Análise Aplicação Rede CNN ao problema Cifar-10

Previamente, todo o contacto estabelecido entre o autor e as redes convolucionais, focou-se na sua aplicação a problemas de teor unidimensional (utilização de convoluções 1D). Dessa forma e de modo a que fosse possível aumentar o “*know-how*”, foi aplicado o conceito de CNN também a problemas que exigissem a aplicação de convoluções 2D.

Para tal, foi considerada a aplicação deste tipo de redes a um típico problema de classificação de imagens. Aliás, este é considerado o âmbito mais abrangente, da sua aplicação. O problema escolhido, foi o conhecido *Cifar-10,* um dos problemas mais utilizados em contexto académico/aprendizagem. Este problema é também considerado uma *benchmark* de verificação da qualidade dos modelos aplicados, porque ao contrário de outros problemas como o MNIST, revela-se um problema mais complexo de resolver. Com isto, é expectável que o autor aumente o seu conhecimento quer na aplicação de redes CNN (aplicação de redes convolucionais 2D e ainda o estudo e aplicação de redes CNN já devidamente testadas e formuladas, como: *AlexNet* ou *VGGNet*), mas também na sua otimização.

De modo a reduzir a carga computacional e tempo exigido na execução e otimização dos modelos, foi considerada apenas a utilização de 4 das 10 classes do problema. As classes consideradas, foram: imagens de cães, gatos, cavalos e sapos. Foram escolhidas estas classes, ao invés, de outros devido ao facto de existir uma maior correlação entre estas (mesma família – animais), tornando assim o estudo mais realista.

Esta exigência levou a que fosse necessário, efetuar uma devida reformulação de todo o conjunto de dados. Isto é, é necessário limpar os vários conjuntos de dados, de treino e de teste, removendo assim as 6 classes do problema que não irão ser estudadas, definir código que permite a utilização de um nº predefinido de dados de treino e ainda de teste. Depois, foi ainda necessário reformular as *labels* de cada classe, de modo a que estivessem em conformidade com o *output* devolvido, da aplicação das redes convolucionais.

Finalmente, foi ainda necessário recorrer à aplicação de técnicas de transformação dos dados, como a aplicação de normalização aos dados do problema (treino e teste), de modo a que todos os *pixels* estejam definidos num espaço semelhante, permitindo assim que os gradientes calculados possam convergir mais rapidamente[1].

Depois, de aplicado todo este processo foi necessário proceder à aplicação de uma rede CNN que conseguisse dar resultados adequados à resolução deste problema. Decidi, efetuar um estudo da arte sobre algumas das redes mais utilizadas, em problemas de classificação de imagens (e não só, são vários as vertentes em que podem ser aplicadas), e constatei que existem várias redes muito utilizadas e que reúnem indicadores já claramente testados e validados, como por exemplo: redes *LeNet, AlexNet, VGGNet, GoogleNet* ou *ResNet*.

Dessa forma, decidi aplicar uma rede criada e formulada apenas “na minha perspetiva” de resolução do problema. E ainda decidi aplicar duas das redes indicadas no parágrafo anterior: *AlexNet* e *VGGNet*. Seguidamente, é mencionada uma pequena contextualização destas duas redes.

A primeira rede *Deep Leaning* criada já remonta ao ano de 1998, quando Yann Lecun, formulou a rede LeNet-5. Esta rede serviu como apoio a todas as redes que foram posteriormente criadas. A explicação do conceito de rede convolucional, geralmente é apoiada com a contextualização da sua abordagem. Isto é, *Lecun* formulou uma rede constituída por um conjunto intercalado de redes convolucionais e de camadas de *pooling,* ao todo 7 camadas. Sendo que, as primeiras camadas convolucionais são representadas por baixos valores de filtros e altos valores de *kernel.* À medida que se avança na rede existe uma inversão desta definição, isto é, existe um aumento do nº de filtros e uma redução do tamanho de *kernel* a aplicar. O principal objetivo desta abordagem, é utilizar as 1ª camadas convoluccionais para extrair *features* menos complexos, e nas camadas posteriormente, *features* mais complexas.

