

Equipe 1 - Detecção de Nódulos de Câncer de Mama em Ultrassonografias

Alunos:

Guilherme Nogueira Batistette

João Norões Menezes Castro

Mateus Souza do Carmo

Melissa Liliara Batista Paganini Thurler

Vinícius Alcântara Pinto Lobo

Sumário

- Introdução
- Metodologia
- Resultados
- Conclusões

Introdução

O câncer de mama é uma das principais preocupações de saúde em todo o mundo, com milhões de mulheres sendo diagnosticadas anualmente.

No Egito, local da coleta dos dados, mais de 60% das mulheres com câncer de mama foram inicialmente diagnosticadas em fases tardias. Esta realidade enfatiza a urgência de iniciativas voltadas para a facilitação do diagnóstico de câncer de mama.

<https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/breast-cancer>

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC9335192/>

Introdução

A detecção precoce de nódulos de câncer de mama desempenha um papel crucial no diagnóstico e tratamento eficaz do câncer de mama. Neste contexto, a utilização de modelos de segmentação de imagens tem se mostrado promissora devido à sua capacidade de segmentação.

Resultados de estudos recentes revelaram uma taxa de detecção comparável à de radiologistas, indicando um caminho promissor para aprimorar a precisão e eficiência do diagnóstico de câncer de mama em escala global.

Nosso objetivo é desenvolver um modelo de redes neurais convolucionais (CNNs) utilizando arquitetura U-Net para a detecção e classificação de nódulos de câncer em imagens de ultrassonografia de mamas

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31894144/>

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC9033381/>

Metodologia

Base de Dados



Conjunto de imagens de ultrassonografias mamárias de mulheres com idades entre 25 e 75 anos. Coletadas em 2018 no *Baheya Hospital* em Cairo no Egito.

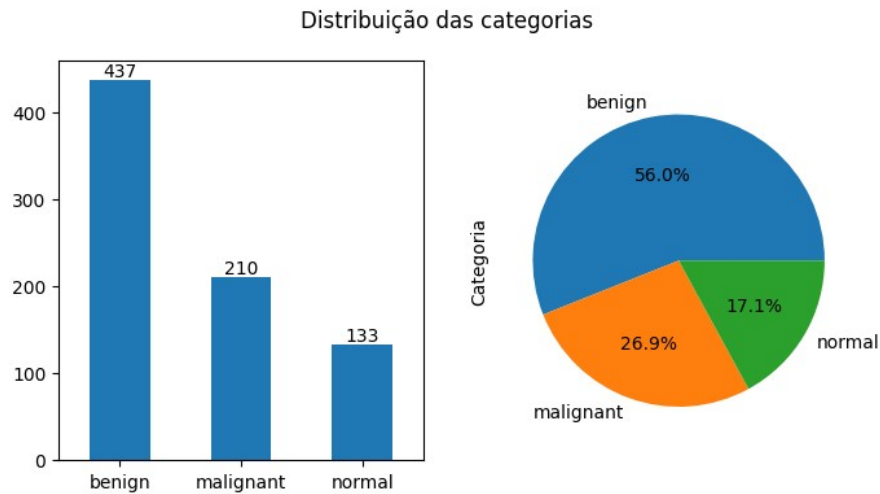
780 imagens de 600 pacientes, com média de 500 x 615 pixels, cada com sua própria ground truth. Categorizadas em três classes distintas: normal, benigno e maligno.

Todas as imagens foram revisadas e corrigidas e a rotulação e criação das respectivas ground truth foram realizadas por radiologistas especializados do hospital.

Metodologia

Dados desbalanceados

A abordagem tradicional de balanceamento de dados poderia distorcer a distribuição natural do problema, levando a uma redução na precisão da segmentação de nódulos.



Alguns artigos demonstram que em determinados cenários, a manutenção da distribuição original dos dados pode ser mais benéfica para o desempenho do modelo.

