techniques for chest x-ray analysis of lung cancer**. In: *International Conference on Computer Science, Engineering and Education Applications*, p. 638–647. Springer, 2018.
- [110] GOZES, O.; GREENSPAN, H. **Deep feature learning from a hospital-scale chest x-ray dataset with application to TB detection on a small-scale dataset**. In: *2019 41st annual international conference of the ieee engineering in medicine and biology society (embc)*, p. 4076–4079. IEEE, 2019.
- [111] GOZES, O.; GREENSPAN, H. **Bone structures extraction and enhancement in chest radiographs via cnn trained on synthetic data**. In: *2020 IEEE 17th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI)*, p. 858–861. IEEE, 2020.
- [112] GU, Z.; CHENG, J.; FU, H.; ZHOU, K.; HAO, H.; ZHAO, Y.; ZHANG, T.; GAO, S.; LIU, J. **Ce-net: Context encoder network for 2d medical image segmentation**. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 38(10):2281–2292, Oct 2019.
- [113] GUIDE, M. U. **The mathworks**. Inc., Natick, MA, 5:333, 1998.
- [114] GUPTA, A.; GUPTA, S.; KATARYA, R.; OTHERS. **InstaCovNet-19: A deep learning classification model for the detection of covid-19 patients using chest x-ray**. *Applied Soft Computing*, 99:106859, 2021.
- [115] GUYON, I.; WESTON, J.; BARNHILL, S.; VAPNIK, V. **Gene selection for cancer classification using support vector machines**. *Machine learning*, 46(1):389–422, 2002.
- [116] HANLEY, J. A.; MCNEIL, B. J. **The meaning and use of the area under a receiver operating characteristic (roc) curve**. *Radiology*, 143(1):29–36, 1982.
- [117] HASHMI, M. F.; KATIYAR, S.; KESKAR, A. G.; BOKDE, N. D.; GEEM, Z. W. **Efficient pneumonia detection in chest xray images using deep transfer learning**. *Diagnostics*, 10(6):417, 2020. doi: 10.3390/diagnostics10060417.

- [118] HEISER, S. **New findings confirm predictions on physician shortage.** *Washington, DC: Association of American Medical Colleges (AAMC)*(accessed September 17, 2019), 2019.
- [119] HESAMIAN, M. H.; JIA, W.; HE, X.; KENNEDY, P. **Deep learning techniques for medical image segmentation: achievements and challenges.** *Journal of digital imaging*, 32(4):582–596, 2019.
- [120] HO, T. K. K.; GWAK, J.; PRAKASH, O.; SONG, J.-I.; PARK, C. M. **Utilizing pre-trained deep learning models for automated pulmonary tuberculosis detection using chest radiography.** In: *Asian conference on intelligent information and database systems*, p. 395–403. Springer, 2019.
- [121] HOGEWEG, L.; SÁNCHEZ, C. I.; DE JONG, P. A.; MADUSKAR, P.; VAN GINNEKEN, B. **Clavicle segmentation in chest radiographs.** *Medical Image Analysis*, 16(8):1490–1502, 2012.
- [122] HOGEWEG, L.; SÁNCHEZ, C. I.; MADUSKAR, P.; PHILIPSEN, R.; STORY, A.; DAWSON, R.; THERON, G.; DHEDA, K.; PETERS-BAX, L.; VAN GINNEKEN, B. **Automatic detection of tuberculosis in chest radiographs using a combination of textural, focal, and shape abnormality analysis.** *IEEE transactions on medical imaging*, 34(12):2429–2442, 2015.
- [123] HOGEWEG, L.; SÁNCHEZ, C. I.; MELENDEZ, J.; MADUSKAR, P.; STORY, A.; HAYWARD, A.; VAN GINNEKEN, B. **Foreign object detection and removal to improve automated analysis of chest radiographs.** *Medical physics*, 40(7):071901, 2013.
- [124] HOGEWEG, L.; SANCHEZ, C. I.; VAN GINNEKEN, B. **Suppression of translucent elongated structures: Applications in chest radiography.** *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 32(11):2099–2113, 2013.
- [125] HOGEWEG, L.; SANCHEZ, C. I.; VAN GINNEKEN, B. **Suppression of translucent elongated structures: Applications in chest radiography.** *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 32(11):2099–2113, 2013.
- [126] HOLMES, G.; DONKIN, A.; WITTEN, I. H. **Weka: A machine learning workbench.** In: *Proceedings of ANZIIS'94-Australian New Zealand Intelligent Information Systems Conference*, p. 357–361. IEEE, 1994.
- [127] HOODA, R.; MITTAL, A.; SOFAT, S. **Tuberculosis detection from chest radiographs: a comprehensive survey on computer-aided diagnosis techniques.** *Current Medical Imaging*, 14(4):506–520, 2018.

- [128] HOODA, R.; MITTAL, A.; SOFAT, S. **Automated TB classification using ensemble of deep architectures.** *Multimedia Tools and Applications*, 78(22):31515–31532, 2019.
- [129] HOODA, R.; MITTAL, A.; SOFAT, S. **A survey of CAD methods for tuberculosis detection in chest radiographs.** In: *Soft Computing: Theories and Applications*, p. 273–282. Springer, 2019.
- [130] HOSNY, A.; PARMAR, C.; QUACKENBUSH, J.; SCHWARTZ, L. H.; AERTS, H. J. **Artificial intelligence in radiology.** *Nature Reviews Cancer*, 18(8):500–510, 2018.
- [131] HWANG, E. J.; LEE, J. H.; KIM, J. H.; LIM, W. H.; GOO, J. M.; PARK, C. M. **Deep learning computer-aided detection system for pneumonia in febrile neutropenia patients: a diagnostic cohort study.** *BMC Pulmonary Medicine*, 21:1–11, 2021.
- [132] IAKOVIDIS, D. K.; SAVELONAS, M. A.; PAPAMICHALIS, G. **Robust model-based detection of the lung field boundaries in portable chest radiographs supported by selective thresholding.** *Measurement Science and Technology*, 20(10):104019, 2009.
- [133] ISMAEL, A. M.; ŞENGÜR, A. **Deep learning approaches for covid-19 detection based on chest x-ray images.** *Expert Systems with Applications*, 164:114054, 2021.
- [134] ITRI, J. N.; TAPPOUNI, R. R.; MCEACHERN, R. O.; PESCH, A. J.; PATEL, S. H. **Fundamentals of diagnostic error in imaging.** *Radiographics*, 38(6):1845–1865, 2018.
- [135] JAEGER, S.; CANDEMIR, S.; ANTANI, S.; WÁNG, Y.-X. J.; LU, P.-X.; THOMA, G. **Two public chest x-ray datasets for computer-aided screening of pulmonary diseases.** *Quantitative imaging in medicine and surgery*, 4(6):475, 2014.
- [136] JAEGER, S.; KARARGYRIS, A.; CANDEMIR, S.; FOLIO, L.; SIEGELMAN, J.; CALLAGHAN, F.; XUE, Z.; PALANIAPPAN, K.; SINGH, R. K.; ANTANI, S.; THOMA, G.; WANG, Y.-X.; LU, P.-X.; MCDONALD, C. J. **Automatic Tuberculosis Screening Using Chest Radiographs.** *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 33(2):233–245, 2014.
- [137] JAEGER, S.; KARARGYRIS, A.; CANDEMIR, S.; SIEGELMAN, J.; FOLIO, L.; ANTANI, S.; THOMA, G. **Automatic screening for tuberculosis in chest radiographs: a survey.** *Quantitative imaging in medicine and surgery*, 3(2):89, 2013.

