

Reconhecimento de células em exames de Papanicolau

Trabalho Prático

Eduardo Rangel Becattini¹, João Paolinelli e Silva¹, Victor Hugo de Sá Parreiras¹

¹ Instituto de Informática – Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais (PUC-MG)
Caixa Postal 1.686 – 30.535-610 – Belo Horizonte – MG – Brazil

dubecattini@gmail.com

joaopaolinelli@gmail.com

victorsa6@hotmail.com

Abstract. *This project develops an application for the automatic recognition of cancerous cells in Pap smear images using image processing and analysis techniques, Haralick descriptors, and Hu moments invariants. The application interface provides functionalities such as reading and viewing images, converting to grayscale, generating histograms, characterizing images, and classifying sub-images, making the analysis process more efficient and accurate.*

Resumo. *Este projeto desenvolve um aplicativo para o reconhecimento automático de células cancerosas em imagens de exames de Papanicolau, utilizando técnicas de processamento e análise de imagens, descritores de Haralick e momentos invariantes de Hu. A interface do aplicativo proporciona funcionalidades como leitura e visualização de imagens, conversão para tons de cinza, geração de histogramas, caracterização das imagens, e classificação das sub-imagens, tornando o processo de análise mais eficiente e preciso.*

1. Introdução

O câncer cervical continua a ser uma das principais causas de morte entre mulheres ao redor do mundo, resultando em milhares de óbitos todos os anos. O exame de Papanicolau, ou citologia cervical, é uma ferramenta essencial para a detecção precoce de alterações celulares indicativas de câncer cervical. Este procedimento envolve a coleta de células do colo do útero para análise microscópica, visando identificar anomalias.

Apesar de sua eficácia, a análise manual de exames de Papanicolau é demorada e suscetível a erros humanos. Com os avanços nas técnicas de processamento e análise de imagens, há uma oportunidade para desenvolver sistemas automatizados que auxiliem na detecção de células cancerosas, aumentando a eficiência e precisão dos diagnósticos.

2. Descrição do Problema

Este projeto tem como objetivo desenvolver um sistema de classificação de imagens destinado à identificação de células cancerígenas em exames de Papanicolau. As imagens das células são submetidas a um processo de pré-processamento para extrair sub-imagens de tamanho uniforme, especificamente 100x100 pixels. Essas sub-imagens são então utilizadas como entrada para modelos de aprendizado de máquina, incluindo Support Vector

Machine (SVM) e redes neurais profundas, como o EfficientNet. O desafio fundamental deste projeto reside na necessidade de lidar com um conjunto de dados desequilibrado e na criação de modelos capazes de discernir com precisão várias classes de células observadas em exames de Papanicolau, abrangendo tanto células normais quanto diferentes tipos de lesões.

A interface gráfica do aplicativo oferece funcionalidades para leitura e visualização de imagens, conversão para tons de cinza, geração de histogramas, caracterização das imagens e classificação das sub-imagens. Com essas ferramentas, o objetivo é tornar o processo de análise de exames de Papanicolau mais eficiente, ajudando profissionais de saúde na detecção precoce de células cancerosas e melhorando os resultados do tratamento para pacientes.

3. Técnicas Implementadas

3.1. Pré-Processamento

A classe `ProcessadorDeImagens` desempenha um papel crucial no estágio inicial do processamento das imagens. Esta classe é encarregada de carregar as coordenadas dos núcleos das células a partir de um arquivo CSV, recortar sub-imagens de 100x100 pixels centradas no núcleo, e organizar essas sub-imagens em diretórios de treino e teste seguindo uma proporção de 80:20. Este pré-processamento assegura que os dados estão preparados de maneira adequada para as etapas subsequentes de treinamento e avaliação dos modelos de classificação.

