



# Segmentação automática de rins e tumores renais em imagens de tomografia computadorizada baseada em aprendizado profundo 2.5D



**Luana Batista**  
Discente  
(UFMA)



**Aristófanes Silva**  
Orientador  
(UFMA)



**João Almeida**  
Coorientador  
(UFMA)

# Roteiro

01 Introdução

02 Fundamentação Teórica

03 Método Proposto

04 Resultados

05 Discussão

06 Conclusão e Trabalhos Futuros



01

# Introdução

Câncer de Rins

Tomografia Computadorizada

Sistemas CAD/CADx

Objetivo

# Câncer de Rins

- Os rins são um par de órgãos localizados na parte posterior do abdômen e são protegidos pela caixa torácica
- Os rins são responsáveis por filtrar o sangue proveniente das artérias renais
- As células renais que perdem sua função primária e começam a se multiplicar rapidamente podem causar tumores renais
- Mais de 90% dos casos de câncer renal evoluem para metástases

# Câncer de Rins

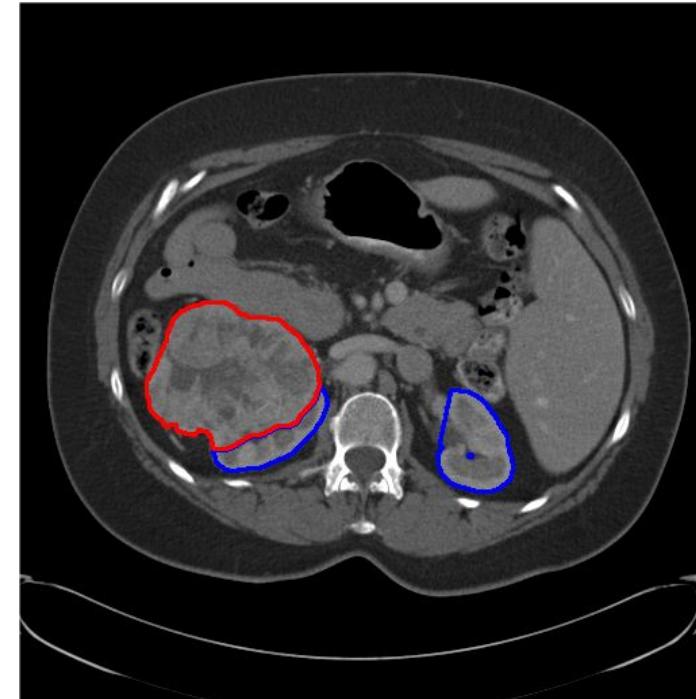
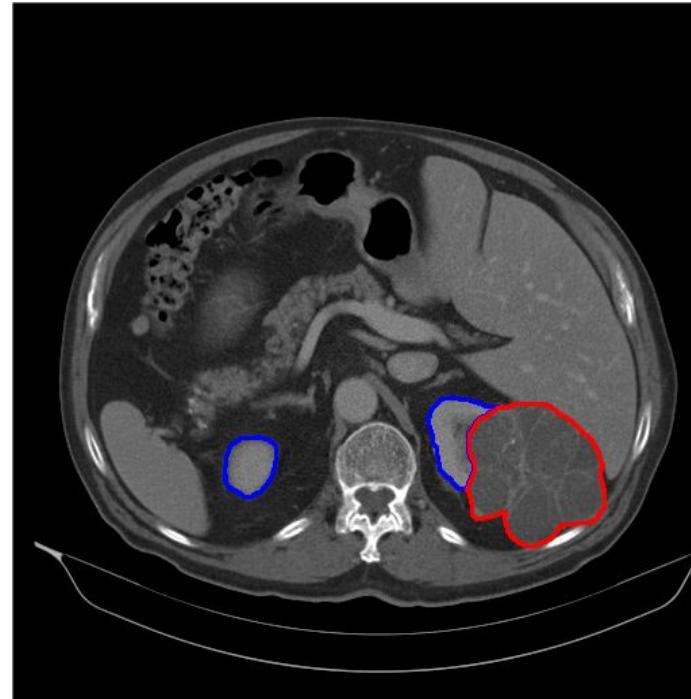
- O câncer renal é considerado o **câncer mais letal do trato urinário** e a **16<sup>a</sup>** causa mais comum de morte por câncer
- Mais de 400.000 novos casos de câncer renal são diagnosticados anualmente
- O diagnóstico precoce é fundamental para o tratamento adequado do câncer renal e aumenta as chances de cura

# Tomografia Computadorizada (TC)

- É considerada o padrão ouro entre todas as modalidades de imagem disponíveis para investigação de tumores renais
  - É capaz de fornecer informações estruturais sobre irregularidades na forma e medidas do tamanho dos tumores renais
- Comumente utilizada em sistemas auxiliados por computador para detecção e diagnóstico (CAD/CADx) de tumores renais

# Sistemas CAD/CADx

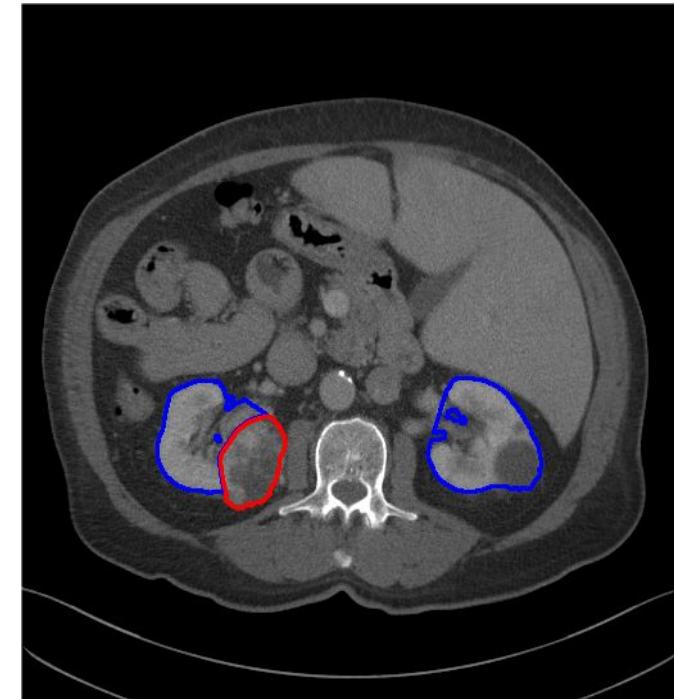
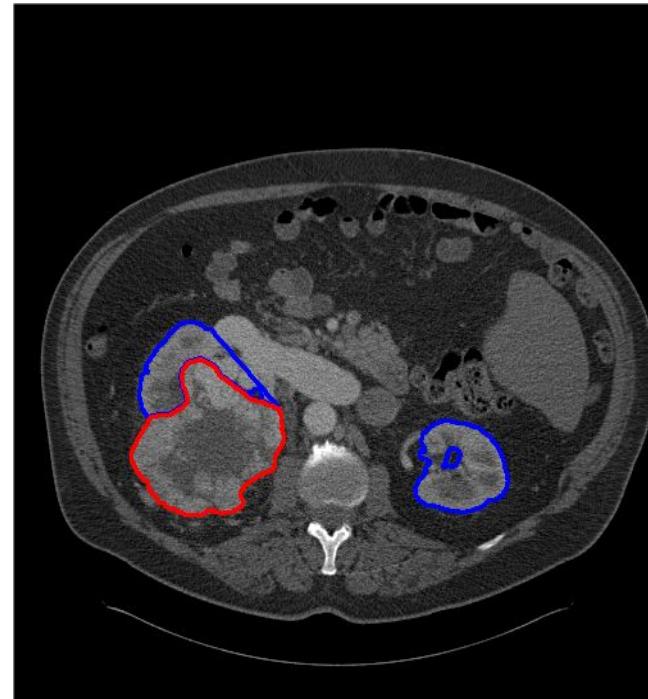
- Principais desafios para **segmentação dos rins**
  - Regiões do campo renal podem ser recobertas por estruturas anormais



\* Marcação em azul (rins) e em vermelho (tumores renais)

# Sistemas CAD/CADx

- Principais desafios para **segmentação dos tumores renais**
  - Delinear com precisão o limite da lesão renal entre os tecidos semelhantes



\* Marcação em azul (rins) e em vermelho (tumores renais)

# Objetivo

- Propor um método computacional para segmentar automaticamente os rins e tumores renais em imagens de TC de pacientes doentes, baseado em técnicas de processamento de imagens e aprendizado profundo



02

# Fundamentação Teórica

Rins e Tumores Renais

Especificação do Histograma

Redes Neurais Convolucionais

Métricas de Desempenho

# Rins e Tumores Renais

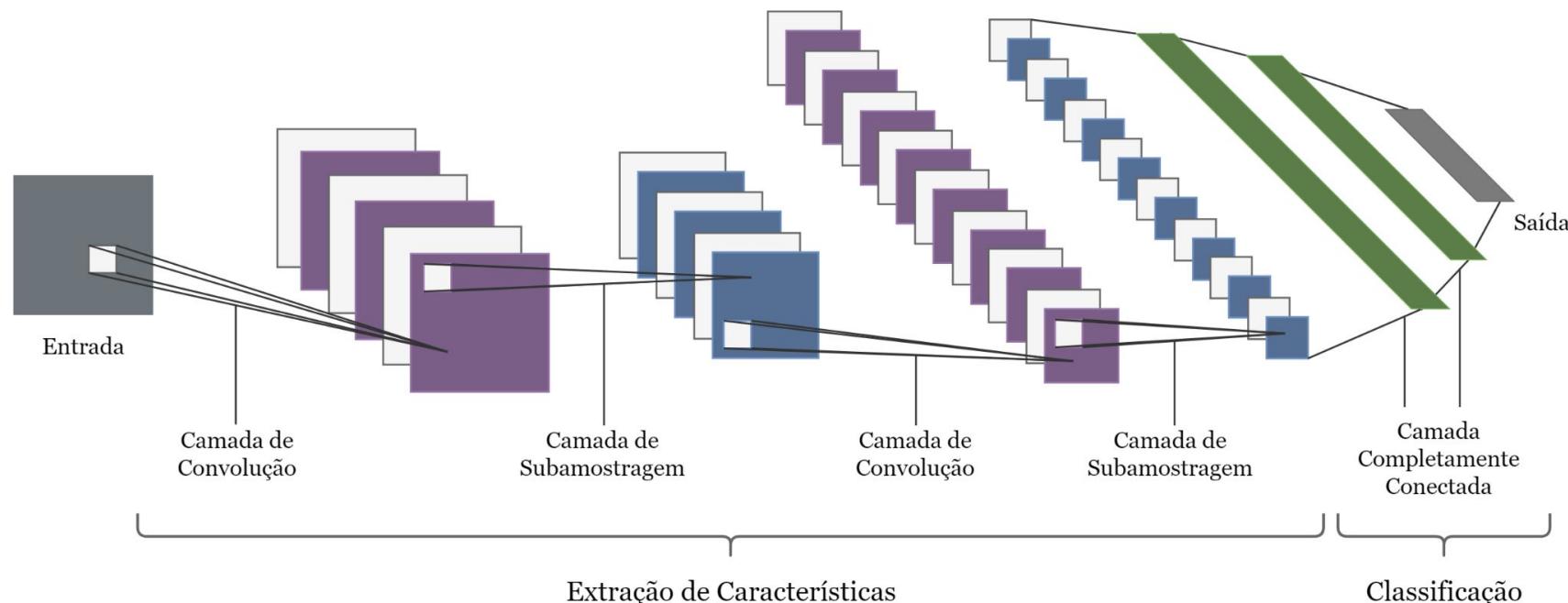
- O principal papel dos rins é **auxiliar na homeostase**
  - Gerenciam os níveis de fluidos, o equilíbrio eletrolítico e outros fatores que mantêm o ambiente interno do corpo consistente e confortável
- Os tumores renais podem ser benignos ou malignos
- A maioria dos casos de câncer renal tem cura com um diagnóstico precoce
  - Pode ser diagnosticado por meio de exames de ultrassom, ressonância magnética, TC

# Especificação do Histograma

- É o processo de transformar o histograma de uma imagem origem para corresponder ao histograma de uma imagem de referência, de modo que ambas tenham uma distribuição de pixels semelhante
- Neste trabalho, essa técnica foi usada na etapa de pré-processamento

# Redes Neurais Convolucionais

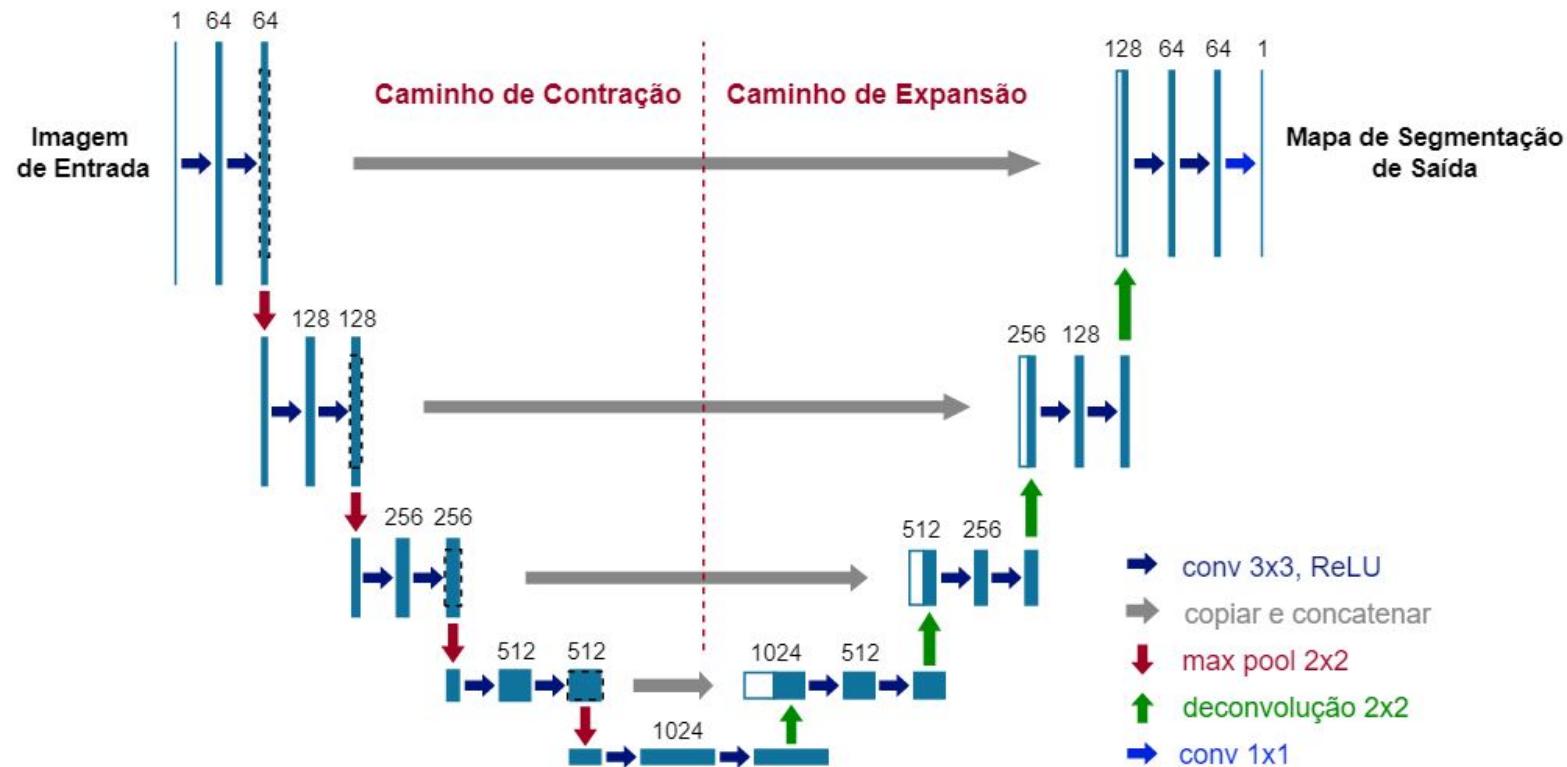
- Geralmente composta por camadas de
  - Convolução
  - Subamostragem
  - Completamente conectada



# Redes Neurais Convolucionais

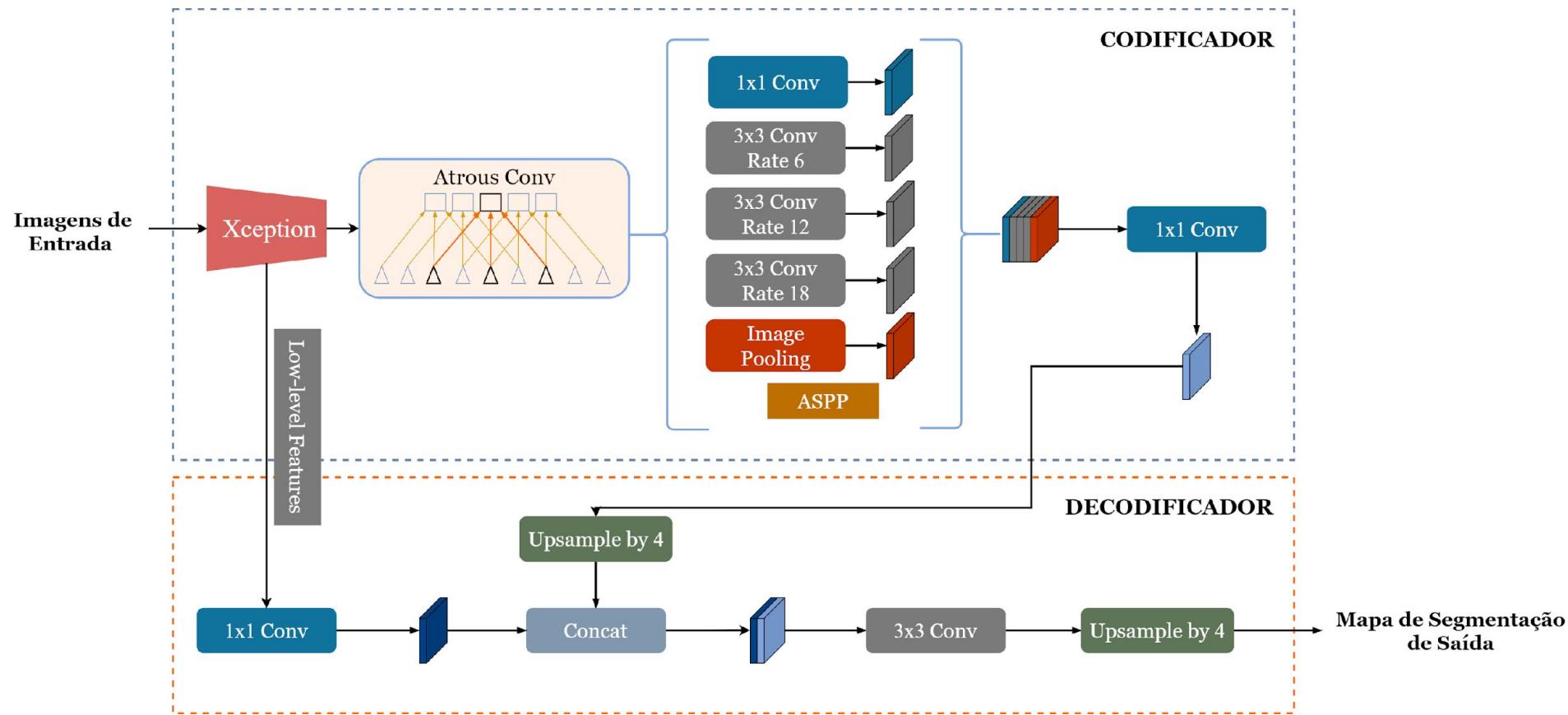
- **U-Net**

- Combinação entre os mapas de características do estágio de contração e seus correspondentes simétricos no estágio de expansão



# Redes Neurais Convolucionais

- DeepLabv3+
  - Estrutura de codificador-decodificador



# Métricas de Desempenho

- Acurácia
- Sensibilidade
- Especificidade
- Coeficiente de similaridade Dice
- Índice de Jaccard
- Teste de significância
  - **p-value**
  - **Método de teste:** teste z de duas proporções
  - **Nível de significância:**  $\alpha = 0,05$ , onde  $p > 0,05$  aceita a hipótese nula
  - **Hipótese nula:** não há diferença significativa entre as abordagens