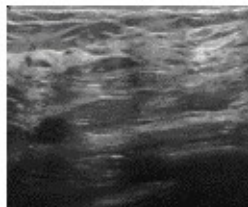
<https://ieeexplore.ieee.org/document/5128907/>

<https://arxiv.org/abs/1708.02002>

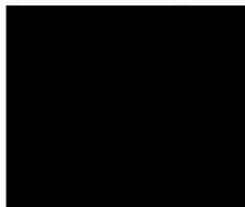
Metodologia

Imagens e máscaras por classe

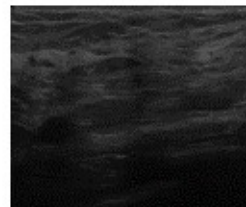
Original (normal)



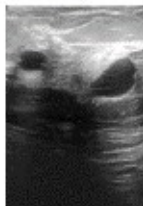
Ground Truth (normal)



Normal



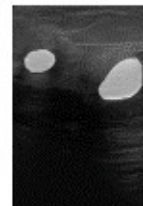
Original (benign)



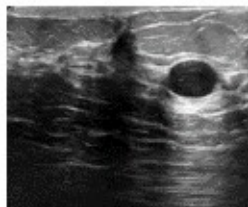
Ground Truth (benign)



Benigno



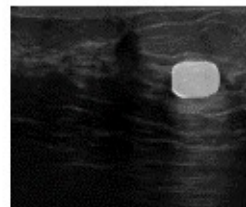
Original (malignant)



Ground Truth (malignant)



Maligno



Metodologia

Redimensionamento

```
tf.image.resize(img, [128,128])
```

Função utilizada para uniformizar o tamanho das imagens de entrada para o modelo.

Etapa fundamental para nossa base de dados, que apresenta uma grande variedade de tamanhos nas imagens. Ajudando a facilitar o processamento e reduzindo a complexidade.

https://www.tensorflow.org/api_docs/python/tf/image/resize

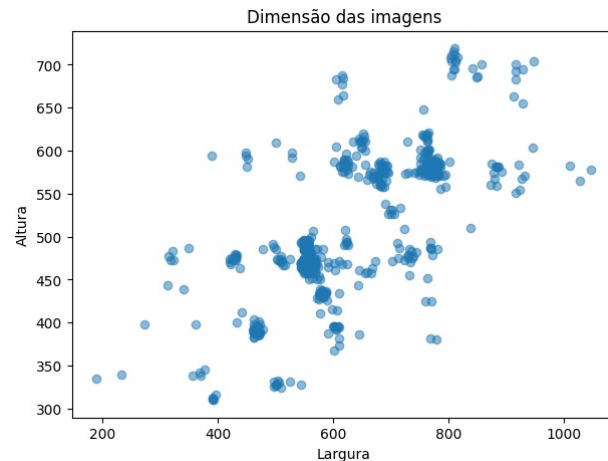
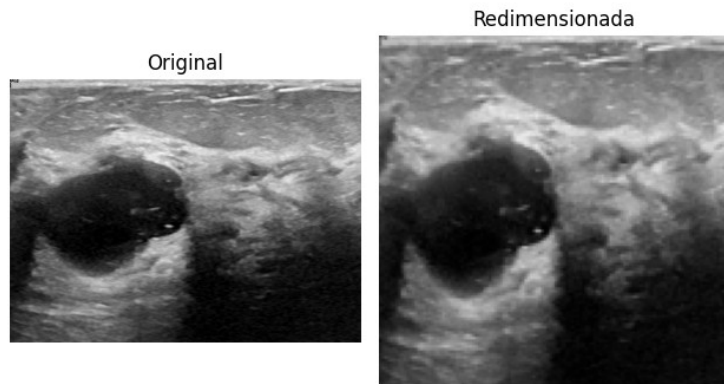


Imagem benign (96).png



Metodologia

Normalização

$\text{imagem} / 255.0$

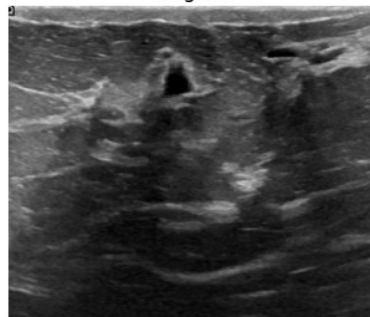
Escala os valores de pixel para o intervalo entre 0 e 1, padronizando a intensidade.