3.2. Classificação com SVM

O módulo `svm.py` implementa classificadores baseados em Support Vector Machine (SVM). Dois tipos de classificadores foram desenvolvidos: um classificador binário e um classificador multiclasse. O classificador binário é projetado para distinguir entre células 'Negative' e 'Others', enquanto o classificador multiclasse é capaz de diferenciar entre seis classes distintas de células. As funções dentro deste módulo são responsáveis por carregar as imagens previamente processadas, treinar os modelos SVM, e avaliar o desempenho dos mesmos através da geração de relatórios de classificação e matrizes de confusão.

3.3. Classificação com EfficientNet

O módulo `classificadorProfundo.py` utiliza a rede neural EfficientNetB0 para a tarefa de classificação multiclasse. Este modelo de rede neural profunda é treinado utilizando técnicas avançadas como aumento de dados (data augmentation), checkpoints, early stopping e redução da taxa de aprendizado. O processo de treinamento é conduzido com dados de treino, enquanto a validação é realizada utilizando dados de teste. A eficácia do modelo é avaliada por meio de métricas como acurácia, além de relatórios de classificação e matrizes de confusão.

3.4. Processamento e Análise de Imagens

O arquivo `main.py` contém funções diversas destinadas à leitura e exibição de imagens, geração de histogramas, cálculo de matrizes de co-ocorrência e extração de descritores de Haralick. Essas funções são utilizadas para a extração de características das imagens,

que são, posteriormente, empregadas pelos classificadores na tarefa de classificação. A inclusão dessas técnicas de processamento de imagem e análise estatística contribui para uma compreensão mais aprofundada das características texturais das imagens, auxiliando na melhoria da precisão dos modelos de classificação.

4. Interface

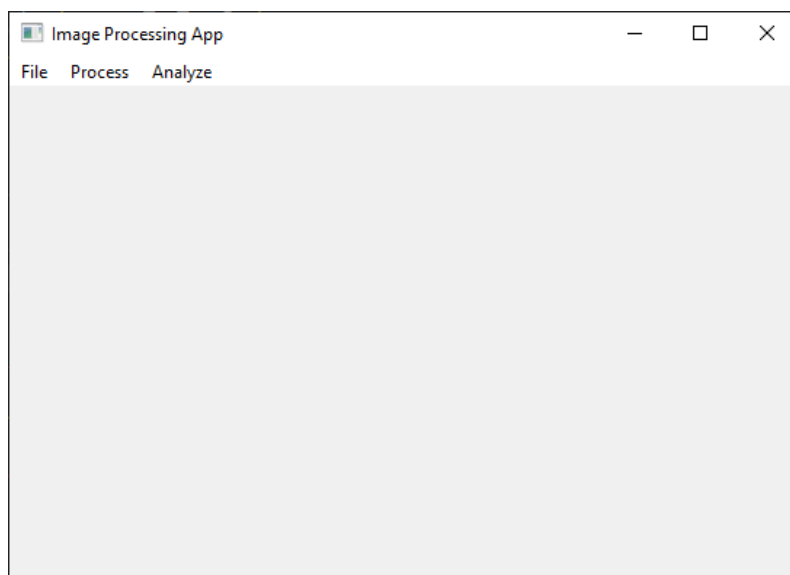


Figura 1. A imagem superior é relacionada a primeira tela de acesso ao iniciar a interface.

