

# Diagnóstico de câncer mieloma por meio de um sistema computer-aided diagnosis baseado em redes neurais artificiais em dispositivos microscópicos

Lucas Gargalhone Antunes Corrêa <sup>1</sup>

Gustavo Scalabrini Sampaio <sup>1</sup>

<sup>1</sup>Faculdade de Computação e Informática (FCI)

Universidade Presbiteriana Mackenzie São Paulo, SP – Brasil

<sup>2</sup>Programa de graduação em Sistemas de Informação

Faculdade de Computação e Informática (FCI)

Universidade Presbiteriana Mackenzie São Paulo, SP – Brasil

<lucasgargalhone@mackenzista.com.br>

<gustavo.sampaio@mackenzie.br>

2025

Resumo. Câncer é a principal causa de mortes em todo o mundo. A dificuldade de identificar a doença é um dos principais fatores que leva a esse desfecho. Entretanto com os avanço dos algoritmos de visão computacional, a classificação automatizada de doenças através desses algoritmos tem se mostrado muito positiva. Assim, o presente projeto tem como objetivo o desenvolvimento de um sistema de diagnóstico assistido por computador para o auxílio na detecção precoce de câncer, com enfoque em aplicações baseadas em inteligência artificial e análise de imagens médicas. O objetivo principal é propor e implementar um pipeline de aprendizado de máquina que integre técnicas de pré-processamento, engenharia de características e modelos de aprendizado profundo para a identificação e classificação de anomalias em imagens microscópicas, visando aumentar a precisão diagnóstica e reduzir a variabilidade entre especialistas.

Palavras-chave: CAD, Neural Networks, CAD Microscopy, CNN, CAD intravital

**Abstract.** Cancer is the leading cause of deaths worldwide. The difficulty in identifying the disease is one of the main factors that leads to this outcome. However, with advances in computer vision algorithms, the automated classification of diseases through these algorithms has proven to be very positive. Thus, the present project aims to develop a computer-assisted diagnosis system to aid in the early detection of cancer, focusing on applications based on artificial intelligence and medical image analysis. The main objective is to propose and implement a machine learning pipeline that integrates pre-processing techniques, feature engineering and deep learning models for the identification and classification of anomalies in microscopic images, aiming to increase diagnostic accuracy and reduce variability between experts.

**Keywords:** CAD, Neural Networks, CAD Microscopy, CNN, CAD intravital

## 1 Introdução

Nos últimos anos, as aplicações da tecnologia na área da saúde tiveram um grande crescimento, marcadas por inovações relevantes que contribuíram para o tratamento clínico de diversas doenças. Hoje em dia vemos essa relação cada vez mais próxima, representada pelo desenvolvimento desde plataformas de atendimento remoto (telemedicina), dispositivos vestíveis como sensores biométricos até sistemas de diagnóstico guiado por computador (computer aided diagnosis (CAD)). Os sistemas CAD são sistemas que tem a intenção de auxiliar no diagnóstico clínico, estes sistemas podem ser compostos de diferentes técnicas da computação. Pesquisas recentes, como o trabalho de Brinker et al. (2019), apontam que uma das técnicas que tem mostrado resultados relevantes para os sistemas CAD é o uso de Inteligência Artificial (IA), um campo da computação que tem a intenção de replicar a inteligência humana.

Mesmo com os avanços tecnológicos na saúde, o câncer ainda é uma das causas mais comuns de morte em todo o mundo, causando por volta de 10 milhões de mortes em 2021 (Global Burden of Disease, 2024). Essa doença é causada por células desviantes, incapazes de formar estruturas funcionais estáveis, que se multiplicam anarquicamente e invadem o organismo (FLOOR et al., 2012). Sendo que, a maioria dos casos de morte em tratamentos de câncer está relacionado com a metástase, o processo pelo qual a célula cancerígena escapa do tumor primário e entra na corrente sanguínea, a fim de se disseminarem para outros lugares secundários por no corpo (THAM; ABASTADO, 2011). De acordo com o Instituto Nacional de Câncer (INCA) (2023), a estimativa de ocorrência de novos casos de câncer até 2030, no Brasil são de mais de 25 milhões de casos. Diante disso, os sistemas de diagnóstico automatizado desempenham um papel importante para o aumento da eficiência no diagnóstico da doença, além de promover maior agilidade operacional, principalmente em ambientes onde há escassez de profissionais da área da saúde e a espera por atendimento é longa.

A ocorrência de metástase no sistema linfático é muito comum em alguns tipos de câncer, como o câncer colorretal e câncer de estômago (SANO; KOBORI; MUTO, 1992). Atualmente, as estratégias para lidar com a metástase envolvem radioterapia e ectomia ou amputação cirúrgica. Para compensar as taxas de mortalidade associadas à doença metastática, é fundamental combater os pequenos tumores antes que estes se transformem em malignidade irrestrita e/ou progridam ainda mais (DAS et al., 2020). Para isso, o diagnóstico e tratamento precoce são os fatores principais e se tornam ainda mais essenciais.

Shaw (2000) diz que para um paciente com câncer, deve ser dado peso igual ao tratamento das lesões tumorais primárias e da metástase, mas a supressão da metástase é mais árdua.

No contexto de diagnóstico clínico, a análise de exames de imagem da área lesionada é muito comum, sob o mesmo ponto de vista, há uma subárea da IA que tem como objetivo explorar algoritmos de modo a emular a visão humana nos computadores, incluindo o aprendizado e a capacidade de fazer inferências e agir com base em informações visuais, essa subárea é denominada Visão Computacional. Outro domínio que age em conjunto com a Visão Computacional é o Processamento Digital de Imagens, que geralmente está atribuído no estudo e aplicação de técnicas de mais baixo nível, como o realce de contraste e aguçamento de imagens (GONZALEZ; WOODS, 2008).

