

N-Shot Learning no ramo da medicina

Abstract. Este documento trata-se de uma revisão da literatura sobre novas tendências e aplicações do *deep learning*, mais especificamente, da aplicação de técnicas *N-shot learning* e *transfer learning* na área da saúde. Assim, o objetivo desta revisão passa por avaliar o comportamento de modelos baseados nessas mesmas técnicas aplicados em cenários críticos como doenças pulmonares, de pele ou cânceros. Para a procura dos estudos utilizam-se as bases de dados *Google Scholar*, *PubMed* e *Scopus*. Já para informação de conhecimento geral acedeu-se a companhias e laboratórios tais como: *V7Labs*, *TechTalks*, *SerokellLabs* e *OpenGenus*. Ao longo do documento são analisados um total de três estudos, dois focados na técnica de *Zero-shot learning* e o último na de *One-shot learning*. Num primeiro estudo, desenvolveu-se um modelo de aprendizagem *SC-GZSL* que incorpora *generalized zero-shot learning* com *self-supervised learning* com o objetivo de classificar doenças conhecidas, ou, determiná-la como desconhecida. No *dataset* usado na fase de teste obteve-se resultados impressionantes, na casa dos 90%, acima dos restantes métodos comuns de *zero-shot learning*. Já no segundo, desenvolveu-se um modelo de aprendizagem *ZSAL - Zero-Shot Augmentation Learning* com um objetivo de reconhecer doenças raras em que existem poucas imagens através da técnica de *data augmentation*. Este estudo obteve resultados de 84% para o *dataset* testado. Por fim no terceiro estudo, é desenvolvido o modelo de aprendizagem *CancerSiamese* com o objetivo de identificar cânceros do tipo primário e metastático com base numa amostra de expressões genéticas, onde se obteve resultados de *accuracy* a rondar os 90%. Esta revisão permite entender de que maneira estas novas técnicas de *deep learning* podem se tornar inovadores e de certa forma essenciais em áreas críticas como a saúde, uma vez que, permitem reduzir a necessidade de colecionar e dar *label* a uma quantidade significativa de dados, o que se pode tornar uma tarefa exaustiva e dispendiosa.

Keywords: N-shot learning · Zero-shot learning · One-shot learning · Few-shot learning · Transfer learning · Medicina.

1 Introdução

Com o exponencial crescimento e avanços da tecnologia nos últimos anos, áreas de estudo que envolvem Inteligência Artificial, mais especificamente *Machine learning* têm sido utilizadas em áreas críticas tais como a medicina, entre muitas outras, para melhorar a eficácia de diagnósticos e tratamentos. De entre os diferentes tipos de aprendizagem já conhecidos, o foco desta revisão será direcionado para a aprendizagem supervisionada, uma vez que é onde as técnicas que serão abordadas são mais usadas. A aprendizagem supervisionada é um método de

machine learning no qual um modelo é treinado com um grande conjunto de dados trabalhados para realizar previsões precisas para *inputs* desconhecidos. No entanto, em algumas situações, pode ser difícil ou até impossível obter uma quantidade de dados grande o suficiente para treinar este tipo de modelos. Para ultrapassar este problema, surgiu o *N-shot learning*, permitindo que um modelo possa ser treinado para, por exemplo, classificar uma imagem, usando não mais de cinco imagens. Assim, é evitada a necessidade de colecionar grandes conjuntos de dados, mas apenas algumas amostras de cada classe. Este tipo de aprendizagem pode ser dividido em três categorias principais: *zero-shot learning*, *one-shot learning* e *few-shot learning*. Juntamente com estas, será mencionada uma técnica "auxiliar" denominada *transfer learning*, que permite reutilizar modelos pré-treinados e aplicá-los como pontos de partida em outros problemas.

Neste documento, serão exploradas e avaliadas as aplicações destas novas técnicas de aprendizagem na área médica através da criação de modelos de *Deep Learning*.

2 Métodos

Para a coleção de estudos foram utilizadas as seguintes fontes de informação: *Google Scholar*, *PubMed* e *Scopus*. Para a procura de documentos recorreram-se a *keywords* como *few-shot learning* e *medical applications* de maneira a não restringir de forma muito significativa o leque de opções. Para além disso, foram priorizados artigos redigidos em inglês e relativamente recentes com o objetivo de serem abordados casos de estudo conhecidos e atualizados, mantendo assim a data de publicação entre janeiro de 2020 e março de 2023. O critério de seleção principal foi estudos que apresentassem aplicações das técnicas já mencionadas na área da medicina. Para poder identificar, de todos os artigos agrupados, os que mais iam ao encontro do objetivo proposto para esta revisão foi realizada a leitura e análise das seguintes secções de cada um: resumo, introdução conclusões/discussões. Por fim, foram reduzidos aos alvos deste documento três estudos. O primeiro [1] que aborda o modelo de *zero-shot learning* juntamente com *self-supervised learning* para classificar especificamente doenças conhecidas ou apenas como desconhecidas, o segundo [2], um estudo que explora *data augmentation* em *zero-shot learning* com o objetivo de gerar imagens de doenças raras com auxílio de um médico profissional para auxiliar o treino do modelo e, por último, um terceiro [3] onde é detalhado o processo de criação de um modelo de *deep learning* baseado em *one-shot learning* para prever tipos de cancro.

