

See discussions, stats, and author profiles for this publication at: <https://www.researchgate.net/publication/326458389>

Uma abordagem Fuzzy-Adaptativa para Segmentação de Imagens de Cromossomos

Conference Paper · October 2017

CITATIONS

0

6 authors, including:



Filipe R. Cordeiro

Universidade Federal Rural de Pernambuco

30 PUBLICATIONS **95** CITATIONS

SEE PROFILE

Some of the authors of this publication are also working on these related projects:



Pattern Recognition, Metaheuristics and Machine Learning for Image Diagnosis [View project](#)



Smartresidence: intelligent energy monitoring and control for residential consumers [View project](#)

Uma abordagem Fuzzy-Adaptativa para Segmentação de Imagens de Cromossomos

Maria F. S. Andrade¹, Filipe R. Cordeiro¹, Valmir M. Filho¹,
Fabiana F. Lima², Suy F. Hwang² e Julyanne C. G. Mendonça²

¹Departamento de Estatística e Informática (DEINFO)
Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE)

²Divisão de Técnicas Analíticas e Nucleares (DITAN)
Centro Regional de Ciências Nucleares do Nordeste (CRCN-NE/CNEN)

{fsandrade25, filipe.rolim, valmir.ufrpe}@gmail.com,

{fflima, shwang}@cnen.gov.br, july_cgm@yahoo.com.br

Abstract. *Chromosome analysis is an important task to detect genetic diseases. However, the process of identifying chromosomes can be very time consuming. Therefore, the use of an automatic process to detect chromosomes is an important step to aid the diagnosis. The proposed work develop a new approach to automatize the segmentation of chromosomes, using an adaptive thresholding combined with fuzzy logic. The proposed method is evaluated using the data-base from CRCN-NE, which has 35 images. Results showed that the proposed approach compared with state of the art techniques obtained better segmentation results, with sensitivity and specificity values of 91% and 92%, respectively.*

Resumo. *A análise de cromossomos é uma tarefa importante para detecção de doenças genéticas. No entanto, o processo de identificar cromossomos demanda muito tempo. Portanto, a utilização de um processo automático de detecção de cromossomos é importante para auxiliar na análise. O trabalho proposto propõe uma abordagem híbrida de segmentação de cromossomos, utilizando limiarização adaptativa combinada com lógica fuzzy. O método proposto é avaliado para a base de dados do CRCN-NE, que consiste de 35 imagens de cromossomos. Resultados mostram que a abordagem proposta comparada com trabalhos do estado da arte conseguiu obter melhores resultados de segmentação, com taxas de sensibilidade e especificidade de 91% e 92%, respectivamente.*

1. Introdução

Os cromossomos estão presentes em todas as células nucleadas de todos os organismos vivos, tendo como função levar informações genéticas para a reprodução das células e organismos [Pantaleão et al. 2003]. A análise e classificação de cromossomos pode identificar várias anomalias associadas à alterações na estrutura dos cromossomos, tais como a síndrome de Down, Turner [Cunha et al. 2015] e na identificação de vários tipos de câncer [NUSSBAUM et al. 2008]. No entanto, esse processo é muito custoso tanto para o citogeneticista, quanto para o paciente, que demora para receber o tratamento adequado. Para realizar o diagnóstico, o citogeneticista precisa analisar centenas de imagens para selecionar aquelas com os cromossomos em estado de metáfase para posterior análise [Grisan et al. 2009]. Posteriormente, o citogeneticista analisa cada imagem

com os cromossomos, realizando a contagem e identificação de cada um. Essa análise é geralmente realizada de forma manual em muitos hospitais, sendo esse um procedimento trabalhoso e que demanda muito tempo [Arora and Dhir 2016]. Além disso, esse processo normalmente resulta em divergência de diagnósticos para a mesma imagem [Khmelinskii et al. 2008]. Isso acontece porque algumas imagens, obtidas através de microscópios, geralmente são de baixa qualidade, tornando o processo manual impreciso [Kurtz 2011].