O presente projeto tem como objetivo conduzir um estudo motivado pelo alto número de pacientes afetados pelo câncer, pelas dificuldades de acompanhamento da metástase, e também oportunidades de utilização de dados de dispositivos microscópicos, para desenvolver um sistema CAD, baseado em um modelo de IA utilizando técnicas de visão computacional, processamento digital de imagens e dados clínicos para diagnóstico de câncer. Este trabalho dará início ao desenvolvimento de um sistema CAD, responsável pela análise unicelular do comportamento de células cancerígenas afim de prever comportamento metastático utilizando imagens e dados clínicos públicos de dispositivos microscópicos. Essa característica é um dos pontos chaves do estudo, já que atualmente essa combinação de dados não está presente em pesquisas anteriores, almejando assim atingir resultados superiores e mais consistentes para esse público. Para atingir essa meta serão trabalhados os seguintes objetivos específicos:

- Definir e coletar as bases para o treinamento do modelo;
- Definir a arquitetura e treinar um modelo de IA para a classificação de metástase em células cancerígenas usando imagens microscópicas;
- Validar os resultados de desempenho do modelo treinado;
- Definir a arquitetura e treinar um modelo de IA para a classificação usando os dados clínicos, que também devem compor o resultado da classificação das imagens;
- Validar os resultados de desempenho do modelo de dados clínicos;
- Analisar o ganho de desempenho com a combinação de imagens e dados clínicos;
- Construir uma pipeline integrando os dois modelos;
- Analisar a viabilidade técnica de aplicação do método proposto em um produto real.

A implementação do sistema CAD proposto promoverá maior democratização ao acesso a diagnósticos de alta precisão, principalmente em regiões com escassez de profissionais. Com isso, também contribuirá para maior eficiência operacional e irá favorecer o diagnóstico precoce da doença, sendo ponto inicial para a melhora de chances de sobrevivência e melhora na qualidade de vida do paciente. Para a indústria da saúde, o sistema tem potencial de aumentar a precisão dos diagnósticos e chances de detectar estágios recentes da doença, por meio de características não observáveis a olho nu, logo, minimizando possíveis riscos de falhas humanas. A fim de validar os resultados obtidos, esse trabalho também propõe implementar um protótipo de um sistema web que embarca o modelo e permite a interação de um usuário com esse agente.

Para a apresentação do trabalho, este documento foi estruturado da seguinte forma. A seção 2, o referencial teórico, contém os levantamentos, especificações e revisões de outros trabalhos propostos na área, com ênfase nos modelos de diagnóstico por imagem e algoritmos de aprendizado de máquina. Na seção 3, são descritos os materiais e métodos utilizados, incluindo a coleta de dados, as técnicas de pré-processamento das imagens e o desenvolvimento do modelo proposto. A seção 4 estabelece o cronograma do trabalho, detalhando as etapas realizadas e as previstas para futuras implementações e validações.

## 2 Referencial teórico

Esta seção explora os fundamentos que sustentam o desenvolvimento de um sistema médico distribuído de alta disponibilidade. Para contextualizar a proposta, serão abordados conceitos fundamentais sobre imagens microscópicas, o papel das redes neurais convolucionais na análise visual, a técnica de segmentação de imagens e uma revisão de trabalhos relacionados na área de sistemas CAD para análise de imagens médicas.

O avanço na criação dos algoritmos usados nos sistemas CAD tem sido enriquecido por contribuições de múltiplos campos do conhecimento, incluindo a filosofia, matemática, economia, neurociência, psicologia, engenharia da computação, linguística, teoria do controle e cibernética, destacando o caráter interdisciplinar que caracteriza o campo da IA. Segundo (RUSSELL; NORVIG, 2009), a Inteligência Artificial é um campo da computação que se dedica ao desenvolvimento de agentes inteligentes, máquinas com aparente capacidade de raciocínio semelhante ao humano. Logo, a inteligência artificial, também envolve o treinamento desses agentes inteligentes. A subárea da IA que é responsável por explorar os algoritmos para o desenvolvimento desses agentes se chama aprendizado de máquina.

Nesse campo de estudo, existem três abordagens distintas de aprendizados, o aprendizado supervisionado, onde o agente reconhece padrões mesmo sem ter recebido valores de saída explícitos; aprendizado por reforço, no qual o sistema aprende a partir de diversos estímulos, que funcionam como sinais para as decisões do agente, sejam estes negativos em caso de uma predição incorreta, ou positivos no caso de uma boa decisão; e por último, o aprendizado supervisionado, esse tipo de aprendizado é muito popular no treinamento das redes neurais convolucionais; nessa técnica de aprendizado, o agente recebe os dados de entrada e saída, e ao decorrer das iterações a IA aprende a função que mapeia a entrada com a saída (HAYKIN, 2009).

A aplicação de algoritmos de aprendizado de máquina terá um impacto significativo neste estudo, permitindo que a rede reconheça os padrões e segmente a região das células. Será enfatizado a aplicação de uma categoria específica de algoritmos denominado aprendizado profundo (Deep learning (DL)), esse campo de estudo compreende uma vasta família de técnicas de aprendizado de máquina, nas quais as hipóteses são representadas por circuitos algébricos de elevada complexidade, com parâmetros de conexão ajustáveis. O termo ‘profundo’ refere-se ao fato de que esses sistemas geralmente estão organizados em camadas (RUSSELL; NORVIG, 2009). Esses circuitos conectados são conhecidos como redes neurais artificiais e são compostos por interconexões de um modelo matemático chamado *perceptron*, que por sua vez tem seu funcionamento inspirado pelo neurônio humano.