03

# Método Proposto

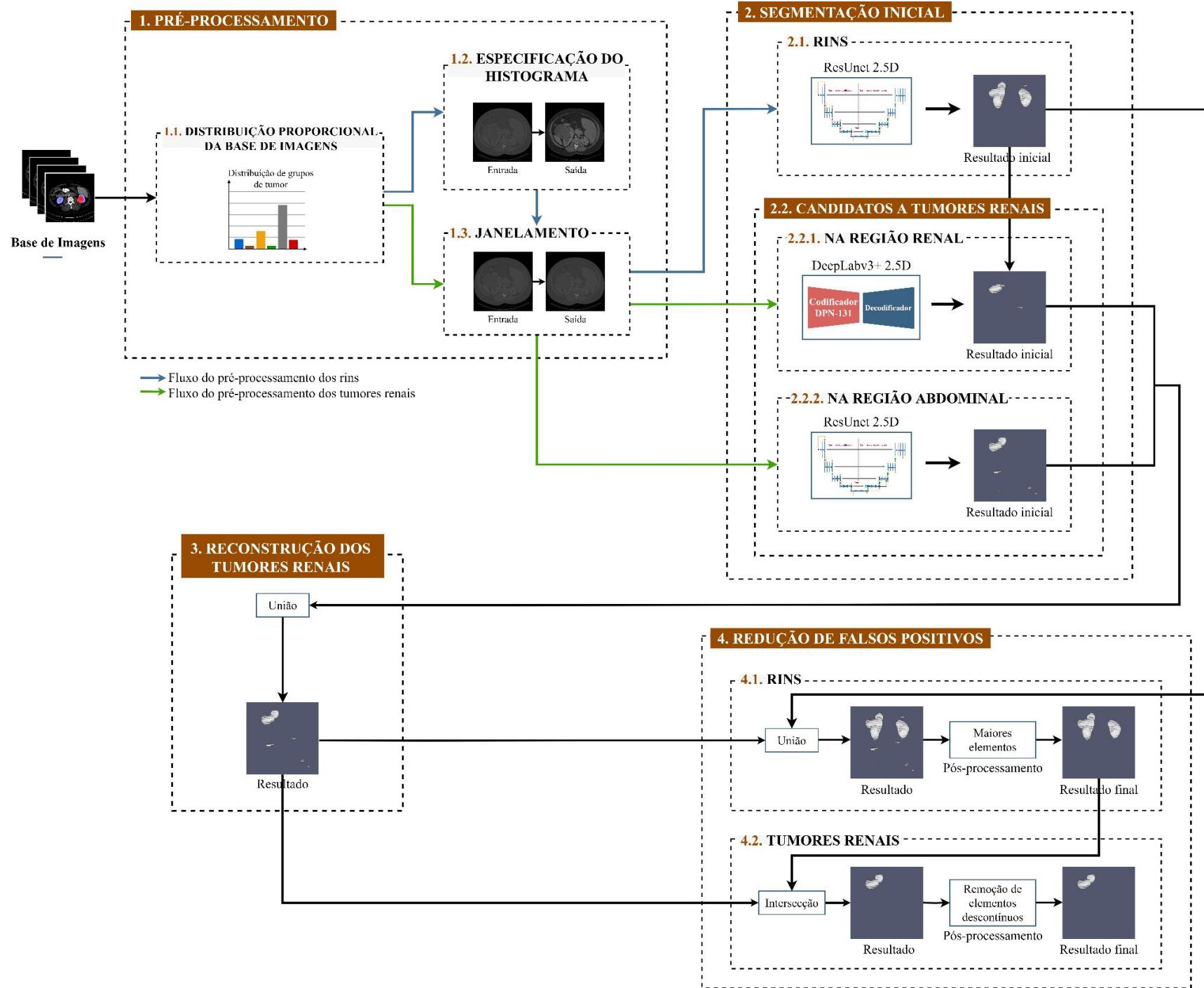
Pré-processamento

Segmentação Inicial dos Rins e Tumores Renais

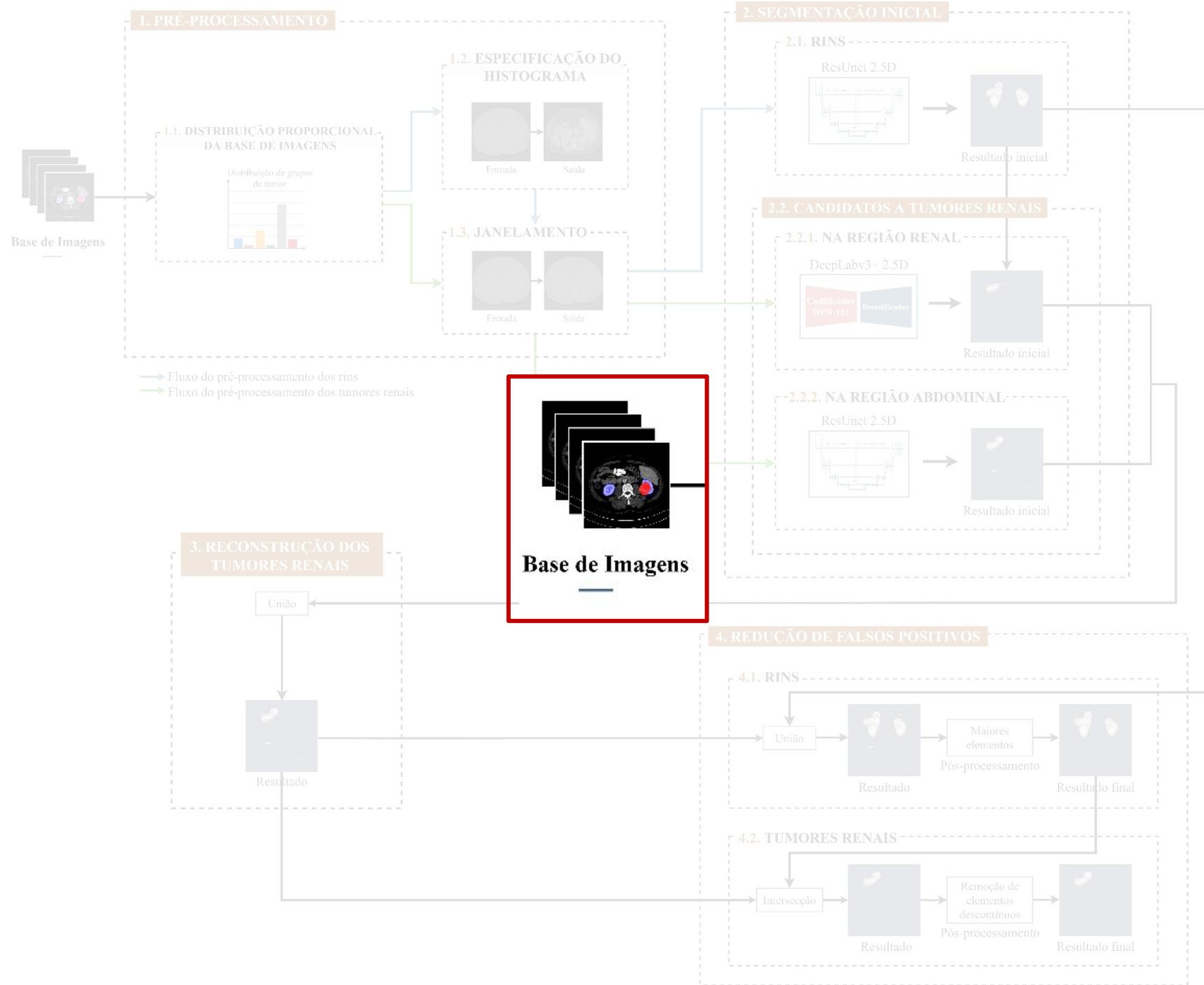
Reconstrução dos Tumores Renais

Redução de Falsos Positivos

# Método Proposto



# Método Proposto

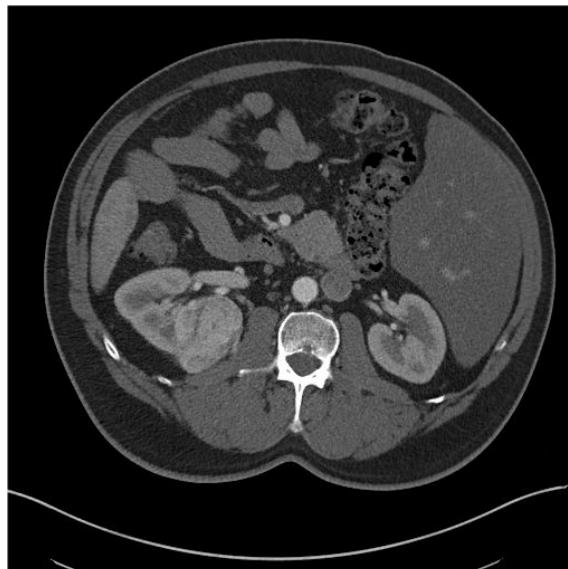


# Base de Imagens

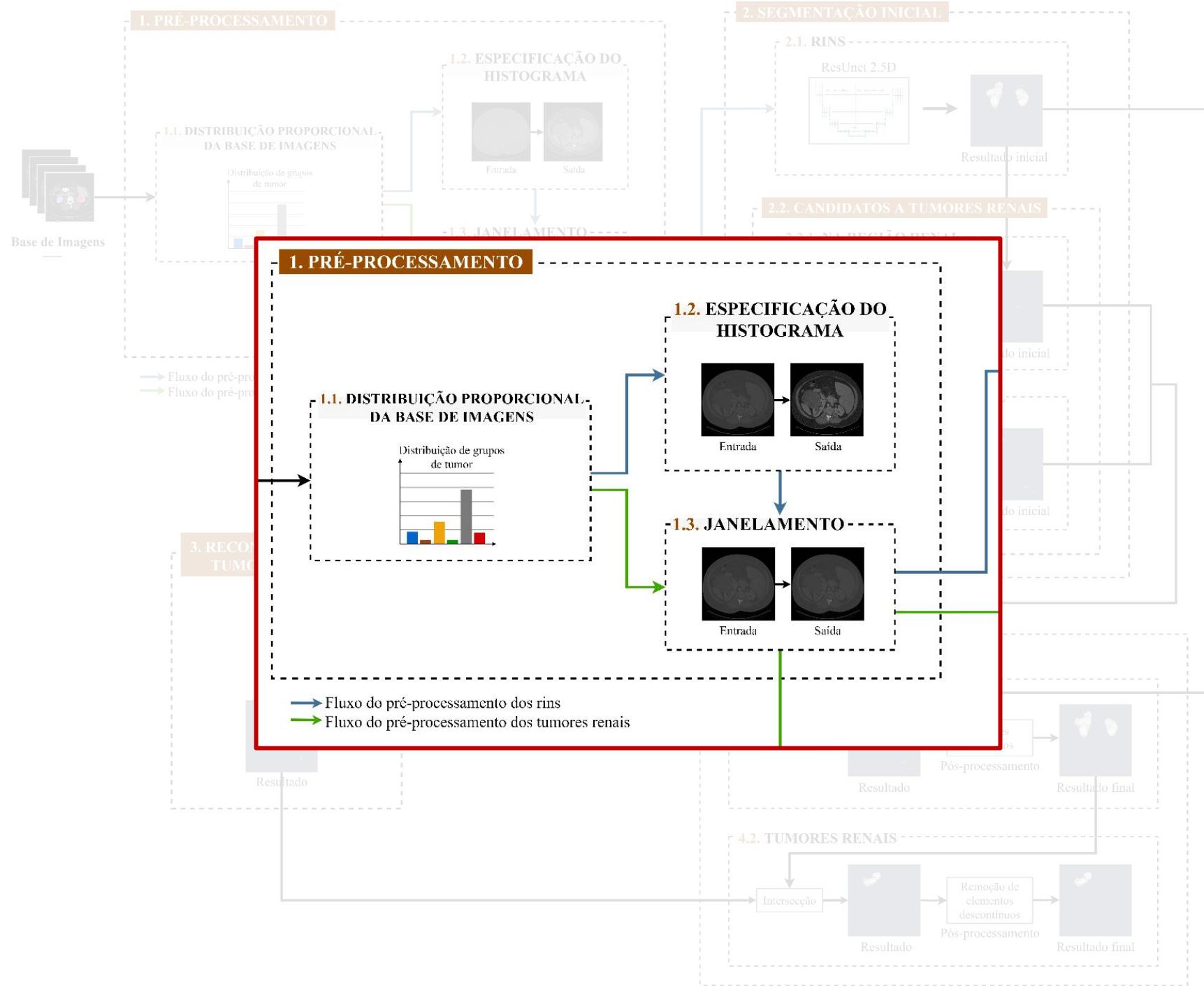
- **Desafio de segmentação de rins e tumores renais**

- **KiTS19**

- 210 treinamento e validação e 90 teste
- Resolução de 512 x 512 (plano axial)
- Número de fatias varia de 29 a 1059



# Método Proposto



# Pré-processamento

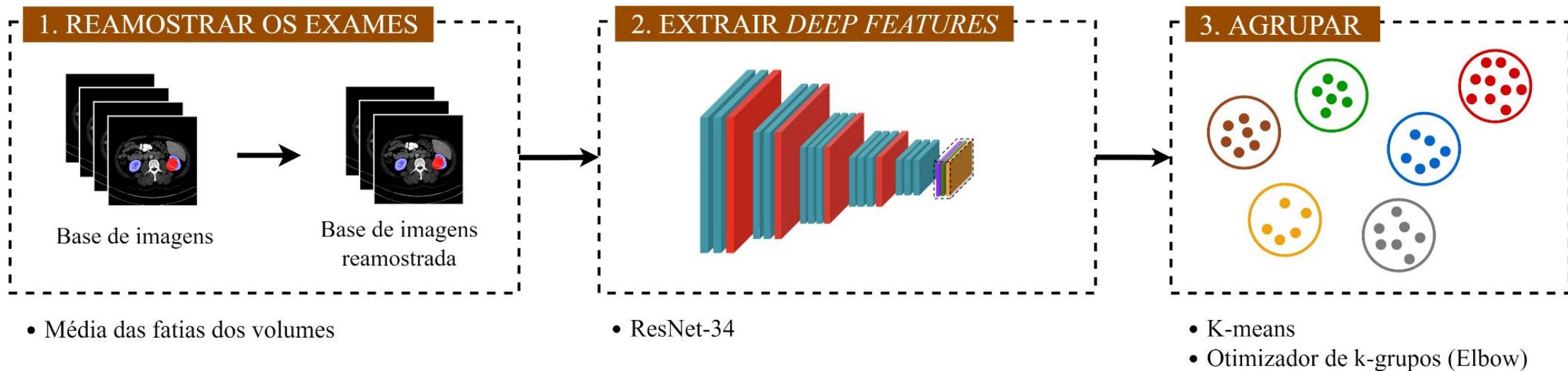
- Inicialmente, a etapa de distribuição proporcional da base de imagens é aplicada a uma base de imagens

Imagens	Pré-processamento
Segmentação de rins	<ul style="list-style-type: none"><li>• Especificação do histograma</li><li>• Janelamento [-200, 500]</li></ul>
Segmentação de candidatos a tumores renais	<ul style="list-style-type: none"><li>• Janelamento [-200, 500]</li></ul>

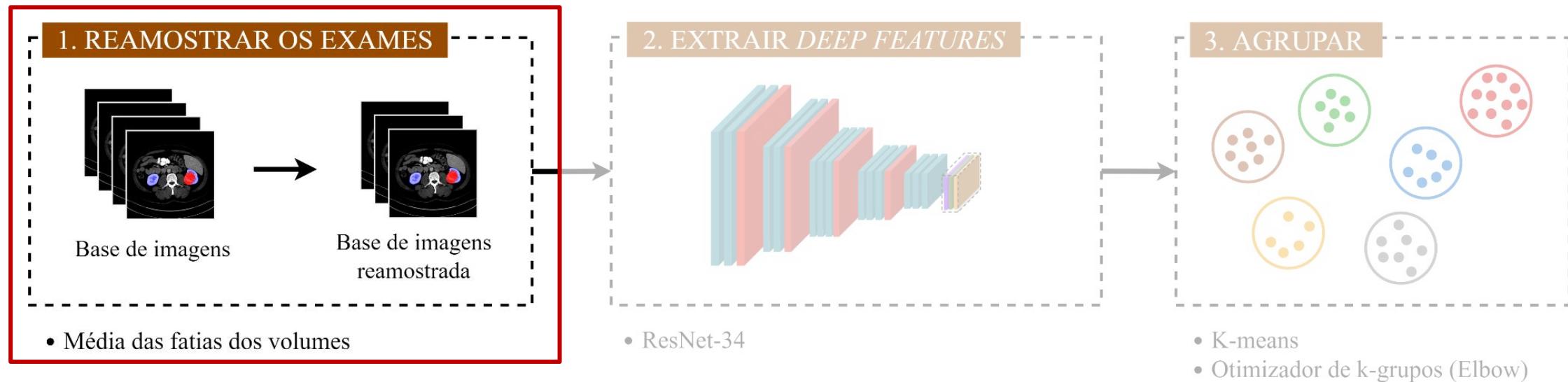
# Distribuição Proporcional da Base de Imagens

- Rins e tumores renais podem ser heterogêneos em suas características, seja na forma ou na textura
- Os modelos de aprendizado profundo sejam robustos, deve haver um bom equilíbrio entre os conjuntos de treinamento e validação a fim de evitar problemas como overfitting
- Método automático com o objetivo de agrupar exames semelhantes de uma base de imagens, a fim de distribuí-los proporcionalmente entre os conjuntos de treinamento e validação

# Distribuição Proporcional da Base de Imagens



# Distribuição Proporcional da Base de Imagens

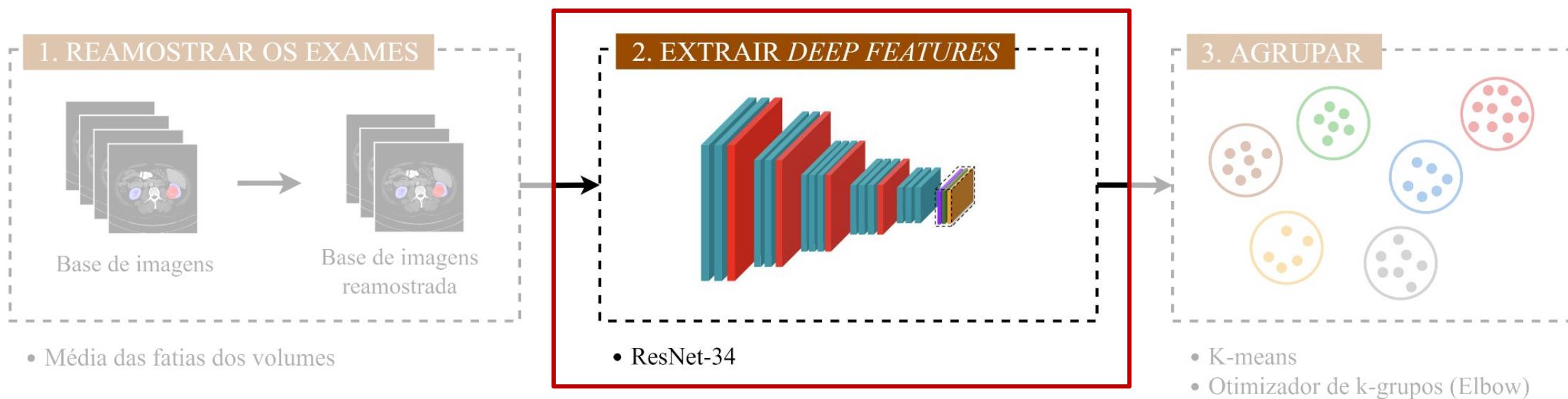


# Distribuição Proporcional da Base de Imagens

- **Reamostrar os exames**

- Técnica matemática usada para criar uma nova versão do exame. Neste caso, usamos para criar uma nova versão dos exames para obter a mesma profundidade
- Padronizar o número de fatias em cada exame de TC por meio da operação de média
  - Consistiu em calcular a quantidade total de fatias de tumores renais (4.927) no conjunto de treino e validação, e dividir pela quantidade de exames totais (179)
  - Valor médio: 27 fatias
- Reamostragem é aplicada aos exames usando a informação do valor médio e interpolação linear