- [138] JAIN, R.; GUPTA, M.; TANEJA, S.; HEMANTH, D. J. **Deep learning based detection and analysis of covid-19 on chest x-ray images.** *Applied Intelligence*, 51(3):1690–1700, 2021.
- [139] JAISWAL, A. K.; TIWARI, P.; KUMAR, S.; GUPTA, D.; KHANNA, A.; RODRIGUES, J. J. **Identifying pneumonia in chest x-rays: A deep learning approach.** *Measurement*, 145:511–518, 2019.
- [140] JHA, D.; KIM, J.-I.; KWON, G.-R. **Diagnosis of alzheimer’s disease using dual-tree complex wavelet transform, pca, and feed-forward neural network.** *Journal of healthcare engineering*, 2017, 2017.
- [141] KALLIANOS, K.; MONGAN, J.; ANTANI, S.; HENRY, T.; TAYLOR, A.; ABUYA, J.; KOHLI, M. **How far have we come? artificial intelligence for chest radiograph interpretation.** *Clinical radiology*, 74(5):338–345, 2019.
- [142] KARACA, B. K.; GÜNEY, S.; DENGİZ, B.; AĞILDERE, M. **Comparative Study for Tuberculosis Detection by Using Deep Learning.** In: *2021 44th International Conference on Telecommunications and Signal Processing (TSP)*, p. 88–91, 2021.
- [143] KARTHIK, K.; KAMATH, S. **Automated view orientation classification for x-ray images using deep neural networks.** In: *Smart Computational Intelligence in Biomedical and Health Informatics*, p. 61–72. CRC Press, 2021.
- [144] KAUR, S.; KAUR, P. **Review and analysis of various image enhancement techniques.** *International Journal of Computer Applications Technology and Research*, 4(5):414, 2015.
- [145] KEERTHI, S. S.; SHEVADE, S. K.; BHATTACHARYYA, C.; MURTHY, K. R. K. **Improvements to Platt’s SMO algorithm for SVM classifier design.** *Neural computation*, 13(3):637–649, 2001.
- [146] KEIDERLING, T. **Der brockhaus.** *Große Lexika und Wörterbücher Europas: Europäische Enzyklopädien und Wörterbücher in historischen Porträts*, p. 193–210, 2012.
- [147] KERMANY, D.; ZHANG, K.; GOLDBAUM, M. **Large dataset of labeled optical coherence tomography (oct) and chest x-ray images.** *Mendeley Data*, v3 <http://dx.doi.org/10.17632/rschjbr9sj>, 3, 2018.
- [148] KERMANY, D.; OTHERS. **Identifying medical diagnoses and treatable diseases by image-based deep learning.** *Cell*, 172(5):1122–1131.e9, Feb. 2018. doi: 10.1016/j.cell.2018.02.010.

- [149] KHAN, A. I.; SHAH, J. L.; BHAT, M. M. **Coronet: A deep neural network for detection and diagnosis of covid-19 from chest x-ray images.** *Computer methods and programs in biomedicine*, 196:105581, 2020.
- [150] KHAN, W.; ZAKI, N.; ALI, L. **Intelligent pneumonia identification from chest x-rays: A systematic literature review.** *IEEE Access*, 9:51747–51771, 2021.
- [151] KHATRI, A.; JAIN, R.; VASHISTA, H.; MITTAL, N.; RANJAN, P.; JANARDHANAN, R. **Pneumonia identification in chest x-ray images using emd.** In: *Trends in Communication, Cloud, and Big Data: Proceedings of 3rd National Conference on CCB, 2018*, p. 87–98. Springer, 2020.
- [152] KHOBRAGADE, S.; TIWARI, A.; PATIL, C.; NARKE, V. **Automatic detection of major lung diseases using chest radiographs and classification by feed-forward artificial neural network.** In: *2016 IEEE 1st International Conference on Power Electronics, Intelligent Control and Energy Systems (ICPEICES)*, p. 1–5, 2016.
- [153] KORKMAZ, F. T.; TRABER, K. E. **Innate immune responses in pneumonia.** *Pneumonia*, 15(1):1–26, 2023.
- [154] KOVESI, P. **Why i use matlab for forensic image processing**, 2016. Acesso Dezembro de 2016 em <http://peterkovesi.com/Forensic/whyusematlab.html>.
- [155] KOVESI, P.; OTHERS. **Image features from phase congruency.** *Videre: Journal of computer vision research*, 1(3):1–26, 1999.
- [156] KULKARNI, S.; JHA, S. **Artificial intelligence, radiology, and tuberculosis: a review.** *Academic radiology*, 27(1):71–75, 2020.
- [157] LAI, C.-C.; SHIH, T.-P.; KO, W.-C.; TANG, H.-J.; HSUEH, P.-R. **Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (sars-cov-2) and coronavirus disease-2019 (covid-19): The epidemic and the challenges.** *International journal of antimicrobial agents*, 55(3):105924, 2020.
- [158] LAKHANI, P.; SUNDARAM, B. **Deep learning at chest radiography: automated classification of pulmonary tuberculosis by using convolutional neural networks.** *Radiology*, 284(2):574–582, 2017.
- [159] LANDWEHR, N.; HALL, M.; FRANK, E. **Logistic model trees.** *Machine learning*, 59(1-2):161–205, 2005.

- [160] LATIF, A.; RASHEED, A.; SAJID, U.; AHMED, J.; ALI, N.; RATYAL, N. I.; ZAFAR, B.; DAR, S. H.; SAJID, M.; KHALIL, T. **Content-based image retrieval and feature extraction: a comprehensive review**. *Mathematical Problems in Engineering*, 2019, 2019.
- [161] LAWRENCE, C. **The evolution of surgical instruments: An illustrated history from ancient times to the twentieth century**. *Bulletin of the History of Medicine*, 81(3):14–17, 2007.
- [162] LE CESSIE, S.; VAN HOUWELINGEN, J. C. **Ridge estimators in logistic regression**. *Journal of the Royal Statistical Society: Series C (Applied Statistics)*, 41(1):191–201, 1992.
- [163] LEE, C. S.; NAGY, P. G.; WEAVER, S. J.; NEWMAN-TOKER, D. E. **Cognitive and system factors contributing to diagnostic errors in radiology**. *American Journal of Roentgenology*, 201(3):611–617, 2013.
- [164] LEE, D. T.; YAMAMOTO, A. **Wavelet analysis: theory and applications**. *Hewlett Packard journal*, 45:44–44, 1994.
- [165] LI, X.; LUO, S.; HU, Q.; LI, J.; WANG, D.; CHIONG, F. **Automatic lung field segmentation in x-ray radiographs using statistical shape and appearance models**. *Journal of Medical Imaging and Health Informatics*, 6(2):338–348, 2016.
- [166] LIN, Z.; HE, Z.; XIE, S.; WANG, X.; TAN, J.; LU, J.; TAN, B. **AANet: Adaptive Attention Network for COVID-19 Detection From Chest X-Ray Images**. *IEEE Transactions on Neural Networks and Learning Systems*, 32(11):4781–4792, 2021.
- [167] LINDA G. SHAPIRO, G. C. S. **Computer Vision**. Prentice Hall, 2001.
- [168] LIU, C.; YUEN, J.; TORRALBA, A. **Sift flow: Dense correspondence across scenes and its applications**. *IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence*, 33(5):978–994, 2010.
- [169] LIU, C.; CAO, Y.; ALCANTARA, M.; LIU, B.; BRUNETTE, M.; PEINADO, J.; CURIOSO, W. **Tx-cnn: Detecting tuberculosis in chest x-ray images using convolutional neural network**. In: *2017 IEEE international conference on image processing (ICIP)*, p. 2314–2318. IEEE, 2017.
- [170] LIU, Y.; WU, Y.-H.; BAN, Y.; WANG, H.; CHENG, M.-M. **Rethinking computer-aided tuberculosis diagnosis**. In: *2020 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, p. 2643–2652, 2020.

- [171] LOPES, U.; VALIATI, J. F. **Pre-trained convolutional neural networks as feature extractors for tuberculosis detection.** *Computers in biology and medicine*, 89:135–143, 2017.
- [172] LÓPEZ-CABRERA, J. D.; OROZCO-MORALES, R.; PORTAL-DÍAZ, J. A.; LOVELLE-ENRÍQUEZ, O.; PÉREZ-DÍAZ, M. **Current limitations to identify covid-19 using artificial intelligence with chest x-ray imaging.** *Health and Technology*, 11(2):411–424, 2021.
- [173] LOWE, D. A.; VASQUEZ, R.; MANIACI, V. **Foreign body aspiration in children.** *Clinical Pediatric Emergency Medicine*, 16(3):140 – 148, 2015. Airway and Respiratory Disease Management.
- [174] LUJÁN-GARCÍA, J. E.; YÁÑEZ-MÁRQUEZ, C.; VILLUENDAS-REY, Y.; CAMACHO-NIETO, O. **A transfer learning method for pneumonia classification and visualization.** *Applied Sciences*, 10(8), 2020. doi: 10.3390/app10082908.
- [175] LUO, H.; HAO, W.; FOOS, D. H.; CORNELIUS, C. W. **Automatic image hanging protocol for chest radiographs in pacs.** *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine*, 10(2):302–311, April 2006.
- [176] MAHMOOD, F.; BORDERS, D.; CHEN, R. J.; MCKAY, G. N.; SALIMIAN, K. J.; BARAS, A.; DURR, N. J. **Deep adversarial training for multi-organ nuclei segmentation in histopathology images.** *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 39(11):3257–3267, Nov 2020.
- [177] MAHOMED, N.; VAN GINNEKEN, B.; PHILIPSEN, R. H.; MELENDEZ, J.; MOORE, D. P.; MOODLEY, H.; SEWCHURAN, T.; MATHEW, D.; MADHI, S. A. **Computer-aided diagnosis for world health organization-defined chest radiograph primary-endpoint pneumonia in children.** *Pediatric radiology*, 50:482–491, 2020.
- [178] MALIK, M. A. **Fragility and challenges of health systems in pandemic: early lessons from india’s second wave of coronavirus disease 2019 (covid-19).** *Global Health Journal*, 2022.
- [179] MANNEPALLI, D. P.; OTHERS. **A cad system design based on hybridmultiscale convolutional mantaray network for pneumonia diagnosis.** *Multimedia Tools and Applications*, 81(9):12857–12881, 2022.
- [180] MANSOR, M. N.; REJAB, M. N. **Phase congruency image and sparse classifier for newborn classifying pain state.** In: *2013 IEEE International Conference on Control System, Computing and Engineering*, p. 450–454, 2013.