3 Definição e Caracterização

Antes de se prosseguir para a análise dos estudos reunidos será apresentada nesta secção uma clarificação dos conceitos chave utilizados nos mesmos, sendo eles os diferentes métodos envolvidos em técnicas de *N-Shot Learning*. Porquê *N-Shot* ? E o que é um *shot* ? Neste domínio em específico um *shot* indica-nos o número de amostras que temos disponíveis, de cada classe, para a fase de treino

de um modelo, ou seja, numa aprendizagem *N-Shot*, temos \mathbf{N} exemplos de cada classe para treinar o modelo. Assim sendo, para $\mathbf{N} = 0$, estamos perante um caso extremo conhecido por *zero-shot learning*, para $\mathbf{N} = 1$, *one-shot learning* e, normalmente, entre 2 e 5 encontramos-nos perante a técnica de *few-shot learning*. Como mencionado anteriormente, todas estas variantes tentam resolver o mesmo problema, apenas com diferentes níveis de recursos disponíveis: evitar a necessidade de colecionar um grande conjunto de dados.

Relativamente ao *zero-shot learning*, cujo o objetivo é classificar classes não vistas - *unseen classes* - sem um único exemplo de treino, como é que isto que se pode conseguir ? De uma forma muito geral, imaginemos o seguinte caso: apesar de nunca termos visto um T-Rex na vida real, muito provavelmente conseguiríamos identificar um caso nos deparássemos com ele, uma vez que, temos informações acerca das suas propriedades e características, que fomos obtendo através de livros e filmes. Já em relação ao *one-shot learning*, existem diferentes arquiteturas sendo que a que é abordada neste artigo são as *Siamese Neural Networks* cujo objetivo passa por classificar, por exemplo, uma imagem de teste usando apenas um exemplo de treino para cada classe. Esta classificação é conseguida "comparando" as características das imagens. Por último, o *few-shot learning* pode ser vista como uma versão mais flexível do *one-shot learning*, onde temos mais de uma amostra por classe para a fase de treino, geralmente entre 2 e 5.

4 SCGZSL - Medical Image Classification Using Generalized Zero Shot Learning

4.1 Descrição

Uma vez que não existem exemplos de todas as doenças na área médica, foi proposto um método, *zero-shot learning*, para combater isso. Nesta secção iremos abordar alguns pontos acerca do documento [1]. O documento em questão propõe um método de *generalized zero-shot learning (GZSL)* que usa *self supervised learning (SSL)*. Sendo este, SSL, um método de *Machine-Learning* em que um modelo é treinado de forma a prever informações a partir de dados não rotulados, como por exemplo prever uma parte da imagem com base na parte restante ou recuperar uma imagem original a partir de uma parte dela. Posteriormente, o modelo é treinado para resolver essas tarefas alternativas, o que leva a uma representação mais abstrata e compacta dos dados, que pode ser usada para gerar vetores que representam cada *cluster* de dados, permitindo uma melhor classificação de doenças desconhecidas. Estes vetores são um conjunto de dados que representam as características. Por exemplo, se tratá-se da classificação de animais, o vetor poderia conter informação acerca da existência de pelo, cor, número de patas, entre outros atributos. Uma vez que imagens médicas, ao contrário das imagens naturais, não são muito propícias a ser caracterizadas por classes de atributos (seria preciso despende muito tempo de um perito na área devido à ambiguidade), então, este documento propõe que o *SSL*

gere automaticamente os vetores de informação sintética. O presente documento tenta combater o erro da aprendizagem por computador, que classifica doenças não reconhecidas como sendo uma das doenças já reconhecidas. O *zero-shot learning* tenta prever os resultados de teste, através de um modelo preciso, entre dados conhecidos e dados desconhecidos. Para tal, é preciso fornecer, durante a aprendizagem, dados rotulados como conhecidos e dados não rotulados como desconhecidos. Relata, também, que usa *SSL* para gerar os vetores respetivos a cada *cluster* e, além disso, trata de encontrar e combinar as caraterísticas tanto dos dados conhecidos como desconhecidos.

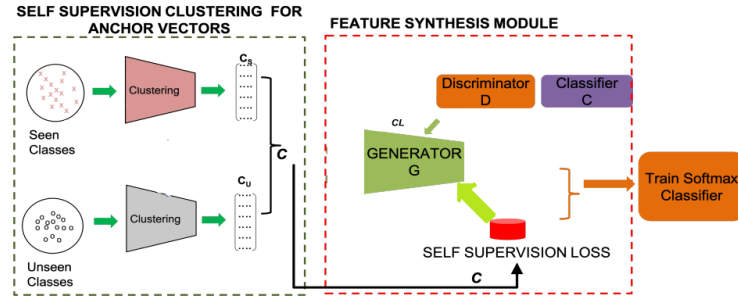


Fig. 1: Arquitetura do método SC-GZSL proposto.