# Distribuição Proporcional da Base de Imagens



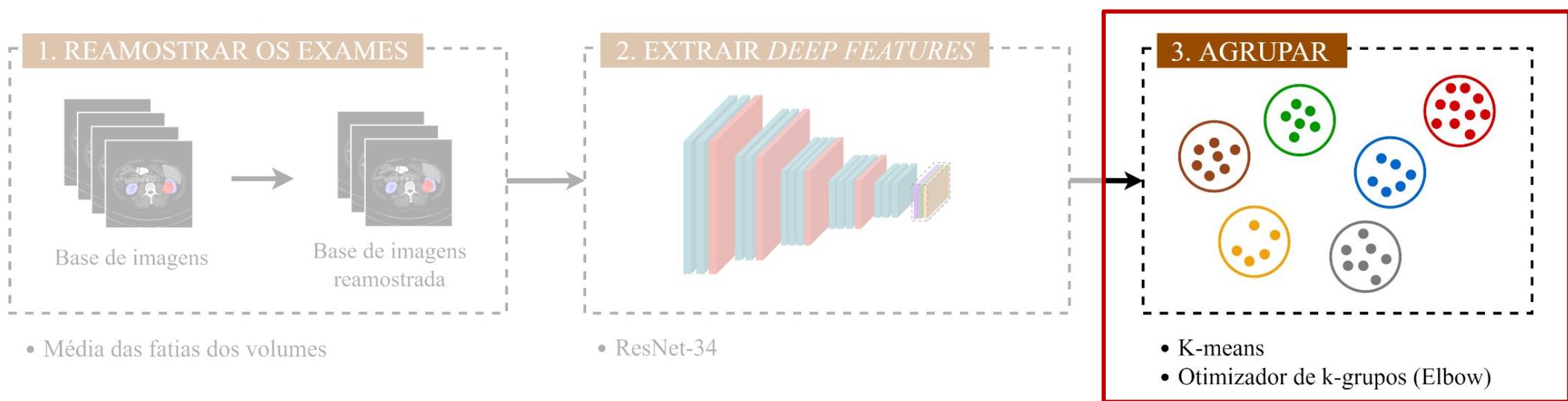
# Distribuição Proporcional da Base de Imagens

- **Extrair deep features**

- Os modelos realizaram implicitamente a extração e seleção de características da região dos tumores renais
- Pesos pré-treinados aplicados à base de imagens ImageNet
- Deep features foram extraídas da última camada de convolução de cada modelo

Modelos	Nº de características por fatia	Total (27 fatias)
ResNet-18	512	13.824
ResNet-34	512	13.824
ResNet-101	2.048	55.296
VGG-11	1.000	27.000
VGG-16	1.000	27.000
DPN-131	2.688	72.576
Xception	2.048	55.296

# Distribuição Proporcional da Base de Imagens

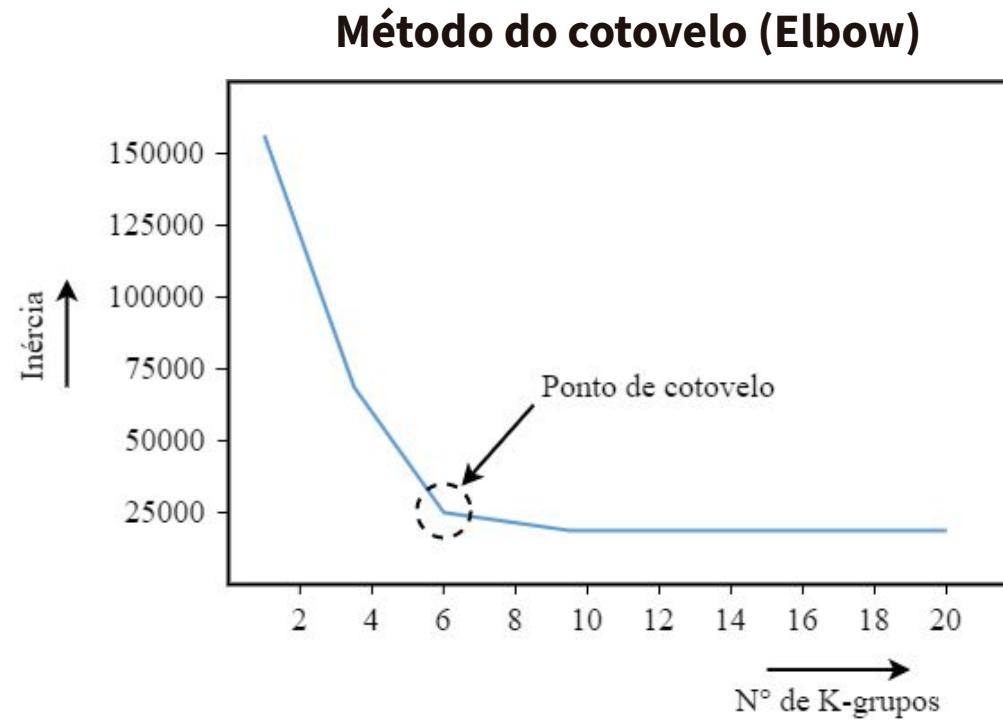


# Distribuição Proporcional da Base de Imagens

- **Agrupar**

- K-means é um algoritmo de agrupamento para dividir os dados em K-grupos com base nos padrões de dados encontrados nas características extraídas
- Para cada modelo de rede, o K-means foi parametrizado com diferentes números de K-grupos (de 2 a 20)

Modelos
ResNet-18
ResNet-34
ResNet-101
VGG-11
VGG-16
DPN-131
Xception



# Distribuição Proporcional da Base de Imagens

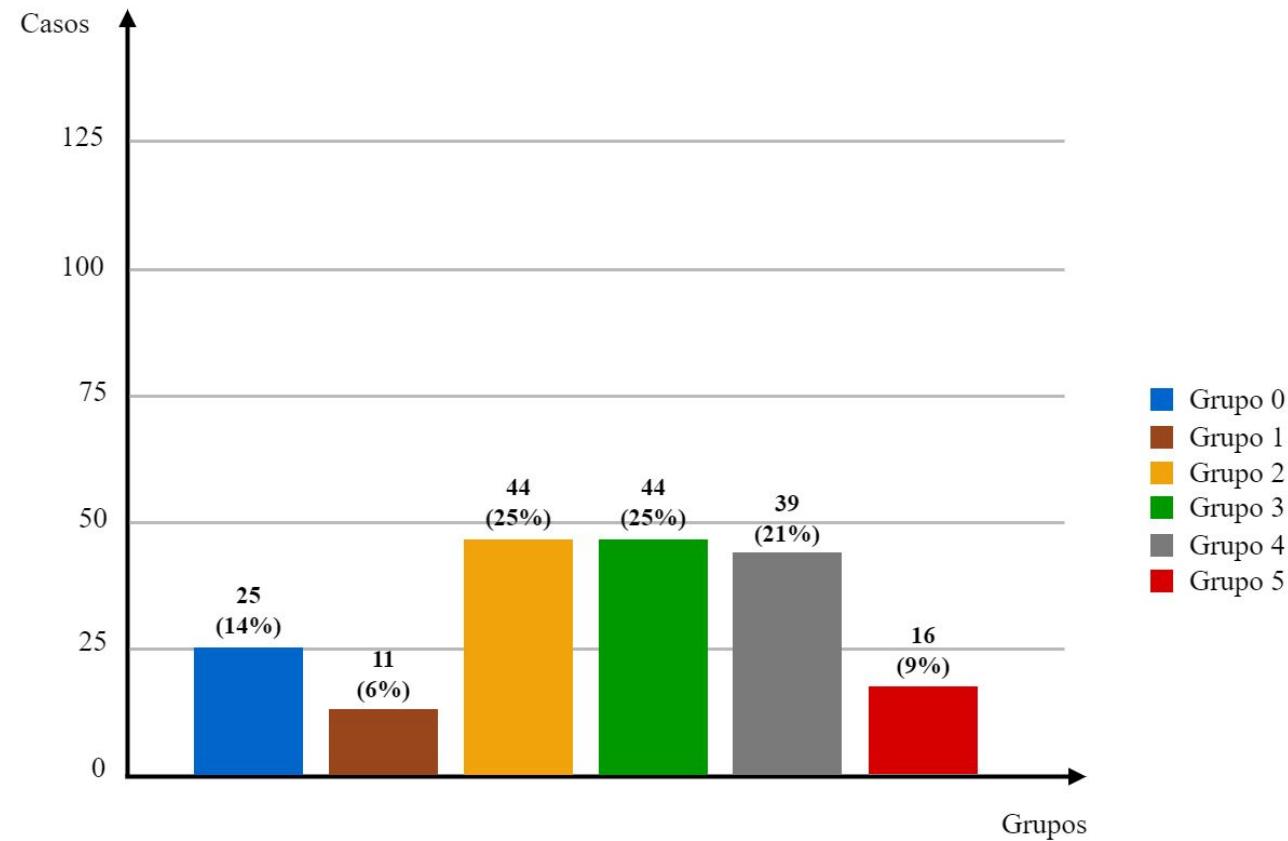
- **Agrupar**

- Sabe-se que a ideia por trás de um bom agrupamento é ter um pequeno valor de inércia e um pequeno número de agrupamentos

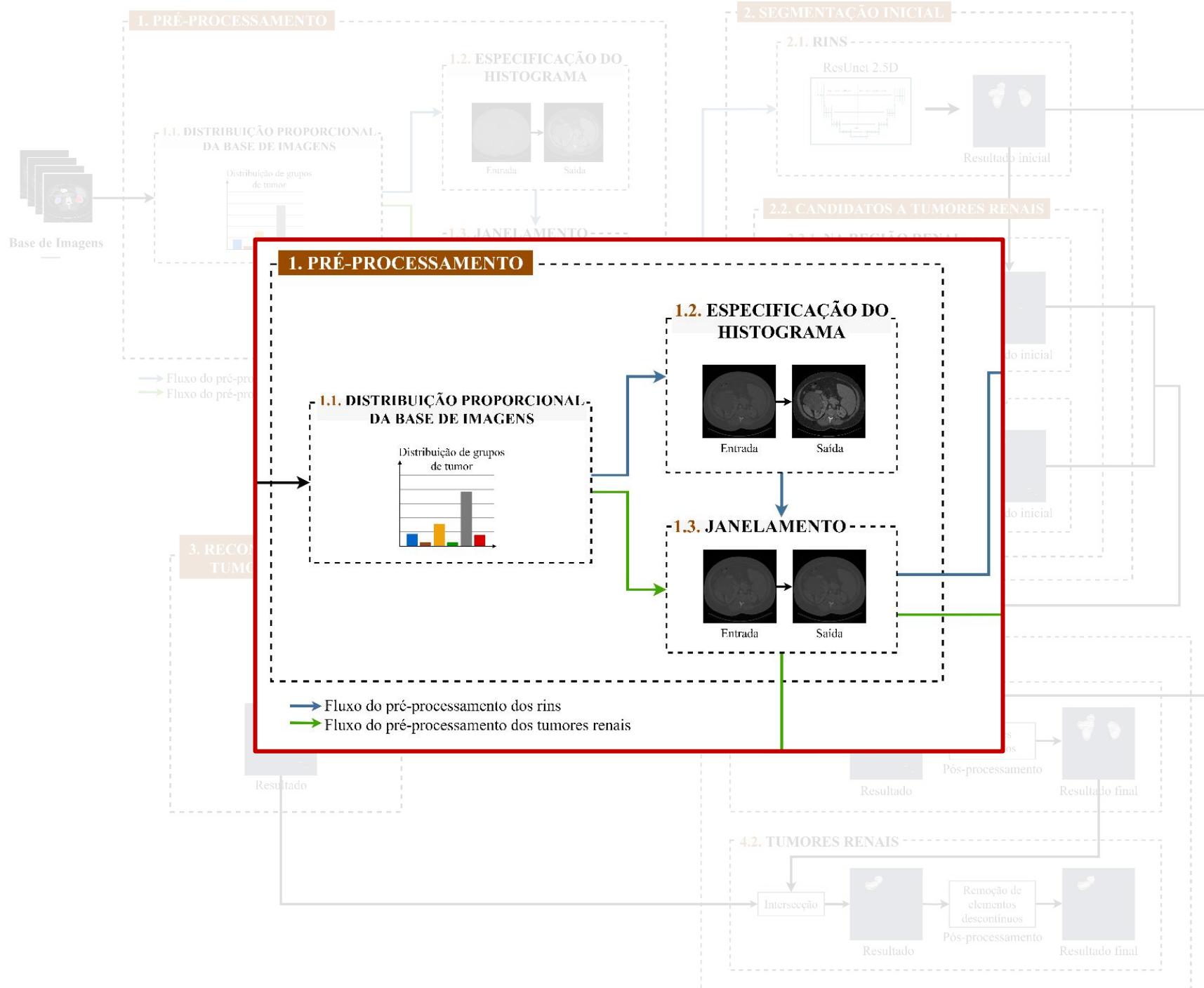
Modelos	Nº ótimo de grupos	Inércia
ResNet-18	6	55.260
<b>ResNet-34</b>	<b>6</b>	<b>49.158</b>
ResNet-101	5	83.542
VGG-11	6	248.324.688
VGG-16	8	134.276.912
DPN-131	7	5.828.450.304
Xception	6	2.972.436

# Distribuição Proporcional da Base de Imagens

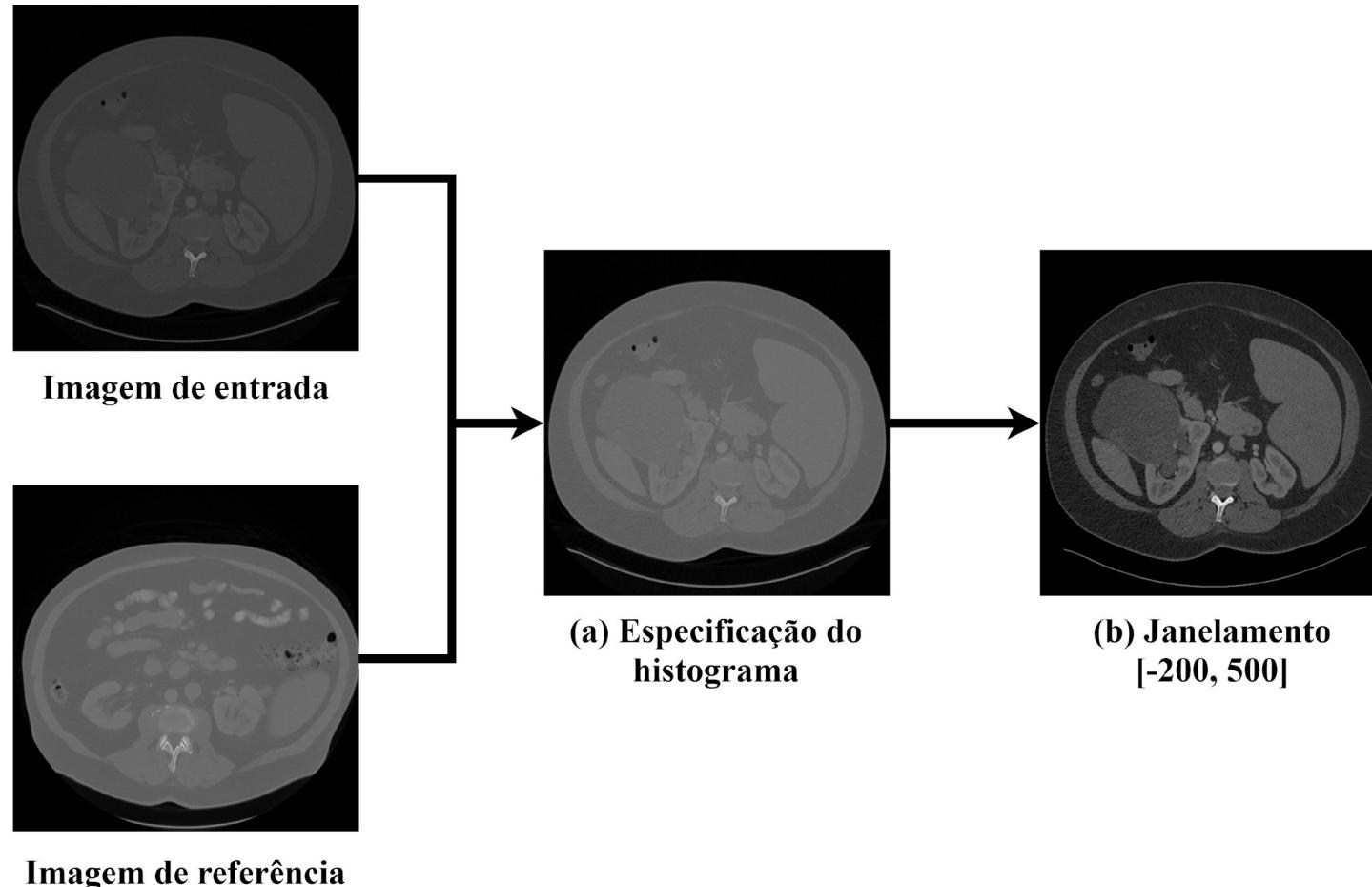
- Grupos de tumores encontrados com a aplicação do método a partir dos conjuntos de treinamento e validação



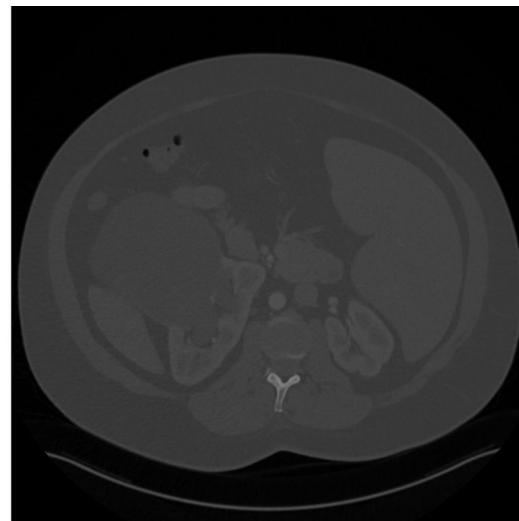
# Método Proposto



# Segmentação de Rins



# Segmentação Inicial de Candidatos a Tumores Renais

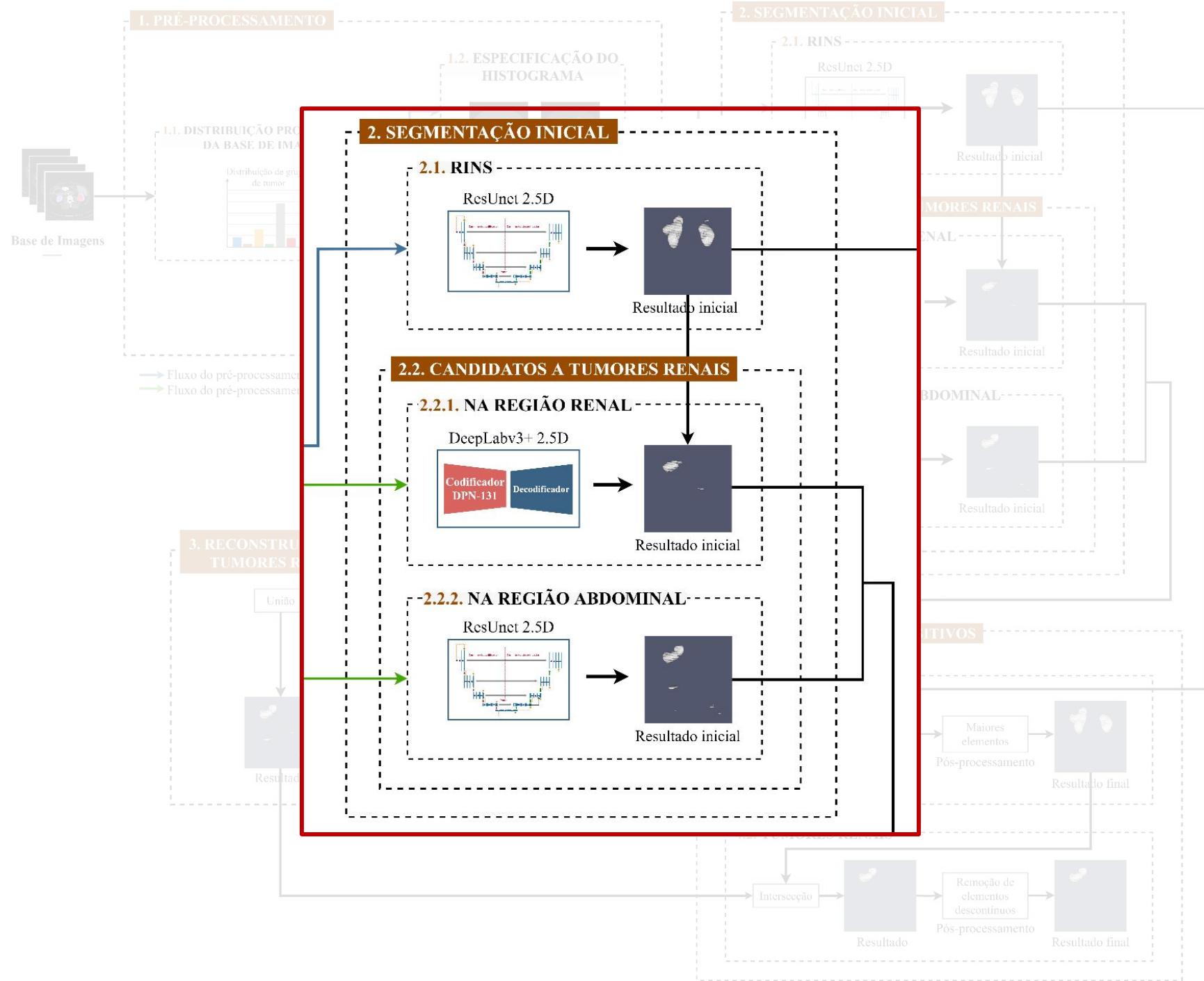


**(a) Imagem de entrada**



**(b) Janelamento [-200, 500]**

# Método Proposto



# Segmentação Inicial

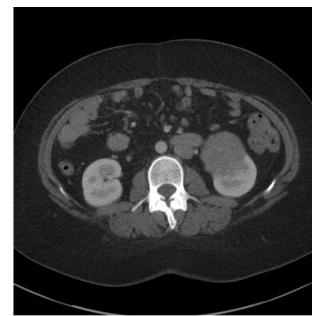
- Abordagem 2.5D



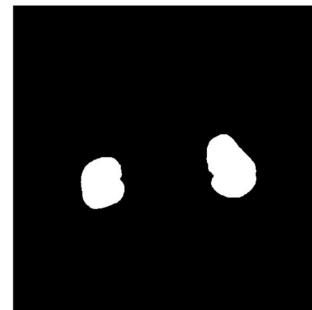
Fatia  $n - 1$   
(anterior)