- [181] MASON, S. J.; GRAHAM, N. E. **Areas beneath the relative operating characteristics (roc) and relative operating levels (rol) curves: Statistical significance and interpretation.** *Quarterly Journal of the Royal Meteorological Society: A journal of the atmospheric sciences, applied meteorology and physical oceanography*, 128(584):2145–2166, 2002.
- [182] MCAULIFFE, M. J.; LALONDE, F. M.; MCGARRY, D.; GANDLER, W.; CSAKY, K.; TRUS, B. L. **Medical image processing, analysis and visualization in clinical research.** In: *Computer-Based Medical Systems, 2001. CBMS 2001. Proceedings. 14th IEEE Symposium on*, p. 381–386. IEEE, 2001.
- [183] MCHUGH, M. L. **Interrater reliability: the kappa statistic.** *Biochemia medica*, 22(3):276–282, 2012.
- [184] MCNEMAR, Q. **Note on the sampling error of the difference between correlated proportions or percentages.** *Psychometrika*, 12(2):153–157, 1947.
- [185] MERCAN, C. A.; CELEBI, M. S. **An approach for chest tube detection in chest radiographs.** *IET Image Processing*, 8(2):122–129, 2014.
- [186] METLAY, J. P.; KAPOOR, W. N.; FINE, M. J. **Does this patient have community-acquired pneumonia?: Diagnosing pneumonia by history and physical examination.** *Jama*, 278(17):1440–1445, 1997.
- [187] METLAY, J. P.; WATERER, G. W.; LONG, A. C.; ANZUETO, A.; BROZEK, J.; CROTHERS, K.; COOLEY, L. A.; DEAN, N. C.; FINE, M. J.; FLANDERS, S. A.; OTHERS. **Diagnosis and treatment of adults with community-acquired pneumonia. an official clinical practice guideline of the american thoracic society and infectious diseases society of america.** *American journal of respiratory and critical care medicine*, 200(7):e45–e67, 2019.
- [188] MEYER-BAESE, A.; SCHMID, V. J. **Pattern recognition and signal analysis in medical imaging.** Elsevier, 2nd edition, 2014.
- [189] MIAO, X.; CHU, H.; LIU, H.; YANG, Y.; LI, X. **Quality assessment of images with multiple distortions based on phase congruency and gradient magnitude.** *Signal Processing: Image Communication*, 79:54–62, 2019.
- [190] MITCHELL, T. M.; OTHERS. **Machine learning**, volume 1. McGraw-hill New York, 2007.
- [191] MITTAL, A.; HOODA, R.; SOFAT, S. **Lung field segmentation in chest radiographs: a historical review, current status, and expectations from deep learning.** *IET Image Processing*, 11(11):937–952, 2017.

- [192] MITTAL, A.; KUMAR, D.; MITTAL, M.; SABA, T.; ABUNADI, I.; REHMAN, A.; ROY, S. **Detecting pneumonia using convolutions and dynamic capsule routing for chest x-ray images.** *Sensors*, 20(4), 2020. doi: 10.3390/s20041068.
- [193] MOHD RIJAL, O.; EBRAHIMIAN, H.; NOOR, N. M. **Determining features for discriminating ptb and normal lungs using phase congruency model.** In: *Proceedings of 2012 IEEE-EMBS International Conference on Biomedical and Health Informatics*, p. 341–344, 2012.
- [194] MOMBACH, J.; FONSECA, A. U.; NASCIMENTO, T. H.; RODRIGUES, W. G.; GRESSLER, H.; ROSSI, F. D.; SOARES, F. **A new approach to performing paper-based children’s spelling tests on mobile devices.** In: *2020 IEEE International Conference on Systems, Man, and Cybernetics (SMC)*, p. 4346–4351. IEEE, 2020.
- [195] MORI, I.; MACHIDA, Y.; OSANAI, M.; IINUMA, K. **Photon starvation artifacts of x-ray ct: their true cause and a solution.** *Radiological Physics and Technology*, 6(1):130–141, 2013.
- [196] NAFISAH, S. I.; MUHAMMAD, G. **Tuberculosis detection in chest radiograph using convolutional neural network architecture and explainable artificial intelligence.** *Neural Computing and Applications*, p. 1–21, 2022.
- [197] NAHID, A.-A.; SIKDER, N.; BAIRAGI, A. K.; RAZZAQUE, M. A.; MASUD, M.; Z. KOUZANI, A.; MAHMUD, M. P. **A novel method to identify pneumonia through analyzing chest radiographs employing a multichannel convolutional neural network.** *Sensors*, 20(12):3482, 2020.
- [198] NGUYEN, Q. H.; NGUYEN, B. P.; DAO, S. D.; UNNIKRISHNAN, B.; DHINGRA, R.; RAVICHANDRAN, S. R.; SATPATHY, S.; RAJA, P. N.; CHUA, M. C. H. **Deep Learning Models for Tuberculosis Detection from Chest X-ray Images.** In: *2019 26th International Conference on Telecommunications (ICT)*, p. 381–385, 2019.
- [199] NGUYEN NGOC, H.; HOANG, V.; BUI, T. H.; TRUONG, S. Q. H.; MINH, T. H.; NGUYEN VAN, D.; NGUYEN THI MINH, T.; CUNG VAN, C. **An efficient approach for tuberculosis diagnosis on chest x-ray.** In: *2022 IEEE 19th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI)*, p. 1–5, 2022.
- [200] NOSE, H.; UNNO, Y.; KOIKE, M.; SHIRAISHI, J. **A simple method for identifying image orientation of chest radiographs by use of the center of gravity of the image.** *Radiological physics and technology*, 5(2):207–212, 2012.

- [201] NOUR, M.; OTHERS. **A novel medical diagnosis model for covid-19 infection detection based on deep features and bayesian optimization.** *Applied Soft Computing*, 97:106580, 2020. doi: 10.1016/j.asoc.2020.106580.
- [202] OGIELA, M. R.; TADEUSIEWICZ, R. **Preprocessing medical images and their overall enhancement.** *Modern Computational Intelligence Methods for the Interpretation of Medical Images*, p. 65–97, 2008.
- [203] OH, Y.; PARK, S.; YE, J. C. **Deep learning covid-19 features on cxr using limited training data sets.** *IEEE transactions on medical imaging*, 39(8):2688–2700, 2020.
- [204] ÖKSÜZ, C.; OTHERS. **Covid-19 detection with severity level analysis using the deep features, and wrapper-based selection of ranked features.** *Concurrency and Computation: Practice and Experience*, p. e6802, 2021.
- [205] OLIVEIRA, L. L. G.; SILVA, S. A. E.; RIBEIRO, L. H. V.; DE OLIVEIRA, R. M.; COELHO, C. J.; ANA LÚCIA, A. L. S. **Computer-aided diagnosis in chest radiography for detection of childhood pneumonia.** *International Journal of Medical Informatics*, 77(8):555–564, 2008.
- [206] OLTU, B.; GÜNEY, S.; DENGİZ, B.; AĞILDERE, M. **Automated Tuberculosis Detection Using Pre-Trained CNN and SVM.** In: *2021 44th International Conference on Telecommunications and Signal Processing (TSP)*, p. 92–95, 2021.
- [207] OSMAN, M. K.; MOHD NOOR, M. H.; MASHOR, M. Y.; JAAFAR, H. **Compact single hidden layer feedforward network for mycobacterium tuberculosis detection.** In: *2011 IEEE International Conference on Control System, Computing and Engineering*, p. 432–436, 2011.
- [208] OTSU, N. **A threshold selection method from gray-level histograms.** *Automatica*, 11(285-296):23–27, 1975.
- [209] OUCHICHA, C.; OTHERS. **CVDNet: A novel deep learning architecture for detection of coronavirus (covid-19) from chest x-ray images.** *Chaos, Solitons & Fractals*, 140:110245, 2020. doi: 10.1016/j.chaos.2020.110245.
- [210] OZTURK, T.; TALO, M.; YILDIRIM, E. A.; BALOGLU, U. B.; YILDIRIM, O.; ACHARYA, U. R. **Automated detection of covid-19 cases using deep neural networks with x-ray images.** *Computers in biology and medicine*, 121:103792, 2020. doi: 10.1016/j.combiomed.2020.103792.