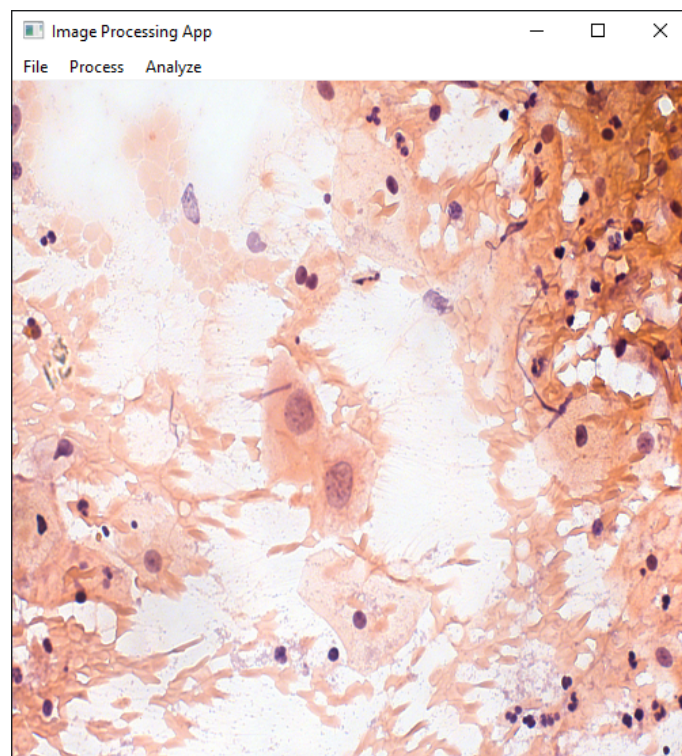


Figura 2. A imagem acima é referente a visualização da imagem na interface.

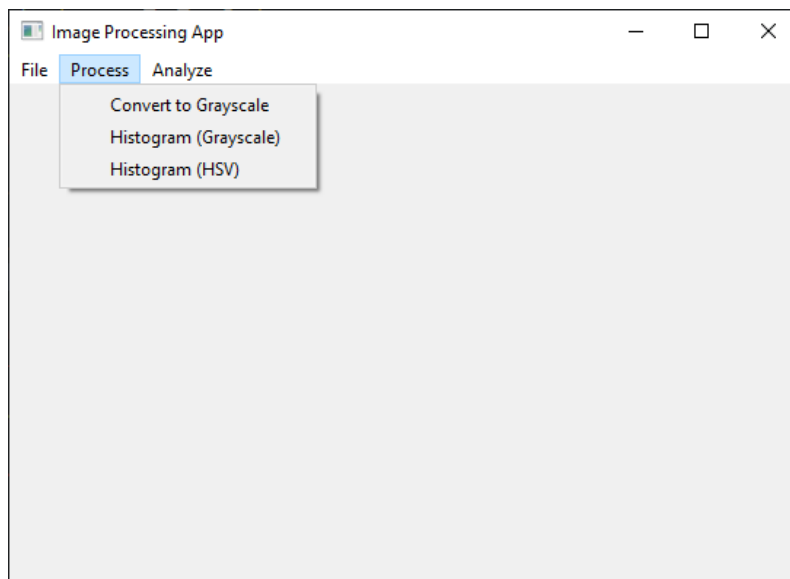


Figura 3. A imagem acima demonstra o menu para processamento da imagem.

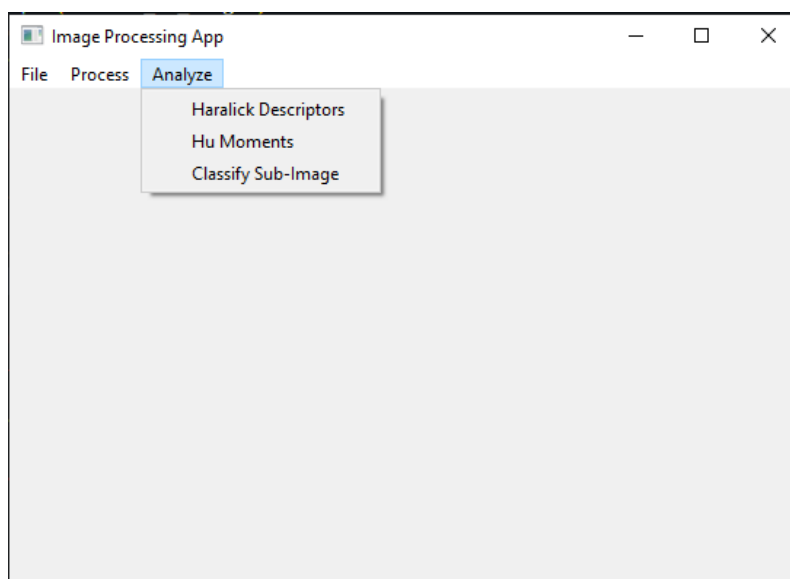


Figura 4. A imagem acima mostra o menu de análise da imagem.