Fatia  $n$   
(central)

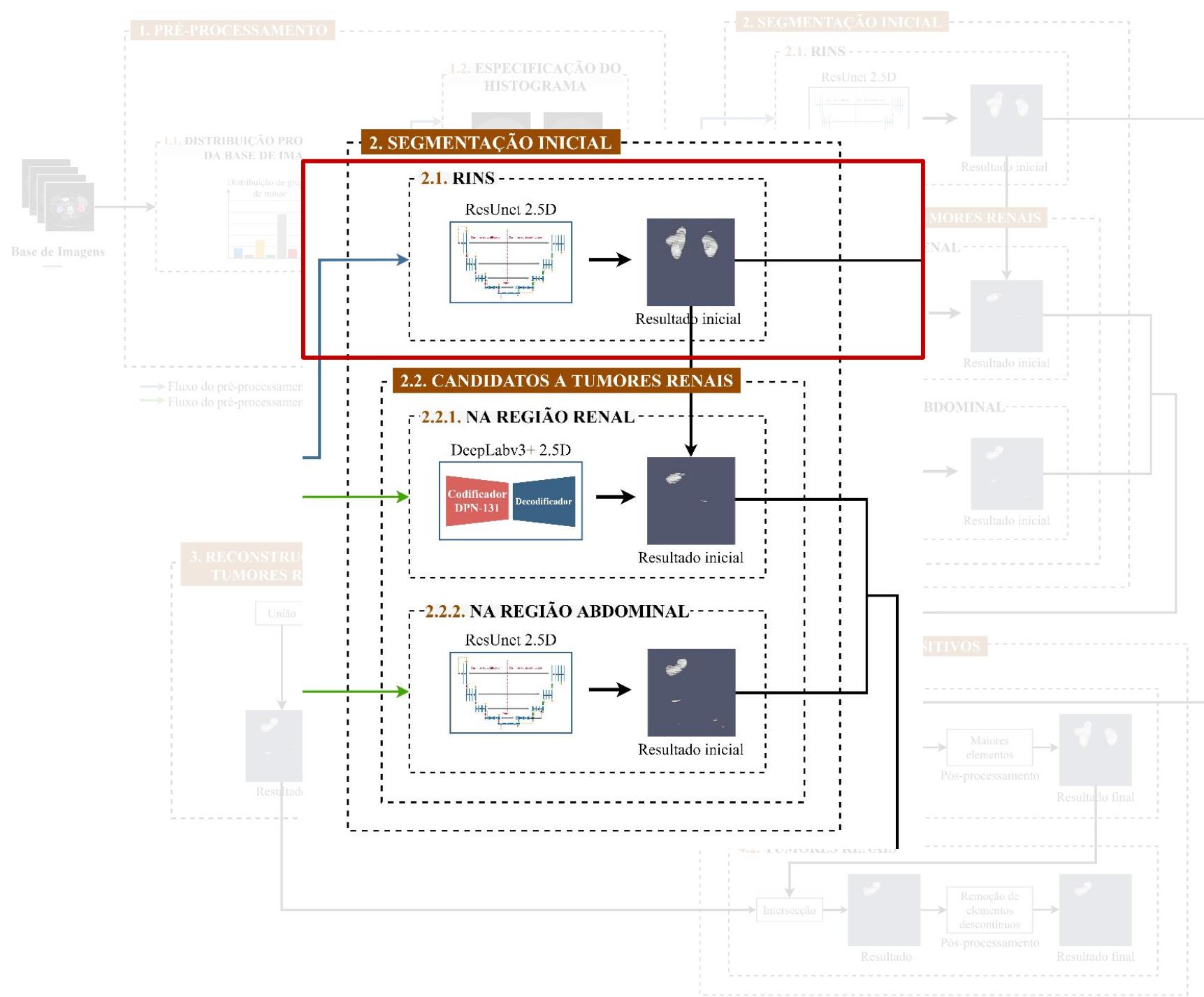


Fatia  $n + 1$   
(posterior)



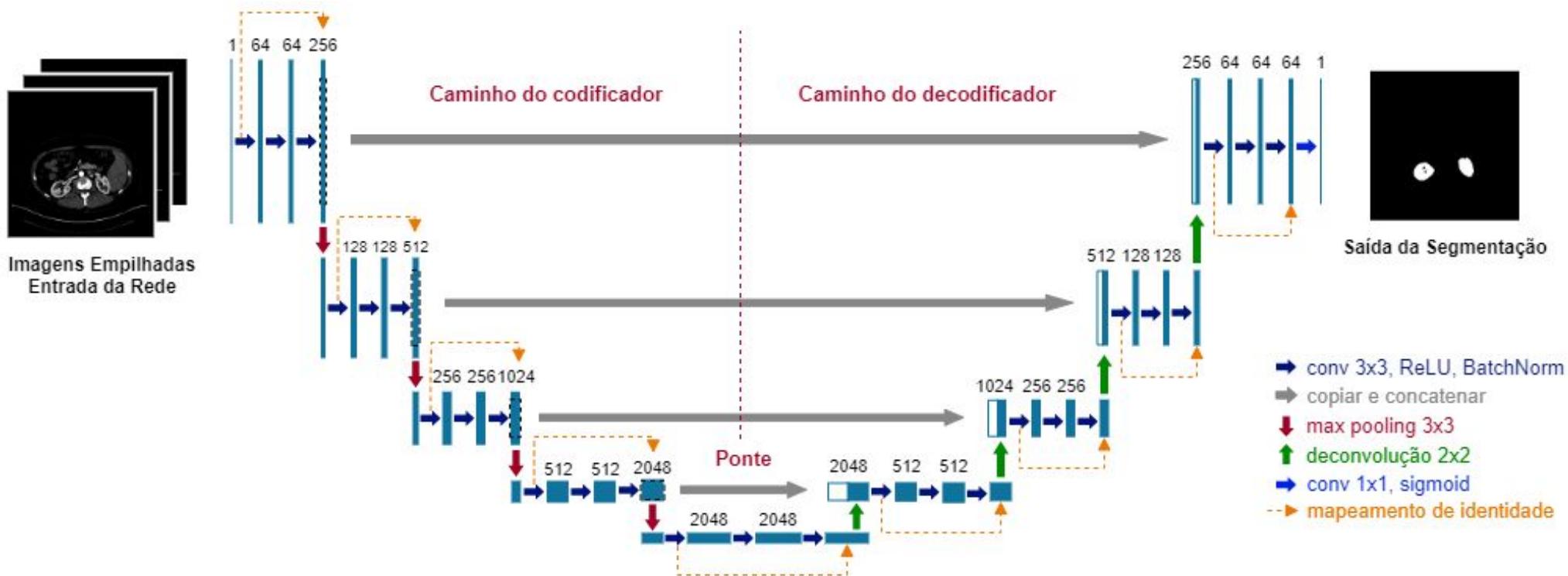
Marcação  $n$   
(central)

# Método Proposto



# Segmentação Inicial dos Rins

- ResUNet-101 2.5D

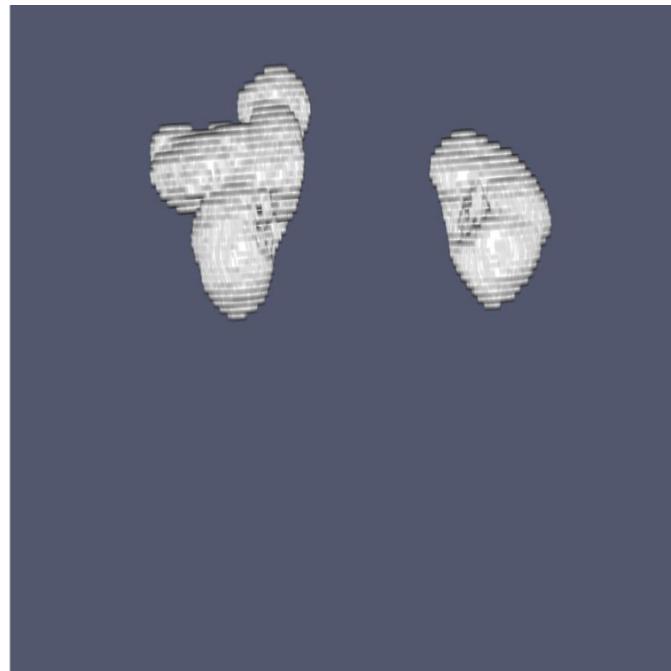


# Segmentação Inicial dos Rins

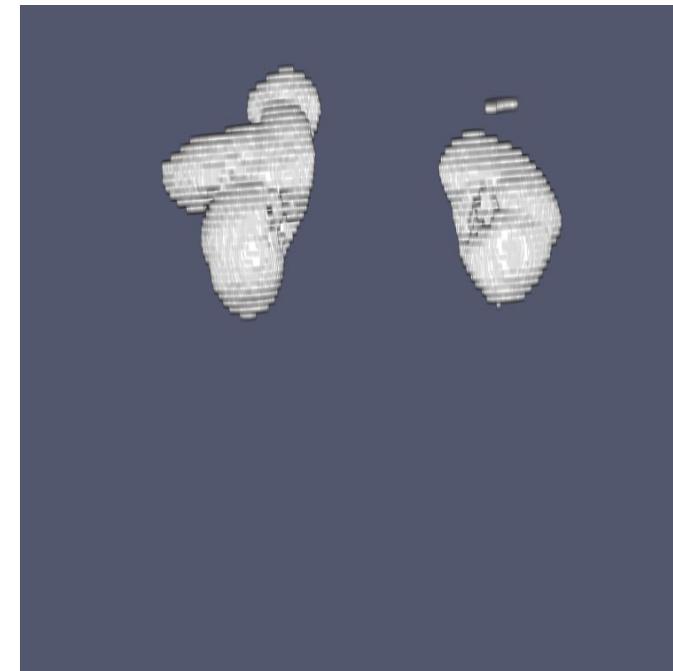
- **Treinamento da ResUNet-101**
  - Abordagem 2.5D
  - Balanceamento de fatias de rins e não rins
    - Usa as fatias com rins e adiciona a mesma quantidade de fatias sem rins
    - Excesso de fatias sem rins foram removidas