Como mostra a figura 1, que demonstra o processo interno do método proposto pelo documento, inicialmente, gera-se os vetores (centróides dos *clusters*) através do *SSL* de modo a gerar combinações de caraterísticas. O segundo processo utiliza um *generator*, rede neural com o intuito de gerar imagens sintéticas indistinguíveis de imagens reais, um *discriminator*, rede neural, que juntamente com o *classifier*, classifica a qualidade das imagens sintéticas geradas para melhorar o desempenho do *generator*. Em suma, o modelo é treinado com a identificação de caraterísticas sintéticas de imagens médicas reais seguido da geração de imagens médicas sintéticas.

Os resultados obtidos foram os seguintes:

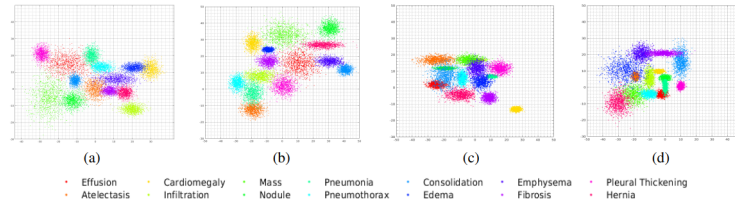


Fig. 2: Visualização de caraterísticas para o Dataset NIH ChestXray (a) Conhecidos+Desconhecidos do dataset; Distribuição sintética de caraterísticas geradas por (b) SC-GZSL; (c) SC-GZSL sem SSL (d) SDGN (Outro modelo apenas para comparação de resultados). Cores diferentes representam classes diferentes.

Como podemos ver na figura 2, o **(a)** corresponde à distribuição real das características de cada classe enquanto que no **(b)** corresponde à distribuição sintética das características do método em questão (*SC-GZSL*), o que, a primeiro ver parece totalmente diferente mas o importante a analisar é se a sobreposição e *clustering* de classes é similar ao original (sobreposição quase inexistente entre classes em ambos). Por outro lado, tanto na **(c)**, correspondente à distribuição sintética das características do *SC-GZSL* sem *SSL*, como na **d**, correspondente à distribuição sintética das características do *SDGN*, outro modelo usado para comparação, podemos ver que obtemos um resultado pior que **b** tanto devido à sobreposição como à diferença relativamente aos *clusters* de **a**.

4.2 Resultados

Method	Natural Images											
	CUB			AwA1			AwA2			SUN		
	S	U	H	S	U	H	S	U	H	S	U	H
f-Vaegan [51]	65.1	61.4	63.2	-	-	-	88.6	84.8	86.7	41.9	60.6	49.6
GXE [25]	68.7	57.0	62.3	89.0	87.7	88.4	90.0	80.2	84.8	58.1	45.4	51.0
SDGN [47]	70.2	69.9	70.1	88.1	87.3	87.7	89.3	88.8	89.1	46.0	62.0	52.8
GDAN [17]	66.7	39.3	49.5	-	-	-	67.5	32.1	43.5	89.9	38.1	53.4
OCDE[21]	59.9	44.8	51.3	-	-	-	73.4	59.5	65.7	42.9	44.8	43.8
SCGZSL	71.7	70.6	71.1	88.5	88.1	88.3	89.9	89.3	89.6	50.3	62.1	55.6

Fig. 3: **Resultados GZSL para imagens naturais:** precisão média da classificação por classe (%) e precisão da média harmónica (H) de GZSL quando as amostras de teste são de classes Conhecidas (S) ou Desconhecidas (U).

Method	Multiple Medical Image Datasets											
	CAMELYON17			NIH Xray			CheXpert			Kaggle DR		
	S	U	H	S	U	H	S	U	H	S	U	H
f-VAEGAN [51]	90.2	88.2	89.2	82.9	80.0	81.4	88.5	87.6	88.0	92.8	90.2	91.5
GDAN [17]	91.1	89.1	90.1	83.8	80.9	82.3	89.2	88.0	88.6	94.2	91.0	92.6
OCDE[21]	91.5	89.3	90.4	84.7	81.3	83.0	89.9	88.1	89.0	94.8	91.3	93.0
SDGN [47]	92.1	89.5	90.8	84.4	81.1	82.7	90.2	88.2	89.2	95.0	91.9	93.4
SCGZSL	93.5	91.1	92.3	87.2	84.3	85.7	91.8	89.4	90.6	96.1	93.2	94.7
FSL	93.7	93.5	93.6	87.4	86.9	87.1	92.1	92.5	92.3	96.4	96.1	96.2

Fig. 4: **Resultados GZSL para imagens médicas:** precisão média da classificação por classe (%) e precisão da média harmónica (H) de GZSL quando as amostras de teste são de classes Conhecidas (S) ou Desconhecidas (U)s.

A tabela 3 resume os resultados dos algoritmos em imagens naturais. Podemos ver que o algoritmo explícito do documento, *SC-GZSL*, teve uma *performance* superior aos restantes algoritmos sendo que o *SDGN* teve uma precisão muito similar. A tabela 4, relacionada às imagens médicas, demonstra que o método proposto pelo documento, *SC-GZSL*, possui uma precisão bem superior aos restantes algoritmos incluindo o *SDGN*. Isto prova-se pelo facto de que algoritmos aptos a classificar imagens naturais não são bons quanto a imagens médicas, que possuem menos informação. Estes algoritmos aptos a classificar

imagens naturais focam-se fortemente nos atributos de classe que, por sua vez, não são tão claros em imagens médicas e daí ser necessário tomar outras medidas como a especificada ao longo deste documento.