O perceptron, demonstrado na Figura 1, foi inicialmente proposto por Frank Rosenblatt em 1957 como um classificador linear inspirado em neurônios biológicos, é uma unidade de processamento que recebe entradas  $x$  ponderadas pelos pesos  $w$ , essa operação

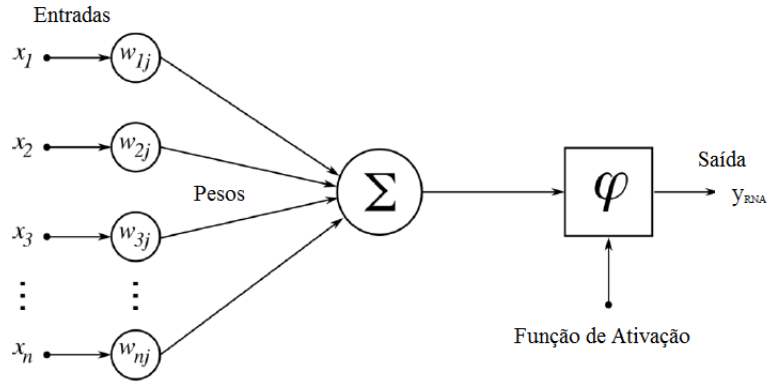


Figura 1 – Exemplo do modelo perceptron (MARTINIANO et al., 2016).

inicial pode ser representada como

$$z = \sum_{i=1}^n w_i x_i . \quad (1)$$

Posteriormente, a rede processa essas entradas por meio de uma função de ativação, a função de ativação tem a responsabilidade de amplificar o aprendizado do sistema, visto que por meio dessa função o neurônio será ativado ou não. A função de ativação aplica uma transformação não linear a saída da primeira operação  $z$ , que é representada no final por  $\sigma = f(z + b)$ , sendo  $b$  um termo de viés. Durante o treinamento, o perceptron ajusta seus pesos  $w_i$  com base no erro entre a previsão e o valor esperado. A regra de aprendizado é dada pela fórmula

$$w_i = w_i + \Delta w_i \quad (2)$$

em que  $\Delta w_i = \eta(y_{esperado} - y_{previsto})$ , sendo  $\eta$  o valor da taxa de aprendizado, que controla a magnitude da atualização dos pesos. Esse ajuste permite que ao decorrer das iterações o perceptron modifique suas conexões para melhorar seu desempenho em tarefas de classificação (HAYKIN, 2009). De maneira isolada, o perceptron possui a limitação de resolver apenas problemas linearmente separáveis, já a combinação de múltiplos perceptrons em camadas, conhecida como *Multi Layer Perceptron* (MLP), permite que esse modelo aproxime funções não lineares complexas.

Para Haykin (2009), o MLP é um modelo baseado em aprendizado supervisionado, onde o objetivo é minimizar o erro na camada de saída. O MLP representa uma extensão do perceptron, cada camada do MLP realiza uma transformação não linear dos dados, assim, permite a captura de interações complexas entre as camadas. Exemplificado na figura 2, as redes MLP são divididas em três partes: A camada de entrada, que possui a responsabilidade de receber os dados iniciais; as camadas intermediárias ou camadas ocultas (*hidden layers*), que processam essas informações; e a camada de saída, onde é gerado os valores de saída da rede. Para atingir o objetivo de minimizar o erro, o sistema utiliza um algoritmo de retropropagação (*backpropagation*) que foi proposto por Rumelhart, Hinton e Williams (1986). Esse algoritmo tem por objetivo ajustar os pesos ao longo das camadas, propagando o erro da camada de saída até as camadas intermediárias. Esse algoritmo utiliza a regra da cadeia para calcular o gradiente do erro em relação a cada

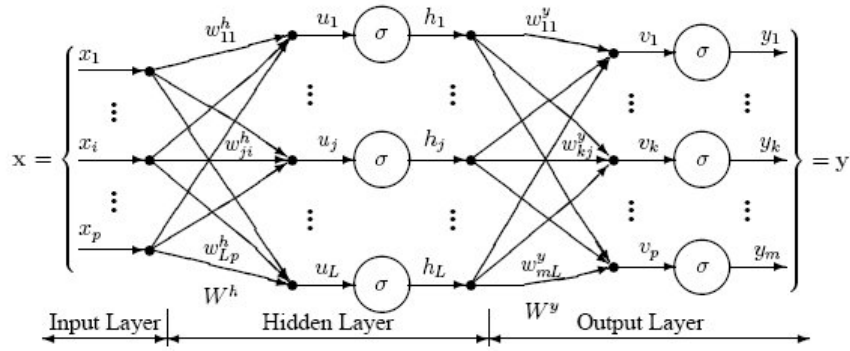


Figura 2 – Exemplo do modelo *multi layer perceptron* (DTREG, 2024).

peso da rede, facilitando o ajuste dos pesos para minimizar o erro. Esse algoritmo tem sua operação dividida em duas fases: a passagem para frente (*forward pass*) e a passagem para trás (*backward pass*). Na etapa da passagem para frente, a rede recebe uma amostra de entrada e propaga os valores através das camadas para gerar uma predição, ao final da rede, uma saída é gerada e comparada ao valor esperado, gerando um erro que será minimizado na próxima etapa.