- [211] PAI, M.; KALANTRI, S.; DHEDA, K. **New tools and emerging technologies for the diagnosis of tuberculosis: part i. latent tuberculosis.** *Expert review of molecular diagnostics*, 6(3):413–422, 2006.
- [212] PANETTA, K.; SANGHAVI, F.; AGAIAN, S.; MADAN, N. **Automated detection of covid-19 cases on radiographs using shape-dependent fibonacci-p patterns.** *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics*, 25(6):1852–1863, 2021.
- [213] PARANJAPE, R. B. **Chapter 1 - fundamental enhancement techniques.** In: BANKMAN, I. N., editor, *Handbook of Medical Image Processing and Analysis (Second Edition)*, p. 3–18. Academic Press, Burlington, second edition edition, 2009.
- [214] PASA, F.; GOLKOV, V.; PFEIFFER, F.; CREMERS, D.; PFEIFFER, D. **Efficient deep network architectures for fast chest X-ray tuberculosis screening and visualization.** *Scientific reports*, 9(1):1–9, 2019.
- [215] PATEL, A. G.; PIZZITOLA, V. J.; JOHNSON, C. D.; ZHANG, N.; PATEL, M. D. **Radiologists make more errors interpreting off-hours body ct studies during overnight assignments as compared with daytime assignments.** *Radiology*, 297(2):374–379, 2020.
- [216] PATIL, S.; UDUPI, D. V. **Preprocessing to be considered for mr and ct images containing tumors.** *IOSR Journal of Electrical and Electronics Engineering*, 1(4):54–57, 2012.
- [217] PHAM, D. L.; XU, C.; PRINCE, J. L. **Current methods in medical image segmentation.** *Annual review of biomedical engineering*, 2(1):315–337, 2000.
- [218] PHILIPSEN, R. H. H. M.; MADUSKAR, P.; HOGEWEG, L.; MELENDEZ, J.; SÁNCHEZ, C. I.; VAN GINNEKEN, B. **Localized Energy-Based Normalization of Medical Images: Application to Chest Radiography.** *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 34(9):1965–1975, 2015.
- [219] PHILLIPS, N. A.; RAJPURKAR, P.; SABINI, M.; KRISHNAN, R.; ZHOU, S.; PAREEK, A.; PHU, N. M.; WANG, C.; JAIN, M.; DU, N. D.; TRUONG, S. Q.; NG, A. Y.; LUNGREN, M. P. **Chexphoto: 10,000+ photos and transformations of chest x-rays for benchmarking deep learning robustness.** In: Alsentzer, E.; McDermott, M. B. A.; Falck, F.; Sarkar, S. K.; Roy, S.; Hyland, S. L., editors, *Proceedings of the Machine Learning for Health NeurIPS Workshop*, volume 136 de **Proceedings of Machine Learning Research**, p. 318–327. PMLR, 11 Dec 2020.

- [220] PHILLIPS, V. **AI has huge potential to address the crisis in medical imaging**, 2022. Acesso Julho de 2023 de <https://thejournalofmhealth.com/ai-has-huge-potential-to-address-the-crisis-in-medical-imaging/>.
- [221] PIETKA, E. **Lung segmentation in digital radiographs**. *Journal of digital imaging*, 7(2):79–84, 1994.
- [222] PIETKA, E.; HUANG, H. K. **Orientation correction for chest images**. *Journal of Digital Imaging*, 5(3):185–189, 1992.
- [223] PINTO, L. M.; PAI, M.; DHEDA, K.; SCHWARTZMAN, K.; MENZIES, D.; STEINGART, K. R. **Scoring systems using chest radiographic features for the diagnosis of pulmonary tuberculosis in adults: a systematic review**. *European Respiratory Journal*, 42(2):480–494, 2013.
- [224] PLATT, J. **Fast training of support vector machines using sequential minimal optimization**. In: *Advances in Kernel Methods - Support Vector Learning*. MIT Press, January 1998.
- [225] POWERS, D. M. **Evaluation: from precision, recall and f-measure to roc, informedness, markedness and correlation**. *arXiv preprint arXiv:2010.16061*, 2020.
- [226] PRATT, W. K. **Digital image processing : PIKS Scientific inside**. Wiley-Interscience, 2007.
- [227] PREWITT, J. M. **Object enhancement and extraction**. *Picture processing and Psychopictorics*, 10(1):15–19, 1970.
- [228] PWC.; OTHERS. **Global Top Health Industry Issues 2021: Innovation fuelled by digital capabilities**. Technical report, PwC Global, 2021. Acesso Julho de 2023 em <https://www.pwc.com/gx/en/healthcare/pdf/pwc-global-top-health-industry-issues-2021.pdf>.
- [229] RADIOAPPS. **Chest x-ray interpretation (version 4.5) [aplicativo móvel]**, 2019.
- [230] RAHMAN, T.; CHOWDHURY, M. E. H.; KHANDAKAR, A. **Covid-19 radiography database (version 3)**, 2021. Acesso Julho de 2023 em <https://www.kaggle.com/tawsifurrahman/covid19-radiography-database/version/3>.
- [231] RAHMAN, T.; CHOWDHURY, M. E. H.; KHANDAKAR, A.; ISLAM, K. R.; ISLAM, K. F.; MAHBUB, Z. B.; KADIR, M. A.; KASHEM, S. **Transfer learning with deep convolutional neural network (cnn) for pneumonia detection using chest x-ray**. *Applied Sciences*, 10(9), 2020. doi: 10.3390/app10093233.

- [232] RAHMAN, T.; KHANDAKAR, A.; KADIR, M. A.; ISLAM, K. R.; ISLAM, K. F.; MAZHAR, R.; HAMID, T.; ISLAM, M. T.; KASHEM, S.; MAHBUB, Z. B.; AYARI, M. A.; CHOWDHURY, M. E. H. **Reliable Tuberculosis Detection Using Chest X-Ray With Deep Learning, Segmentation and Visualization.** *IEEE Access*, 8:191586–191601, 2020.
- [233] RAHMAN, T.; KHANDAKAR, A.; QIBLAWEY, Y.; TAHIR, A.; KIRANYAZ, S.; ABUL KASHEM, S. B.; ISLAM, M. T.; AL MAADEED, S.; ZUGHAIER, S. M.; KHAN, M. S.; CHOWDHURY, M. E. **Exploring the effect of image enhancement techniques on covid-19 detection using chest x-ray images.** *Computers in Biology and Medicine*, 132:104319, 2021.
- [234] RAJARAMAN, S.; ANTANI, S.; CANDEMIR, S.; XUE, Z.; ABUYA, J.; KOHLI, M.; ALDERSON, P.; THOMA, G. **Comparing deep learning models for population screening using chest radiography.** In: *Medical Imaging 2018: Computer-Aided Diagnosis*, volume 10575, p. 322–332. SPIE, 2018.
- [235] RAJARAMAN, S.; ANTANI, S.; CANDEMIR, S.; XUE, Z.; ABUYA, J.; KOHLI, M.; ALDERSON, P.; THOMA, G. **Comparing deep learning models for population screening using chest radiography.** In: *Medical Imaging 2018: Computer-Aided Diagnosis*, volume 10575, p. 322–332. SPIE, 2018.
- [236] RAJARAMAN, S.; CANDEMIR, S.; KIM, I.; THOMA, G.; ANTANI, S. **Visualization and interpretation of convolutional neural network predictions in detecting pneumonia in pediatric chest radiographs.** *Applied Sciences*, 8(10), 2018. doi: 10.3390/app8101715.
- [237] RAJARAMAN, S.; FOLIO, L. R.; DIMPERIO, J.; ALDERSON, P. O.; ANTANI, S. K. **Improved semantic segmentation of tuberculosis—Consistent findings in chest x-rays using augmented training of modality-specific U-Net models with weak localizations.** *Diagnostics*, 11(4):616, 2021.
- [238] RAJARAMAN, S.; ZAMZMI, G.; FOLIO, L.; ALDERSON, P.; ANTANI, S. **Chest X-ray bone suppression for improving classification of tuberculosis-consistent findings.** *Diagnostics*, 11(5):840, 2021.
- [239] RAJKOMAR, A.; LINGAM, S.; TAYLOR, A. G.; BLUM, M.; MONGAN, J. **High-throughput classification of radiographs using deep convolutional neural networks.** *Journal of digital imaging*, 30(1):95–101, 2017.
- [240] RAJPURKAR, P.; IRVIN, J.; ZHU, K.; YANG, B.; MEHTA, H.; DUAN, T.; DING, D.; BAGUL, A.; LANGLOTZ, C.; SHPANSKAYA, K.; OTHERS. **Chexnet: Radiologist-**