4.3 Conclusão

Como falado inicialmente, o algoritmo em questão é útil na área médica devido à dificuldade em definir atributos às imagens recolhidas, por isso, opta-se pela geração de atributos sintéticos através do uso do *SSL*. Quanto aos resultados, o algoritmo apresenta um desempenho superior devido ao auxílio do *SSL* que gera características sintéticas para que o *generator* gere imagens sintéticas baseando-se nessas características e, ao mesmo tempo, melhora o seu desempenho devido ao *feedback* que recebe do *discriminator* acerca do quão reais se parecem essas imagens.

5 Zero shot augmentation learning in internet of biometric things for health signal processing

5.1 Descrição

Tal como no documento anterior, este documento também aborda a aprendizagem por *zero-shot*, porém, com outra metodologia diferente.

Neste novo documento [2], o objetivo é a criação de um modelo de *zero-shot augmentation learning (ZSAL)* para imagens médicas. Este modelo requer um profissional na área, que o informe de algumas informações básicas da doença, para que o computador gere automaticamente inúmeras imagens.

Como um modelo de *zero-shot learning*, este tende a resolver o problema da classificação de uma imagem com a categoria conhecida a que mais se assemelha mesmo se não pertencer a nenhuma das categorias. Como falado previamente, no ramo da medicina, existem muitas doenças que ainda não foram descobertas, ou, que foram descobertas mas existem relativamente muitos poucos casos para treinar os modelos. Em ambos os casos, devido à quase ou total inexistência de treino para essa doença, o modelo não consegue reconhecê-la num teste posterior.

Ao contrário dos métodos habituais de *zero-shot learning*, este modelo (*ZSAL*), tal como o anterior (*SC-GZSL*), não necessita dos atributos para operar, que é necessário em imagens médicas visto não ser fácil classificar e caracterizar os mesmos. Além disso, o *ZSAL* explora a razão pela qual o *classifier* faz cada decisão, usando o *Grad-CAM* para visualizar o *heat map*.

ZSAL tenta imitar o processo cognitivo de conhecer novas coisas do seguinte modo: um profissional na área explica ao *ZSAL* como reconhecer uma doença através do contorno da mesma e de outras possíveis características para que numa próxima, este modelo a reconheça quando a vir. Num nível inferior, o *ZSAL* aplica *data augmentation* (técnica de pré-processamento que gera inúmeras imagens similares através de transformações simples) às informações recebidas, como o contorno, e executa o *zero-shot learning*.

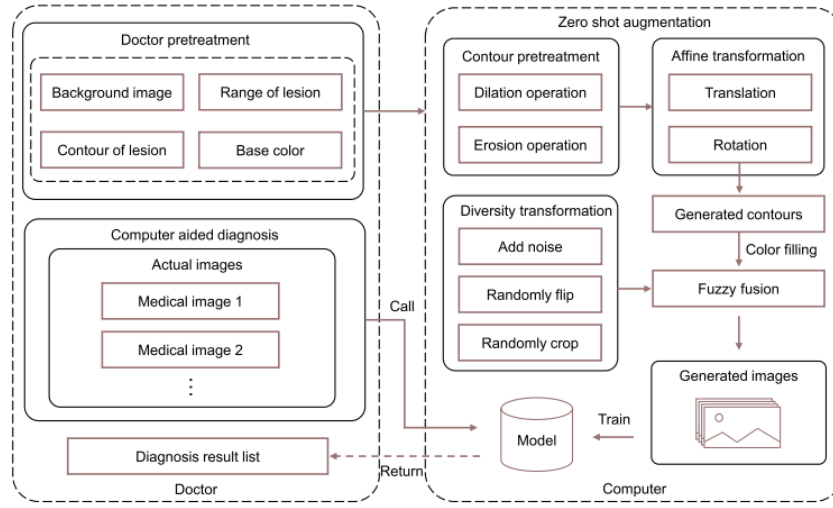


Fig. 5: Implementação do ZSAL.

O modelo estudado, *ZSAL*, gera um *dataset* em *batches* referente à informação básica da doença fornecida pelo médico profissional. A figura 5 representa a implementação do ZSAL, começando pelo pré-tratamento dos dados, concebidos por um médico profissional que fornecerá uma imagem de fundo em que identifica os contornos da doença, seguido do *zero-shot augmentation*, que gerará o *dataset* de imagens virtuais através de *data augmentation*, e finalmente, o diagnóstico com ajuda do computador. Estas imagens virtuais são usadas para treinar o *classifier*, que será usado para diagnosticar.

No pré-tratamento, fornecido pelo médico profissional, é dada como base uma imagem de fundo seguido do alcance da doença, a sua tonalidade (cor) e um retrato do contorno da mesma. Conforme mostra a imagem, após o pré-tratamento, o algoritmo executa o *zero-shot augmentation* das imagens/dados fornecidos e gera imagens virtuais para treinar o modelo. Finalmente, o médico chama o modelo para obter os resultados.