5. Referências das Bibliotecas

1. OpenCV. Disponível em: <https://opencv.org/>
2. NumPy. Disponível em: <https://numpy.org/>
3. Pandas. Disponível em: <https://pandas.pydata.org/>
4. Scikit-learn. Disponível em: <https://scikit-learn.org/>
5. TensorFlow/Keras. Disponível em: <https://www.tensorflow.org/>
6. Seaborn. Disponível em: <https://seaborn.pydata.org/>
7. Matplotlib. Disponível em: <https://matplotlib.org/>

6. Análise dos Resultados

Os resultados obtidos com o classificador SVM apresentam um desempenho heterogêneo entre as diferentes classes de células nos exames de Papanicolau. A acurácia global do modelo foi de 55%, indicando que 55% das amostras foram classificadas corretamente. A classe "Negative for intraepithelial lesion" demonstrou os melhores resultados, com uma precisão de 0,75, recall de 0,71 e F1-score de 0,73, sugerindo que o modelo é relativamente eficaz na identificação de células não cancerígenas. Em contrapartida, o desempenho nas demais classes foi substancialmente inferior, com métricas de precisão, recall e F1-score abaixo de 0,20, sendo especialmente crítico para a classe "SCC", que obteve um F1-score de 0,00. A discrepância no desempenho entre as classes sugere um provável desbalanceamento no conjunto de dados, onde a classe "Negative for intraepithelial lesion" possui um suporte (número de ocorrências) significativamente maior em comparação às outras classes. A análise da matriz de confusão corroborou esses achados, evidenciando um número elevado de classificações incorretas para as classes ASC-H, ASC-US, HSIL, LSIL e SCC.