# Segmentação Inicial dos Rins

- Resultado em 3D

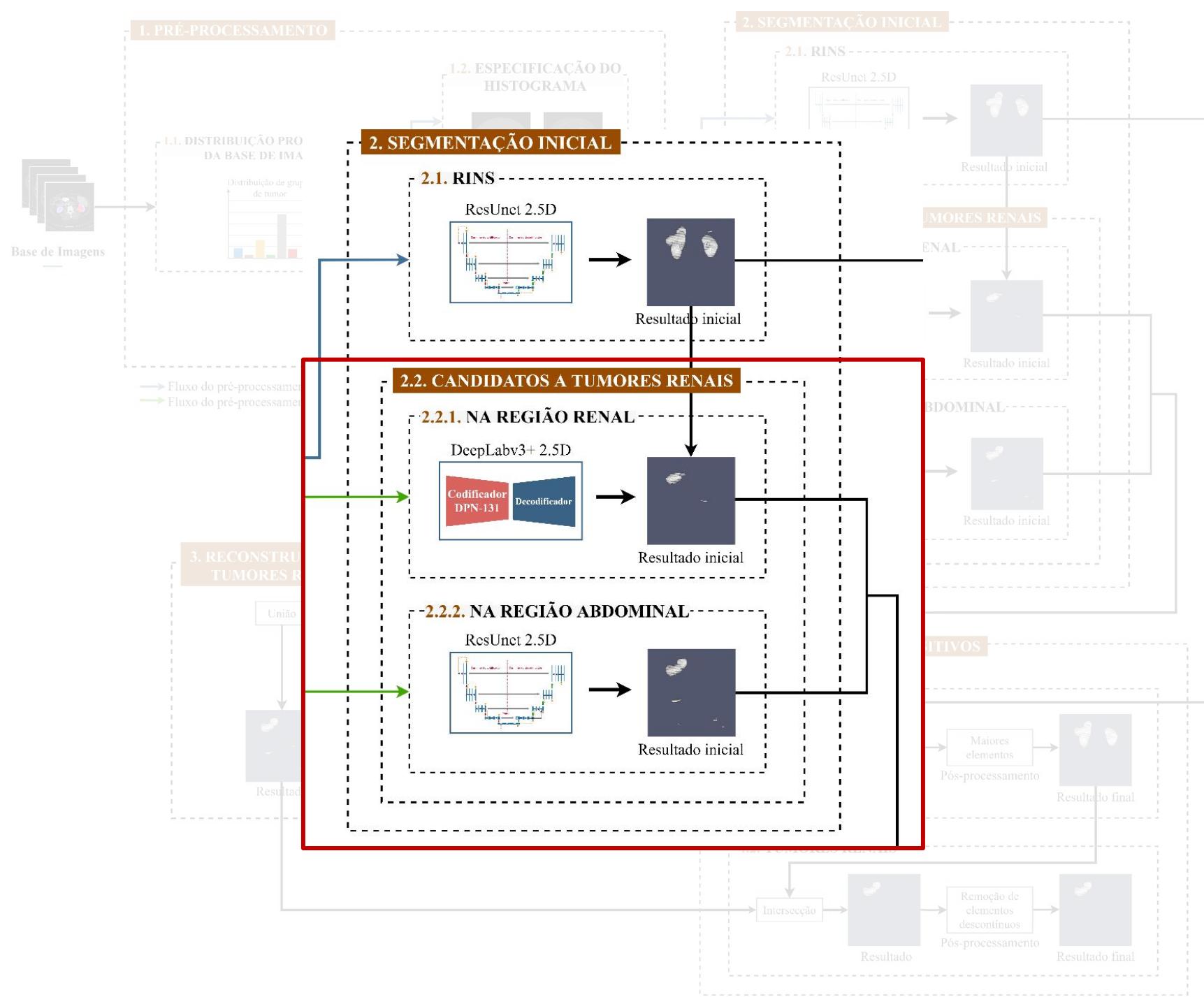


(a) Marcação especialista

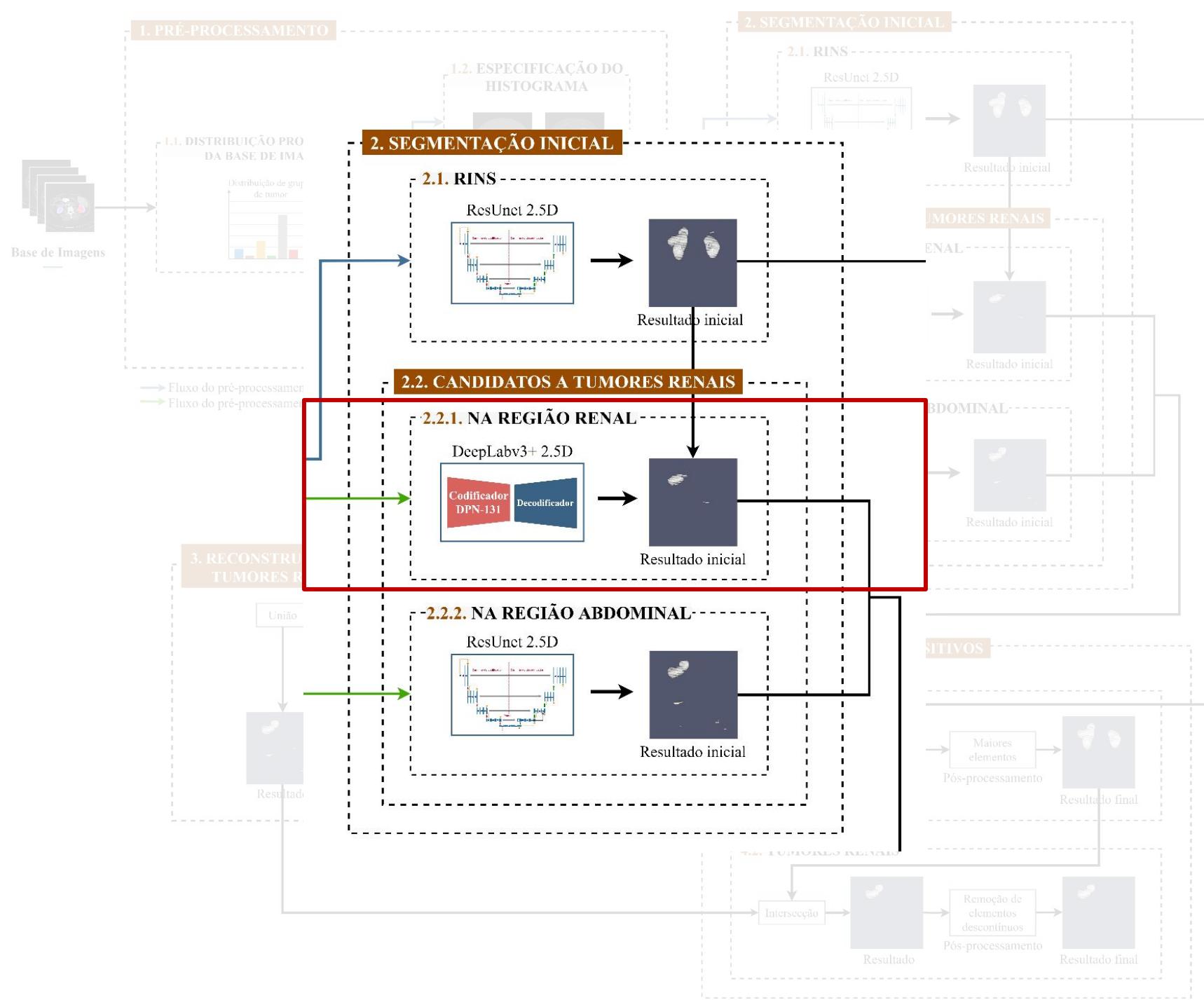


(b) Segmentação inicial

# Método Proposto

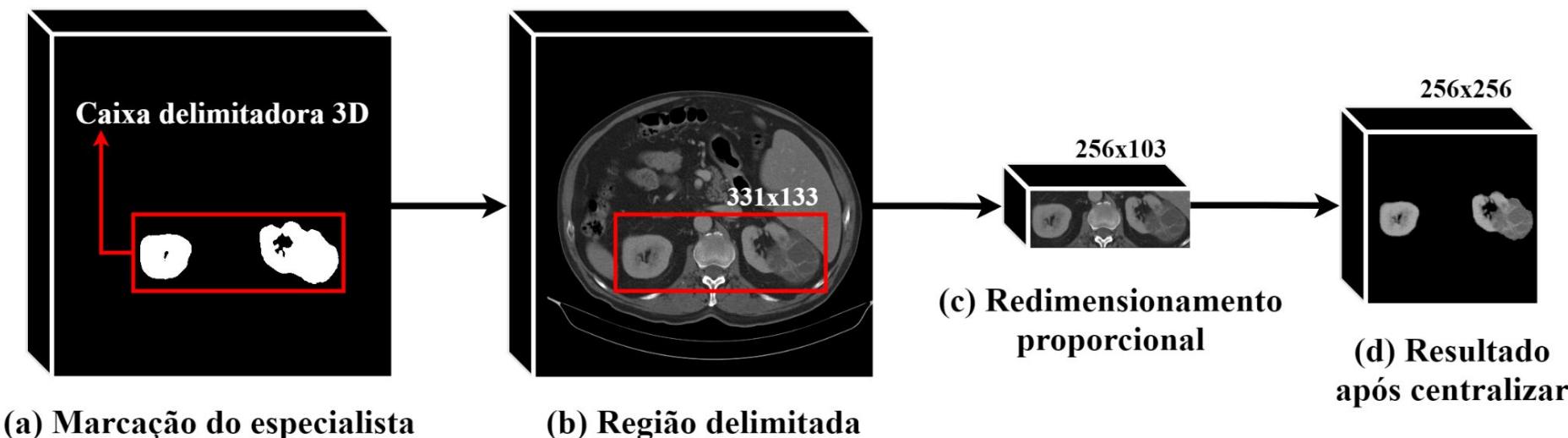


# Método Proposto



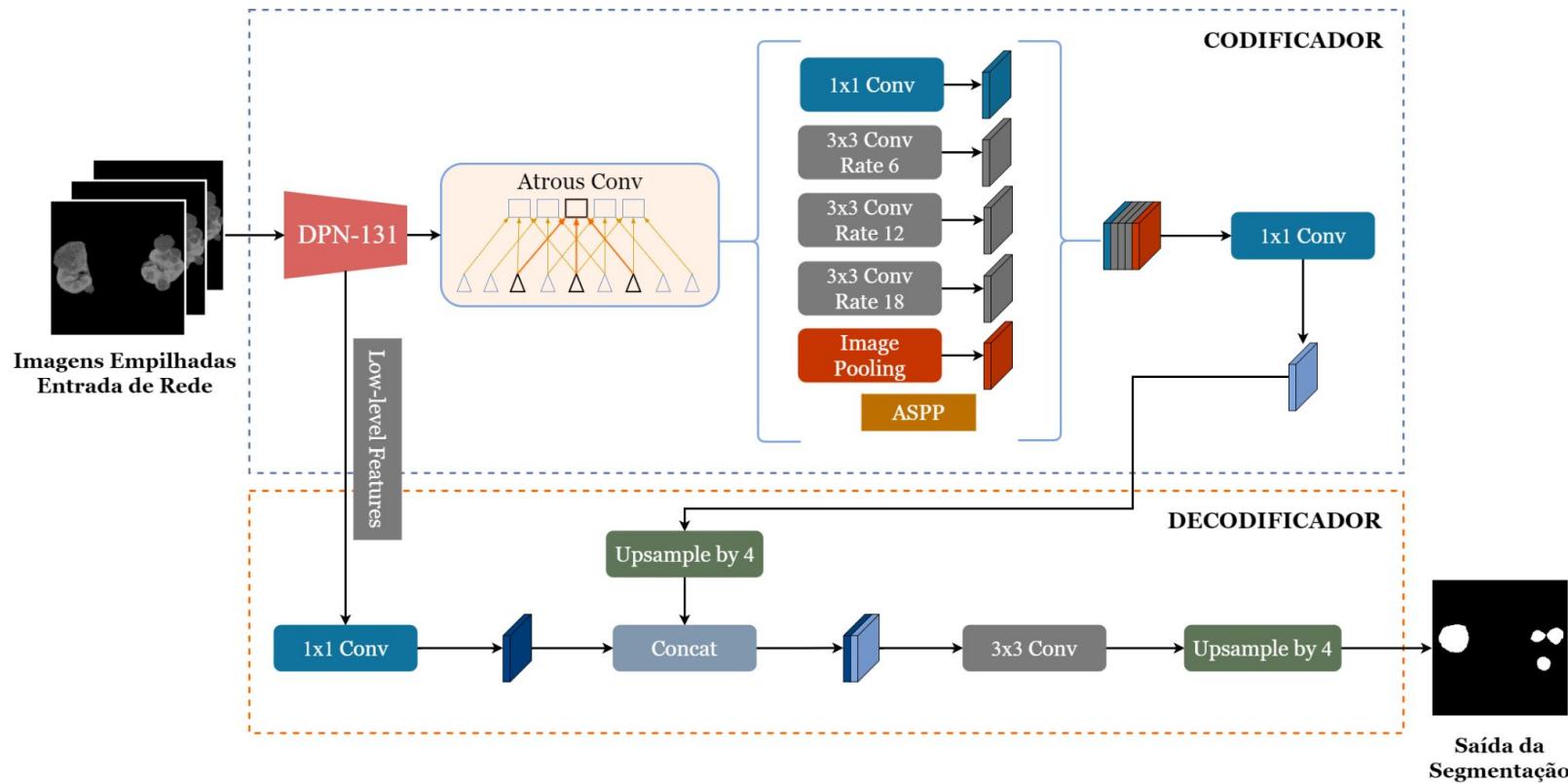
# Candidatos de Tumores Renais na Região Renal

- Recorte das regiões renais



# Candidatos de Tumores Renais na Região Renal

- DeepLabv3+ 2.5D com encoder DPN-131

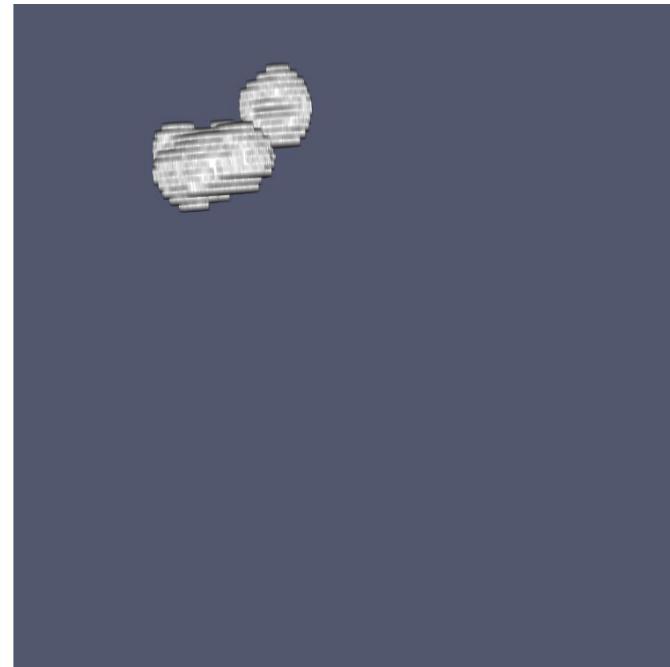


# Candidatos de Tumores Renais na Região Renal

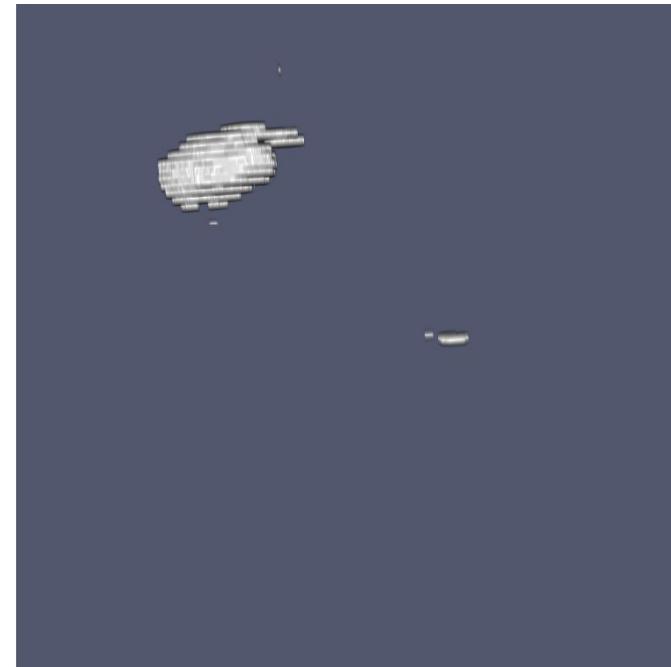
- **Treinamento da DeepLabv3+**
  - Recorte das regiões renais
  - Abordagem 2.5D
  - Data augmentation em tempo real (conjunto de treinamento)
    - Inversão horizontal
    - Escalas entre 50% e 120%
    - Rotações entre -15° e +15°
    - Transformação elástica
    - Operações de probabilidade (10%): filtro gaussian blur e contraste linear
  - Balanceamento de fatias de tumores renais e sem tumores renais
    - Usa as fatias com tumores renais e adiciona a mesma quantidade de fatias sem tumores renais
    - Excesso de fatias sem tumores renais foram removidas

# Candidatos de Tumores Renais na Região Renal

- Resultado em 3D

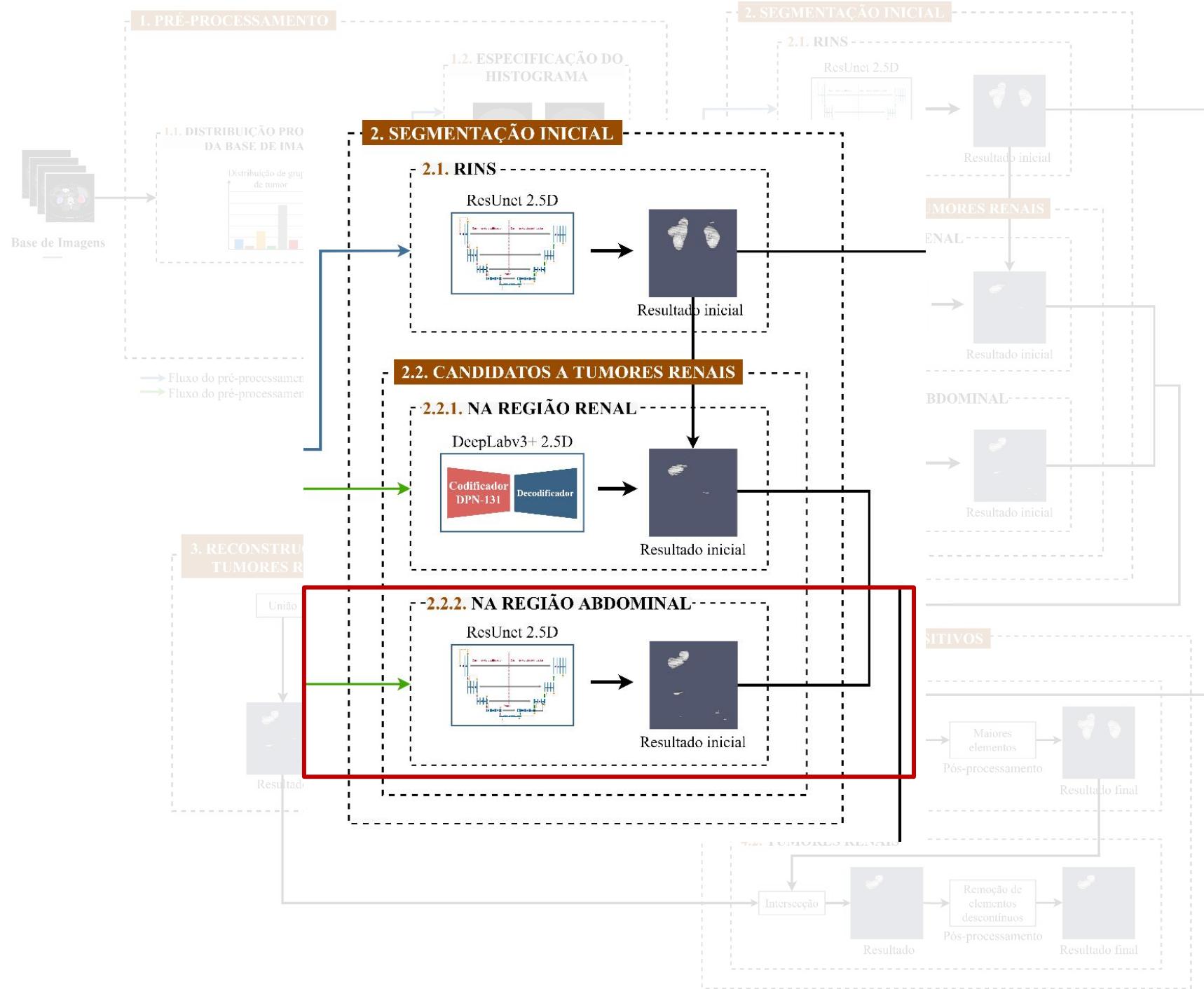


(a) Marcação especialista



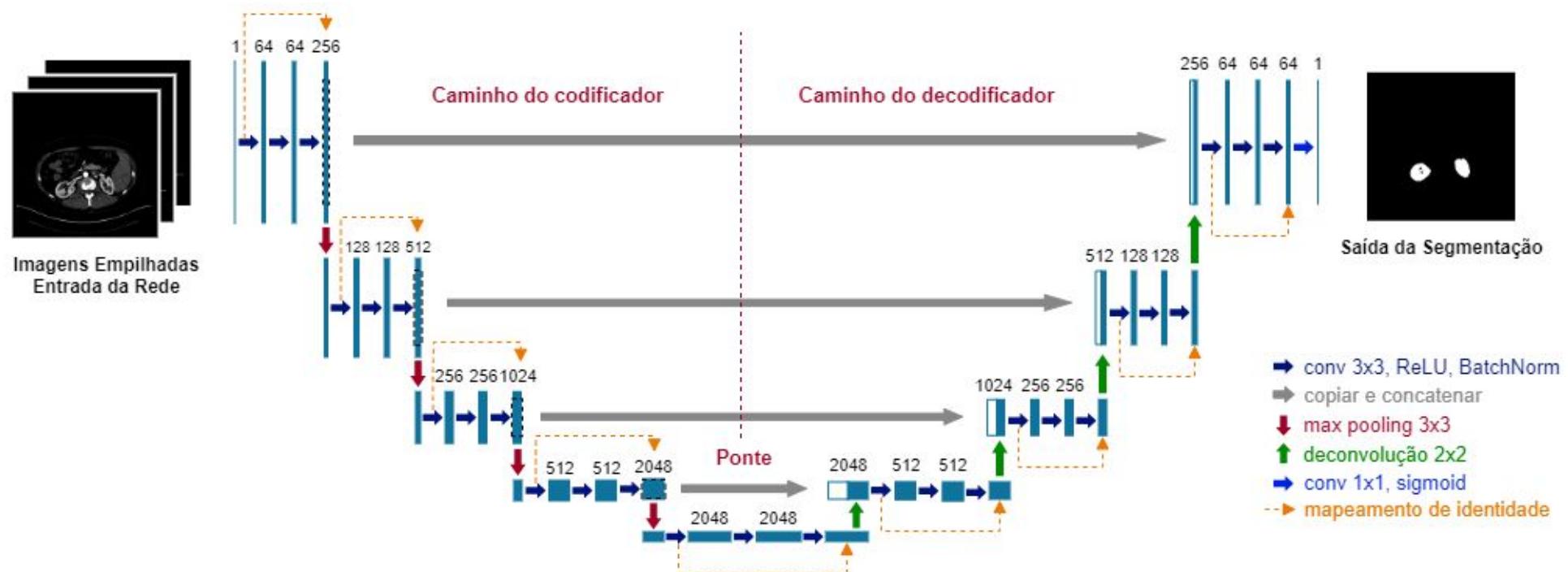
(b) Candidatos de tumores  
renais na região renal

# Método Proposto



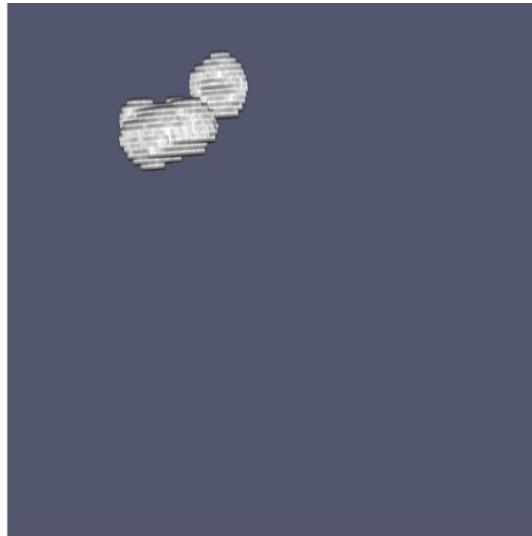
# Candidatos de Tumores Renais na Região Abdominal