Além do tempo necessário para a análise de um único indivíduo, os cromossomos apresentam diversos tipos de estruturas, podendo estar sobrepostos, encurvados ou apresentar algum tipo de anormalidade. Muitos trabalhos têm sido desenvolvidos para realizar a análise automática de cromossomos, mas apesar das pesquisas realizadas, o processo de segmentação e classificação automática de cromossomos ainda é um problema em aberto [Arora and Dhir 2016].

O processo de segmentação automática de cromossomos tem dois impactos principais: primeiramente, o processo irá reduzir o tempo de seleção manual do cromossomo na imagem, e por consequência, irá economizar tempo de processamento e análise de imagens de cromossomo para propósitos de contagem e classificação. O trabalho proposto visa desenvolver um algoritmo para realizar a segmentação automática de cromossomos, fornecendo uma ferramenta de auxílio ao médico, permitindo um diagnóstico mais rápido e preciso.

2. Trabalhos Relacionados

Alguns trabalhos têm sido desenvolvidos para auxiliar na automatização de análises cromossômicas. Esses trabalhos se dividem em três tipos: técnicas de pré-processamento, segmentação e classificação [Arora and Dhir 2016].

Kurtz *et al.* [Kurtz 2011] aplica técnicas de processamento de imagens, como suavização, realce de contraste, dilatação e limiarização para segmentar os cromossomos visando auxiliar o citogeneticista na análise da forma do cromossomo, não abrangendo o tratamento de imagens com cromossomos tortos ou sobrepostos. No trabalho de Matta [Matta 2013], foi desenvolvida uma ferramenta computacional, denominada ChromoSomeClassification, que auxilia na quantificação da dose de radiação absorvida por um indivíduo, através da contagem de aberrações cromossômicas, utilizando uma rede neural *Radial-Basis Functions* (RBF) [Haykin 2001] para identificá-los. Porém, ele também não trata imagens de cromossomos sobrepostos, sendo em alguns casos necessária a separação manual.

Minaee *et al.* [Minaee et al. 2014] utilizaram critérios geométricos para identificar os cromossomos que se tocam e se sobrepõem parcialmente, encontrando uma linha de corte e separando-os. Madian *et al.* [Madian et al. 2015] propõem um algoritmo para identificar a zona de sobreposição de cromossomos na imagem sem nenhuma intervenção humana, utilizando funções de curvatura para identificar os pontos de corte e realizar a separação, conseguindo fazê-la com uma acurácia de 96% de acerto. Poletti *et al.* [Poletti et al. 2012] também criaram uma metodologia de segmentação de cromossomos que se tocam e se sobrepõem gerando, para cada conjunto de cromossomos sobrepostos, uma árvore com possíveis formas para separá-los.

Uttamanin *et al.* [Uttamanin et al. 2013b] propuseram o método MetaSel, que

classifica o cromossomo baseado em 8 características geométricas. O MetaSel realiza a segmentação e classificação de cromossomos sobrepostos. No entanto, a técnica possui um alto custo computacional. Em outro trabalho, Uttamanin [Uttamatin et al. 2013a] propôs um método de classificação que divide as imagens em alta e baixa resolução. A baixa resolução é usada para contagem dos cromossomos, enquanto que as imagens de alta resolução são usadas para encontrar anomalias estruturais.

3. Método Proposto

Um dos métodos mais utilizados para segmentação de cromossomos é a binarização [Poletti et al. 2012, Arora and Dhir 2016]. O método desenvolvido realiza a segmentação utilizando duas técnicas de binarização: adaptativa e *fuzzy*. O fluxograma da abordagem proposta pode ser visto na Figura 1.