- level pneumonia detection on chest x-rays with deep learning.** *arXiv preprint arXiv:1711.05225*, 2017.
- [241] RAOOF, S.; FEIGIN, D.; SUNG, A.; RAOOF, S.; IRUGULPATI, L.; ROSENOW III, E. C. **Interpretation of plain chest roentgenogram.** *Chest*, 141(2):545–558, 2012.
- [242] RCR. **The NHS does not have enough radiologists to keep patients safe, say three-in-four hospital imaging bosses**, 2019. Acesso Julho de 2023 em <https://www.rcr.ac.uk/posts/nhs-does-not-have-enough-radiologists-keep-patients>.
- [243] REEVES, S.; ZHE, Z. **Sequential algorithms for observation selection.** *IEEE Transactions on Signal Processing*, 47(1):123–132, 1999.
- [244] REINKE, A.; TIZABI, M. D.; BAUMGARTNER, M.; EISENMANN, M.; HECKMANN-NÖTZEL, D.; KAVU, A. E.; RÄDSCH, T.; SUDRE, C. H.; ACION, L.; ANTONELLI, M.; OTHERS. **Understanding metric-related pitfalls in image analysis validation.** *arXiv preprint arXiv:2302.01790*, 2023.
- [245] RICHARD, M. M. O. B. B.; CHANG, M. Y.-S. **Fast digital image inpainting.** In: *Appeared in the Proceedings of the International Conference on Visualization, Imaging and Image Processing (VIIP 2001), Marbella, Spain*, p. 106–107, 2001.
- [246] RIJAL, O. M.; EBRAHIMIAN, H.; NOOR, N. M.; HUSSIN, A.; YUNUS, A.; MAHAYIDDIN, A. A. **Application of phase congruency for discriminating some lung diseases using chest radiograph.** *Computational and mathematical methods in medicine*, 2015, 2015.
- [247] ROBERTS, M.; DRIGGS, D.; THORPE, M.; GILBEY, J.; YEUNG, M.; URSPRUNG, S.; AVILES-RIVERO, A. I.; ETMANN, C.; MCCAGUE, C.; BEER, L.; OTHERS. **Common pitfalls and recommendations for using machine learning to detect and prognosticate for covid-19 using chest radiographs and ct scans.** *Nature Machine Intelligence*, 3(3):199–217, 2021. doi: 10.1038/s42256-021-00307-0.
- [248] ROCHA, B.; VIEIRA, G.; PEDRINI, H.; FONSECA, A.; FERNANDES, D.; DE LIMA, J. C.; FERREIRA, J. C.; SOARES, F. **Skew angle detection and correction in text images using rgb gradient.** In: *Image Analysis and Processing–ICIAP 2022: 21st International Conference, Lecce, Italy, May 23–27, 2022, Proceedings, Part II*, p. 249–262. Springer, 2022.
- [249] ROCHA, B. M.; DA FONSECA, A. U.; PEDRINI, H.; SOARES, F. **Automatic detection and evaluation of sugarcane planting rows in aerial images.** *Information Processing in Agriculture*, 2022.

- [250] ROCHA, B. M.; DA SILVA VIEIRA, G.; FONSECA, A. U.; PEDRINI, H.; DE SOUSA, N. M.; SOARES, F. **Evaluation and detection of gaps in curved sugarcane planting lines in aerial images.** In: *2020 IEEE Canadian conference on electrical and computer engineering (CCECE)*, p. 1–4. IEEE, 2020.
- [251] ROCHA, B. M.; VIEIRA, G. S.; FONSECA, A. U.; SOUSA, N. M.; PEDRINI, H.; SOARES, F. **Detection of curved rows and gaps in aerial images of sugarcane field using image processing techniques.** *IEEE Canadian Journal of Electrical and Computer Engineering*, 45(3):303–310, 2022.
- [252] ROSENTHAL, A.; GABRIELIAN, A.; ENGLE, E.; HURT, D. E.; ALEXANDRU, S.; CRUDU, V.; SERGUEEV, E.; KIRICHENKO, V.; LAPITSKII, V.; SNEZHKO, E.; OTHERS. **The TB portals: an open-access, web-based platform for global drug-resistant-tuberculosis data sharing and analysis.** *Journal of clinical microbiology*, 55(11):3267–3282, 2017.
- [253] RUI, W.; GUOYU, W. **Medical x-ray image enhancement method based on tv-homomorphic filter.** In: *2017 2nd International Conference on Image, Vision and Computing (ICIVC)*, p. 315–318. IEEE, 2017.
- [254] SAHLOL, A. T.; ABD ELAZIZ, M.; TARIQ JAMAL, A.; DAMAŠEVIČIUS, R.; FAROUK HASSAN, O. **A novel method for detection of tuberculosis in chest radiographs using artificial ecosystem-based optimisation of deep neural network features.** *Symmetry*, 12(7):1146, 2020.
- [255] SANKEY, H. R. **The thermal efficiency of steam-engines.(including appendixes).** In: *Minutes of the Proceedings of the Institution of Civil Engineers*, volume 125, p. 182–212. Thomas Telford-ICE Virtual Library, 1896.
- [256] SANTOSH, K.; CANDEMIR, S.; JAEGER, S.; KARARGYRIS, A.; ANTANI, S.; THOMA, G. R.; FOLIO, L. **Automatically detecting rotation in chest radiographs using principal rib-orientation measure for quality control.** *International Journal of Pattern Recognition and Artificial Intelligence*, 29(02):1557001, 2015.
- [257] SANTOSH, K.; DHAR, M. K.; RAJBHANDARI, R.; NEUPANE, A. **Deep neural network for foreign object detection in chest x-rays.** In: *2020 IEEE 33rd International Symposium on Computer-Based Medical Systems (CBMS)*, p. 538–541, 2020.
- [258] SANTOSH, K.; WENDLING, L. **Angular relational signature-based chest radiograph image view classification.** *Medical & biological engineering & computing*, 56(8):1447–1458, 2018.

- [259] SANTOSH, K.; WENDLING, L.; ANTANI, S.; THOMA, G. R. **Scalable arrow detection in biomedical images.** In: *ICPR*, p. 3257–3262, 2014.
- [260] SANTOSH, K.; WENDLING, L.; ANTANI, S.; THOMA, G. R. **Overlaid arrow detection for labeling regions of interest in biomedical images.** *IEEE Intelligent Systems*, 31(3):66–75, 2016.
- [261] SAPNA, S.; TAMILARASI, A.; KUMAR, M. P.; OTHERS. **Backpropagation learning algorithm based on levenberg marquardt algorithm.** *Comp Sci Inform Technol (CS and IT)*, 2:393–398, 2012.
- [262] SCHALEKAMP, S.; KARSSEMEIJER, N.; CATS, A. M.; DE HOOP, B.; GEURTS, B. H.; BERGER-HARTOG, O.; VAN GINNEKEN, B.; SCHAEFER-PROKOP, C. M. **The effect of supplementary bone-suppressed chest radiographs on the assessment of a variety of common pulmonary abnormalities: Results of an observer study.** *Journal of thoracic imaging*, 31(2):119–125, 2016.
- [263] SCHMIDHUBER, J. **Deep learning in neural networks: An overview.** *Neural networks*, 61:85–117, 2015.
- [264] SHAPIRO, L.; STOCKMAN, G. **Texture.** In: *Computer vision*, p. 235–248. Prentice Hall, 2000.
- [265] SHARMA, N.; AGGARWAL, L. M. **Automated medical image segmentation techniques.** *Journal of medical physics/Association of Medical Physicists of India*, 35(1):3, 2010.
- [266] SHI, F.; WANG, J.; SHI, J.; WU, Z.; WANG, Q.; TANG, Z.; HE, K.; SHI, Y.; SHEN, D. **Review of artificial intelligence techniques in imaging data acquisition, segmentation, and diagnosis for covid-19.** *IEEE Reviews in Biomedical Engineering*, 14:4–15, 2021.
- [267] SHIRAISHI, J.; KATSURAGAWA, S.; IKEZOE, J.; MATSUMOTO, T.; KOBAYASHI, T.; KOMATSU, K.-I.; MATSUI, M.; FUJITA, H.; KODERA, Y.; DOI, K. **Development of a digital image database for chest radiographs with and without a lung nodule: receiver operating characteristic analysis of radiologists' detection of pulmonary nodules.** *American Journal of Roentgenology*, 174(1):71–74, 2000.
- [268] SHOJAEILANGARI, S.; YAU, W.-Y.; LI, J.; TEOH, E.-K. **Feature extraction through binary pattern of phase congruency for facial expression recognition.** In: *2012 12th International Conference on Control Automation Robotics & Vision (ICARCV)*, p. 166–170, 2012.