- **ResUNet-101 2.5D**



# Candidatos de Tumores Renais na Região Abdominal

- **Resultado em 3D**



(a) Marcação especialista

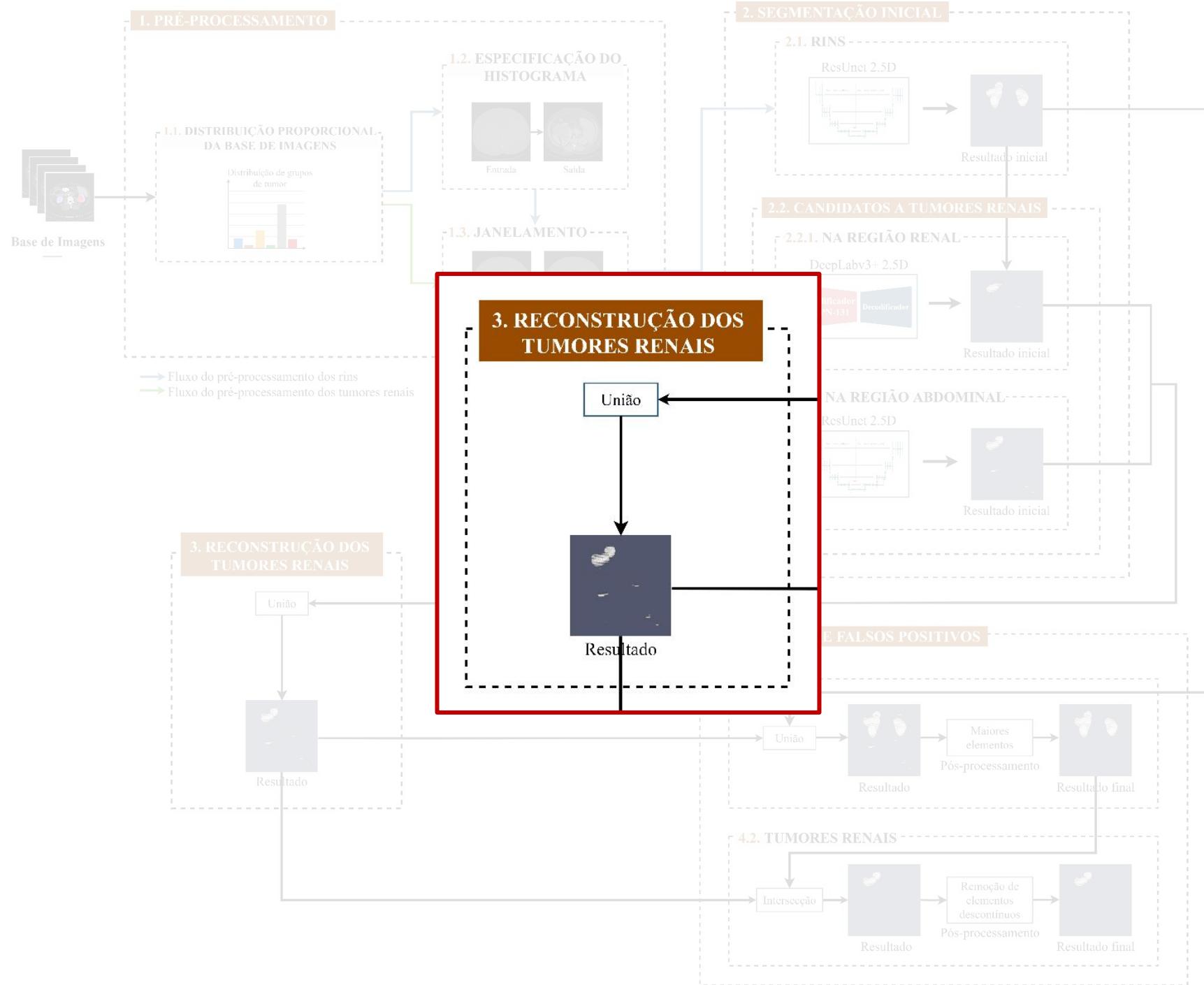


(b) Candidatos de tumores  
renais na região renal



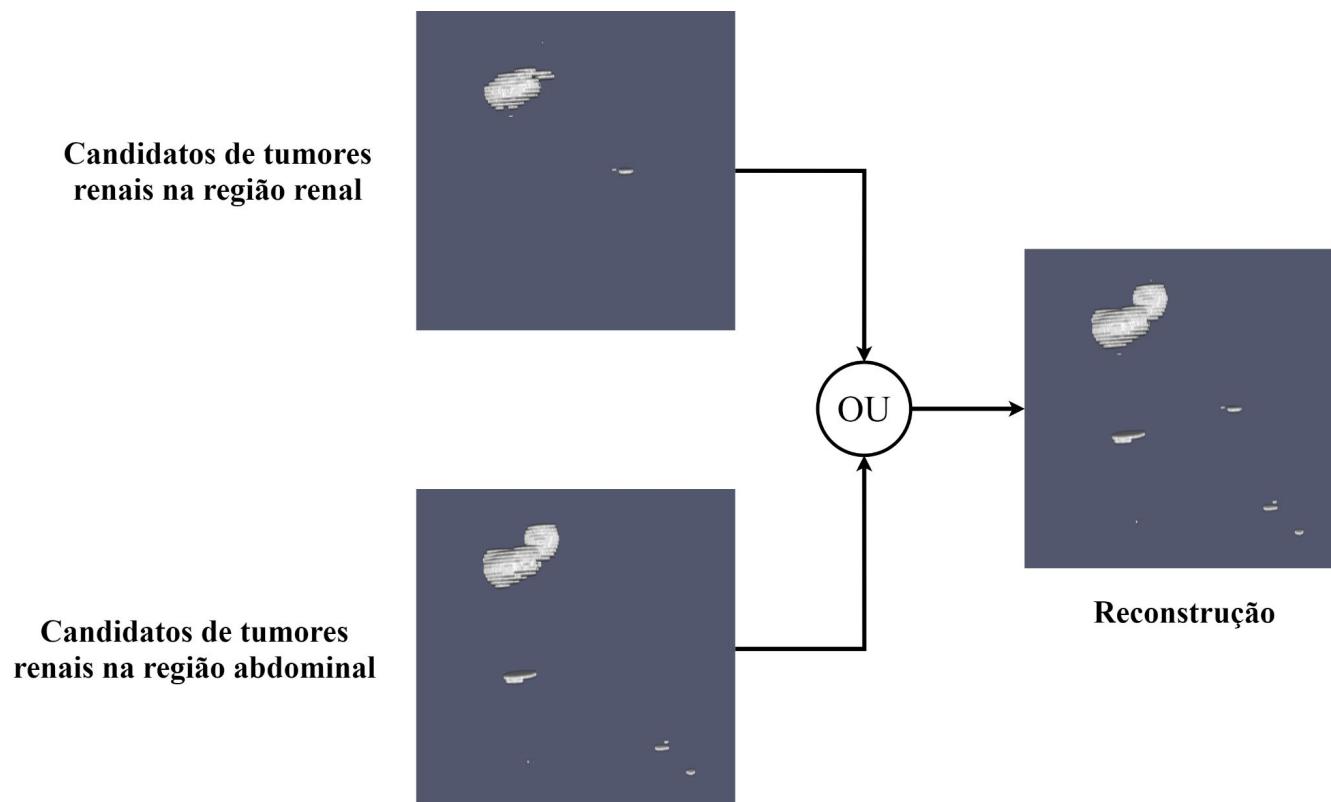
(c) Candidatos de tumores  
renais na região abdominal

# Método Proposto

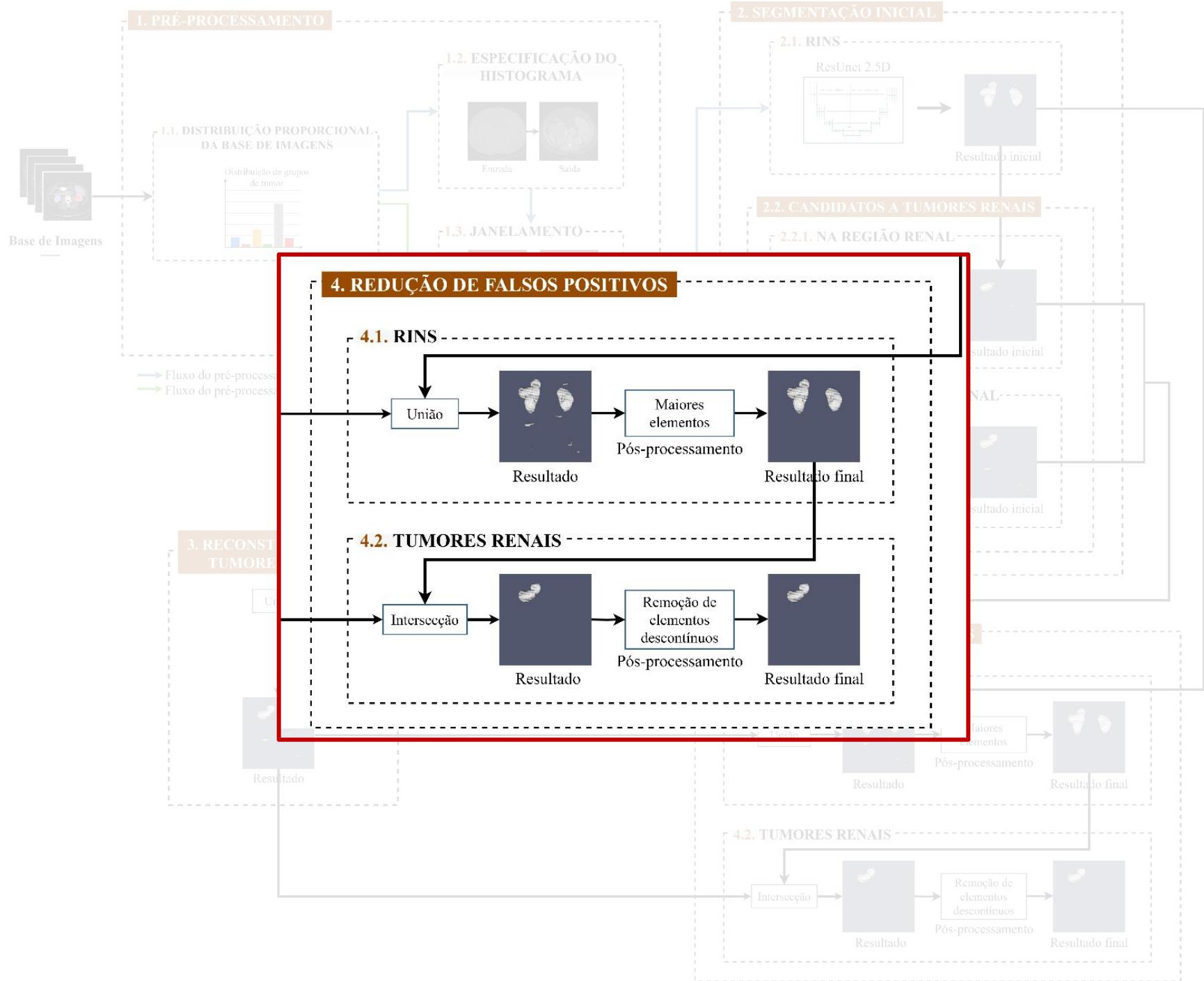


# Reconstrução dos Tumores Renais

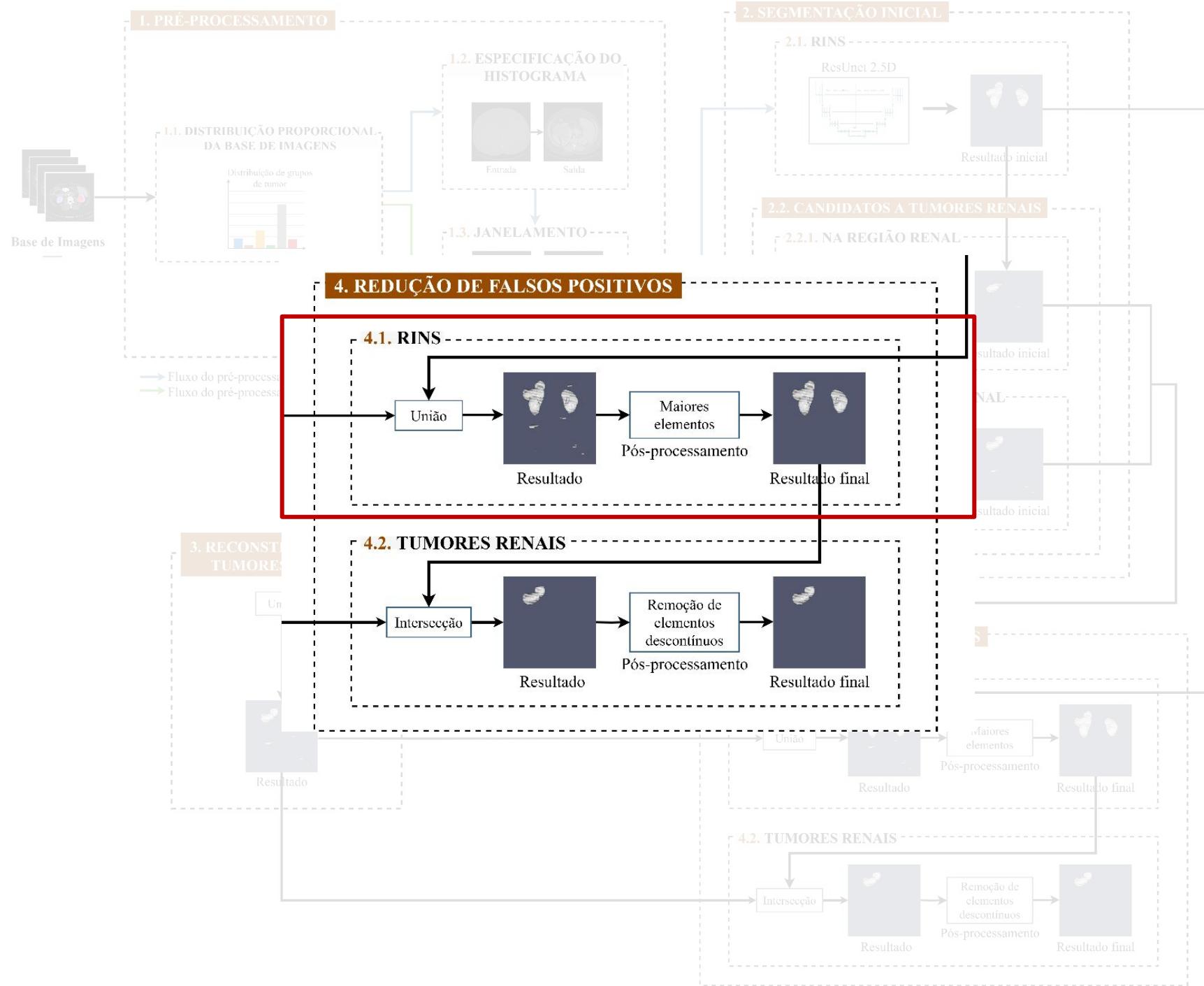
- **União** da segmentação inicial dos candidatos a tumores renais na região renal e abdominal



# Método Proposto

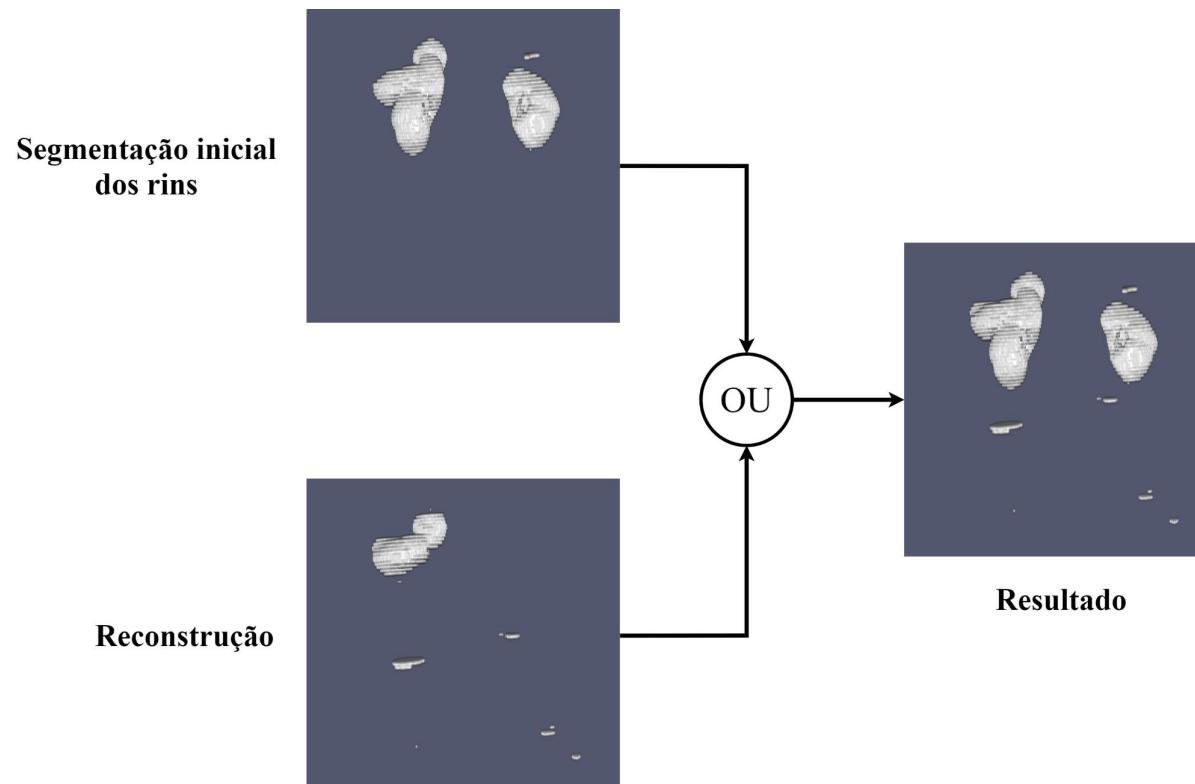


# Método Proposto



# Redução de Falsos Positivos para os Rins

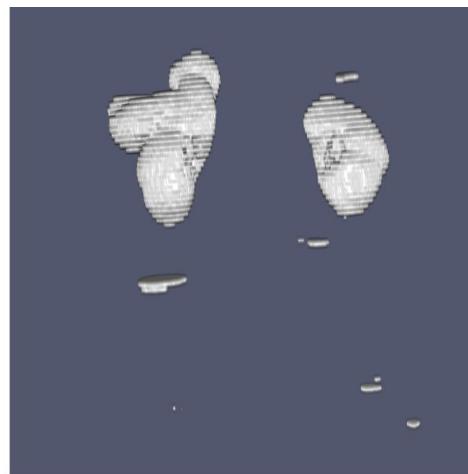
- **União** da segmentação inicial dos rins com a etapa de reconstrução dos tumores renais



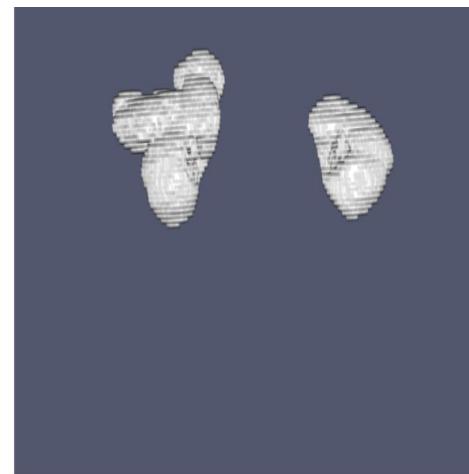
# Redução de Falsos Positivos para os Rins

- **Pós-processamento**

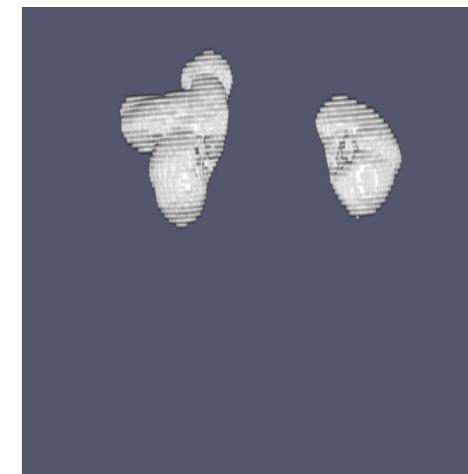
- Mantém os dois maiores elementos do volume e remove o restante dos fragmentos segmentados