Como deduzido, *ZSAL* é útil para diagnosticar doenças raras em que haja pouca informação fornecida uma vez que gera imagens virtuais para auxiliar no processo de treino. Para verificar a validade do modelo, no documento, apresenta-se os experimentos realizados sobre uma doença de pele. Apesar da existência de métodos de *zero-shot learning* novos, como o apresentado no documento anterior [1], que não requerem atributos para serem treinados, este documento demonstra o desconhecimento perante estes métodos e refere que não pode comparar com outros métodos banais de *zero-shot learning* devido à inexistência de atributos em imagens médicas.

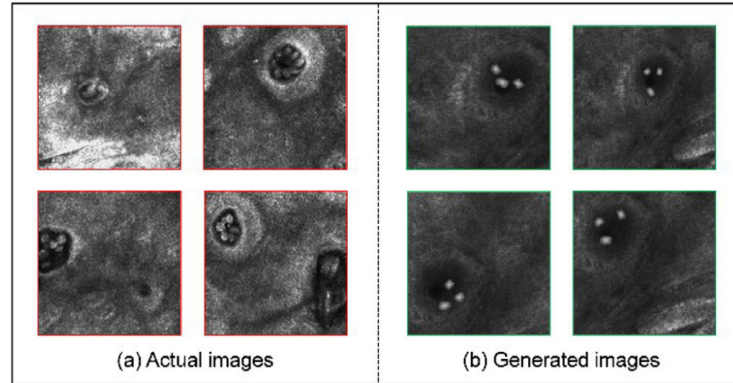


Fig. 6: Comparação de imagens reais e imagens virtuais (geradas).

Como mostra a figura 6, as imagens geradas (virtuais) tendem a ser mais esboçadas para auxiliar no processo de aprendizagem do modelo. As doenças apresentadas nas imagens virtuais são semelhantes às apresentadas nas imagens reais.

5.2 Resultados

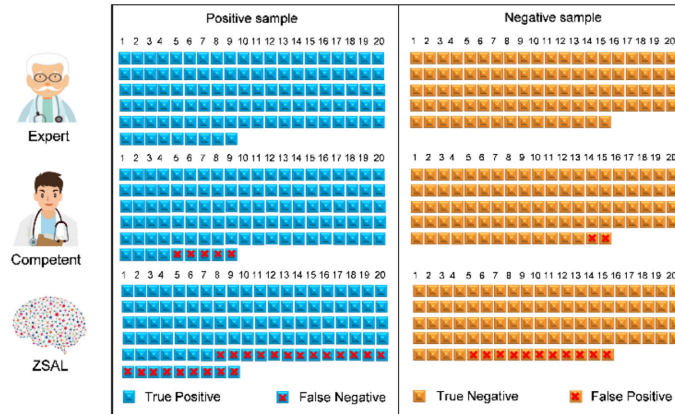


Fig. 7: Resultados de teste numa amostragem.

Como podemos ver na figura 7 acima, o médico profissional obteve uma precisão de **100%** e o médico competente uma precisão de **96.57%** enquanto que o modelo de *ZSAL* obteve uma precisão, um bocado inferior, de **83.82%**. Como demonstrado, este modelo não pode ser usado para obter resultados precisos porém deve ser usado como auxílio no diagnóstico, de modo a ajudar os médicos num diagnóstico inicial da doença.

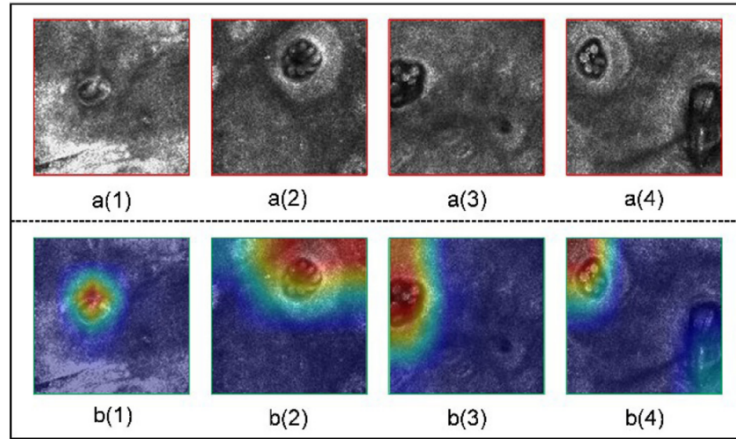


Fig. 8: Visualização de imagens Grad-CAM (Heat Map).

Além disso, também é possível ver o motivo que levou às decisões feitas pelo *classifier* do ZSAL através de um *heat map* como mostra na figura acima (8). As imagens (a) correspondem às imagens reais enquanto que as imagens (b) correspondem às imagens Grad-CAM. Como é possível observar, pelo *heat map*, o foco do modelo ZSAL tende a ser muito próximo do lugar correto da doença, isto porque o modelo identificou com base na informação fornecida pelo médico profissional no início. Isto acontece porque o modelo reconhece as características da doença. Além disso, para este caso, o *classifier* do modelo conseguiu acertar nos resultados.