Alinha as características das imagens de entrada no modelo, facilitando a convergência.

<https://arxiv.org/abs/1809.03783>

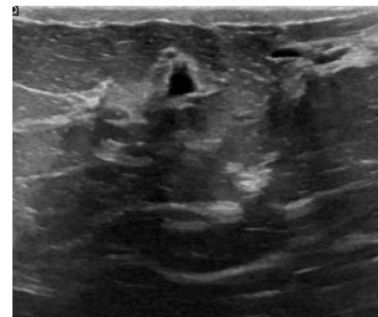
Imagem benign (71).png

Original



Original:
Máximo – 227
Mínimo – 0
Média - 60.8713

Normalizada



Normalizada:
Máximo - 0.8901
Mínimo - 0.0
Média - 0.2387

Metodologia

Binarização

```
(mascaras >= 0.5).astype('int32')
```

Utilizado nas máscaras de segmentação para transformar os valores dos pixels maiores ou iguais a 0.5 em 1, e valores menores que 0.5 em 0.

Processo crucial para criar máscaras binárias que destacam com precisão os contornos dos nódulos, além de simplificar a interpretação e a utilização das predições do modelo.

Metodologia

Codificação dos rótulos

```
np.hstack([np.ones(shape = (len(images_benign),))*0,  
           np.ones(shape = (len(images_malignant), ))*1,  
           np.ones(shape = (len(images_normal), ))*2])
```

Convertendo os rótulos em número inteiros.

Benigno = 0, Maligno = 1 e Normal = 2

Metodologia

Aumento de dados

Implementada função para aumentar a quantidade de dados disponíveis.

As variações aplicadas nas imagens geradas são para aumentar a diversidade do conjunto, permitindo ao modelo generalizar melhor.

```
def dataAugmentation(self, images, masks, labels):  
    imagesupdate = []  
    masksupdate = []  
    labelsupdate = []  
    for image, mask, label in zip(images, labels, masks):  
        for aug in range(5):  
            imageup = image  
            maskup = mask  
            if aug == 0:  
                imageup = image  
                maskup = mask  
            elif aug == 1:  
                imageup = tf.image.adjust_contrast(imageup, contrast_factor = 2)  
            elif aug == 2:  
                imageup = tf.image.adjust_brightness(imageup, delta = 0.3)  
            elif aug == 3:  
                imageup = tf.image.flip_left_right(imageup)  
                maskup = tf.image.flip_left_right(maskup)  
            else:  
                imageup = cv2.GaussianBlur(imageup,(5, 5),0)  
            imagesupdate.append(imageup), masksupdate.append(maskup), labelsupdate.append(label)  
    return np.array(imagesupdate), np.array(masksupdate), np.array(labelsupdate)
```

Metodologia

Modelo

Função de convolução

Executa uma sequência de convoluções, normalizações e ativação ReLu.

```
def convolution(inputs, padding, strides, filter, kernel_size):  
    x = inputs  
  
    y = layers.Conv2D(filter, kernel_size = 1, padding = padding,  
                      strides = strides,  
                      kernel_regularizer = tf.keras.regularizers.L2(0.001))(x)  
  
    x = layers.Conv2D(filter, kernel_size = kernel_size, padding = padding,  
                      strides = strides,  
                      kernel_regularizer = tf.keras.regularizers.L2(0.001))(y)  
  
    x = layers.BatchNormalization()(x)  
  
    x = layers.Activation('relu')(x)  
  
    x = layers.Conv2D(filter, kernel_size = kernel_size, padding = padding,  
                      strides = strides,  
                      kernel_regularizer = tf.keras.regularizers.L2(0.001))(x)  
  
    x = layers.BatchNormalization()(x)  
  
    x = layers.add([x, y])  
  
    x = layers.Activation('relu')(x)  
  
    return x
```