A rede *AlexNet,* foi a primeira rede aplicada após a rede criada por *LeCun,* cerca de 14 anos depois (2012). A sua formulação foi muito importante, pois foi graças a Alex Krizhevsky, Geoffrey Hinton, e Ilya Sutskever, que foi possível “reerguer” o conceito de *Deep Learning*. A sua arquitetura apresenta muitas semelhanças, quando comparada com a *LeNet,* como a utilização intercalada de redes convolucionais e de *pooling*,ouo aumento do nº de filtros e a redução do tamanho do *kernel* à medida que a profundidade da rede aumenta. Contudo, foram introduzidas algumas diferenças que foram importantes, na otimização dos modelos, como: a utilização da camada *Dropout*, que diminui a probabilidade dos modelos sofrerem de *overfitting,* a inclusão da função de ativação retificação linear (reLu), sendo esta hoje em dia um *standard,* ou até mesmo a introdução do conceito de *data augmentation,* que é um conceito muito importante que ajuda a melhorar o processo de aprendizagem dos modelos, recorrendo à introdução de novas imagens, que são iguais às já existentes, mas contendo apenas algumas diferenças, como a aplicação de rotações, aumento do brilho, etc.

Por último, a rede *VGGNet* foi uma rede introduzida dois anos após a criação da rede *AlexNet* (2014), por Simonyan e Zisserman. Ao contrário da rede *AlexNet,* que manteve a mesma estrutura da rede *LeNet,* esta rede trouxe uma arquitetura distinta das redes anteriores. Simonyan e Zisserman introduziram o conceito de *Stacked CNN.* Isto é, ao contrário das redes anteriores, não existe uma rede composta essencialmente por camadas convoluccionais sobrepostas por outras camadas (a *AlexNet* considera apenas numa 1ª parte). Para além disso, o tamanho do *kernel,* teve uma redução acentuada, sendo esse valor de 3\*3. Estas redes, são muito utilizadas quando se pretende recorrer à extração de *features,* devido ao seu elevado nº de filtros. Contudo, é necessário ter em consideração que o nº de parâmetros da rede é muito elevado, aumentando assim o poder computacional e o tempo necessário para a sua aplicação.

**Aplicação sem otimização da rede *AlexNet****:*

Inicialmente, e de modo a que fosse possível evidenciar o comportamento da rede na resolução deste problema, foi considerada a aplicação da rede sem recurso a qualquer mecanismo de otimização. Os valores referentes aos seus hiperparâmetros, foram identificados recorrendo à sua alteração manual, tentando assim ajustar estes valores, de uma forma manual. De salientar ainda, que foi necessário recorrer à utilização de valores baixos de *epochs* devido à exigência computacional e de tempo, na sua aplicação.

Dessa forma, foram considerados valores por *default,* para os filtros das camadas convolucionais e ainda para o nº de neurónios das *Dense Layers*. Nomeadamente, 96, 256 e 384 para as 4 camadas convolucionais aplicadas (384 para as 2 *Stacked*). Já o nº de neurónios definido para as três *Dense Layers* foi de 4096, 2048 e 1024 respetivamente. Já os valores de *kernel* e de *pool-size* seguiram os padrões, considerando apenas pequenas alterações. O nº de *epochs* considerado foi baixo, tal como já referido, sendo este de 50 *epochs*.

Relativamente aos resultados obtidos, foi possível comprovar que ao fim de 50 *epochs,* o modelo ainda estava a sofrer de *underfitting*, visto que a *accuracy* de treino ainda rondava os 75%, estando assim ainda longe dos expectáveis 100%. Dessa forma, importa salientar que o modelo necessitaria de ser submetido a mais treino, de modo a que o mesmo conseguisse aprender corretamente os dados, para que depois o *predict* fosse condizente com a aprendizagem aferida pelo modelo.

Na Figura 1, é possível visualizar os resultados obtidos ao fim das 50 *epochs*.



Figura 1 - Resultado obtido considerando 50 Epochs

É possível visualizar que ao fim das 50 *epochs,* o *loss* relativo ao treino e à fase de validação são muito próximos, revelando-se assim um bom indicador. Isto é, significa que o modelo não está a sofrer de *overfitting*.

Para além disso foi ainda considerada a aplicação de um modelo considerando 100 *Epochs,* sendo que neste exemplo foi efetuada uma análise ao comportamento da variação do *loss* e da *accuracy,* entre o treino e a validação. Da aplicação do modelo resultaram os seguintes gráficos, no final das 100 *epochs.*

Da análise a ambos os gráficos é possível comprovar que até às 60 *epochs,* o modelo têm um comportamento adequado, isto é não existe *overfitting.* A partir das 60 *epochs*, a validação começa a estagnar deixando de existir evolução, não fazendo assim sentido continuar a execução do modelo. Relativamente, aos resultados obtidos, a *accuracy* de treino no fim das 100 *epochs* foi de 79%, enquanto que a de validação foi de 76,9%.