- [269] SILVA, G. V.; ROCHA, B. M.; FONSECA, A. U.; DE SOUSA, N. M.; FERREIRA, J. C.; CABACINHA, C. D.; SOARES, F. **Automatic detection of insect predation through the segmentation of damaged leaves.** *Smart Agricultural Technology*, 2:100056, 2022.
- [270] SILVA, J. L. S.; FONSECA, A. U.; VIEIRA, G. S.; SOARES, F. **Reconhecimento e Tradução de Sinais de Libras para Língua Portuguesa Escrita usando Redes Neurais Profunda.** In: *XXIV Congresso Brasileiro de Automática (CBA 2022)*. SBA, 2022. [No prelo].
- [271] SILVA, K. C.; FONSECA, A. U.; FARIA, L. J.; FERNANDES, D. S. A.; FERNANDES, M. G. C.; SOARES, F. **Statistical relationship between internet data indicators and the brazilian stock exchange.** In: *2022 International Conference on Computational Science and Computational Intelligence (CSCI)*, 2022. [No prelo].
- [272] SINGH, G.; MITTAL, A. **Various image enhancement techniques-a critical review.** *International Journal of Innovation and Scientific Research*, 10(2):267–274, 2014.
- [273] SINGH, N.; HAMDE, S. **Tuberculosis detection using shape and texture features of chest X-rays.** In: *Innovations in Electronics and Communication Engineering*, p. 43–50. Springer, 2019.
- [274] SLACHTA, A. **Report: 80% of radiology-related malpractice claims lead to permanent injury, death,** 2018. Acesso Julho de 2023 em <https://radiologybusiness.com/topics/healthcare-policy/80-radiology-related-malpractice-claims-injury>.
- [275] SOUSA, R. T.; MARQUES, O.; CURADO, G. T.; DA COSTA, R. M.; SOARES, A. S.; SOARES, F. A.; DE OLIVEIRA, L. L. **Evaluation of classifiers to a childhood pneumonia computer-aided diagnosis system.** In: *2014 IEEE 27th International Symposium on Computer-Based Medical Systems*, p. 477–478. IEEE, 2014.
- [276] SRIMATHI, D. H.; ROSE, D. P.; OTHERS. **A Comparative Study On Performance Of Pre-Trained Convolutional Neural Networks In Tuberculosis Detection.** *European Journal of Molecular & Clinical Medicine*, 7(3):4852–4858, 2020.
- [277] STAHL, M.; AACH, T.; DIPPEL, S. **Digital radiography enhancement by nonlinear multiscale processing.** *Medical physics*, 27(1):56–65, 2000.
- [278] STEHMAN, S. V. **Selecting and interpreting measures of thematic classification accuracy.** *Remote sensing of Environment*, 62(1):77–89, 1997.

- [279] STEPHEN, O.; SAIN, M.; MADUH, U. J.; JEONG, D.-U. **An efficient deep learning approach to pneumonia classification in healthcare.** *Journal of healthcare engineering*, 2019, 2019. doi: 10.1155/2019/4180949.
- [280] SWETS, J. A. **Signal detection theory and ROC analysis in psychology and diagnostics: Collected papers.** Psychology Press, 2014.
- [281] TABIK, S.; GÓMEZ-RÍOS, A.; MARTÍN-RODRÍGUEZ, J. L.; SEVILLANO-GARCÍA, I.; REY-AREA, M.; CHARTE, D.; GUIRADO, E.; SUÁREZ, J.-L.; LUENGO, J.; VALERO-GONZÁLEZ, M.; OTHERS. **Covidgr dataset and covid-sdnet methodology for predicting covid-19 based on chest x-ray images.** *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics*, 24(12):3595–3605, 2020.
- [282] TADEUSIEWICZ, R. **Modern computational intelligence methods for the interpretation of medical images**, volume 84. Springer, 2008.
- [283] TAHERI, M.; RASTGARPOUR, M.; KOOCHARI, A. **A novel method for medical image segmentation based on convolutional neural networks with SGD optimization.** *Journal of Electrical and Computer Engineering Innovations (JECEI)*, 9(1):37–46, 2021.
- [284] TEIXEIRA, L. O.; PEREIRA, R. M.; BERTOLINI, D.; OLIVEIRA, L. S.; NANNI, L.; CAVALCANTI, G. D.; COSTA, Y. M. **Impact of lung segmentation on the diagnosis and explanation of covid-19 in chest x-ray images.** *arXiv preprint arXiv:2009.09780*, 2020.
- [285] TIWARI, M.; GUPTA, B. **Brightness preserving contrast enhancement of medical images using adaptive gamma correction and homomorphic filtering.** In: *2016 IEEE Students' Conference on Electrical, Electronics and Computer Science (SCEECS)*, p. 1–4, March 2016.
- [286] TIWARI, M.; GUPTA, B.; SHRIVASTAVA, M. **High-speed quantile-based histogram equalisation for brightness preservation and contrast enhancement.** *IET Image Processing*, 9(1):80–89, 2015.
- [287] TOENNIES, K. D. **Digital image acquisition.** In: *Guide to Medical Image Analysis*, p. 23–94. Springer, 2017.
- [288] TORRES, A.; CILLNIZ, C.; OTHERS. **Clinical management of bacterial pneumonia.** Springer, 2015.
- [289] TOĞAÇAR, M.; ERGEN, B.; CÖMERT, Z.; ÖZYURT, F. **A deep feature learning model for pneumonia detection applying a combination of mrmr feature**

- selection and machine learning models.** *IRBM*, 41(4):212–222, 2020. doi: 10.1016/j.irbm.2019.10.006.
- [290] TROEGER, C.; FOROUZANFAR, M.; RAO, P. C.; KHALIL, I.; BROWN, A.; SWARTZ, S.; FULLMAN, N.; MOSSER, J.; THOMPSON, R. L.; REINER, R. C.; OTHERS. **Estimates of the global, regional, and national morbidity, mortality, and aetiologies of lower respiratory tract infections in 195 countries: a systematic analysis for the global burden of disease study 2015.** *The Lancet Infectious Diseases*, 17(11):1133–1161, 2017.
- [291] TRUNG HUYNH, H.; NGUYEN NHAT ANH, V. **A deep learning method for lung segmentation on large size chest x-ray image.** In: *2019 IEEE-RIVF International Conference on Computing and Communication Technologies (RIVF)*, p. 1–5, 2019.
- [292] TSEVAS, S.; IAKOVIDIS, D. K. **Measuring the relative extent of pulmonary infiltrates by hierarchical classification of patient-specific image features.** *Measurement Science and Technology*, 22(11):114017, 2011.
- [293] TURAN, C.; LAM, K.-M. **Histogram-based local descriptors for facial expression recognition (fer): A comprehensive study.** *Journal of visual communication and image representation*, 55:331–341, 2018.
- [294] UL ABIDEEN, Z.; GHAFOOR, M.; MUNIR, K.; SAQIB, M.; ULLAH, A.; ZIA, T.; TARIQ, S. A.; AHMED, G.; ZAHRA, A. **Uncertainty Assisted Robust Tuberculosis Identification With Bayesian Convolutional Neural Networks.** *IEEE Access*, 8:22812–22825, 2020.
- [295] VAJDA, S.; KARARGYRIS, A.; JAEGER, S.; SANTOSH, K.; CANDEMIR, S.; XUE, Z.; ANTANI, S.; THOMA, G. **Feature selection for automatic tuberculosis screening in frontal chest radiographs.** *Journal of medical systems*, 42(8):1–11, 2018.
- [296] VAN DER MAATEN, L.; HINTON, G. **Visualizing data using t-SNE.** *Journal of machine learning research*, 9(11), 2008.
- [297] VAN GINNEKEN, B.; KATSURAGAWA, S.; TER HAAR ROMENY, B. M.; DOI, K.; VIERGEVER, M. A. **Automatic detection of abnormalities in chest radiographs using local texture analysis.** *IEEE transactions on medical imaging*, 21(2):139–149, 2002.
- [298] VAN GINNEKEN, B.; ROMENY, B. T. H.; VIERGEVER, M. A. **Computer-aided diagnosis in chest radiography: a survey.** *IEEE Transactions on medical imaging*, 20(12):1228–1241, 2001.