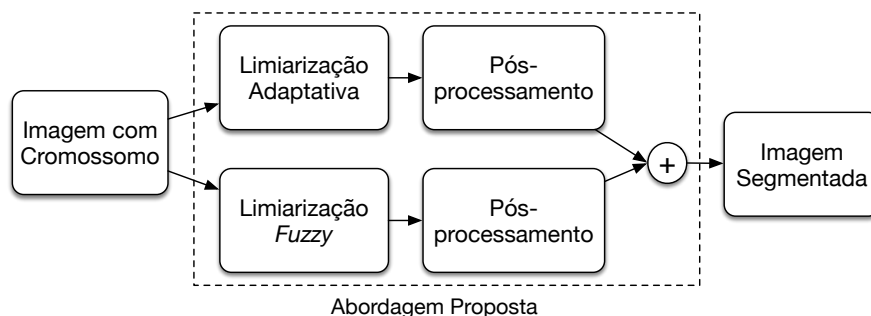


Figura 1. Fluxograma do Método Proposto

Apesar da técnica adaptativa ter sido usada em outros trabalhos [Poletti et al. 2012], a abordagem utilizando lógica *Fuzzy* nunca foi aplicada para esse problema. No modelo proposto, as duas técnicas podem ser aplicadas em paralelo e cada uma delas é responsável por extrair características distintas da imagem. O processo começa com a utilização da imagem de cromossomo, a qual é convertida para tons de cinza para iniciar o processo de segmentação. Cada uma das etapas de segmentação é descrita a seguir.

3.1. Limiarização Adaptativa

O limiar adaptativo é um método de binarização que define um valor de limiar diferente para cada *pixel* da imagem, baseado em valores de sua vizinhança [Burger and Burge 2016]. Desta forma, o limiar se adapta à região que está sendo analisada, conseguindo obter os melhores valores de limiar de acordo com nível de similaridade dos *pixels* ao redor.

Uma das abordagens do método adaptativo é analisar estatisticamente as regiões da imagem e obter um valor de limiar T para cada região. Um dos métodos mais utilizados é calcular a média aritmética ou a média Gaussiana dos *pixels* de cada região. Na média aritmética, cada *pixel* contribui igualmente para o cálculo do limiar. Na média Gaussiana, *pixels* distantes do centro da região contribuem menos para o cálculo do limiar. O cálculo do limiar é feito através da Equação 1

$$T = \text{mean}(I_L) - C, \quad (1)$$

onde *mean* representa a média aritmética ou Gaussiana, I_L é uma sub-região da imagem I e C é uma constante de ajuste do limiar. Para a segmentação utilizando limiarização adaptativa, é definido um tamanho de janela W , que percorre toda a imagem, através do processo de convolução.

3.2. Limiarização Fuzzy

Diferente dos conjuntos clássicos, elementos de um conjunto *fuzzy* tem graus de pertinência em relação àquele conjunto. O grau de pertinência de um conjunto *fuzzy* indica a certeza de que o elemento pertence ao conjunto [Dubois et al. 2014]. Um conjunto *fuzzy* é representado por uma função de pertinência $\mu_A : X \rightarrow [0, 1]$ [Dubois and Prade 1978]. Portanto, para todo $x \in X$, μ_A indica o grau de pertinência de x ao conjunto *fuzzy* A .

Um número *fuzzy* é definido como um tipo de conjunto *fuzzy*, geralmente definido a partir do conjunto de números reais e possui algumas propriedades como: ser normalizado, convexo e outras. A função de pertinência de um número fuzzy gaussiano, que é utilizada nesse trabalho, é definida pela Equação 2:

$$\mu_A(x) = e^{-\frac{(x-c)^2}{\beta}}, \quad (2)$$

onde c e β são o centro e largura do número *fuzzy*, respectivamente. O número x no centro da região gaussiana tem o valor de pertinência máximo e os valores de pertinência da vizinhança decrescem gradualmente.

Quando se aplica lógica *fuzzy* em imagens, os valores de intensidade de cada *pixel* podem ser descritos como um número *fuzzy*, em que é calculado um valor de pertinência relacionado à sua vizinhança. Essa abordagem difere da abordagem clássica porque ele não classifica os *pixels* como fundo e objeto diretamente, mas ele atribui um nível de pertinência à região vizinha. Esse nível de pertinência pode variar entre 0 e 1 e posteriormente um limiar T é aplicado para a função de pertinência para realizar a binarização. Desta forma, um *pixel* com valor de pertinência alta, indica que ele tem valor de intensidade similar à região de vizinhança.