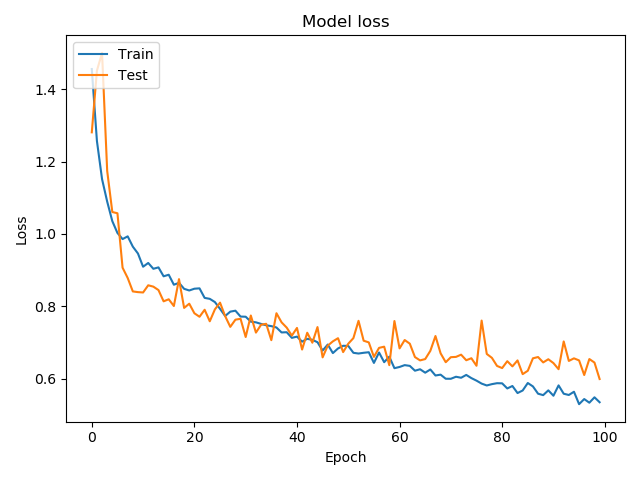


Figura 2 – Variação da loss entre Treino e Validação

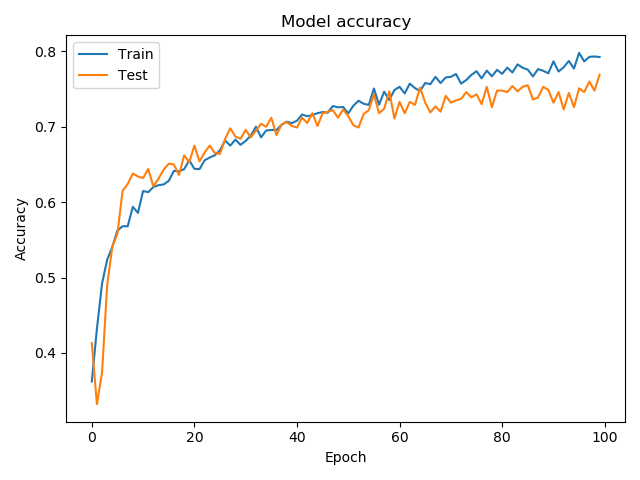


Figura 3 - Variação da accuracy entre Treino e Validação

**Aplicação do PSO, como otimizador da rede**:

Seguidamente, decidi utilizar o algoritmo *Particle Swarm Optimization,* de modo a que fosse possível identificar os melhores valores para alguns dos hiperparâmetros do modelo. Para tal, decidi recorrer à otimização do nº de filtros das várias camadas que compõem a rede CNN, e ainda a otimização do nº de neurónios das *Full-Connected-Layers* utilizadas. Para além destes hiperparâmetros, é habitual a otimização de mais parâmetros, tais como: *batch size*, o valor do *learning rate* relativo ao otimizador utilizado, ou ainda a função de ativação utilizada nas várias camadas da rede. As referências [2] e [3] exemplificam a abordagem utilizada, e os híper-parâmetros da rede, que normalmente são considerados no processo de otimização. **De realçar, que da pesquisa realizada, os algoritmos de otimização são utilizados para identificar valores mais adequados para uma determinada rede, e não para determinar qual a rede mais apropriada para a resolução de um problema**.

Sendo assim, foi aplicado o PSO na tentativa de identificar os valores mais adequados para os parâmetros referidos no parágrafo anterior. Na sua aplicação foram apenas consideradas 15 partículas, 2 iterações e 5 *epochs*, visto que o poder computacional e tempo exigido na sua execução são elevados. A Figura 4 demonstra os valores inerentes ao nº de filtros de cada camada convolucional (3 primeiros valores) e restantes dois valores representam o nº de neurónios para as duas *Dense Layers* utilizadas.



Figura 4 - Resultado obtido considerando aplicando PSO - 15 Partículas, 2 Iterações e 5 Epochs

De modo a comprovar os resultados obtidos com a aplicação do PSO, foi aplicado o modelo considerando os valores indicados pelo PSO. De realçar que não é expectável a introdução de melhorias muito significativas, ou até nenhumas, visto que o algoritmo foi aplicado considerando um baixo nº de partículas e de iterações, reduzindo assim a viabilidade dos resultados obtidos.

Já recorrendo à aplicação de um nº mais elevado de iterações (5 iterações) e um maior nº de *epochs* (10 *epochs),* foi obtido um custo final de 5.35, considerando a topologia *Global Best*. A Figura 5 demonstra os resultados obtidos.