6.1. Resultados do SVM

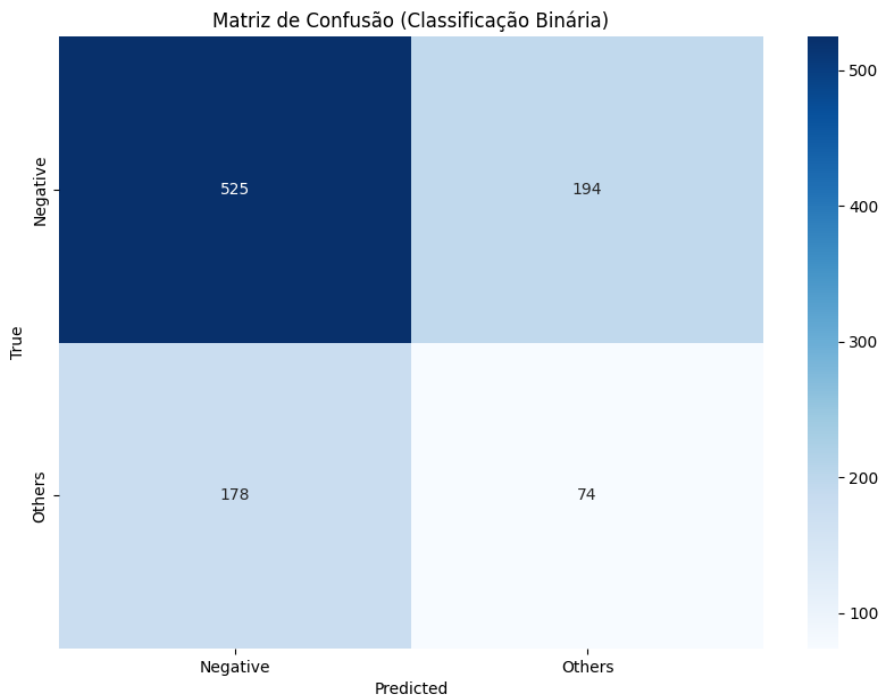


Figura 5. A imagem acima mostra a Matriz de Confusão da Classificação Binária

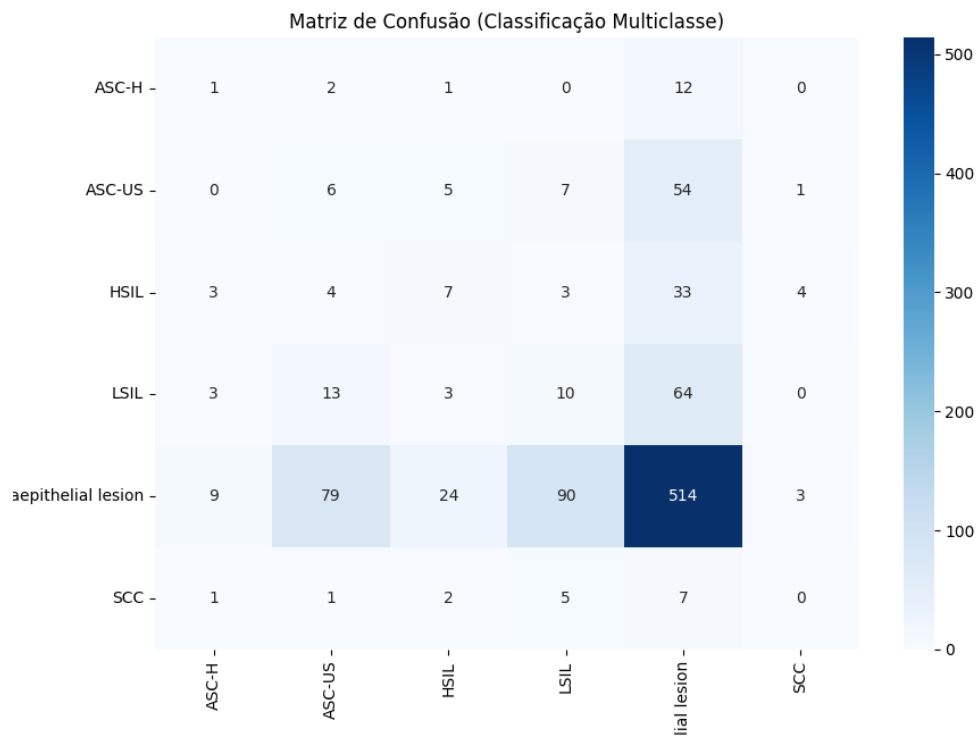


Figura 6. A imagem acima mostra a Matriz de Confusão da Classificação Multiclasse do SVM

Relatório de Classificação (Classificação Multiclasse):

	precision	recall	f1-score	support
ASC-H	0.06	0.06	0.06	16
ASC-US	0.06	0.08	0.07	73
HSIL	0.17	0.13	0.15	54
LSIL	0.09	0.11	0.10	93
Negative for intraepithelial lesion	0.75	0.71	0.73	719
SCC	0.00	0.00	0.00	16
accuracy			0.55	971
macro avg	0.19	0.18	0.18	971
weighted avg	0.58	0.55	0.57	971

Figura 7. Relatório da Classificação Multiclasse.