Seja $A_{N \times M}$ uma imagem com $N \times M$ *pixels*, a fuzificação da imagem é feita através da convolução, usando uma janela espacial de tamanho $W \times W$, onde a função de pertinência gaussiana é definida para o centro da região. A função de pertinência define um valor de pertinência para cada *pixel* i, j , definido como $\mu_{p(i,j)}$, usando a Equação 3:

$$\mu_{p(i,j)} = \frac{\sum_{k=1}^W \sum_{l=1}^W e^{-\frac{(A(i,j)-c)^2}{\beta}}}{W^2 - 1}. \quad (3)$$

A largura da função de pertinência pode ser ajustada variando o valor da variável β . Um baixo valor de β implica em menos tolerância à diferença de contraste na vizinhança do *pixel*. Em algumas abordagens, o valor de β pode ser mantido fixo e ajustado apenas o valor de limiar sobre a matriz de pertinência.

3.3. Pós-processamento

Ao final de cada etapa de segmentação, existem ruídos caracterizados por pequenas regiões da imagem, que são removidos através da etapa de pós-processamento. Com

a finalidade de remover essas imperfeições, foi testado dois tipos de operadores morfológicos nas imagens binarizadas: erosão e abertura. Cada abordagem é seguida de uma etapa de remoção de regiões menores que um valor pré-determinado. A análise das duas abordagens de pós-processamento e dos valores dos tamanhos de remoção são avaliados na seção de resultados.

3.4. Composição Fuzzy-Adaptativa

A última etapa da método proposto é a composição das imagens binarizadas pelo método adaptativo e pelo método *fuzzy*. Essa composição é feita através da adição das imagens binarizadas em cada etapa. Em seguida, é verificado quais elementos da imagem composta fazem interseção com elementos da binarização adaptativa. Esse processo é realizado para reduzir ruídos da imagem. O pseudocódigo da composição das imagens pode ser visto a seguir.

Algoritmo 1: FUZZY-ADAPTATIVO

Entrada: I_{adap} , I_{Fuzzy}
Saída: Imagem Segmentada

```

1  início
2       $I_{final} = I_{Fuzzy} + I_{adap}$ 
3       $cntsFinal \leftarrow$  contornos de  $I_{final}$ 
4      para cada  $c \in cntsFinal$  faça
5          caso  $c \cap I_{adap} = \emptyset$  faça
6              remova  $c$  de  $I_{final}$ 
7          fim
8      fim
9  fim
10 retorna  $I_{final}$ 

```

A etapa de composição se inicia com as imagens I_{adap} e I_{Fuzzy} , que correspondem às binarizações da segmentação adaptativa e *fuzzy*, respectivamente. Em seguida, é feita a operação de adição entre as duas imagens, obtendo-se a imagem final, representado por I_{final} . A partir da imagem final são removidas alguns resíduos da imagem, que foram adicionados no processo de composição. Para isso, são extraídos os contornos de I_{final} e, para cada contorno, é feita uma interseção com a região equivalente em I_{adap} . Caso a interseção seja vazia, significa que uma região não pertencente aos cromossomos foi incluída no processo de composição *fuzzy*-adaptativo. Desta forma, a região é excluída da imagem final. A Figura 2 mostra as diferentes etapas do método proposto.

A Figura 2 (a) mostra uma região onde estão localizados os cromossomos na imagem original. Apesar do método ser aplicado para a imagem inteira, na Figura 2 é mostrado apenas a região dos cromossomos para facilitar a visualização. A Figura 2 (b) apresenta os resultados da etapa adaptativa enquanto que a Figura 2 (c) mostra os resultados da etapa *fuzzy*. A etapa adaptativa consegue segmentar a maioria dos cromossomos. Porém, alguns componentes de cromossomos são perdidos nessa etapa. A etapa *fuzzy* realiza a detecção das bordas dos cromossomos, o que auxilia na identificação da localização dos mesmos. Um preenchimento de região não pode ser utilizado nessa etapa, pois muitos componentes não possuem região fechada. Na etapa final, representada na Figura 2 (d), os elementos encontrados nas etapas adaptativa e *fuzzy* se complementam, recuperando