Figura 5 – Custo e posição obtidas, após aplicação do PSO

Foi ainda, definida uma rede CNN constituída pelos valores identificados pelo PSO, na tentativa de aferir os resultados obtidos. Os resultados obtidos foram muito prometedores ao fim de 30 *epochs*. Através das Figuras 6 e 7 é possível perceber que o modelo apresenta uma variação adequada quer do custo, quer da *accuracy*,em ambas as fases de treino e de validação. Até ao momento, o modelo não revela sinais de *overfitting* ou de *underfitting,* demonstrando uma queda gradual de ambas as variáveis, e a diferença de valores entre ambas as fases é idêntica, revelando assim uma “boa” capacidade de aprendizagem e de generalização.

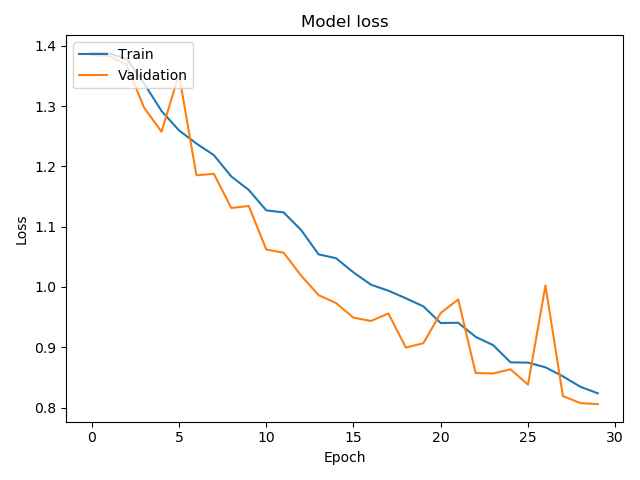


Figura 6 - Variação do Custo

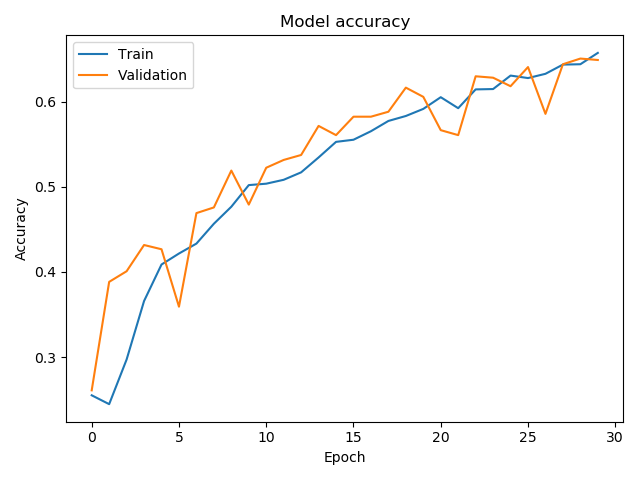


Figura 7 - Variação da accuracy

**Aplicação do *Genetic Algorithm****:*

Para além da aplicação do PSO, foi ainda aplicado outro algoritmo evolucionário, neste caso o *Genetic Algorithm*. De realçar que foi considerada a aplicação da biblioteca DEAP. Da pesquisa realizada, o autor chegou à conclusão que esta biblioteca é aquela que proporciona maior flexibilidade ao utilizador, apesar de requerer uma maior complexidade a nível de código.

O processo de aplicação do GA envolve uma série de passos iniciais que são necessários, e que necessitam de ser devidamente ponderados. É necessário determinar como é que a solução deve ser representada. Neste caso foi considerada a sua representação recorrendo ao formato de um *array* binário. Onde o seu tamanho é determinado considerando uma divisão do *array*, pelos vários parâmetros a otimizar. Isto é, caso pretenda otimizar dois parâmetros, sendo que o primeiro pode ser representado por 64 valores e o 2º por 16, então o array tem tamanho = 10. Os 6 1º *bits* são referentes ao 1º parâmetro a otimizar e os 4 restantes *bits* ao 2º parâmetro a ser otimizado. A Figura 8 descreve a abordagem utilizada.



Figura 8 – Representação da Solução

No problema a resolver foi considerada a utilização de um *bit* de tamanho x. Sendo que o nº de filtros relativos às redes convolucionais, são representados respetivamente pelos 6 primeiros dígitos, 7 dígitos seguintes, e 8 dígitos seguintes. Já o nº de neurónios, presente em cada *Dense Layer* é representado respetivamente pelos 8 e 6 dígitos. No total a representação da solução incorpora um total de 35 dígitos (6+7+8+8+6).