5.3 Conclusão

Como analisado, este algoritmo que advém do uso de *data augmentation* para gerar imagens sintéticas que possam se assemelhar aos casos de teste, porém, devido aos resultados não é possível confiar a 100% neste modelo. Para melhorar os resultados deveria ser possível fornecer mais características que definam estas doenças raras, uma vez que o número de características que o médico especialista pode definir são reduzidas.

6 CancerSiamese: one-shot learning for predicting tumor types

6.1 Descrição

Os modelos *state-of-the-art* (SOTA) de *deep learning* baseados na previsão do tipo de cancro apenas o conseguem fazer se houver bastantes amostras disponíveis durante a fase de treino do mesmo, onde, por norma, o tamanho do *dataset* é relativamente grande. O objetivo deste estudo passa por reutilizar estes *datasets*

existentes para prever tipos de cancro não observados durante a fase de treino. Para tal é proposto um novo modelo de *machine learning* - *CancerSiamese* - implementando uma estratégia de *one-shot learning*. Este modelo recebe como *input* dois objetos (*Query cancer*: imagem do cancro a classificar e *Support set*: conjunto de imagens de referência que representam tumores conhecidos). A amostra *query* é comparada com cada amostra do *support set*, que neste caso inclui seis amostras, todas de cancros diferentes. Esta comparação calcula a probabilidade de semelhança entre a amostra *query* e todas as amostras do *support set*. O cancro final previsto será aquele do *support set* cuja a semelhança apresenta maior valor, Fig 9.

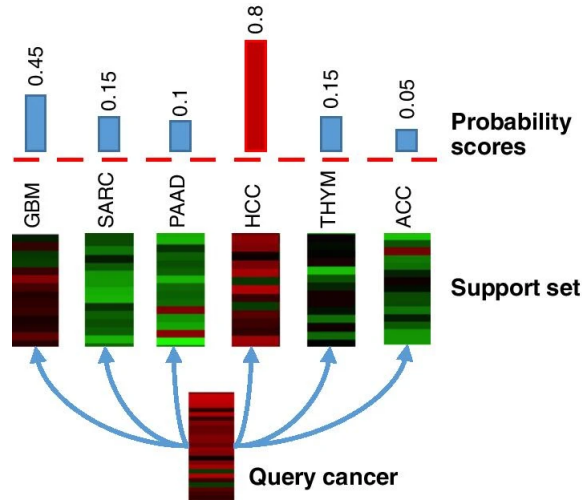


Fig. 9: Ilustração de uma previsão 6-way one-shot de uma amostra *query cancer*.

A arquitetura final do modelo resultou em duas *Convolutional Neural Networks* - CNN's - iguais que fazem o *encoding* das características representativas do tipo de cancro apresentado nas amostras passadas como *input* - *Input pairs* - criando assim um vetor de valores numéricos - *Feature extraction*. De seguida, estes dois vetores resultantes são passados por uma *layer* responsável por avaliar a "distância" entre os dois e assim classificar as amostras como iguais ou não - *Classification*, Fig 10a. Como já existem modelos de CNN's tradicionais capazes de classificar tipos de cancro com altos valores de *accuracy* estes foram reaproveitados através de *transfer learning*, Fig 10b.

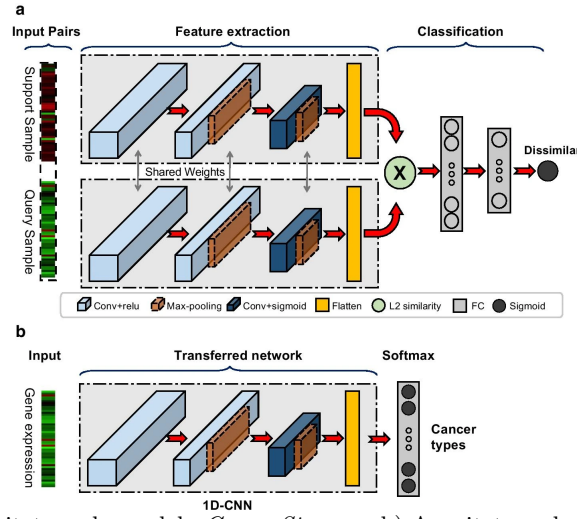


Fig. 10: a) Arquitetura do modelo *CancerSiamese*. b) Arquitetura do modelo 1D-CNN pré-treinado.

6.2 Resultados

Para este caso em específico os *datasets* foram obtidos das plataformas *Cancer Genome Atlas* (TCGA) e MET500. Para avaliar a relação entre o número de tipos de cancro usados no *dataset* de treino e o valor de previsão, foram treinados três modelos com pesos diferentes na distribuição do tipo de cancro primário (se o cancro se encontrar no órgão de origem). Um com 9 classes e 1990 amostras, outro com 14 classes e 6180 amostras e o último com 19 classes e 8445 amostras. Em contraste, apenas um modelo foi treinado para o tipo de cancro metastático (se o cancro se espalhar para além do órgão de origem), com 10 classes e 516 amostras. Os pesos iniciais das camadas da rede foram mantidos da CNN transferida e o resto das camadas, *fully connected* e *sigmoid*, foram inicializadas com base nos valores de *Xavier Initialization*, foi utilizada a métrica de *binary cross-entropy loss*, a função *Adam optimizer* para otimização de parâmetros, um número de *epochs* igual a 20000, um *batch-size* de 128 e um *learning rate* de 0.000005.