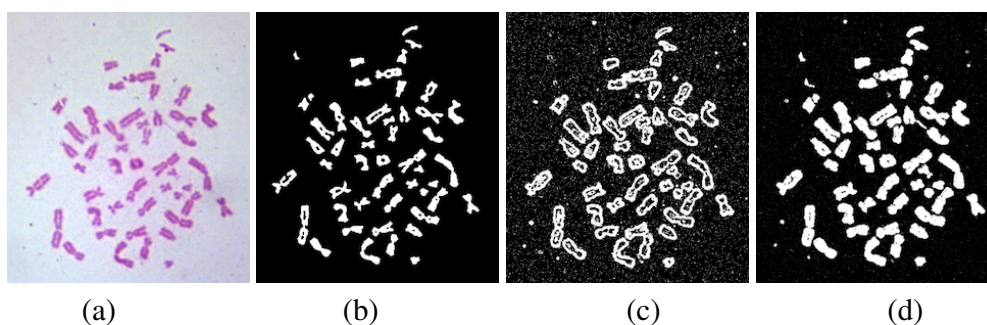


Figura 2. Etapas de segmentação do Método Proposto: (a) Imagem Original; (b) Etapa Adaptativa; (c) Etapa Fuzzy; (d) Composição Final Fuzzy-Adaptativa.

os componentes de cromossomos perdidos. Essa abordagem se difere dos trabalhos da literatura, que aplicam apenas um método de segmentação. Ao utilizar um método híbrido, a composição de técnicas são complementares na segmentação final.

4. Metodologia

4.1. Ambiente Experimental

As imagens utilizadas durante o experimento foram adquiridas no Centro Regional de Ciências Nucleares do Nordeste (CRCN-NE). O CRCN disponibilizou uma das bases de imagens de cromossomos para o desenvolvimento do algoritmo, todas rotuladas por especialista. Atualmente, no CRCN, o processo de análise cromossômica é feito manualmente, ou seja, um especialista por meio de um microscópio óptico analisa ao menos 1000 lâminas por cada amostra irradiada. A base de dados adquirida consta de 35 imagens de cromossomos metafásicos e suas respectivas rotulações. As imagens digitalizadas possuem resolução 2028×1536 pixels.

Os algoritmos implementados nesse trabalho foram desenvolvidos utilizando a linguagem Python juntamente com a biblioteca OpenCV. Os algoritmos foram executados utilizando um computador com processador i7 e 8GB de memória RAM.

4.2. Métricas

Para realizar essa análise entre as técnicas, foram implementadas métricas de análise de imagens médicas, do estado da arte: Sensibilidade, Especificidade, Índice Jaccard e Acurácia Balanceada. Essas métricas são calculadas a partir das taxas de verdadeiro positivo (VP), verdadeiro negativo (VN), falso positivo (FP) e falso negativo (FN) encontradas nas imagens segmentadas. A seguir são descritas cada uma das métricas analisadas.

Sensibilidade (SE) representa a eficácia do algoritmo em classificar corretamente os pixels do objeto da imagem. A Sensibilidade pode ser descrita através da Equação 4.

$$SE = \frac{VP}{VP + FN} \quad (4)$$

A Especificidade (SP) representa a eficácia do algoritmo em classificar corretamente os pixels de fundo da imagem. A Especificidade pode ser descrita através da

Equação 5.

$$SP = \frac{VN}{FP + VN} \quad (5)$$

A Acurácia Balanceada (BAC) é a média da especificidade e sensibilidade. Quanto maior o valor de BAC mais equilibrada é a relação entre SE e SP, tendo um menor desvio padrão entre os valores de SE e SP. A acurácia balanceada é calculada de acordo com a Equação 6.

$$BAC = \frac{SE + SP}{2} \quad (6)$$

O índice de Jaccard (J) representa a taxa de similaridade entre a imagem gerada e a sua respectiva imagem ouro. O Índice de Jaccard é calculado através da equação 7.