6.2. Resultados do EfficientNet

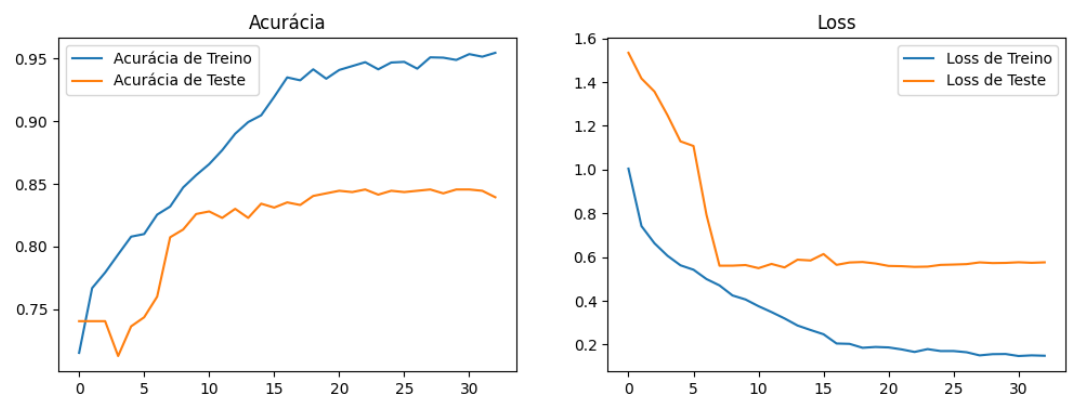


Figura 8. A imagem acima mostra a relação entre Acertos e Erros durante o treino do EfficientNet.

```
Acurácia (Classificação Multiclasse): 0.8455200823892894
Relatório de Classificação (Classificação Multiclasse):
```

	precision	recall	f1-score	support
ASC-H	0.80	0.25	0.38	16
ASC-US	0.66	0.29	0.40	73
HSIL	0.58	0.91	0.71	54
LSIL	0.68	0.60	0.64	93
Negative for intraepithelial lesion	0.90	0.96	0.93	719
SCC	0.75	0.19	0.30	16
accuracy			0.85	971
macro avg	0.73	0.53	0.56	971
weighted avg	0.84	0.85	0.83	971

Figura 9. A imagem acima mostra a acuracia e o resultado da Classificação Multiclasse do EfficientNet

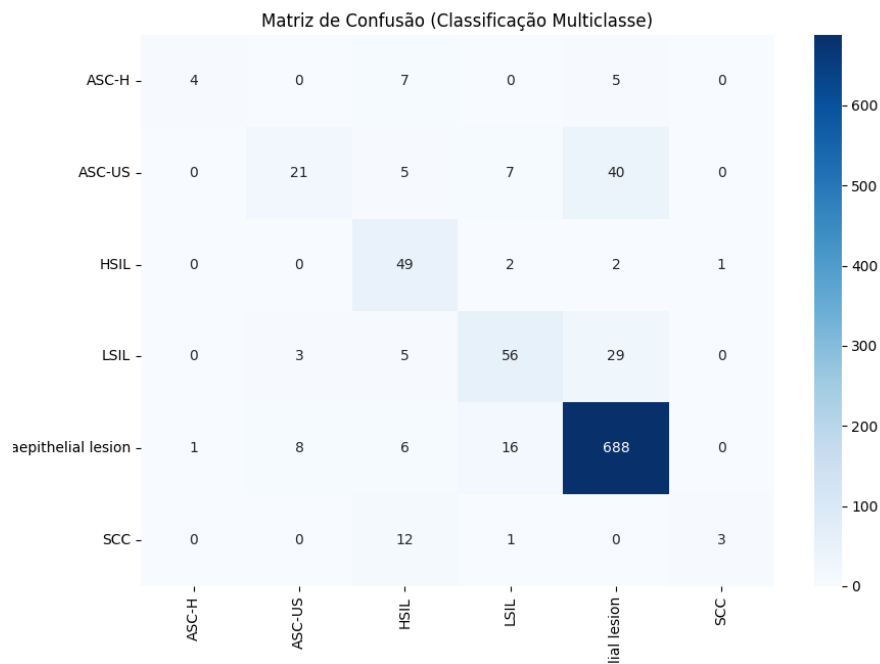


Figura 10. A imagem acima mostra a Matriz de Confusão do processo de Classificação Multiclasse das imagens.

7. Referências Bibliográficas

[Victória Matias et al. 2020]

Referências

Victória Matias, A., Cerentini, A., Buschetto Macarini, L. A., Atkinson Amorim, J. G., Perozzo Daltoé, F., and von Wangenheim, A. (2020). Segmentation, detection and classification of cell nuclei on oral cytology samples stained with papanicolaou. In *2020 IEEE 33rd International Symposium on Computer-Based Medical Systems (CBMS)*, pages 53–58.