Para além disso, foi necessário prestar ainda atenção a dois pontos fulcrais dos Algoritmos Genéticos, isto é, o operador de mutação e de *crossover*. Relativamente, ao operador de mutação, foi considerado a mutação aleatória de índices de uma solução, com uma probabilidade de 0.2. Já na operação de *crossover,* foi considerada a opção de *crossover* ordenado, com uma probabilidade de 0.4.

Posteriormente, foi aplicado o algoritmo, sendo que para tal foram considerados valores baixos da população e do nº de gerações, devido ao poder computacional e tempo exigidos, na sua aplicação. Dessa forma foi considerada uma população igual a 10 e um nº de gerações igual a 5. A aplicação do GA indicou que o nº ideal de filtros para as camadas convolucionais da rede são respetivamente: 57, 114 e 195. Já o nº ideal de neurónios, é respetivamente: 195 e 33.

De modo a confirmar, o comportamento do modelo quando exposta a estes valores, seguidamente procedeu-se à execução do modelo, considerando os valores referidos atrás.

As Figuras 9 e 10 demonstram respetivamente a variação do custo entre o treino e a validação, e ainda a variação da *accuracy* entre ambas as fases.

Da análise a ambas as Figuras é possível concluir que os resultados obtidos foram interessantes, visto que quer o custo quer a *accuracy* em ambas as fases, encontram-se próximas entre si. Ao fim das 30 *epochs* é possível verificar que o modelo ainda está longe de apresentar a aprendizagem concluída, estando a mesma ainda próxima dos 65%. É expectável que a *accuracy*,à medida que as *epochs* vão avançando, que acompanhe a *accuracy* de treino. Importa ainda referir que o GA foi aplicado considerando nº baixos de população, gerações e de *epochs,* caso estes valores fossem mais elevados e condizentes com o problema, era expectável que os resultados obtidos, fossem ainda melhores.

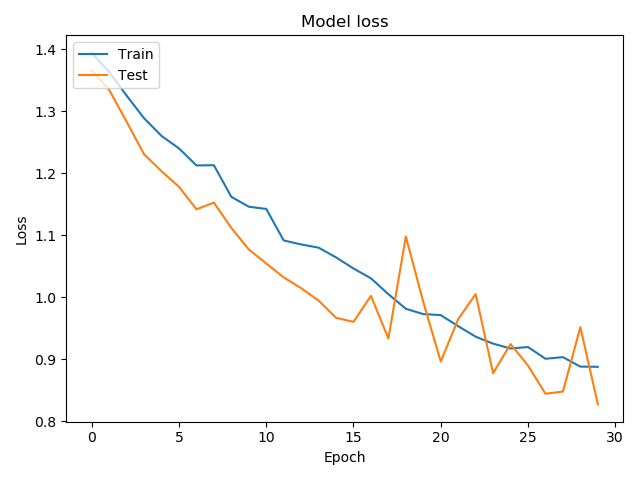


Figura 9 – Variação do custo, na Fase de Treino e de Validação

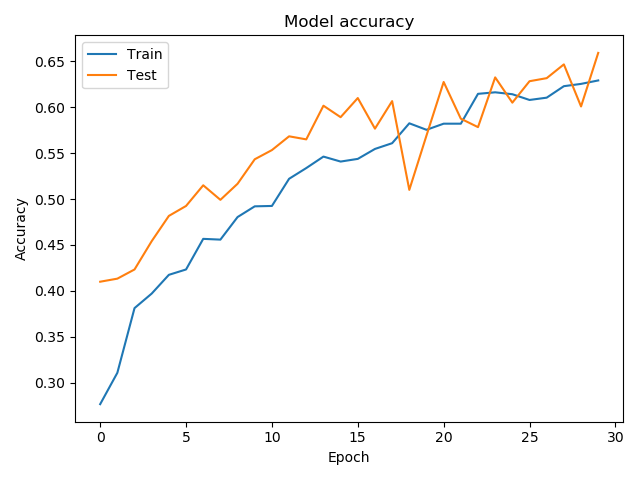


Figura 10 – Variação da accuracy, na Fase de Treino e de Validação

**Aplicação de Rede CNN ao problema *Breast Cancer***:

Considerando o *dataset* utilizado há uns meses, na tentativa de recorrer a técnicas de *feature selection,* na ajuda do estudo e da classificação de um problema de análise da expressão de genes, o mesmo *dataset (Breast Cancer)* foi utilizado e testado recorrendo à aplicação de redes convolucionais.