(a) Resultado da união

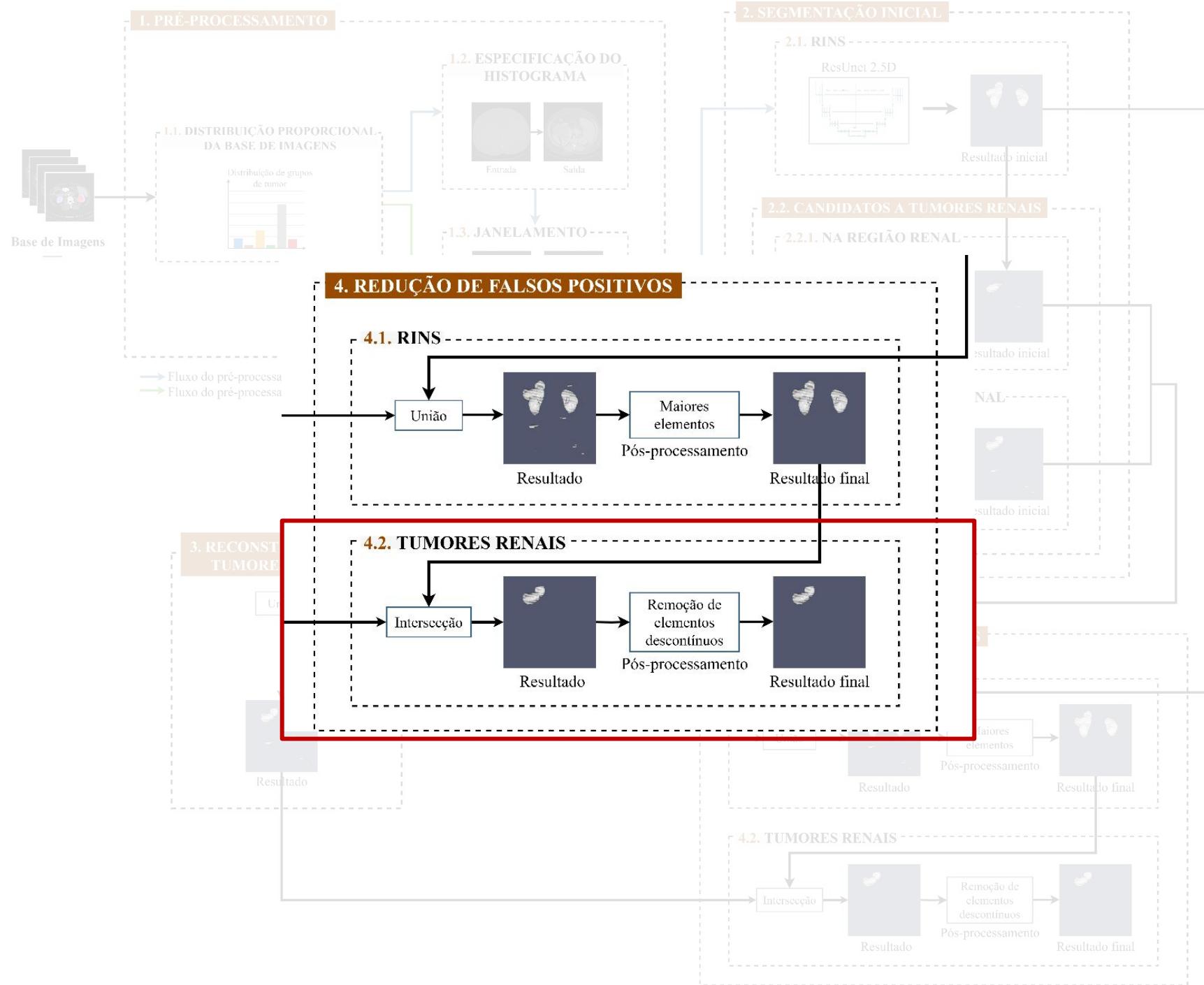


(b) Marcação do especialista



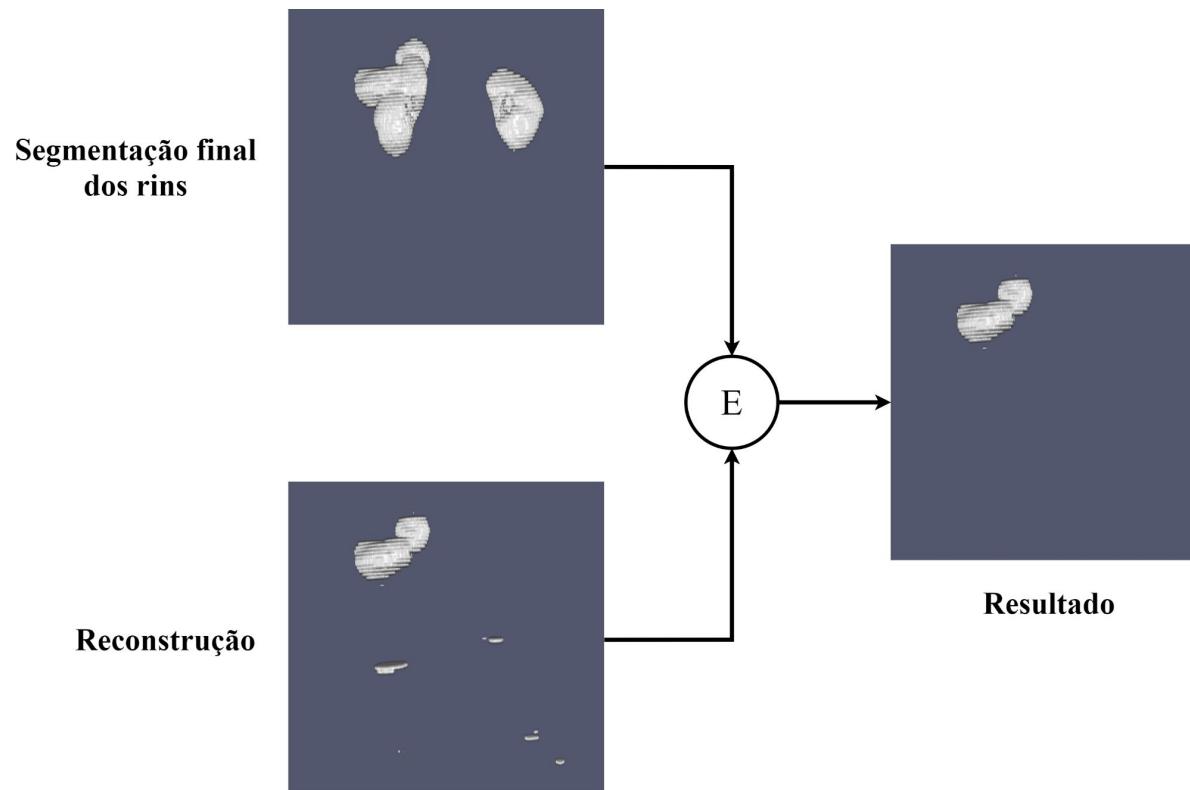
(c) Pós-processamento  
(Resultado final)

# Método Proposto



# Redução de Falsos Positivos para os Tumores Renais

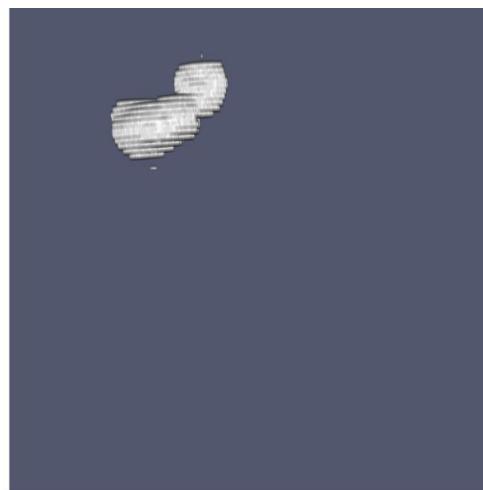
- **Intersecção** da segmentação final dos rins com a etapa de reconstrução dos tumores renais



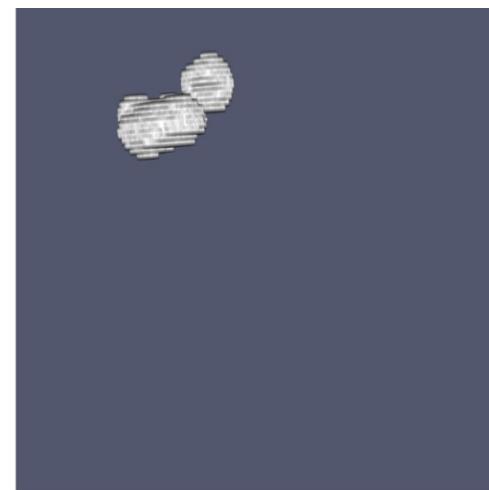
# Redução de Falsos Positivos para os Tumores Renais

- **Pós-processamento**

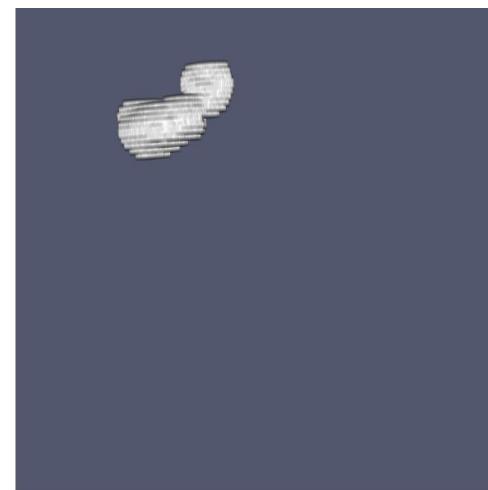
- Remove as estruturas segmentadas sem informações contextuais suficientes para representar os tumores renais



(a) Resultado da intersecção



(b) Marcação do especialista



(c) Pós-processamento  
(Resultado final)



04

# Resultados

Preparação da Base de Imagens

Configuração Experimental

Resultados Experimentais

# Preparação da Base de Imagens

- Base de imagens **KiTS19** (210 volumes de TC)
  - Distribuído aleatoriamente
    - **Teste** → **31** volumes (15%)
  - Distribuído proporcionalmente
    - **Treino** → **148** volumes (70%)
    - **Validação** → **31** volumes (15%)

# Preparação da Base de Imagens

- **Segmentação de Rins:** Imagens de entrada 512x512

Treino	Validação	Teste
23.670	5.062	5.506

- **Candidatos a Tumores Renais na Região Renal:** Imagens de entrada 256x256

Treino	Validação	Teste
7.870	1.944	1.990

- **Candidatos a Tumores Renais na Região Abdominal:** Imagens de entrada 512x512

Treino	Validação	Teste
7.870	1.944	5.506

# Configuração Experimental

- **Linguagem Python**
  - Pytorch
  - Opencv
- **Máquina**
  - Sistema operacional Windows 10
  - Processador Intel Core i7
  - 16 GB de memória RAM
  - Placa de vídeo GeForce GTX 1080 Ti

# Configuração Experimental

- **Treinamento (ResUNet-101 2.5D e DeepLabv3+ 2.5D)**
  - Critério de parada: early stop (15 épocas)
  - Otimização de hiperparâmetros: Tree of Parzen Estimators (TPE)
  - Tamanho de batch: 8
  - Função de perda: Dice
  - Otimizador estocástico: Adam
  - Taxa de aprendizagem inicial: 0,0001
  - Decaimento: 10% a cada 7 épocas
  - Pesos pré-treinados aplicados à base de imagens ImageNet

# Resultados Gerais do Método Proposto

- Conjunto de imagens foram distribuídos 5 vezes (k-fold)

Segmentação Inicial	Dice(%)	Jacc(%)	Acc(%)	Sen(%)	Esp(%)
Rins	96,77	93,80	99,93	97,58	99,96
	96,54	93,46	99,90	96,08	99,97
	94,40	91,10	99,90	93,31	99,97
	97,65	95,43	99,96	97,55	99,98
	96,52	93,74	99,94	95,82	99,98
	<b><math>96,37 \pm 1,20</math></b>	<b><math>93,51 \pm 1,55</math></b>	<b><math>99,93 \pm 0,03</math></b>	<b><math>96,07 \pm 1,74</math></b>	<b><math>99,97 \pm 0,01</math></b>

# Resultados Gerais do Método Proposto

Segmentação Inicial	Dice(%)	Jacc(%)	Acc(%)	Sen(%)	Esp(%)
<b>Candidatos a Tumores Renais na Região Renal</b>	81,02	69,66	99,93	80,52	99,97
	80,10	68,65	99,90	81,66	99,97
	77,72	67,36	99,89	82,02	99,96
	77,68	67,55	99,95	78,10	99,97
	75,91	63,91	99,95	74,98	99,98
	<b>78,49 ± 2,06</b>	<b>67,43 ± 2,17</b>	<b>99,93 ± 0,03</b>	<b>79,46 ± 2,94</b>	<b>99,97 ± 0,01</b>
<b>Candidatos a Tumores Renais na Região Abdominal</b>	68,88	58,45	99,91	85,57	99,93
	60,95	47,11	99,82	75,54	99,91
	58,54	47,45	99,82	84,01	99,85
	57,40	45,57	99,91	76,34	99,93
	59,55	47,41	99,86	75,86	99,89
	<b>61,06 ± 4,56</b>	<b>49,20 ± 5,23</b>	<b>99,86 ± 0,05</b>	<b>79,46 ± 4,90</b>	<b>99,90 ± 0,04</b>
<b>Reconstrução de Tumores Renais</b>	68,20	57,17	99,90	90,33	99,91
	63,77	49,82	99,86	86,80	99,90
	57,99	45,93	99,80	89,82	99,82
	60,10	47,79	99,91	85,95	99,92
	61,90	49,32	99,87	86,00	99,88
	<b>62,39 ± 3,89</b>	<b>50,01 ± 4,28</b>	<b>99,87 ± 0,04</b>	<b>87,78 ± 2,13</b>	<b>99,88 ± 0,04</b>

# Resultados Gerais do Método Proposto

- Resultados finais (5-fold)

<b>Segmentação Final</b>	<b>Dice(%)</b>	<b>Jacc(%)</b>	<b>Acc(%)</b>	<b>Sen(%)</b>	<b>Esp(%)</b>
<b>Rins</b>	97,45	95,05	99,95	98,44	99,96
	97,47	95,11	99,93	97,27	99,98
	95,45	92,69	99,93	94,83	99,97
	97,80	95,70	100	97,90	99,98
	96,81	94,29	99,95	96,24	99,98
	<b>97,00 ± 0,94</b>	<b>94,57 ± 1,16</b>	<b>99,95 ± 0,03</b>	<b>96,94 ± 1,43</b>	<b>99,97 ± 0,01</b>
<b>Tumores Renais</b>	84,06	75,04	99,94	88,33	99,95
	81,70	70,47	99,92	86,80	99,96
	81,64	70,76	99,90	89,58	99,92
	81,95	71,29	99,95	85,71	99,97
	82,61	71,70	99,96	85,20	99,98
	<b>82,39 ± 1,01</b>	<b>71,85 ± 1,84</b>	<b>99,94 ± 0,02</b>	<b>87,12 ± 1,82</b>	<b>99,96 ± 0,02</b>

# Segmentação Inicial dos Rins

- **Comparação das abordagens 2D e 2.5D**

Modelo	Dice(%)	Jacc(%)	Acc(%)	Sen(%)	Esp(%)	T. por época
<b>ResUNet 2D</b>	92,67	86,93	99,85	93,79	99,91	32m 47s
<b>ResUNet 2.5D</b>	96,77	93,80	99,93	97,58	99,96	33m 29s
<b>P-value</b>	<b>0,0000</b>	<b>0,0000</b>	0,2054	<b>0,0000</b>	0,3033	-

- Em termos estatísticos, os modelos ResUNet-101 2D e 2.5D, apresentaram um p-value igual a 0 para as métricas Dice, Jaccard e sensibilidade
  - Hipótese nula é rejeitada

# Candidatos a Tumores Renais na Região Renal

- **Comparação das abordagens 2D e 2.5D**

Modelo	Dice(%)	Jacc(%)	Acc(%)	Sen(%)	Esp(%)	T. por época
<b>DeepLabv3+ 2D</b>	72,75	61,60	99,48	78,85	99,59	11m 34s
<b>DeepLabv3+ 2.5D</b>	81,02	69,66	99,93	80,52	99,97	13m 11s
<b>P-value</b>	<b>0,0000</b>	<b>0,0000</b>	<b>0,0092</b>	0,1908	<b>0,0103</b>	-

- Em termos estatísticos, os modelos DeepLabv3+ 2D e 2.5D obtiveram um p-value abaixo de 0,0103 para as métricas Dice, Jaccard, acurácia e especificidade
  - Hipótese nula é rejeitada

# Candidatos a Tumores Renais na Região Abdominal

- **Comparação das abordagens 2D e 2.5D**

Modelo	Dice(%)	Jacc(%)	Acc(%)	Sen(%)	Esp(%)	T. por época
<b>ResUNet 2D</b>	50,01	38,22	99,79	76,30	99,82	10m 43s
<b>ResUNet 2.5D</b>	68,88	58,45	99,91	85,57	99,93	11m 22s
<b>P-value</b>	<b>0,0000</b>	<b>0,0000</b>	0,1038	<b>0,0000</b>	0,1024	-

- Em termos estatísticos, os modelos ResUNet-101 2D e 2.5D, apresentaram um p-value igual a 0 para as métricas Dice, Jaccard e sensibilidade
  - Hipótese nula é rejeitada

# Reconstrução dos Tumores Renais

- **Comparação das abordagens 2D e 2.5D**

Abordagem	Dice(%)	Jacc(%)	Acc(%)	Sen(%)	Esp(%)
<b>2D</b>	49,94	38,16	99,97	83,40	99,79
<b>2.5D</b>	68,20	57,17	99,90	90,33	99,91
<b>P-value</b>	<b>0,0000</b>	<b>0,0000</b>	0,0928	<b>0,0000</b>	0,1038

- Em termos estatísticos, as abordagens 2D e 2.5D obtiveram um p-value igual a 0 para as métricas Dice, Jaccard e sensibilidade
  - Hipótese nula é rejeitada

# Redução de Falsos Positivos para os Rins

- **Abordagens 2D e 2.5D**

Resultado Final	Dice(%)	Jacc(%)	Acc(%)	Sen(%)	Esp(%)
<b>2D</b>	93,54	88,86	99,87	94,02	99,92
<b>2.5D</b>	97,45	95,05	99,95	98,44	99,96
<b>P-value</b>	<b>0,0000</b>	<b>0,0000</b>	0,1616	<b>0,0000</b>	0,3914

- Estatisticamente, as abordagens obtiveram um p-value igual a 0 nas métricas Dice, Jaccard e sensibilidade
  - Hipótese nula é rejeitada

# Redução de Falsos Positivos para os Tumores Renais

- **Abordagens 2D e 2.5D**

Resultado Final	Dice(%)	Jacc(%)	Acc(%)	Sen(%)	Esp(%)
<b>2D</b>	73,62	61,21	99,89	81,03	99,91
<b>2.5D</b>	84,06	75,04	99,94	88,33	99,95
<b>P-value</b>	<b>0,0000</b>	<b>0,0000</b>	0,3680	<b>0,0000</b>	0,4275

- A segmentação final dos tumores renais usando as abordagens 2D e 2.5D apresentou um p-value igual a 0 para as métricas Dice, Jaccard e sensibilidade
  - Hipótese nula é rejeitada

# Método Proposto com/sem Balanceamento de Fatias

- Experimentos para validar as demais etapas do método proposto**

Segmentação	Técnica	Dice(%)	Jacc(%)	Acc(%)	Sen(%)	Esp(%)	T. por época
<b>Reconstrução dos Tumores Renais</b>	<b>Todas as fatias</b>	43,79	32,11	99,63	77,00	99,65	-
	<b>Balanceado</b>	<b>68,20</b>	<b>57,17</b>	<b>99,90</b>	<b>90,33</b>	<b>99,91</b>	-
<b>Rins</b>	<b>Todas as fatias</b>	92,96	87,38	99,84	93,05	99,92	1h 01m 52s
	<b>Balanceado</b>	<b>97,45</b>	<b>95,05</b>	<b>99,95</b>	<b>98,44</b>	<b>99,96</b>	33m 29s
<b>Tumores Renais</b>	<b>Apenas fatias com rins</b>	62,03	49,15	99,82	75,99	99,85	46m 03s
	<b>Balanceado</b>	<b>84,06</b>	<b>75,04</b>	<b>99,94</b>	<b>88,33</b>	<b>99,95</b>	24m 33s
<b>P-value</b>		<b>0,0000</b>	<b>0,0000</b>	0,0690	<b>0,0000</b>	0,0969	-

# Método Proposto com Distribuição Aleatória e Proporcional da Base de Imagens

- Experimentos para validar as demais etapas do método proposto**

Segmentação	Técnica	Dice(%)	Jacc(%)	Acc(%)	Sen(%)	Esp(%)	T. por época
Reconstrução dos Tumores Renais	Aleatório	53,39	40,78	99,78	82,22	99,81	-
	Distribuição proporcional	<b>68,20</b>	<b>57,17</b>	<b>99,90</b>	<b>90,33</b>	<b>99,91</b>	-
Rins	Aleatório	94,18	90,06	99,90	94,44	99,95	34m 33s
	Distribuição proporcional	<b>97,45</b>	<b>95,05</b>	<b>99,95</b>	<b>98,44</b>	<b>99,96</b>	33m 29s
Tumores Renais	Aleatório	71,29	59,17	99,89	80,64	99,91	27m 14s
	Distribuição proporcional	<b>84,06</b>	<b>75,04</b>	<b>99,94</b>	<b>88,33</b>	<b>99,95</b>	24m 33s
<b>P-value</b>		<b>0,0000</b>	<b>0,0000</b>	0,1152	<b>0,0000</b>	0,1605	-

# Segmentação de Rins sem/com a Etapa de Reconstrução de Tumores Renais

- Experimentos para validar as demais etapas do método proposto**

Segmentação de Rins	Dice(%)	Jacc(%)	Acc(%)	Sen(%)	Esp(%)
Sem Reconstrução de Tumores Renais	97,11	94,44	99,94	97,57	99,97
Com Reconstrução de Tumores Renais	97,45	95,05	99,95	98,44	99,96
P-value	0,2794	0,1550	0,8767	<b>0,0011</b>	0,9375

# Segmentação de Tumores Renais aplicando a Máscara do Especialista/Método

- **Experimentos para validar as demais etapas do método proposto**

Segmentação de Tumores Renais	Dice(%)	Jacc(%)	Acc(%)	Sen(%)	Esp(%)
Máscara do Especialista	84,95	75,06	99,68	84,44	99,80
Máscara do Método	81,02	69,66	99,93	80,52	99,97
P-value	<b>0,0010</b>	<b>0,0001</b>	0,0738	<b>0,0011</b>	0,1136

# Diversos Experimentos Testados

- Resumo dos principais experimentos realizados na elaboração do método proposto**