Contudo, no contexto de análise de imagens, há uma arquitetura de redes neurais mais especializada para entradas de imagens, essa arquitetura é denominada de redes neurais convolucionais (*Convolutional Neural Network* (CNN)). As redes convolucionais são uma classe especial de redes neurais, desenvolvidas especificamente para o processamento de dados estruturados em grades, como imagens. As CNN, inicialmente propostas por LeCun et al. (1989), por meio de uma pesquisa para o reconhecimento de dígitos manuscritos, se tornaram uma das principais abordagens em visão computacional. Essa arquitetura de sistema envolve a composição das redes MLP com técnicas de processamento digital de imagens, como a convolução. A convolução é um processo de filtragem espacial (plano que contém os pixels da imagem), que consiste em aplicar o somatório do produto entre duas funções, a imagem e uma máscara ao longo da região que estas se sobrepõem, sendo a imagem uma função bidimensional  $f(i,j)$ , em que  $i$  e  $j$  são as coordenadas, e a amplitude de  $f$  em qualquer par de coordenadas se refere a intensidade de cor naquele ponto, já a máscara é uma matriz de tamanho variado (GONZALEZ; WOODS, 2008).

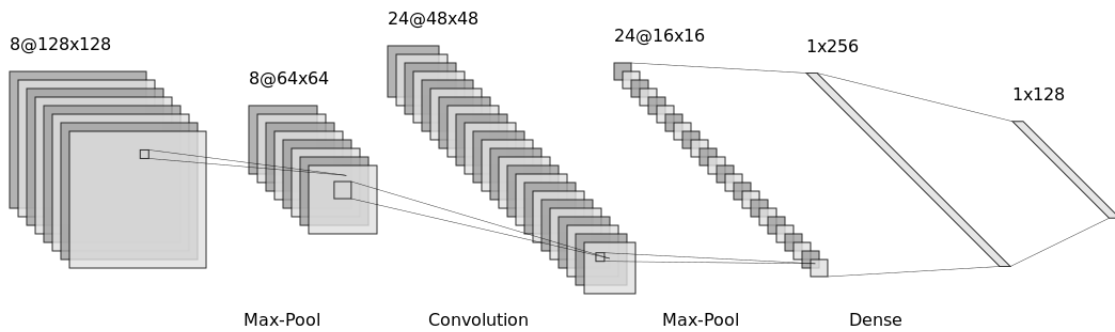


Figura 3 – Exemplo rede neural convolucional (CORRÊA, 2024).

A figura 3 representa uma arquitetura típica de uma CNN, geralmente compostas por camadas convolucionais, de Pooling, totalmente conectadas e uma camada de saída. Cada uma dessas camadas realiza uma tarefa diferente, sendo as camadas convolucionais responsáveis pela atividade de extração de características, como bordas e texturas; a camada de Pooling é utilizada para reduzir a dimensionalidade dos dados; e por último, as camadas totalmente conectadas ou redes MLP que tem o mesmo funcionamento conforme apresentado anteriormente.

A partir desse tipo de algoritmo, é possível se estender a tarefas mais avançadas que vão além da classificação de imagens, como por exemplo a segmentação de imagens. A tarefa de segmentação subdivide uma imagem em regiões ou objetos que a compõem. O nível de detalhe em que a subdivisão é realizada depende do problema a ser resolvido. O processo de segmentação deve parar quando os objetos ou as regiões de interesse de uma aplicação forem detectados (GONZALEZ; WOODS, 2008). Gonzalez e Woods (2008) apontam que a segmentação de imagens é uma das tarefas mais difíceis no processamento de imagens, já que a precisão da segmentação determina o sucesso ou fracasso final dos procedimentos de análise computadorizada.

No contexto clínico, a utilização de dados visuais é indispensável para o diagnóstico da doença. A utilização desses sistemas é fundamental, visto que, diferente dos seres humanos, que são limitados à banda visual do espectro eletromagnético(EM), os aparelhos de processamento de imagem cobrem quase todo o espectro EM, variando de ondas gama a ondas de rádio. Esses sistemas podem trabalhar com imagens geradas por fontes que os humanos não estão acostumados a associar, como microscopia eletrônica, ultrassom e imagens geradas por computador (GONZALEZ; WOODS, 2008).

Para o sistema proposto, o foco recai sobre a análise de dados obtidos através da microscopia, uma técnica fundamental para a visualização e o estudo detalhado de estruturas biológicas em nível celular. Na microscopia moderna existem algumas técnicas já bem estabelecidas, como a microscopia de fluorescência, em que é utilizada a luz ultravioleta para a geração dessas imagens - a tarefa básica do microscópio de fluorescência é utilizar uma luz de excitação para irradiar um espécime preparado e depois separar a luz fluorescente irradiante, muito mais fraca, da luz de excitação, mais intensa. A figura 4 apresenta um exemplo de microscopia de fluorescência.

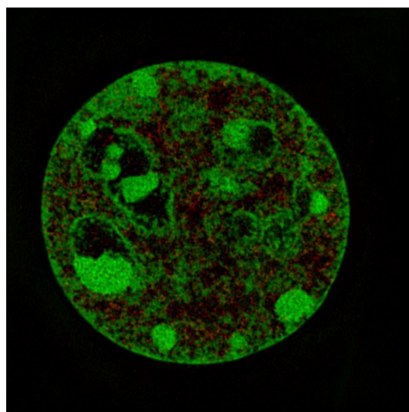
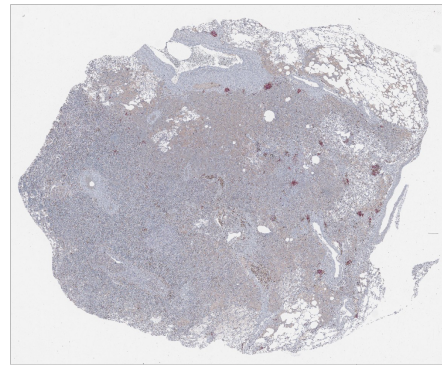
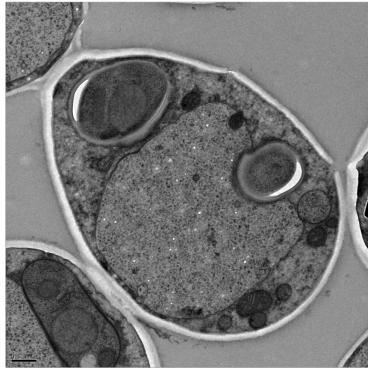


Figura 4 – Imagem de microscopia fluorescente (MIRON, 2020).