- [299] VAPNIK, V.; OTHERS. **Support vector machines.** *Mach. Learn.*, 20(3):273–297, 1995.
- [300] VIDAL, P. L.; DE MOURA, J.; NOVO, J.; ORTEGA, M. **Multi-stage transfer learning for lung segmentation using portable x-ray devices for patients with covid-19.** *Expert Systems with Applications*, 173:114677, 2021.
- [301] VIEIRA, G. D. S.; DE SOUSA, N. M.; ROCHA, B.; FONSECA, A. U.; SOARES, F. **A method for the detection and reconstruction of foliar damage caused by predatory insects.** In: *2021 IEEE 45th Annual Computers, Software, and Applications Conference (COMPSAC)*, p. 1502–1507. IEEE, 2021.
- [302] VIEIRA, G. S.; FONSECA, A. U.; FERREIRA, J. C.; SOARES, F. **Protectleaf: An insect predation analyzer for agricultural crop monitoring.** *SoftwareX*, 24:101537, 2023.
- [303] VIEIRA, G. S.; FONSECA, A. U.; ROCHA, B. M.; SOUSA, N. M.; FERREIRA, J. C.; FELIX, J. P.; LIMA, J. C.; SOARES, F. **Insect predation estimate using binary leaf models and image-matching shapes.** *Agronomy*, 12(11):2769, 2022.
- [304] VIEIRA, G. S.; FONSECA, A. U.; SOARES, F. **CBIR-ANR: A content-based image retrieval with accuracy noise reduction.** *Software Impacts*, p. 100486, 2023.
- [305] VIEIRA, G. S.; FONSECA, A. U.; SOUSA, N. M.; FELIX, J. P.; SOARES, F. **A novel content-based image retrieval system with feature descriptor integration and accuracy noise reduction.** *Expert Systems with Applications*, 232:120774, 2023.
- [306] VIEIRA, M. A. **Técnicas de filtragem de ruído em imagens médicas e sua aplicação na redução da dose na mamografia.** *XIX Congresso Brasileiro de Física Médica*, 2014.
- [307] VIEIRA, M. A. D. C. **Metodologia baseada nas funções de transferência para pré-processamento de imagens mamográficas digitais e sua aplicação em esquema computacional de auxílio ao diagnóstico.** PhD thesis, Escola de Engenharia de São Carlos da Universidade de São Paulo, 2005.
- [308] WADA, D. T.; RODRIGUES, J. A. H.; SANTOS, M. K. **Aspectos técnicos e roteiro de análise da radiografia de tórax.** *Medicina (Ribeirão Preto)*, 52(supl1.):5–15, 2019.
- [309] WANG, X.; PENG, Y.; LU, L.; LU, Z.; BAGHERI, M.; SUMMERS, R. M. **Chestx-ray8: Hospital-scale chest x-ray database and benchmarks on weakly-supervised classification and localization of common thorax diseases.** In: *Proceedings of*

- the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*, p. 2097–2106, 2017.
- [310] WARREN, M. A.; ZHAO, Z.; KOYAMA, T.; BASTARACHE, J. A.; SHAVER, C. M.; SEMLER, M. W.; RICE, T. W.; MATTHAY, M. A.; CALFEE, C. S.; WARE, L. B. **Severity scoring of lung oedema on the chest radiograph is associated with clinical outcomes in ards.** *Thorax*, 73(9):840–846, 2018.
- [311] WEISS, N. A.; WEISS, C. A. **Introductory statistics.** Pearson, Addison-Wesley, 10 edition, 2014.
- [312] WENG, Y.; ZHOU, T.; LI, Y.; QIU, X. **NAS-Unet: neural architecture search for medical image segmentation.** *IEEE Access*, 7:44247–44257, 2019.
- [313] WHO.; OTHERS. **The top 10 causes of death: World health organization: Geneva, switzerland, 2020.** *World Health Organization Fact Sheets. Available from: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/the-top-10-causes-of-death>*, 2020.
- [314] WHO.; OTHERS. **Ethics and governance of artificial intelligence for health: WHO guidance.** World Health Organization, 2021.
- [315] WHO.; OTHERS. **Global tuberculosis report 2021.** World Health Organization, 2022.
- [316] WHO.; OTHERS. **WHO guidelines on the use of chest imaging in COVID-19.** World Health Organization, 2022. Licence: CC BY-NC-SA 3.0 IGO.
- [317] WILLIAMS, M. B.; KRUPINSKI, E. A.; STRAUSS, K. J.; BREEDEN, W. K.; RZESZOTARSKI, M. S.; APPLGATE, K.; WYATT, M.; BJORK, S.; SEIBERT, J. A. **Digital radiography image quality: Image acquisition.** *Journal of the American College of Radiology*, 4(6):371–388, 2007.
- [318] WITTENBERG, R.; PETERS, J. F.; SONNEMANS, J. J.; BIPAT, S.; PROKOP, M.; SCHAEFER-PROKOP, C. M. **Impact of image quality on the performance of computer-aided detection of pulmonary embolism.** *American Journal of Roentgenology*, 196(1):95–101, 2011.
- [319] WYNANTS, L.; VAN CALSTER, B.; COLLINS, G. S.; RILEY, R. D.; HEINZE, G.; SCHUIT, E.; BONTEN, M. M.; DAHLY, D. L.; DAMEN, J. A.; DEBRAY, T. P.; OTHERS. **Prediction models for diagnosis and prognosis of covid-19: systematic review and critical appraisal.** *bmj*, 369, 2020. doi: 10.1136/bmj.m1328.

- [320] XU, T.; CHENG, I.; LONG, R.; MANDAL, M. **Novel coarse-to-fine dual scale technique for tuberculosis cavity detection in chest radiographs.** *EURASIP Journal on Image and Video Processing*, 2013(1):1–18, 2013.
- [321] XUE, Z.; CANDEMIR, S.; ANTANI, S.; LONG, L. R.; JAEGER, S.; DEMNER-FUSHMAN, D.; THOMA, G. R. **Foreign object detection in chest x-rays.** In: *Bioinformatics and Biomedicine (BIBM), 2015 IEEE International Conference on*, p. 956–961. IEEE, 2015.
- [322] YU, X.; WANG, S.-H.; ZHANG, Y.-D. **CGNet: A graph-knowledge embedded convolutional neural network for detection of pneumonia.** *Information Processing & Management*, 58(1):102411, 2021. doi: 10.1016/j.ipm.2020.102411.
- [323] YUEN, C. M.; AMANULLAH, F.; DHARMADHIKARI, A.; NARDELL, E. A.; SEDDON, J. A.; VASILYEVA, I.; ZHAO, Y.; KESHAVJEE, S.; BECERRA, M. C. **Turning off the tap: stopping tuberculosis transmission through active case-finding and prompt effective treatment.** *The Lancet*, 386(10010):2334–2343, 2015.
- [324] ZECH, J. R.; BADGELEY, M. A.; LIU, M.; COSTA, A. B.; TITANO, J. J.; OERMANN, E. K. **Variable generalization performance of a deep learning model to detect pneumonia in chest radiographs: a cross-sectional study.** *PLoS medicine*, 15(11):e1002683, 2018.
- [325] ZELL, A. **Simulation neuronaler netze**, volume 1. Addison-Wesley Bonn, 1994.
- [326] ZHANG, D.; REN, F.; LI, Y.; NA, L.; MA, Y. **Pneumonia detection from chest x-ray images based on convolutional neural network.** *Electronics*, 10(13):1512, 2021.
- [327] ZHAO, H.; FANG, Z.; REN, J.; MACLELLAN, C.; XIA, Y.; LI, S.; SUN, M.; REN, K. **SC2Net: A novel segmentation-based classification network for detection of COVID-19 in chest X-ray images.** *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics*, 26(8):4032–4043, 2022.
- [328] ZHOU, Z.; SIDDIQUEE, M. M. R.; TAJBAKHSI, N.; LIANG, J. **Unet++: A nested unet architecture for medical image segmentation.** In: *Deep learning in medical image analysis and multimodal learning for clinical decision support*, p. 3–11. Springer, 2018.
- [329] ZHU, W.; JIANG, H.; WANG, E.; HOU, Y.; XIAN, L.; DEBNATH, J. **X-ray image global enhancement algorithm in medical image classification.** *Discrete & Continuous Dynamical Systems-S*, 12(4&5):1297, 2019.

- [330] ZHU, Y.; HUANG, C. **An Adaptive Histogram Equalization Algorithm on the Image Gray Level Mapping.** *Physics Procedia*, 25(0):601–608, 2012.
- [331] ZOHORA, F. T.; ANTANI, S.; SANTOSH, K. **Circle-like foreign element detection in chest x-rays using normalized cross-correlation and unsupervised clustering.** In: *Medical Imaging 2018: Image Processing*, volume 10574, p. 105741V. International Society for Optics and Photonics, 2018.

Contribuições Científicas

Durante a realização desta pesquisa alguns trabalhos foram publicados em revistas e conferências científicas nacionais e internacionais. Estes abordaram a aplicação de técnicas de aprendizagem de máquina e reconhecimento de padrões em duas áreas principais – medicina e agropecuária de precisão. Algumas destes trabalhos foram iniciados no período do mestrado e aprimorados durante o doutorado. A seguir trazemos a lista destes artigos divididos por seções. Na [Seção A.1](#), encontram-se os artigos resultantes desta tese. Na [Seção A.2](#), estão os artigos relacionados à esta pesquisa e à área médica. A [Seção A.3](#) compreende artigos resultantes da experimentação, validação e extrapolação de domínio. A [Seção A.4](#) inclui artigos que ainda em processo de revisão ou publicação. Continuando, na [Seção A.5](#), estão os artigos ainda em preparação. Por fim, na [Seção A.6](#), encontra-se uma lista das premiações e certificados recebido durante esta pesquisa.