Metodologia

Modelo

Encoder

Realiza uma série de convoluções e down-sampling.

```
def encoder(inputs, filter):  
    correlation = convolution(inputs, padding = 'same', strides = 1, filter = filter, kernel_size = 5)  
    downsample = layers.AveragePooling2D()(correlation)  
    return correlation, downsample
```

Decoder

Realiza up-sampling, normalizações e ativação ReLU.

```
def decoder(inputs, skip_connection, filter):  
    upsample = layers.Conv2DTranspose(filter, 5, padding = 'same', strides = 2, kernel_regularizer = tf.keras.regularizers.L2(0.001))(inputs)  
    upsample = layers.Activation('relu')(upsample)  
    upsample = layers.BatchNormalization()(upsample)  
    connection = layers.average([upsample, skip_connection])  
    correlation = convolution(connection, padding = 'same', strides = 1, filter = filter, kernel_size = 5)  
    return correlation
```

Metodologia

Modelo

Consiste em duas partes principais: um U-Net para segmentação de imagem e uma rede densa para classificação dos rótulos.

Começa com a camada de entrada (128x128x3).

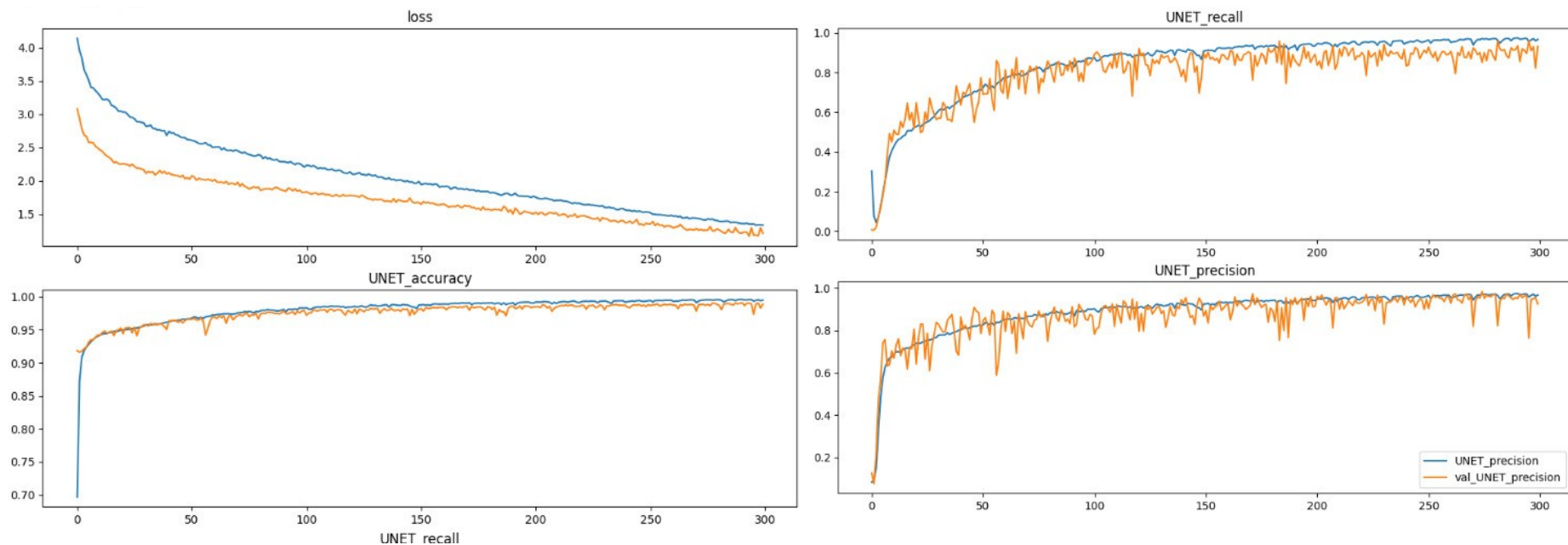
Iterações de downsampling para reduzir a dimensionalidade e a convolução é aplicada no último passo. Características são extraídas por pooling e uma camada densa.