$$J = \frac{VP}{VP + FN + FP} \quad (7)$$

O coeficiente de correlação de Matthews (MCC) é considerada uma métrica útil para avaliar a similaridade entre classificações binárias [Poletti et al. 2012]. Essa métrica representa se a predição dos valores está sendo aleatória ou não. Quanto mais perto de 0, mais aleatório é o resultado. Um valor de -1 indica total divergência entre as imagem, enquanto um valor de +1 representa igualdade total. A métrica MCC é calculada através da Equação 8.

$$MCC = \frac{VP \times VN - FP \times FN}{\sqrt{(VP + FP)(VP + FN)(VN + FP)(VN + FN)}} \quad (8)$$

O valor de predição positiva (PPV) representa o número total de *pixels* classificados corretamente como objeto, sobre o número total de *pixels* classificados como objeto, conforme mostrado na Equação 9.

$$PPV = \frac{VP}{VP + FP} \quad (9)$$

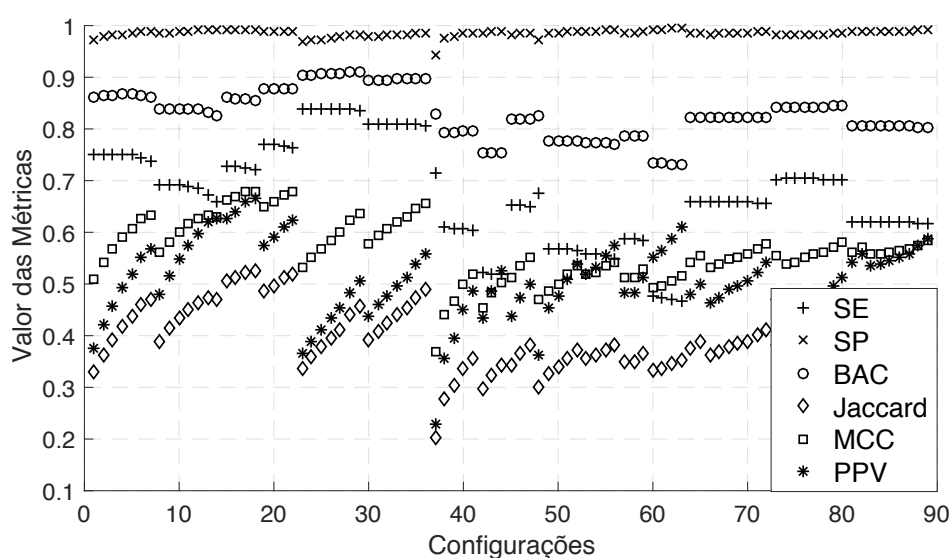
5. Resultados

Inicialmente foi feita uma análise dos parâmetros do método proposto. Para definir os melhores parâmetros, foram utilizadas as métricas descritas na seção 4.2. Para a etapa adaptativa, foram analisados os parâmetros de método adaptativo, tamanho de janela e constante de ajuste, representados por M_{adap} , W_{adap} e C_{adap} , respectivamente. Para a etapa *fuzzy* foram analisados os parâmetros de tamanho de janela e limiar, representados por W_{fuzzy} e T_{fuzzy} , respectivamente. No método *fuzzy*, o valor de β , descrito na equação 3 é mantido fixo, com valor 1, enquanto é variado apenas o limiar para a função de pertinência. Isso acontece porque alterar β ou o limiar tem o mesmo impacto na segmentação. Por fim, também foram explorados os parâmetros de pós processamento, tais como operação morfológica e tamanho máximo dos elementos removidos, representados por Pos_{om} e Pos_{rem_size} , respectivamente. Os parâmetros explorados na análise realizada são mostrados na Tabela 1.

Tabela 1. Parâmetros explorados para o método proposto

Parâmetros	Configurações
M_{adap}	média, gaussiano
W_{adap}	3 a 21
C_{adap}	3, 4, 5, 6, 7
W_{fuzzy}	5, 7, 9, 1
T_{fuzzy}	0,1 a 0,5
Pos_{Som}	abertura, erosão
$Pos_{\text{rem_size}}$	10 a 50

Foi feito um estudo inicial do impacto da variação de parâmetros na fase de limiarização adaptativa em relação às métricas descritas. A Figura 3 mostra o resultado dessas métricas para 90 variações de configuração da etapa de limiarização adaptativa juntamente com o pós-processamento. Os parâmetros variados nessa análise são M_{adap} , W_{adap} , C_{adap} , Pos_{Som} e $Pos_{\text{rem_size}}$, descritos na Tabela 1.