A.1 Publicações Resultantes da Tese

1. Automatic Tuberculosis Detection using Binary Pattern of Phase Congruency. *The 2022 International Conference on Computational Science and Computational Intelligence (CSCI)*, [79]
2. Detecção Eficiente de Tuberculose em Raio-X de Tórax via Seleção de Atributos LBP por Algoritmo de Otimização da Borboleta Monarca. *XIX Congresso Brasileiro de Informática em Saúde (CBIS)*, [81].
3. Diagnosticando Tuberculose com Redes Neurais Artificiais e Recursos BPPC. *XIX Congresso Brasileiro de Informática em Saúde (CBIS)*, [80].
4. Diagnosing Tuberculosis with Artificial Neural Networks and BPPC Features. *Journal of Health Informatics*, [96].
5. Uma Rede Neural Artificial Inteligente para Diagnóstico de Tuberculose por Recursos BPPC. *19º CONPEEX - Congresso de Pesquisa, Ensino e Extensão da Universidade Federal de Goiás*, [78].

6. Segmentação da Região Pulmonar em Radiografias Pediátricas de Tórax. *X Escola Regional de Informática de Goiás (ERIGO)*, [95]
7. Detecção de COVID-19 e Avaliação de Nível de Severidade: Uma abordagem com BPPC e Redes Neurais Artificiais Rasas. *XXIV Congresso Brasileiro de Automática (CBA 2022)*, [83].
8. Artificial Neural Networks and BPPC Features for Detecting COVID-19 and Severity Level. *2022 IEEE International Conference on Systems, Man, and Cybernetics (SMC)*, [84].
9. Tuberculosis Detection in Chest Radiography: A Combined Approach of Local Binary Pattern Features and Monarch Butterfly Optimization Algorithm. *2022 IEEE 46th Annual Computers, Software, and Applications Conference (COMPSAC)*, [90].
10. Screening of Viral Pneumonia and COVID-19 in Chest X-ray using Classical Machine Learning. *IEEE 45th Annual Computers, Software, and Applications Conference (COMPSAC)*, [92].
11. Foreign Artifacts Detection on Pediatric Chest X-Ray. *IEEE Canadian Conference on Electrical and Computer Engineering (CCECE)*, [86].
12. Automatic Orientation Identification of Pediatric Chest X-Rays. *IEEE 44th Annual Computers, Software, and Applications Conference (COMPSAC)*, [77].
13. X-ray Image Enhancement: A Technique Combination Approach (2019). *IEEE 31st International Conference on Tools with Artificial Intelligence (ICTAI)*, [91].

A.2 Publicações Relacionadas à Tese

1. An Intelligent System to Improve Diagnostic Support for Oral Squamous Cell Carcinoma. *Healthcare*, [82].
2. Uma Abordagem Multiclasse para Classificação de Doenças Neurodegenerativas por meio da Marcha. *19º CONPEEX - Congresso de Pesquisa, Ensino e Extensão da Universidade Federal de Goiás*, [72].
3. Classificação de Severidade da Doença de Parkinson Utilizando Sinais de Marcha e Aprendizado de Máquina. *IX Congresso Latino-Americano de Engenharia Biomédica e XXVIII Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica (CLAIB & CBEB 2022)*, [73].
4. Uma Rede Neural Artificial para Suporte ao Diagnóstico de Carcinoma Espino-celular Oral. *IX Congresso Latino-Americano de Engenharia Biomédica e XXVIII Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica (CLAIB & CBEB 2022)*, [85].

5. Rede Neural Multicamadas para Classificação de Doenças Neurodegenerativas a partir de Sinais de Marcha. *XXIV Congresso Brasileiro de Automática (CBA 2022)*, [70].
6. Automatic Classification of Amyotrophic Lateral Sclerosis through Gait Dynamics. *IEEE 45th Annual Computers, Software, and Applications Conference (COMPSAC)*, [74].
7. Análise Automática da Marcha para Diagnóstico e Classificação de Severidade da Doença de Parkinson. *18º CONPEEX - Congresso de Pesquisa, Ensino e Extensão da Universidade Federal de Goiás*, [71].

A.3 Outras Publicações

1. ProtectLeaf: an insect predation analyzer for agricultural crop monitoring. *SoftwareX*, V.24, p.101537,2023, [302].
2. CBIR-ANR: A content-based image retrieval with accuracy noise reduction. *Software Impacts*, v. 15, p. 100486, 2023, [304].
3. A novel content-based image retrieval system with feature descriptor integration and accuracy noise reduction. *Expert Systems With Applications*, v. 232, p. 120774, 2023, [305].
4. Statistical Relationship Between Internet Data Indicators and the Brazilian Stock Exchange. *The 2022 International Conference on Computational Science and Computational Intelligence (CSCI)*, [271].
5. Insect Predation Estimate Using Binary Leaf Models and Image-Matching Shapes. *Agronomy*, v. 12, n. 11, p. 2769, [303].
6. Reconhecimento e Tradução de Sinais de Libras para Língua Portuguesa Escrita usando Redes Neurais Profunda. *XXIV Congresso Brasileiro de Automática (CBA 2022)*, [270].
7. Detection of Curved Rows and Gaps in Aerial Images of Sugarcane Field Using Image Processing Techniques. *IEEE Canadian Journal of Electrical and Computer Engineering*, v. 45, n. 3, p. 303-310, [251].
8. Skew Angle Detection and Correction in Text Images Using RGB Gradient. *Image Analysis and Processing–ICIAP 2022*, [248].
9. Automatic Detection and Evaluation of Sugarcane Planting Rows in Aerial Images. *Information Processing in Agriculture*, [249].

10. Automatic Detection of Insect Predation Through the Segmentation of Damaged Leaves. *Smart Agricultural Technology*, [269].
11. A Method for the Detection and Reconstruction of Foliar Damage caused by Predatory Insects. *IEEE 45th Annual Computers, Software, and Applications Conference (COMPSAC)*, [301].
12. A New Approach to Performing Paper-based Children's Spelling Tests on Mobile Devices. *IEEE International Conference on Systems, Man, and Cybernetics (SMC)*, [194].
13. Evaluation and Detection of Gaps in Curved Sugarcane Planting Lines in Aerial Images. *IEEE Canadian conference on electrical and computer engineering (CCECE)*, [250].

A.4 Publicações em Processo de Revisão ou Publicação

1. Machine learning applied to chest x-rays to support the diagnosis of pulmonary tuberculosis. *European Respiratory Society International Congress 2023*, [In press] [88].
2. A Novel Tuberculosis Diagnosis Approach Using Feed-Forward Neural Networks and Binary Pattern Phase of Congruency. *Intelligent Systems with Applications*, [2nd revision] [89].
3. Automated Lung Region Segmentation in Pediatric Chest Radiography. *Revista de Informática Teórica e Aplicada* [94], [Under Review].
4. An Automatic Method for Estimating Insect Defoliation with Visual Highlights of Consumed Leaf Tissue Regions. *Information Processing in Agriculture (IPA)*, [3rd revision]
5. Chest X-ray evaluation by Machine Learning to support the early diagnosis of Pulmonary Tuberculosis: The XmarTB Tool. *International Journal of Tuberculosis and Lung Disease*, [Accepted] [87].
6. Upsampling of Unmanned Aerial Vehicle Images of Sugarcane Crop Lines with a REAL-ESRGAN. *IEEE Canadian Conference on Electrical and Computer Engineering 2023*, [Accepted]
7. Deep Learning for Super-Resolution of Sugarcane Crop Line Imagery from Unmanned Aerial Vehicles. *International Symposium on Visual Computing (ISVC 2023)*, [Accepted].

A.5 Artigos em Preparação

1. A Research Agenda on Pediatric Chest X-Ray: Is Deep Learning Still in Childhood? [93].
2. A Great Tuberculosis Detection Model Based on BPPC.
3. Assessing Parkinson's Disease Severity Using Gait Signals and a Feedforward Neural Network.

A.6 Premiações

- **2º lugar - Prêmio Cândido Pinto de Melo** concedido pela Sociedade Brasileira de Engenharia Biomédica (SBEB) durante o CLAIB/CBEB 2022, pelo trabalho: *Uma Rede Neural Artificial para Suporte ao Diagnóstico de Carcinoma Espinocelular Oral*.
- **2º lugar - Prêmio de Melhores Trabalhos de Pós-Graduação Stricto Sensu** concedido pelo 19º CONPEEX-UFG pelo trabalho: *Uma Abordagem Multiclasse para Classificação de Doenças Neurodegenerativas por Meio da Marcha*
- Certificado de reconhecimento CONSUNI/UFG 2022 pela premiação recebida da SBEB.
- Certificado de reconhecimento CONSUNI/UFG 2022 pela premiação recebida do 19º CONPEEX-UFG.