Dessa forma, só a luz de emissão atinge o olho ou outro detector. As áreas fluorescentes resultantes brilham contra um fundo escuro com contraste suficiente para permitir

a detecção. Quanto mais escuro for o fundo do material não fluorescente, mais eficiente é o instrumento (GONZALEZ; WOODS, 2008).

Em contraste, a microscopia óptica, também definido por Gonzalez e Woods (2008), utiliza a luz visível transmitida ou refletida através da amostra e um sistema de lentes para ampliar a imagem, sendo essencial para a análise morfológica de células sanguíneas e tecidos, demonstrado na figura 5b.



(a) Imagem de microscopia eletrônica (KING et al., 2019) (b) Imagem de microscopia óptica (SCHAADT et al., 2020).

Figura 5 – Exemplo de amostras de microscopia

E por último os microscópios eletrônicos - figura 5a - que operam como seus correspondentes óticos, mas utilizam um feixe concentrado de elétrons em vez de luz para criar a imagem de uma amostra, permitindo resoluções muito maiores devido ao menor comprimento de onda dos elétrons. Essas imagens microscópicas são essenciais para diversas análises científicas e médicas, e é justamente a partir delas que sistemas avançados, como os sistemas de detecção auxiliada por computador, podem ser treinados para identificar padrões e auxiliar no diagnóstico médico.

Os primeiros estudos sobre sistemas de detecção auxiliada por computador (CAD) e técnicas de análise quantitativa de imagens médicas por computador foram relatados na década de 1960. No entanto, foi na década de 80 que emergiu uma nova perspectiva, que assume que esses sistemas possam ser utilizados de maneira complementar aos profissionais da área da saúde e não para substituí-los.

Portanto, o objetivo desses sistemas se torna ser uma segunda opinião para os médicos, para que estes façam a sua avaliação final. Alguns estudos ainda indicam que os sistemas CAD não devem necessariamente apresentar uma precisão na classificação de doenças superior aos profissionais na área da saúde. No entanto, é fundamental observar que um maior desempenho desses sistemas resulta num valor final combinado mais otimizado, proporcionando maior eficiência entre a análise humana e computacional (DOI, 2007). Atualmente, os sistemas CAD exploram diversas técnicas de inteligência artificial e visão computacional. Para auxiliar no desenvolvimento desta pesquisa, foram pesquisados artigos nas bases IEEE Explorer, Science Direct, Scopus, MDPI, utilizando as palavras chaves “CAD”, “Computer Aided System”, “CAD convolution”, “metastasis”, “CAD cancer”, “microscopy”, “metastasis”, desses trabalhos se destacam os trabalhos de Li et al. (2020), Brinker et al. (2019) e Dash et al. (2020).

Li et al. (2020), apresenta uma abordagem do uso de aprendizado de máquina para o diagnóstico e estadiamento do câncer pancreático (PC). O sistema foi desenvolvido



utilizando uma técnica de *ensemble learning*, que consiste em combinar o resultado de vários modelos para obter um valor final mais robusto. O *ensemble* foi realizado envolvendo modelos do tipo *support vector machine* (SVM). Nessa pesquisa, também foi abordado técnicas interessantes, como uma primeira etapa de segmentação e extração da região de interesse (ROI), outra atividade relevante foi a etapa de seleção de características utilizando o algoritmo de seleção LASSO. O trabalho atingiu resultados relevantes, variando sua acurácia em torno de 75% a 91.63% em diferentes estágios da doença. Contudo, o trabalho ainda apresenta algumas limitações, como por exemplo os dados de treinamento, o qual é composto por apenas 54 pacientes, esse conjunto de dados pequenos é um dos fatores que dificulta a generalização do modelo, e também a distribuição desses dados, sendo que 39 pacientes desse conjunto possuem a doença e 15 são pacientes saudáveis.

Brinker et al. (2019) apresentou em sua pesquisa um sistema CAD especializado para dermatologia. Em seu trabalho, a classificação foi direcionada para o câncer melanoma, e obteve desempenho superior ao de dermatologistas na classificação das mesmas imagens. Para o desenvolvimento desse sistema, foi utilizado uma arquitetura de redes neurais convolucionais chamada de ResNet50, amplamente conhecida na literatura, porém com alguns ajustes como por exemplo, ao invés de utilizar a mesma taxa de aprendizagem para todas as camadas, o autor explorou diferentes taxas para diferentes camadas. Os dados utilizados para o treinamento e avaliação do modelo são de fontes de código aberto (*open-source*) validados por biópsia e foram avaliados por médicos profissionais, sendo selecionadas apenas as imagens entraram na categoria excelente, boa ou suficiente. Após o treinamento do modelo, os resultados obtidos evidenciaram sua eficácia. Com um intervalo de confiança (IC) de 95%, o sistema alcançou uma sensibilidade de 82,3% (IC 95%: 78,3–85,7%) e especificidade de 77,9% (IC 95%: 73,8–81,8%). Em comparação, os dermatologistas apresentaram uma sensibilidade de 67,2% (IC 95%: 62,6–71,1%) e especificidade de 62,2% (IC 95%: 57,6–66,9%). Esses resultados reforçam o potencial dos sistemas CAD como ferramentas complementares no diagnóstico médico, especialmente em cenários de alta complexidade.