O modelo utiliza deconvolução para restaurar a forma original dos dados. No final, há uma camada de saída para a segmentação de imagem e uma rede densa para a tarefa de classificação.

O modelo é compilado com as funções de perda Binary Focal Cross Entropy e Mean Absolute Error e um otimizador Adam. As métricas de avaliação incluem acurácia, precisão e recall.

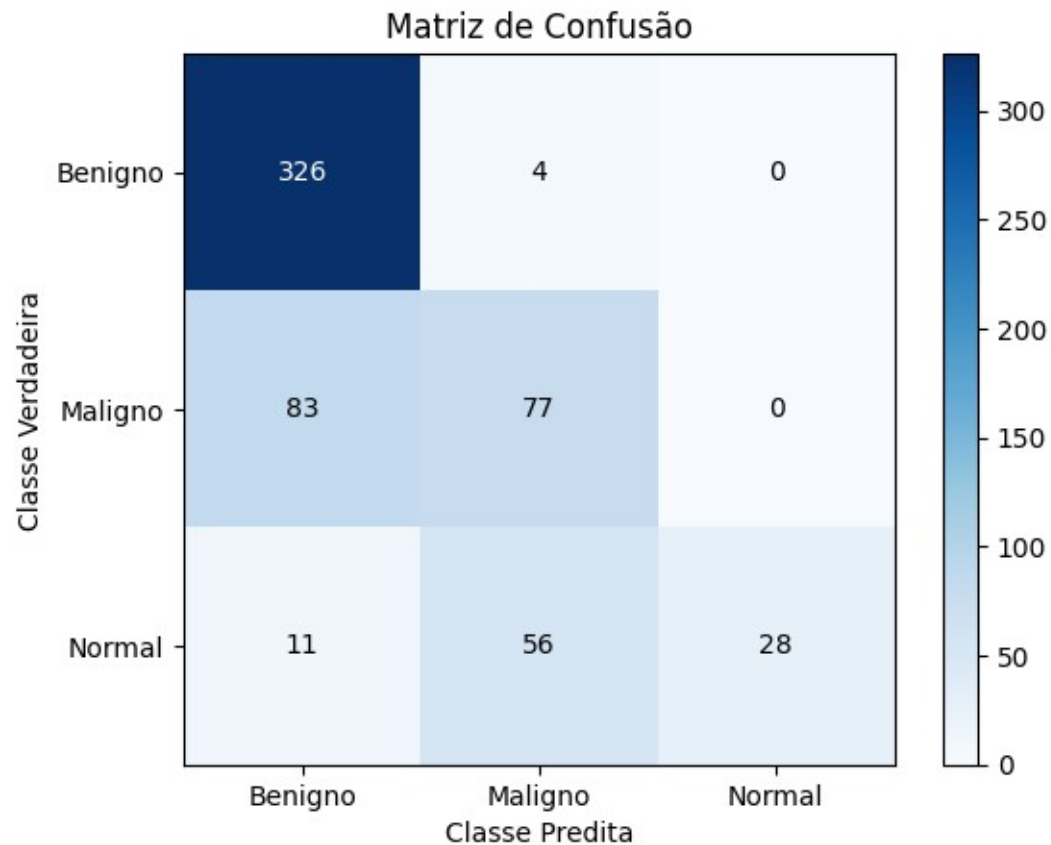
Resultados

Treinamento



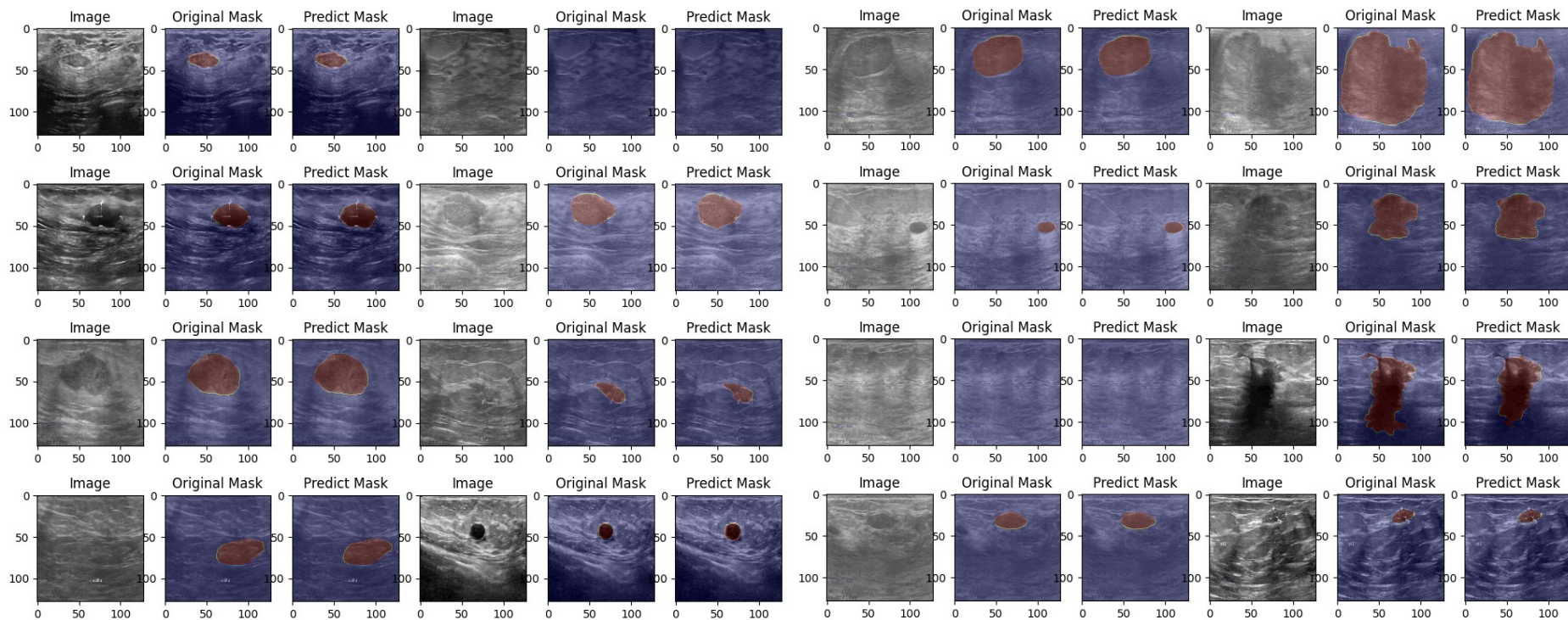
Resultados

Resultados da Classificação



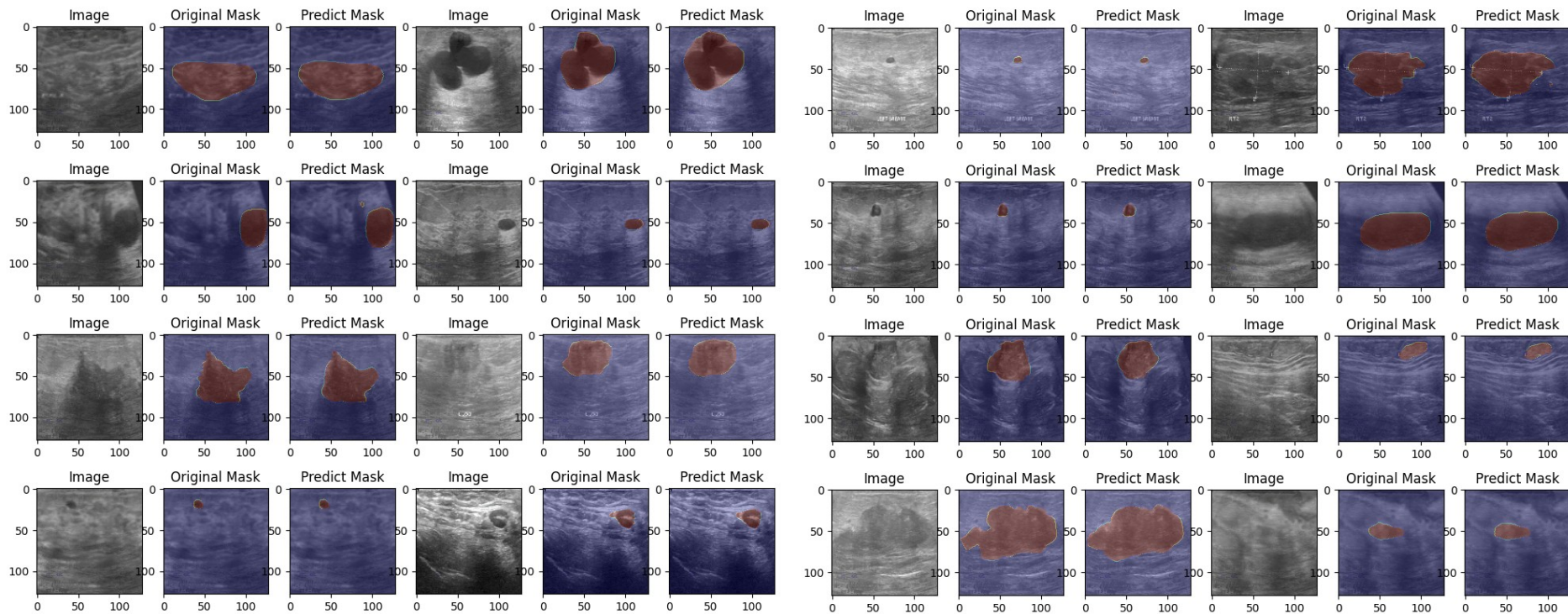
Resultados

Imagens segmentadas pelo modelo



Resultados

Imagens segmentadas pelo modelo



Conclusões

Mesmo enfrentando alguns desafios, nosso experimento com uma inteligência artificial para analisar ultrassonografias de mama foi muito interessante. Apesar dos resultados não terem sido perfeitos, ficamos animados com o potencial da tecnologia na área médica.