Pré-processamentos	Arquiteturas	Codificadores	Abordagens
CLAHE, bilateral, média, equalização do histograma e unsharp masking	UNet, UNet++, DeepLabv3, DenseUNet e Pyramid Attention Network	AlexNet, DenseNet, ResNet-18, ResNet-34, ResNet-50, ResNet-152, ResNeXt, SqueezeNet, Xception, Inception, DPN-98, EfficientNet-B3 e EfficientNet-B7	2D, 2.5D (com 5 e 7 fatias)



05

# Discussão

Estudos de Caso

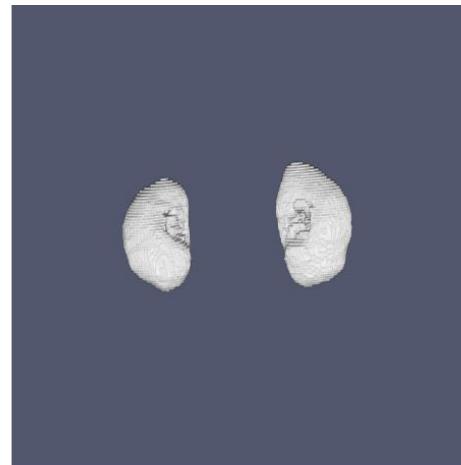
Comparação do Método Proposto com os Trabalhos Relacionados

# Estudos de Caso – Segmentação de Rins

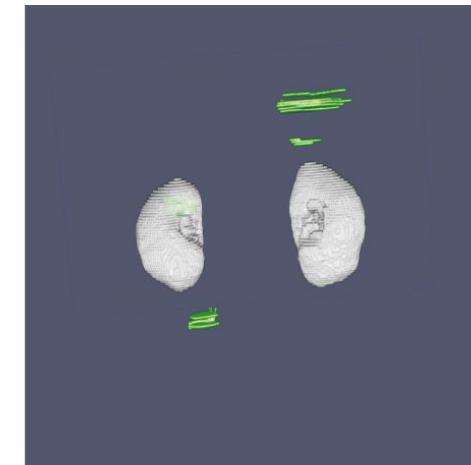
- **Estudo de Caso 1 – Paciente case\_00018**



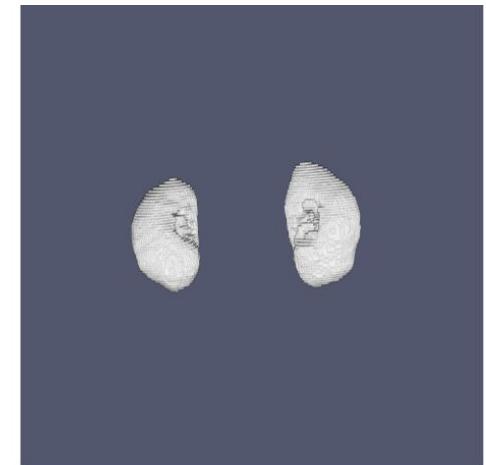
(a) Marcação do especialista



(b) Segmentação inicial



(c) Reconstrução

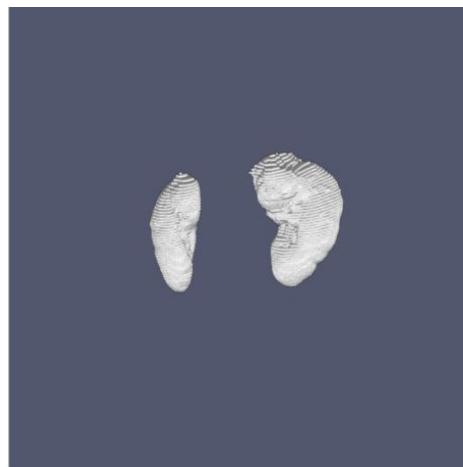


(d) Pós-processamento  
(Resultado final)

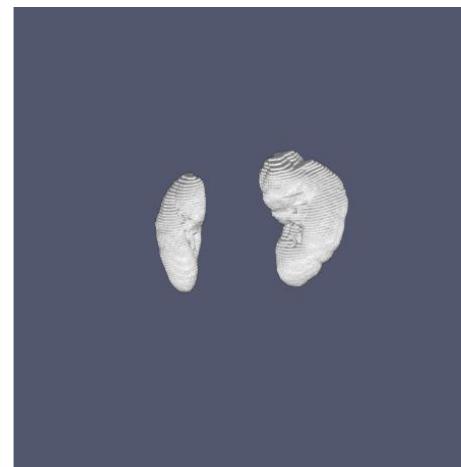
Dice(%)	Jacc(%)	Acc(%)	Sen(%)	Esp(%)
94,67	89,88	99,91	99,88	99,91

# Estudos de Caso – Segmentação de Rins

- **Estudo de Caso 2 – Paciente case\_00149**



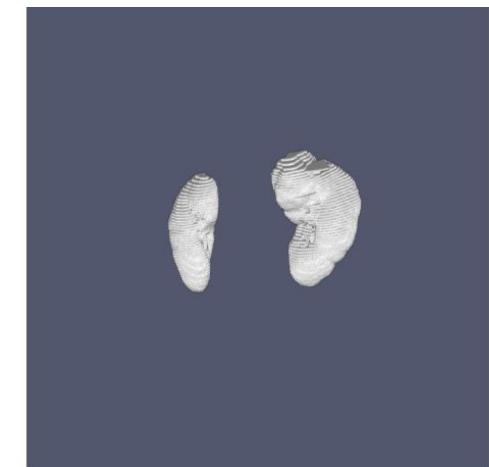
(a) Marcação do especialista



(b) Segmentação inicial



(c) Reconstrução

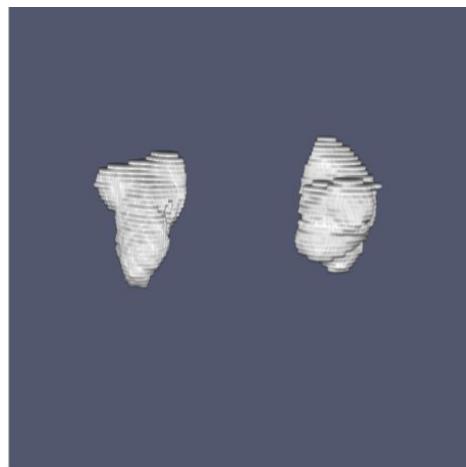


(d) Pós-processamento  
(Resultado final)

Segmentação	Dice(%)	Jacc(%)	Acc(%)	Sen(%)	Esp(%)
Inicial	98,48	97,00	99,95	98,37	99,98
Final	98,37	96,79	99,94	98,50	99,97

# Estudos de Caso – Segmentação de Rins

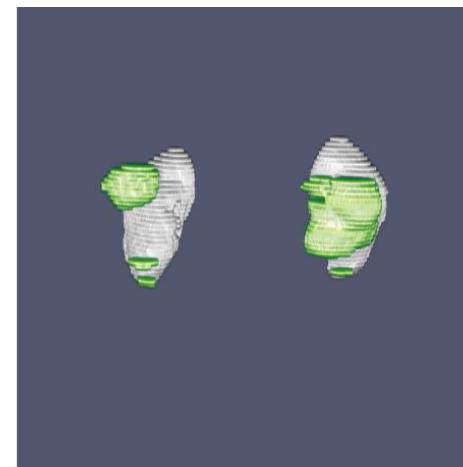
- **Estudo de Caso 3 – Paciente case\_00045**



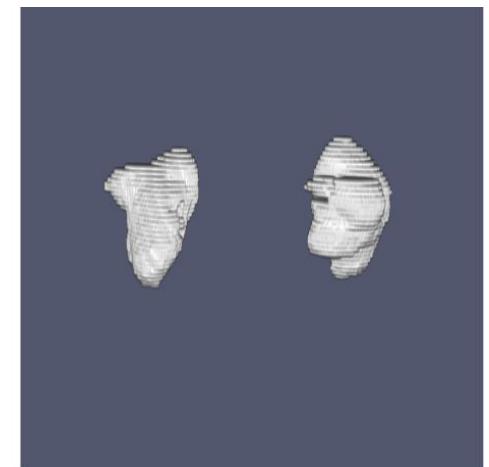
(a) Marcação do especialista



(b) Segmentação inicial



(c) Reconstrução



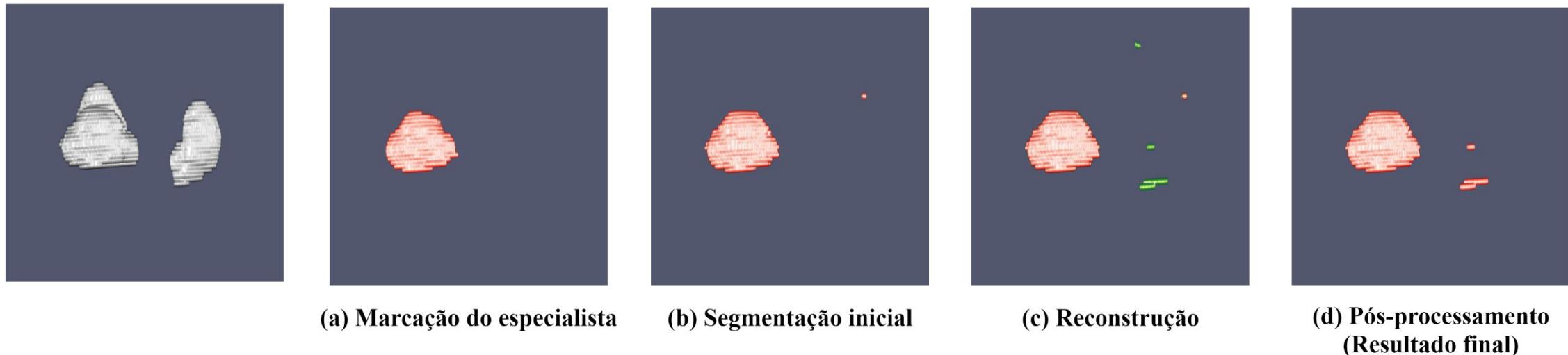
(d) Pós-processamento  
(Resultado final)

Segmentação	Dice(%)	Jacc(%)	Acc(%)	Sen(%)	Esp(%)
Inicial	89,93	81,71	99,81	86,63	99,94
Final	94,78	90,07	99,89	96,31	99,92

# Estudos de Caso – Segmentação de Tumores Renais

- **Estudo de Caso 1 – Paciente case\_00012**

Entrada da rede

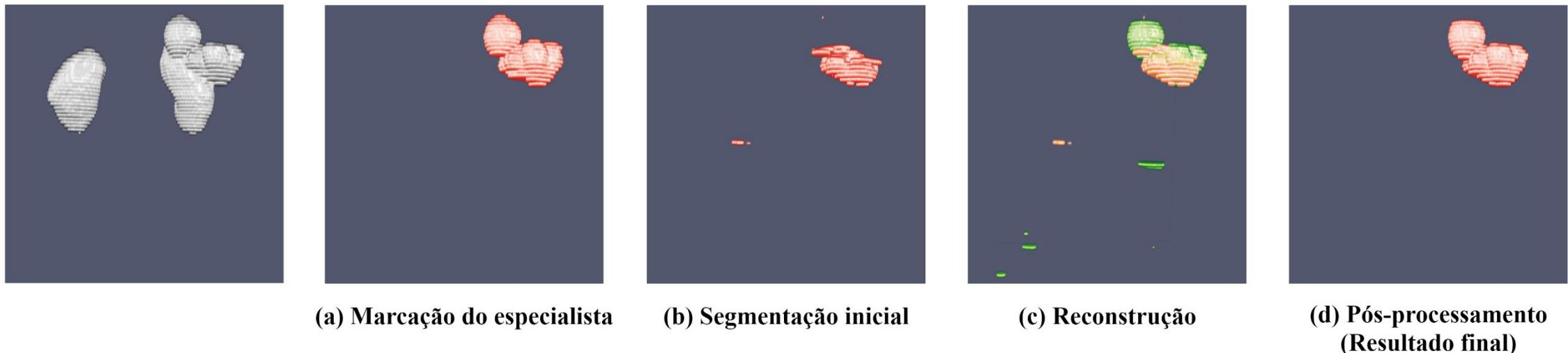


Segmentação	Dice(%)	Jacc(%)	Acc(%)	Sen(%)	Esp(%)
Inicial	90,69	82,97	99,92	98,04	99,93
Final	89,85	81,57	99,92	98,71	99,92

# Estudos de Caso – Segmentação de Tumores Renais

- **Estudo de Caso 2 – Paciente case\_00028**

Entrada da rede



Segmentação	Dice(%)	Jacc(%)	Acc(%)	Sen(%)	Esp(%)
Inicial	66,83	50,18	99,84	51,52	99,99
Final	94,50	89,57	99,97	93,85	99,98

# Comparação com os Trabalhos Relacionados à Segmentação de Rins

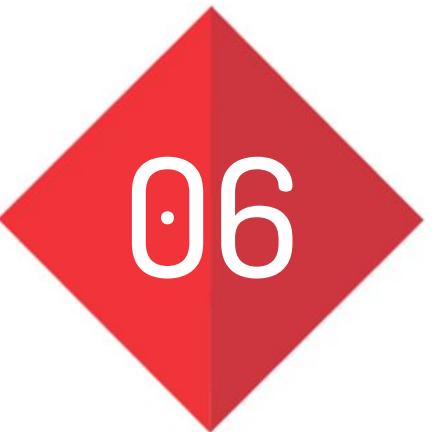
Técnica(s)	Pacientes	Dice(%)	Jacc(%)	Acc(%)	Sen(%)	Esp(%)
Modelo deformável baseado em Level Set (Khalifa et al., 2011)	29	95	-	96,36	93,8	-
Esquema hierárquico de registro e ponderação de atlas (Wolz et al., 2013)	150	92,5	86,8	-	98,3	-
Continuidade contextual na sequência de imagens de TC (ZHAO; LIANG; FAN, 2013)	10	94,7	-	-	-	-
Registro de imagens multi-atlas (Yang et al., 2014b)	14 fatias	95,2	-	-	-	-
Estrutura híbrida baseada de modelos geométricos deformáveis e NMF (Khalifa et al., 2016)	36	96,45	-	-	-	-
Contorno ativo usando a estrutura Level Set (SKALSKI et al., 2017)	10	86,2	-	-	-	-
CNNs 3D (JACKSON et al., 2018)	113	88,5	-	-	-	-
Crowdsourcing e CNN (Mehta et al., 2019)	42	93,2	-	-	-	-
U-Net, patch e sistema de rastreamento (LES et al., 2021)	270	90,63	-	-	-	-
<b>Método proposto com ResUNet 2.5D, DeepLabv3+ 2.5D, agrupador de tumores e técnicas para remover falsos positivos</b>	210	97,45	95,05	99,95	98,44	99,96

# Comparação com os Trabalhos Relacionados à Segmentação de Tumores Renais

Técnica(s)	Pacientes	Dice(%)	Jacc(%)	Acc(%)	Sen(%)	Esp(%)
Estrutura híbrida baseada em SIFCM e DRLSE (KAUR; JUNEJA; MANDAL, 2019)	40	88,2	88,5	86,51	-	-
CNNs fracamente supervisionada (YANG et al., 2020)	200	82,6	-	-	-	-
MB-FSGAN (RUAN, et al., 2020)	113	85,9	-	95,7	86,2	89,4
HybridNet 3D (YAN et al., 2020)	300	79,7	-	-	-	-
V-Net usando Two-Stage Bottleneck Block (TÜRK; LÜY; YALCINKAYA, 2022)	210	86,9	76,8	-	-	-
3D U-Net preservando a simetria rotacional em cortes axiais (TANIMOTO et al., 2022)	213	60,4	-	-	-	-
<b>Método proposto com ResUNet 2.5D, DeepLabv3+ 2.5D, agrupador de tumores e técnicas para remover falsos positivos</b>	210	84,06	75,04	99,94	88,33	99,95

# Comparação com os Trabalhos Relacionados à Segmentação de Rins e Tumores Renais

Técnica(s)	Pacientes	Dice(%)	Jacc(%)	Acc(%)	Sen(%)	Esp(%)
Rede 3D com PPM + Atlas (Yang et al., 2018)	140	93,1 80,2	-	-	-	-
Modelo híbrido V-Net (TÜRK; LÜY; BARİŞÇI, 2020)	210	97,7 86,5	-	-	-	-
Rede residual híbrida 3D com SE (QAYYUM; LALANDE; MERIAUDEAU, 2020)	210	97,8 86,8	-	-	95,6 91,31	99,6 91,45
SE-ResNeXT U-Net (XIE et al., 2020)	300	96,77 74,32	-	-	-	-
MSS U-Net 3D (ZHAO et al., 2020)	210	96,9 80,5	-	-	-	-
Attention U-Net (GEETHANJALI; MINAVATHI; DINESH, 2021)	205	95,65 93,86	-	-	-	-
U-Nets 3D: simples, residual e residual de pré-ativação (HELLER et al., 2021)	210	97,4 85,1	-	-	-	-
3D U-Net (LIN et al., 2021)	441	97,3 84,4	-	-	-	-
3D-MS-RFCNN (YANG et al., 2022)	480	91,62 71,64	-	-	-	-
3D-CNN e ConvLSTM (KANG et al., 2022)	300	96,39 78,9	-	-	-	-
<b>Método proposto com ResUNet 2.5D, DeepLabv3+ 2.5D, agrupador de tumores e técnicas para remover falsos positivos</b>	210	97,45 84,06	95,05 75,04	99,95 99,94	98,44 88,33	99,96 99,95



06

# Conclusão

Avaliação do Trabalho

Trabalhos Futuros

Produções Científicas

# Conclusão

- As altas taxas de incidência do câncer de rim em todo o mundo
- Método proposto consiste em quatro etapas principais
  - Técnicas de processamento de imagens
  - Segmentações iniciais de rins e tumores renais usando ResUNet-101 2.5D e DeepLabv3+ 2.5D
  - Reconstrução dos tumores renais usando operação binária
  - Segmentações finais dos rins e tumores renais obtidas aplicando pós-processamento
- Resultados comparáveis aos da literatura
  - Rins: **97,45%** de Dice
  - Tumores renais: **84,06%** de Dice

# Contribuições

- Método automático para agrupar casos (exames) e distribuí-los proporcionalmente no conjunto de treinamento e validação
- Adaptação da arquitetura DeepLabv3+, com o uso da DPN-131 como codificador para a segmentação de tumores renais
- Balanceamento de fatias dos casos nos conjuntos de treinamento e validação juntamente com a abordagem 2.5
- Aplicação da etapa de reconstrução de tumores renais por meio da combinação de duas CNNs
- Aplicação de técnicas de processamento de imagens baseadas em informações contextuais para reduzir falsos positivos em segmentações de rins e tumores renais

# Limitações

- As regiões de rins e tumores renais não foram totalmente recuperadas após a etapa de reconstrução de tumores renais
- O pós-processamento usado na segmentação de rins e tumores renais apresenta deficiências

# Trabalhos Futuros

- Padronizar as entradas da rede usando uma rede autoencoder como um pré-processamento
- Usar recursos de redes neurais recorrente para segmentar rins e tumores renais
- Aprimorar ou construir um ensemble na etapa de reconstrução dos tumores renais
- Incrementar outra técnica de pós-processamento para aumentar os objetos segmentados e recuperar mais regiões de rins e tumores renais
- Construir um método para fazer uma triagem de TCs com e sem tumores renais para identificar quais TCs têm tumores renais

# Produções Científicas

- Artigos científicos publicados de segmentação de rins e tumores renais

Artigo	Tipo	Qualis	Status
Kidney Segmentation from Computed Tomography Images using Deep Neural Network. Em: Computers in Biology and Medicine. Ano: 2020.	Periódico	A1	Publicado
Kidney Tumor Segmentation from Computed Tomography Images using DeepLabv3+ 2.5D Model. Em: Expert Systems with Applications. Ano: 2021.	Periódico	A1	Publicado

# Produções Científicas

- Artigos publicados em outras aplicações de processamento de imagens e visão computacional

Tipo	Quantidade
Periódico internacional	8
Simpósio nacional	2
<b>Total</b>	<b>10</b>



# OBRIGADA! PERGUNTAS?

Segmentação automática de rins e tumores renais em imagens de tomografia computadorizada baseada em aprendizado profundo 2.5D

[luana.b.cruz@nca.ufma.br](mailto:luana.b.cruz@nca.ufma.br)