O trabalho de nada (a) demonstra um novo esquema de sistema CAD para detecção de malária utilizando imagens microscópicas de uma fina camada de sangue. O seu sistema CAD parte do reforço de um modelo treinado composto por diversas camadas conectadas utilizado Functional Link Artificial Neural Network (FLANN) e Stacked Sparse Autoencoder (SSAE). O algoritmo FLANN é responsável por lidar com a redução de dimensionalidade dos dados, e a arquitetura SSAE é a característica que possibilita o treinamento não supervisionado desse sistema, já que esse tipo de algoritmo se estende do tradicional modelo encoder-decoder, ele transforma e reconstrói a entrada. Com essa composição de diferentes técnicas, o autor atingiu resultados relevantes na detecção da doença, sendo 89.10% de acurácia, 93.90% de sensibilidade e 83.10% de especificidade, além de atingir um tempo de detecção muito menor a que outros algoritmos sendo comparados na pesquisa.

Dash et al. (2020) propôs uma abordagem utilizando redes neurais convolucionais organizadas de forma cascata. Nesse abordagem, foram concebidos dois desafios principais: a segmentação da lesão de psoríase e a avaliação objetiva de sua gravidade. O autor utiliza metodologias específicas para cada um dos desafios. Na etapa de segmentação da lesão, foi utilizado uma CNN do tipo U-Net modificada e para a tarefa de classificação foi utilizada uma CNN do tipo VGG-16. Para o treinamento e avaliação do modelo, foram utilizados dados de fontes confiáveis validados por profissionais da área da saúde, além de métodos de validação cruzada como o k-pastas.

## 3 Metodologia

Presente projeto tem característica quantitativa, visto que se enquadra nas definições de ser conseguido na busca de resultados exatos evidenciados por meio de variáveis preestabelecidas, em que se verifica e explica a influência sobre as variáveis, mediante análise da frequência de incidências e correlações estatísticas (MICHEL, 2009).

O desenvolvimento do trabalho se divide em duas grandes áreas de atuação, Inteligência artificial, que atende todo o escopo do desenvolvimento do modelo de segmentação. E engenharia de software, que engloba os conteúdos necessários para o desenvolvimento do protótipo de software.

### 3.1 Do desenvolvimento do modelo

Conforme apresentado na seção anterior, a aplicação das técnicas de visão computacional na medicina tem se mostrado muito promissoras para o diagnóstico de doenças complexas e melhora na eficiência do diagnóstico clínico. A integração de diferentes dados, como exames laboratoriais e imagens médicas, possibilitará a construção de um sistema robusto, capaz de analisar diferentes tipos e grandes volumes de dados. A Figura 6 ilustra, de forma abstrata, como será o funcionamento do sistema proposto.

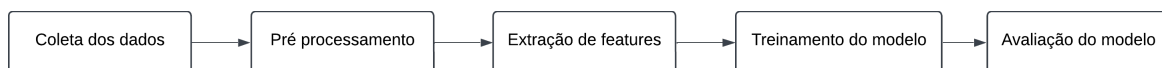


Figura 6 – Pipeline do projeto

Cada fase do pipeline será projetada para realizar operações críticas para o resultado do modelo, buscando também maior desempenho e resiliência para esse sistema. Serão detalhadas cada uma das etapas.

#### 3.1.1 Coleta dos dados

Essa etapa é responsável pela extração e organização dos dados, serão utilizadas técnicas de engenharia de dados para garantir que todo o processo de coleta dos dados seja seguro e consistente. Desta maneira, para assegurar esses objetivos, o sistema terá integração com dados de diversas fontes diferentes, essa integração para a coleta das informações será feita através de interfaces de programação de aplicação (*API*), que possibilitará a automatização dessa fase. Para o desenvolvimento dessa etapa, serão empregadas a linguagem de programação python e a ferramenta *spark* como recursos principais. No contexto deste estudo, a coleta foi realizada a partir de bancos de dados públicos médicos, o portal escolhido responsável pelas informações é o The Cancer Imaging Archive (ARCHIVE, 2024), foram extraídos diferentes conjuntos de dados.

A figura 7, apresenta uma imagem retirada do conjunto fornecido pelo the Cancer Imaging Archive. Esse conjunto é composto por 610 imagens microscópicas de melioma múltiplo. A localização do câncer é nos ossos, as imagens possuem ampliação de 1000x, tendo as dimensões de 1126x874 pixels.

#### 3.1.2 Pré processamento

Após a etapa anterior, será necessário tratar as informações coletadas. Com isso, será aplicado operações como a limpeza de dados, que envolve a remoção de valores inconsistentes, ajuste de escalas de valores e codificação de variáveis categóricas, por

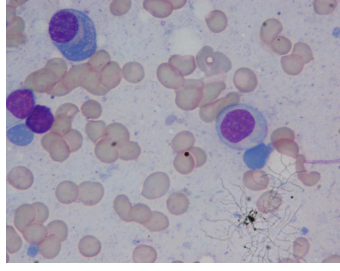


Figura 7 – Imagem microscópica de câncer nos ossos

exemplo. Além disso, para os dados de imagens, serão utilizadas técnicas de aumento de dados, para maior generalização do modelo. Também serão exploradas técnicas de processamento digital de imagens, como regulagem de luminosidade e transformação para diferentes domínios de cor como YCbCr.