De salientar, que o *dataset* inicial é composto por 24 amostras (10 casos com doença e 14 sem doença), e ainda é composto por 9670 atributos, neste caso genes. Da aplicação das técnicas de *feature selection, K-Means* e *Binary Particle Swarm Optimization*, o *dataset* foi reduzido para 21 *features.*

Com o *dataset* já devidamente pré-processado e limpo (redução de *features)* foi aplicado um modelo, o SVM, de modo a comprovar se as técnicas de *feature selection,* promoveram vantagens ou não, confirmando com os resultados obtidos. Os resultados foram muito satisfatórios, estando os mesmos compreendidos na gama dos 83% (*accuracy, prediction, recall)*.

Considerando o *dataset* já devidamente reduzido, e de modo a comprovar a utilidade da aplicação das redes convolucionais a este tipo de problemas, foi considerada a sua aplicação a este problema.

Para tal e segundo o estudo efetuado previamente, irão ser consideradas duas abordagens na resolução deste problema: (1) aplicação de uma rede convolucional 1D e (2) aplicação de uma rede 2D.

Seguidamente, segue-se a descrição dos resultados obtidos recorrendo às duas abordagens mencionadas.

**Rede CNN-1D**:

Antes de proceder à criação e execução da rede convolucional, é necessário preparar o *dataset*. Uma vez que é irão ser utilizadas camadas convolucionais 1D, é necessário perceber que tipo de dependências podem existir no *dataset* – as conhecidas *Time Series*.

Relativamente, às amostras sabemos de antemão que não existe qualquer tipo de dependência entre estas, visto que correspondem a pessoas distintas, não existem “leituras” em espaços de tempo distintos para a mesma pessoa. Relativamente, aos genes pode ou não existir uma dependência entre estes. Sendo assim, é importante garantir que o *kernel* de uma rede convolucional, apenas analisa uma amostra de cada vez, e não uma dependência entre estas.

Seguidamente, é necessário recorrer à transformação do *shape* dos *dataset*, isto é, deve ser considerado o *shape* indicado pela documentação *Keras (samples, time steps, features)*.

Finalmente, e após estarem devidamente definidos os dados de treino e de teste do problema, é necessário realizar a operação de *hot-encoding* dos *targets,* associados aos dados de treino e de teste do problema. De modo, a que estejam em conformidade com o resultado retornado pela função *softmax* (função de ativação da última *Full Connected Layer)*.

A rede criada tem necessariamente de ser muito simples, devido ao facto do *kernel* aplicado apresentar uma largura igual ao nº de atributos do *dataset*. Esta abordagem foi considerada, porque neste tipo de problemas faz mais sentido a análise completa de uma amostra, e não a análise faseada de uma amostra. Sendo assim, foi apenas aplicada uma camada CNN, pois o *output* da sua aplicação é reduzido um *shape* igual a (nº de *samples*, 1). Não fazendo dessa forma sentido aplicar camadas convolucionais subsequentes constituídas por um *kernel* de (1,1). Por outro lado, também não faz sentido aplicar camadas de *pooling,* visto que o retorno da aplicação do *kernel* na camada convolucional retorna um único valor para cada amostra.

Da aplicação de uma rede CNN ao *dataset* reduzido foi possível comprovar os resultados já esperados, isto é, resultados próximos dos resultados obtidos da aplicação do modelo *SVM* após a obtenção do *dataset* reduzido. Os resultados obtidos considerando uma divisão dos dados de: 70%, 15% e 15%, respetivamente para as fases de treino, validação e de teste, permite a obtenção final, de 100% e de 0.28 respetivamente para a *accuracy* e custo de treino.

Depois, foi ainda considerada a aplicação do modelo (ajustado), não considerando a redução do *dataset,* ou seja, o *dataset* considerando corresponde ao *dataset* original do problema, constituído por 24 amostras e 9470 *features*.

Dada a maior complexidade do problema, é necessário aumentar a complexidade do modelo, de modo a que exista uma maior probabilidade de o modelo aprender corretamente os dados. Contudo, não é possível aumentar a complexidade do problema, recorrendo à adição de mais camadas convolucionais, ou à adição de camadas de *pooling,* dado ao facto já descrito atrás, impedindo assim o aumento da complexidade do problema dessa forma. A única forma de aumentar a complexidade do problema passa pela adição de mais filtro na camada convoluciona, ou no aumento do nº de neurónios das *Dense Layers.*

Os resultados obtidos com a aplicação do modelo, em torno do *dataset* original, retornaram bons indicadores, nomeadamente uma *accuracy* final de 100% (considerando 5 amostras para teste, 3 validação e 16 para treino).