A visão computacional na medicina é imensa e estamos apenas começando a explorar todo o seu potencial. Pretendemos continuar aperfeiçoando nosso modelo no futuro, focando em melhorar os dados que utilizamos, explorando novas arquiteturas de modelos e técnicas de pré-processamento e treinamento.

Acreditamos que isso nos levará a avanços significativos na detecção e tratamento de condições médicas, especialmente o câncer de mama.

Referências Bibliográficas

ZHOU, X.-Y.; YANG, G.-Z. Normalization in Training U-Net for 2D Biomedical Semantic Segmentation. 12 Jan 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.48550/arXiv.1809.03783>. DOI: 10.48550/arXiv.1809.03783.

LIN, T.-Y. et al. Focal Loss for Dense Object Detection. 7 Aug 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.48550/arXiv.1708.02002>. DOI: 10.48550/arXiv.1708.02002.

HE, H.; GARCIA, E. A. Learning from Imbalanced Data. *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, v. 21, n. 9, p. 1263-1284, set. 2009. DOI: 10.1109/TKDE.2008.239.

AL-DHABYANI, W. et al. Dataset of breast ultrasound images. 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.dib.2019.104863>. DOI: 10.1016/j.dib.2019.104863.

YIN, X. X. et al. U-Net-Based Medical Image Segmentation. *Journal of healthcare engineering*, 2022, 4189781, 2022. DOI: 10.1155/2022/4189781.

MCKINNEY, S. M. et al. International evaluation of an AI system for breast cancer screening. *Nature*, v. 577, n. 7788, p. 89–94, 2020. DOI: 10.1038/s41586-019-1799-6.

ISMALI, H. M.; MOKHTAR, S.; EL-MANSY, H. Factors associated with Late-Stage Diagnosis of Breast Cancer among Egyptian Women. *Journal of public health research*, v. 10, n. 1 Suppl, p. jphr.2021.2874, 2022. DOI: 10.4081/jphr.2021.2874.

World Health Organization. Breast Cancer. 12 July 2023. Disponível em: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/breast-cancer>. Acesso em: 22/09/2023.