### 3.1.3 Extração de características

Antes de realizar o treinamento efetivo do modelo, será necessário extrair características a partir das imagens médicas, como textura, bordas e padrões. Durante a fase de extração de características, o principal objetivo é transformar os dados recebidos em representações que melhor capturam os padrões subjacentes e são mais informativas para o algoritmo de aprendizado. Para a seleção de características relevantes, técnicas como análise de correlação e análise de variância serão utilizados para apoio à seleção. Para os dados de imagens, a extração de características estará incorporada ao treinamento, visto que as camadas convolucionais têm a responsabilidade de aprender os padrões hierárquicos e abstratos.

### 3.1.4 Treinamento do modelo

Com todas as informações já preparadas, serão exploradas diferentes técnicas de convoluções para a segmentação das imagens microscópicas, como por exemplo a *pixel-wise convolution*, uma técnica que possibilita a combinação de informações entre os canais de uma imagem. Será avaliado a possibilidade de utilizar técnicas de *ensemble* nessa fase, de modo a combinar da melhor maneira os dados clínicos com as imagens microscópicas. Também será explorado técnicas para otimizar o treinamento, como ajuste da taxa de aprendizado de forma dinâmica entre as diferentes camadas de acordo com algumas métricas, como o erro das previsões. Para fins de melhora no desempenho, o treinamento do modelo também envolverá técnicas de computação paralela, com isso será possível um treinamento mais otimizado do sistema.

### 3.1.5 Avaliação do modelo

Como etapa final, a avaliação do modelo é responsável por aplicar métodos estatísticos para consolidar os resultados das etapas previstas. Conforme os resultados desses métodos, será possível analisar se o desempenho do modelo está de acordo com o esperado. Dentre as técnicas mais comuns, serão utilizadas métricas como acurácia, definida pela fórmula

$$acurácia = \frac{VP + VN}{VP + FN + VN + FP} , \quad (3)$$

em que  $VP$  é a quantidade de verdadeiros positivos;  $VN$  é a quantidade de verdadeiros

negativos;  $FN$  é a quantidade de falsos negativos e  $FP$  é a quantidade de falsos positivos. Também será utilizado a métrica de avaliação precisão, determinada pela fórmula:

$$precisão = \frac{VP}{VP + VF} , \quad (4)$$

E por último, uma métrica de avaliação chamada sensibilidade, estabelecida pela fórmula:

$$sensibilidade = \frac{VP}{VP + FN} , \quad (5)$$

Paralelamente, todas as fases irão contar com um minucioso registro de todas as ações para monitoramento do sistema. Além disso, serão implementados mecanismos de auditoria para garantir a rastreabilidade das operações realizadas, promovendo maior transparência e confiabilidade. Esse registro incluirá não apenas informações sobre as decisões tomadas pelo sistema, mas também os dados utilizados em cada etapa, possibilitando a análise detalhada de possíveis erros ou inconsistências e facilitando ajustes futuros para otimização do desempenho.

## 3.2 Do protótipo da aplicação web

Para o uso desse modelo em um potencial sistema, serão utilizados diferentes componentes de tecnologia, envolvendo áreas como arquitetura de software, desenvolvimento backend, computação em nuvem, e conceitos de computação distribuída, a fim de projetar um sistema que seja resiliente, distribuído e escalável.

### 3.2.1 Da arquitetura do protótipo

O sistema proposto adota uma arquitetura baseada em microsserviços, modelo arquitetural que promove o desacoplamento dos componentes, permitindo evolução independente de cada serviço. Essa abordagem facilita a escalabilidade horizontal, melhora a manutenção e possibilita a implementação de diferentes tecnologias conforme as necessidades específicas de cada módulo. Além disso, a divisão funcional dos serviços contribui para um gerenciamento mais eficiente da infraestrutura e do processamento de dados, garantindo maior flexibilidade e modularidade no desenvolvimento e na implantação.

### 3.2.2 Da definição dos protocolos de comunicação

Além da definição da arquitetura desse protótipo, também serão explorados protocolos de comunicação de alta desempenho para garantir maior confiabilidade e reduzir latência entre os serviços. Protocolos como o *Remote Procedure Call* (RPC) serão utilizados para garantir essa comunicação eficiente entre serviços. O RPC possui algumas vantagens em relação a outros protocolos, dentre elas estão a serialização binária e suporte a conexões persistentes, características que garantem um *payload* menor sendo trafegado, reduzindo a latência e otimizando o desempenho (NISWAR et al., 2024).

### 3.2.3 Do monitoramento do protótipo

A fim de avaliar o desempenho do sistema proposto, serão implementadas estratégias de monitoramento para análise detalhada do comportamento da aplicação em diferentes cenários de carga e uso. Ferramentas como Prometheus e Grafana serão empregadas

para coleta de métricas e visualização do desempenho dos microsserviços em tempo real, permitindo identificação de potenciais gargalos e otimizações. Além disso, serão adotadas técnicas de observabilidade avançadas, como logs estruturados e rastreamento distribuído com OpenTelemetry, possibilitando uma análise aprofundada das interações entre os serviços e assegurando uma resposta eficiente a eventuais falhas.

#### 4 Cronograma

Para alcançar o objetivo proposto neste projeto de pesquisa, os objetivos específicos traduzidos em tarefas de desenvolvimento serão desenvolvidos. O cronograma descrito na tabela 1 apresenta a distribuição dessas atividades no tempo.