As Figuras 11 e 12 demonstram respetivamente a *accuracy* e custo obtido e ainda a variação do custo ao longo das *epochs*.

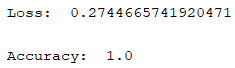


Figura 11 – Resultados obtidos



Figura 12 - Variação do custo ao longo das epochs

**Rede CNN-2D**:

Após a aplicação e descrição dos resultados obtidos, quando aplicada uma rede CNN-1D ao problema, posteriormente e tal como fora referido atrás, foi ainda aplicada uma rede CNN-2D ao problema.

A abordagem aplicada no exemplo anterior, aplica-se de igual forma a este exemplo, sendo que a única diferença, está subjacente ao formato dos dados de entrada, e ainda nos *kernels* das camadas convolucionais, que consideram uma matriz bidimensional, na filtragem dos dados (daí a utilização de uma CNN-2D).

A aplicação de uma rede convolucional 2D, revela algumas vantagens comparativamente à aplicação de uma rede CNN-1D. Visto que, permite ao utilizador a criação de arquiteturas mais complexas e flexíveis, algo que as camadas convolucionais 1D, não permitem. Para além disso, e considerando este tipo de problema em específico, de expressão de genes, torna-se vantajosa a tentativa de identificação de “genes marcadores”.

Neste processo, normalmente recorre-se à ordenação dos genes, considerando os genes que apresentam uma maior dependência entre si, de modo a que o *kernel* consiga identificar zonas que promovam, a identificação de padrões que ajudem o modelo a aprender os dados de uma forma mais correta. Geralmente uma das abordagens consideradas para a ordenação dos genes consiste na disposição destes, de acordo com a ordem posicional dos seus cromossomas[5]. No exemplo criado, foi considerada a ordem posicional dos genes, que fora fornecida inicialmente no *dataset*.

As Figuras 13 e 14 demonstram respetivamente os resultados obtidos e ainda a variação do custo ao longo das *epochs*.

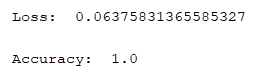


Figura – Custo e Accuracy obtidos

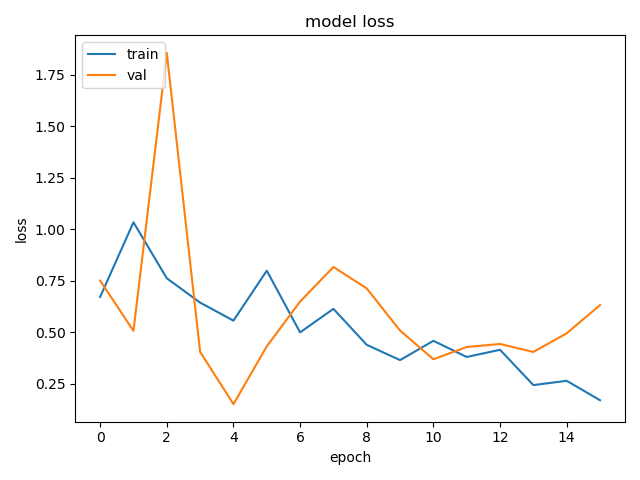


Figura – Variação do custo ao longo das epochs

Referências:

[1] <https://medium.com/@urvashilluniya/why-data-normalization-is-necessary-for-machine-learning-models-681b65a05029>

[2] <https://www.researchgate.net/publication/321823631_A_Particle_Swarm_Optimization-based_Flexible_Convolutional_Auto-Encoder_for_Image_Classification>

[3] <https://arxiv.org/ftp/arxiv/papers/2001/2001.05670.pdf>

[4] <https://www.biorxiv.org/content/biorxiv/early/2018/07/11/364323.full.pdf>

[5] <https://arxiv.org/ftp/arxiv/papers/1906/1906.07794.pdf>

**Convolutional neural network models for cancer type prediction based on gene expression[5]:**

**Dataset**: RNA-Seq do TCGA

**Feature Selection**: 𝑙𝑜𝑔2 (𝐹𝑃𝐾𝑀 + 1), onde FPKM é o nº de fragmentos por kilobase por milhões de leituras; Genes com baixo mean < 0.5 or st. dev. < 0.8, foram eliminados; Eliminando assim features que representam pouca informação, ou ruído; No total sobraram ainda 7100 genes; O artigo [9] salienta outra abordagem utilizada no processo de *feature selecion,* mas que não se revela tão fácil de entender;