Ainda na fase de treino cada um dos três modelos foi treinado com uma variação no tamanho do *support set*, ou seja, diferentes números de *N-way-predictions* ($N=6,8$ e 10). Já na fase de teste, cada *N-way prediction* foi testada num *dataset* com um total de 20000 amostras de cancros não vistos na fase de treino. Como termo de comparação (*baseline performance*) foi também executado para as mesmas amostras um modelo 1-NN (*Nearest Neighbor*), que costuma ser usado como referência para modelos baseados em *N-shot learning*, neste caso para $N=1$.

Os resultados obtidos nesta experiência apresentam-se na Fig 11. Começando pelos testes realizados em cancros do tipo primário Fig 11a, podemos verificar que para todas as 3 *N-way predictions*, o modelo *CancerSiamese* superou o mod-

elo de referência (1-NN). Particularmente, o modelo treinado com 19 classes diferentes alcançou um desempenho notável com uma *accuracy* de 89.67%, 87.32%, e 84.59% para 6, 8 e 10-*way predictions*, respetivamente. Estes valores representam um aumento de 7-8% em relação ao modelo 1-NN. Uma conclusão retirada destes resultados é a seguinte: uma vez que os conjuntos de treino e teste contêm classes de cancro distintas, estes elevados valores de *accuracy* sugerem que existem marcadores discriminativos de expressão genética partilhados entre todas as classes de cancro que os modelos *CancerSiamese* aprenderam com sucesso a partir dos dados de treino e a utilizar para prever amostras de teste. Para além disso, verificamos que aumentar o número de classes usadas para treinar o modelo, de 9 para 19, melhora os resultados de previsão. Isto sugere que aumentar a variedade de tipos de cancro na fase de treino permite ao modelo *CancerSiamese* melhorar a representação aprendida de tipos de cancro semelhantes ou diferentes. Assim, uma representação mais rica e diversificada de classes pode ajudar a melhorar a generalização do modelo para obter melhores resultados na previsão de cancros não observados durante o processo de treino.

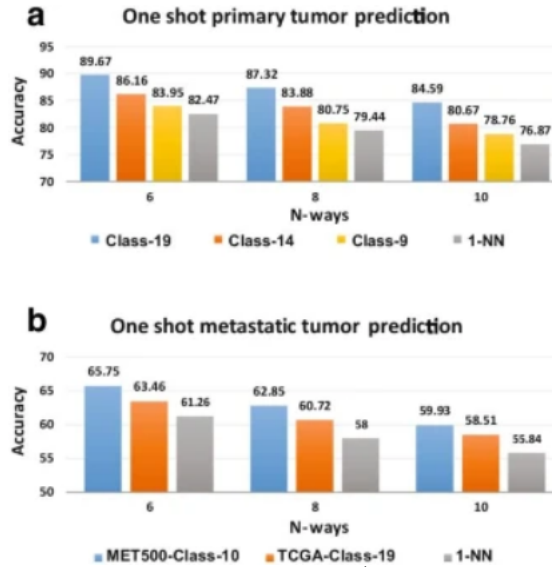


Fig. 11: Desempenho do modelo *CancerSiamese*. a) Resultados de *accuracy* para tipos de tumor primário. b) Resultados de *accuracy* para tipos de tumor metastático.

Em relação á previsão do tipo de cancro metastático, os resultados de *accuracy* para os diferentes *N-way predictions* apresentam-se na Fig 11b. A azul apresentam-se os resultados do modelo treinado sobre 10 classes diferentes de cancro metastático, a laranja os resultados do modelo treinado sobre 19 classes diferentes de cancro primário e a cinzento os do modelo de referência (1-NN). Mais uma vez, podemos constatar que o modelo *CancerSiamese* treinado no tipo

de cancro metastático atingiu uma melhor *performance* com um aumento de aproximadamente 4-5% em comparação ao modelo 1-NN. Apesar disso, os resultados ainda são relativamente baixos, encontrando-se no patamar dos 60% de *accuracy*, indicando que as expressões genéticas que definem semelhanças/diferenças em câncros do tipo metastático, aprendidas pelo modelo, podem não estar totalmente generalizadas para distinguir as "verdadeiras" e corretas expressões nos casos de teste. As razões para este comportamento podem ser as seguintes: uma amostra de treino pequena, heterogeneidade de expressão maior do cancro do tipo metastático e/ou pequena diversidade de amostra de treino.

Outra conclusão possível de se retirar dos resultados da Fig 11b é que (lembrando que os resultados obtidos surgiram da aplicação do modelo a um *dataset* com amostras de cancro do tipo metastático), apesar de ter sido treinado sobre amostras de cancro do tipo primário, o modelo com os valores a laranja, apresenta uma *accuracy* relativamente próxima à do modelo treinado em amostras do tipo metastático. Isto sugere que as expressões aprendidas das 19 classes de cancro primário partilham semelhanças significativas com as aprendidas com as 10 classes de cancro metastático. Isto é coerente com o facto de as 10 classes de amostras de cancro metastático utilizadas sobrepor as 19 classes de amostras de cancro primário. Um exemplo prático deste caso será: cancro do fígado (cancro primário) e um tumor encontrado no estômago mas que teve origem no fígado (cancro metastático). Apesar de terem tipos distintos, ambos são câncros do fígado, daí apresentarem semelhanças nas expressões genéticas.