Atividades	Meses										
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
Criação de uma pipeline de dados para o armazenamento e tratamento dos dados	x	x									
Análise detalhada das técnicas em sistemas CAD		x									
Construção de uma prova de conceito do modelo de CNN para avaliar a viabilidade das técnicas escolhidas		x									
Análise dos resultados da prova de conceito do modelo e definição das técnicas para a construção do modelo			x								
Construção do modelo de CNN				x	x						
Avaliação do modelo de CNN e ajuste de hiperparâmetros					x	x					
Construção da prova de conceito de um modelo de MLP						x					
Análise de resultados da prova de conceito do modelo de MLP e definição das técnicas para o desenvolvimento do modelo de MLP							x				
Construção do modelo MLP							x	x			
Testes com o modelo e ajustes de hiperparâmetros								x	x		
Análise de precisão do modelo em relação ao modelo de CNN									x	x	
Análise de viabilidade do sistema										x	
Elaboração de artigo científico com apresentação dos resultados										x	x
Processo de submissão do artigo científico para periódico											x

Tabela 1 – Cronograma de atividades do desenvolvimento do projeto.

#### Referências

NISWAR, Muhammad and Arisandy Safruddin, Reza and Bustamin, Anugrayani and Aswad, Iqra.

ARCHIVE the C. I. *the Cancer Imaging Archive*. 2024. Disponível em: <<https://www.cancerimagingarchive.net/>>.

BRINKER, T. J. et al. Deep neural networks are superior to dermatologists in melanoma image classification. *European Journal of Cancer*, v. 119, p. 11–17, 2019. ISSN 0959-8049.

DAS, S. S. et al. Molecular insights and novel approaches for targeting tumor metastasis. *International Journal of Pharmaceutics*, v. 585, p. 119556, 2020. ISSN 0378-5173. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0378517320305408>>.

DASH, M. et al. A cascaded deep convolution neural network based cadx system for psoriasis lesion segmentation and severity assessment. *Applied Soft Computing*, v. 91, p. 106240, 2020. ISSN 1568-4946.

DOI, K. Computer-aided diagnosis in medical imaging: Historical review, current status and future potential. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, v. 31, n. 4, p. 198–211, 2007. ISSN 0895-6111. Computer-aided Diagnosis (CAD) and Image-guided Decision Support. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0895611107000262>>.

FLOOR, S. L. et al. Hallmarks of cancer: of all cancer cells, all the time? *Trends in Molecular Medicine*, v. 18, n. 9, p. 509–515, 2012. ISSN 1471-4914.

GONZALEZ, R.; WOODS, R. *Digital Image Processing*. [S.l.]: Prentice Hall, 2008. ISBN 9780131687288.

HAYKIN, S. *Neural Networks and Learning Machines*. [S.l.]: Pearson, 2009. (Pearson International Edition). ISBN 9780131293762.

KING, G. et al. *Meiotic cellular rejuvenation is coupled to nuclear remodeling in budding yeast*. University of Dundee, 2019. Disponível em: <<https://idr.openmicroscopy.org/webclient/?show=project-904>>.

LECUN, Y. et al. Backpropagation applied to handwritten zip code recognition. *Neural Computation*, v. 1, n. 4, p. 541–551, 1989.

LI, M. et al. Computer-aided diagnosis and staging of pancreatic cancer based on ct images. *IEEE Access*, v. 8, p. 141705–141718, 2020.

MARTINIANO, A. et al. Utilizando uma rede neural artificial para aproximação da função de evolução do sistema de lorentz. *Revista Produção e Desenvolvimento*, v. 2, p. 26–38, 04 2016.

MICHEL, M. *Metodologia E Pesquisa Científica Em Ciências Soci*. ATLAS EDITORA, 2009. ISBN 9788522455195. Disponível em: <<https://books.google.com.br/books?id=CGajPwAACAAJ>>.

MIRON, E. *Chromatin arranges in chains of mesoscale domains with nanoscale functional topography independent of cohesin*. University of Dundee, 2020. Disponível em: <<https://idr.openmicroscopy.org/webclient/?show=project-1158>>.

NISWAR, M. et al. Performance evaluation of microservices communication with rest, graphql, and grpc. *International Journal of Electronics and Telecommunications*, Polish Academy of Sciences Chancellery, p. 429–436, jun. 2024. ISSN 2081-8491. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.24425/ijet.2024.149562>>.

RUMELHART, D. E.; HINTON, G. E.; WILLIAMS, R. J. Learning representations by back-propagating errors. *Nature*, v. 323, n. 6088, p. 533–536, out. 1986.

RUSSELL, S.; NORVIG, P. *Artificial Intelligence: A Modern Approach*. 3rd. ed. USA: Prentice Hall Press, 2009. ISBN 0136042597.

SANO, T.; KOBORI, O.; MUTO, T. Lymph node metastasis from early gastric cancer: endoscopic resection of tumour. *Journal of British Surgery*, Oxford University Press (OUP), v. 79, n. 3, p. 241–244, mar. 1992. ISSN 1365-2168. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1002/bjs.1800790319>>.

SCHAADT, N. S. et al. Graph-based description of tertiary lymphoid organs at single-cell level. *PLOS Computational Biology*, Public Library of Science (PLOS), v. 16, n. 2, p. e1007385, fev. 2020. ISSN 1553-7358. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1371/journal.pcbi.1007385>>.

THAM, M.; ABASTADO, J.-P. Escape of tumor immune surveillance and metastasis. *Drug Discovery Today: Disease Models*, v. 8, n. 2, p. 81–86, 2011. ISSN 1740-6757. Cell migration and metastasis formation.