**Figura 3. Análise de variação de parâmetros para o limiar adaptativo**

Na Figura 3, o eixo x representa as diferentes configurações e o eixo y representa os valores das métricas. Essa análise mostra que as configurações não tem grande impacto sobre a métrica de especificidade, representado por SP. Além disso, é possível observar que as métricas de Jaccard, MCC e PPV, possuem correlação, pois quando um aumenta as outras aumentam. No entanto, a sensibilidade nem sempre melhora quando MCC, PPV ou Jaccard apresentam valores maiores. Pela Figura 3, também é possível concluir que o método adaptativo é sensível à variação de parâmetros para as métricas Jaccard, MCC e PPV, enquanto que para SE e BAC a variação é menor. Com relação aos valores dos parâmetros, foi possível obter os melhores valores usando M_{adap} com método de média, C_{adap} igual a 7, Pos_{Som} com operador de abertura e $Pos_{\text{rem_size}}$ com valor entre 30 e 50.

A Figura 4 mostra a etapa de pós-processamento realizada após a segmentação adaptativa. A Figura 4 (a) mostra a imagem segmentada pela etapa do método adaptativo

e a Figura 4 (b) mostra a imagem resultante após a operação de erosão e remoção de pequenas regiões na imagem. Como pode ser visto na imagem, mesmo após a aplicação do pós processamento, ainda restam na imagem elementos não pertencentes aos conjuntos de cromossomos, os quais poderão ser removidos em uma etapa posterior de classificação.

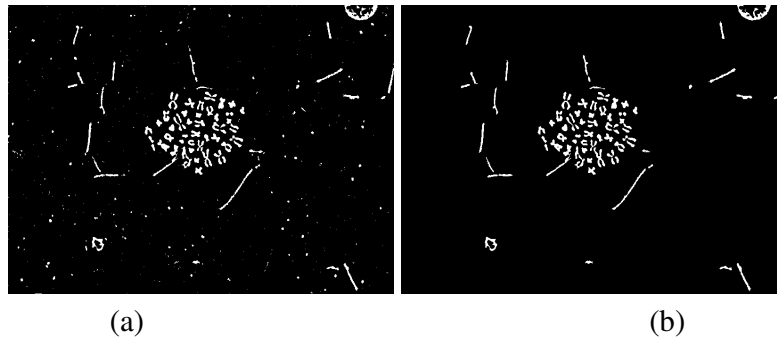


Figura 4. Etapa de pós-processamento no método proposto: (a) imagem segmentada pela etapa adaptativa; (b) imagem após operação de erosão.

A análise de parâmetros também foi realizada para a etapa de segmentação utilizando lógica *fuzzy*. No caso da abordagem *fuzzy*, aplicar os operadores de pós processamento não gerou melhoria nos resultados, já que apenas as regiões de borda dos cromossomos foram detectadas e essas áreas, em alguns casos, apresentam tamanho próximo ao de ruídos externos, o que são removidos na etapa de pós processamento. Desta forma, aplicar o operador de erosão pode remover também o contorno dos cromossomos. A Figura 5 mostra os resultados obtidos para variação de parâmetros na etapa de limiarização *fuzzy*.