7 Discussão e conclusão

Neste artigo foram apresentados diversos estudos que demonstram a utilidade de aplicar técnicas de *N-shot learning* em modelos de *Deep Learning* e quais as suas aplicações na área médica. Como todos sabemos, atualmente uma das premissas para o sucesso de modelos de *Machine Learning* provém de um conjunto de dados alargado para o mesmo ser treinado de uma maneira eficiente. No entanto, em áreas críticas como a saúde arranjar uma grande quantidade de dados pode mostrar-se um desafio complicado ou até mesmo impossível. Os estudos demonstrados ao longo deste documento apresentam a forma como técnicas de *N-shot learning* podem vir a minimizar este problema.

Através do primeiro estudo, percebemos que o algoritmo em questão, *SC-GZSL* utiliza *GZSL*, abordando as imagens médicas sem se focar nos atributos de classe e gera características sintéticas com base num algoritmo de *SSL*. Este algoritmo, como se pode ver nas estatísticas, é superior aos outros apresentados para os *datasets* testados, apresentando uma precisão superior a 90% para a maioria dos testes. O seu uso vem a possibilitar o reconhecimento de novos casos de teste, especialmente de doenças desconhecidas ou não treinadas, como desconhecidos.

Com a análise do segundo estudo podemos concluir que o uso de aprendizagem por computador é útil, na área médica, para reconhecer doenças com uma precisão bem alta. Porém, devido à necessidade de grandes quantidades

de imagens/dados para treinar os modelos, fica difícil para estes métodos reconhecerem doenças raras. Sendo necessário arranjar um método alternativo de aprendizagem para tal, por isso optou-se pelo *zero-shot learning*. Além disso, doenças trazem o acréscimo de que é difícil a caracterização em classes de atributos, o que impossibilita o uso de métodos de *zero-shot learning* convencionais. Com estes experimentos, é possível demonstrar que o método proposto por este documento (ZSAL) obteve bons resultados (84%), através do uso de técnicas como *data augmentation* para gerar imagens médicas virtuais que irão ajudar no treino do modelo. Porém, este método, se usado, deverá apenas servir de apoio ao diagnóstico inicial.

Neste terceiro estudo foi proposto o *CancerSiamese*. Um modelo de *Deep Learning* baseado em *one-shot learning* construído para identificar cânceros do tipo primário ou metastático caracterizados por uma amostra de expressão genética. Esta amostra (*query sample*) é então comparada com um conjunto de expressões genéticas (*support set*) de cânceros já conhecidos, **uma** por cada cancro. Como podemos observar pelos resultados obtidos, principalmente, na previsão de cânceros primários com valores de *accuracy* a rondar os 80%-90%, esta técnica de aprendizagem mostrou-se muito promissora. Para além disso, é um modelo capaz de se adaptar e aproximar à realidade que é a área da saúde, uma vez que, não necessita de treinar sobre um *dataset* exaustivamente trabalhado e diversificado como os modelos de classificação convencionais, precisando apenas de **uma** amostra genética representativa do cancro no *support set*.

Concluindo, como já mencionado anteriormente, o facto de, atualmente, uma amostra de dados pequena, ser um dos principais problemas da aplicação de modelos de *Machine Learning* na área da saúde em geral, estes estudos e experimentações podem vir a inspirar a maior utilização e inovação de técnicas como *N-shot learning* para melhorar, por exemplo, a nossa compreensão no estudo de doenças críticas como o cancro.

References

1. D. Mahapatra, B. Bozorgtabar and Z. Ge, "Medical Image Classification Using Generalized Zero Shot Learning," 2021 IEEE/CVF International Conference on Computer Vision Workshops (ICCVW), Montreal, BC, Canada, 2021, pp. 3337-3346, doi: <https://doi.org/10.1109/ICCVW54120.2021.00373>
2. Kehua Guo, Tao Luo, Md Zakirul Alam Bhuiyan, Sheng Ren, Jian Zhang, Di Zhou, Zero shot augmentation learning in internet of biometric things for health signal processing, Pattern Recognition Letters, Volume 146, 2021, Pages 142-149, ISSN 0167-8655, doi: <https://doi.org/10.1016/j.patrec.2021.03.012>
3. Mostavi, M., Chiu, YC., Chen, Y. et al. CancerSiamese: one-shot learning for predicting primary and metastatic tumor types unseen during model training. BMC Bioinformatics 22, 244 (2021). <https://doi.org/10.1186/s12859-021-04157-w>
4. V7Labs, <https://www.v7labs.com/blog/zero-shot-learning-guide#h1>.
5. TechTalks, <https://bdtechtalks.com/2020/08/12/what-is-one-shot-learning/>.
6. Serokell, <https://serokell.io/blog/nn-and-one-shot-learning>.
7. OpenGenus, <https://iq.opengenus.org/one-shot-learning-in-ml/>