**Ordenação dos Genes**: É importante ordenar corretamente os genes, de acordo com as suas correlações. Um dos métodos muito conhecidos é a ordenação pela posição dos seus cromossomas; O estudo realizado em [4] também evidenciou a importância da ordenação dos genes, de acordo com o nº do cromossoma, visto que cromossomas adjacentes apresentam uma maior probabilidade de “interagirem” entre si;

**O estudo realizado em [5] refere que contrariamente aos problemas de classificação de imagens, que normalmente requerem redes CNN mais profundas, problemas relacionados com a predição biomédica revelam melhores resultados, quando são aplicadas camadas CNN mais simples;**

Relativamente à representação das redes CNN, para resolução destes problemas, são várias as abordagens que podem ser utilizadas. Como por exemplo, recorrer à utilização de redes convolucionais 1D, sendo que o modelo recebe como *input* um vetor, que contém a expressão dos genes que compõem o problema. Estas redes são muito utilizadas na resolução de problemas, que envolvam alguma dependência entre as *features (features* próximas). Caso, não exista uma correlação entre as *features* do problema, normalmente o valor do *stride* é igual ao tamanho do *kernel.* Dessa forma, é capturada apenas a informação global, inserida no *kernel,* e não se avaliam dependências entre as *features*;

Outra das abordagens mais comuns para a resolução do problema consiste na transformação do *input,* de um espaço unidimensional (vetor) para um espaço 2D. Os estudos [4] e [5] demonstram exemplos desta abordagem;

Por último, outra das abordagens que pode ser utilizada na resolução deste problema, incide na aplicação “customizada”, de ambas as técnicas descritas anteriormente. Ou seja, é considerada a utilização de um *input 2D,* mas ao invés de ser utilizado um *kernel 2D* na filtragem convoluvional, recorre-se à utilização de um *kernel* 1D. Esta abordagem, em contextos específicos permite uma identificação mais rigorosa de características/padrões nos dados de entrada;

Estudo muito interessante <https://jcheminf.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13321-019-0364-5> --> recorre à utilização de AlexNet, Resnet, VGGNet 🡪 na resolução de um problema inserido no mesmo âmbito;

Gene Expression Dataset’s 🡪 Time Series:

[1] <https://www.cs.cmu.edu/~jernst/st/>

[2] <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GSE124824>:   
RNA-seq in 247 B-lineage ALL

[3] <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15718313> --> Dataset já utilizado: *Breast Cancer*

[4] <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/17999412> --> <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GSE5847> : Tumor and stroma from breast by LCM

[5] <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GSE14426> 🡪 Pancreatic Cancer

[6] <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi> --> Colon Cancer

[7] <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GSE5462> 🡪 Breast Cancer

[8] <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi> --> Alzheimer poucas amostras

[9] <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=gse48046> : Gene expression analysis of Early immature and Late mature T-ALL cell lines

[10] <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/GDSbrowser?acc=GDS4794> 🡪 Small cell lung cancers

[10] <https://hgserver1.amc.nl/cgi-bin/r2/main.cgi>

Classificação de Imagens Biomédicas:

[1] <http://www.eng.usf.edu/cvprg/Mammography/Database.html>

[2] <https://warwick.ac.uk/fac/sci/dcs/research/tia/data/crchistolabelednucleihe/>

[3] <https://github.com/sfikas/medical-imaging-datasets>

- DermNet - Skin disease atlas (23 image classes and 23,000 images);

- <https://www.kaggle.com/c/intel-mobileodt-cervical-cancer-screening/data>;

-<http://www.ia.unc.edu/MSseg/;> 🡪 Challenge

[4] <https://github.com/beamandrew/medical-data>

- Isic Archive - Melanoma;

- INbreast – São João (Hospital Mamografia); - <http://medicalresearch.inescporto.pt/breastresearch/index.php/Get_INbreast_Database>;

- UCI Dataset’s: Parkinson, Tiroide, etc;

[5] <https://wiki.cancerimagingarchive.net/display/Public/CBIS-DDSM> ou parcelar --> <http://www.eng.usf.edu/cvprg/Mammography/Database.html>

[6] <https://wiki.cancerimagingarchive.net/display/Public/Wiki>

[7] <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GSE30> 🡪 Multiplex three dimensional brain gene expression mapping in a mouse model of Parkinson's disease