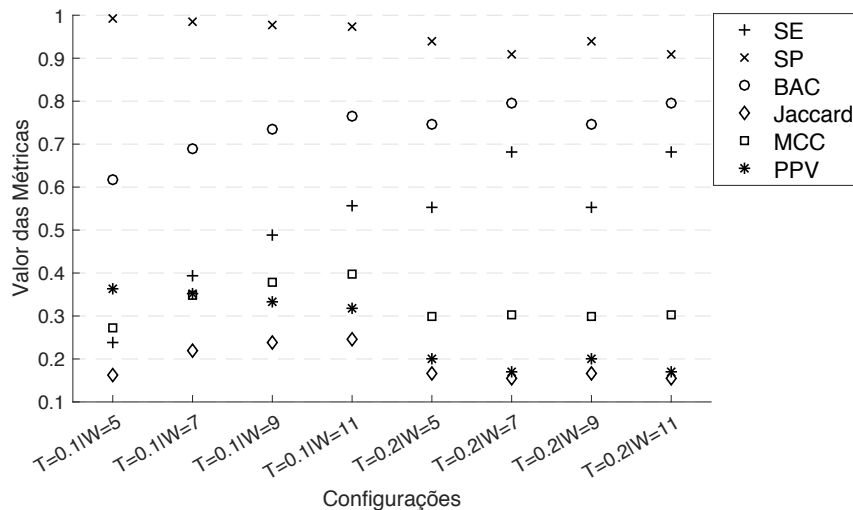


Figura 5. Análise de variação de parâmetros para a binarização utilizando lógica *fuzzy*

Apesar da variação de parâmetros do algoritmo *fuzzy* ter sido realizada para valores de T entre 0,1 e 0,5, a binarização se mostrou sensível para valores de T acima de 0,2, obtendo resultados pouco precisos. Desta forma, na Figura 5 são apresentadas apenas as melhores configurações, com valores de T entre 0,1 e 0,2. Entre os melhores valores

obtidos, está a configuração com $T = 0.1$ e $W = 11$. Conforme descrito anteriormente, a etapa de pós processamento não adicionou melhorias nessa etapa.

5.1. Análise de Segmentação

O método proposto foi comparado com técnicas de segmentação utilizadas no estado da arte. Um dos métodos mais utilizados para segmentação de cromossomos é o método de Otsu [Jianzhuang et al. 1991], sendo usado pelos melhores trabalhos na literatura [Uttamatanin et al. 2013b]. Além do método de Otsu, o trabalho foi comparado com a abordagem adaptativa e *fuzzy*, quando aplicadas isoladamente. A Figura 6 mostra os resultados de segmentação para os métodos Otsu, adaptativo, *fuzzy* e *fuzzy*-adaptativo.

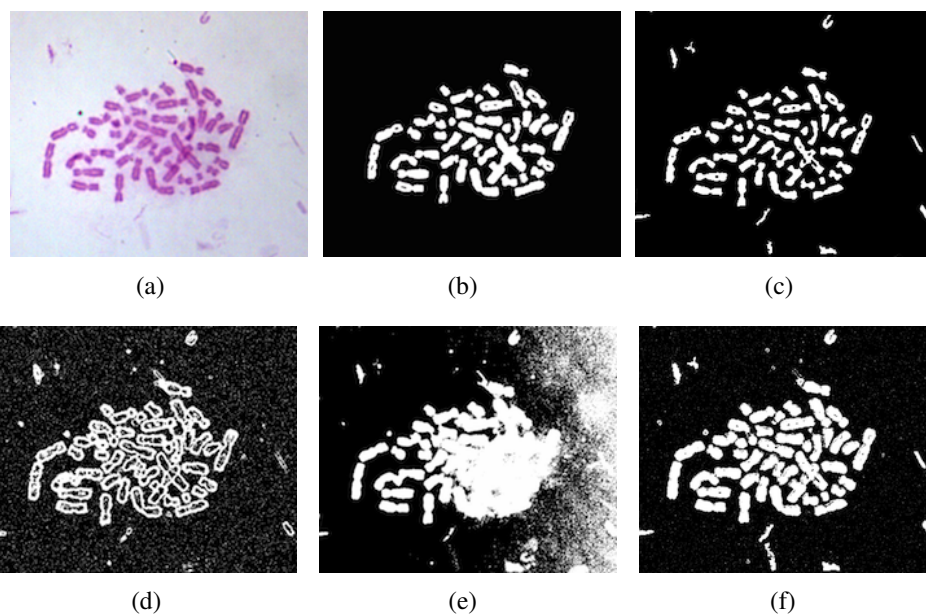


Figura 6. Segmentação de imagem de cromossomos por diferentes técnicas: (a) imagem original, (b) imagem ouro, (c) Adaptativo, (d) *Fuzzy*, (e) Otsu e (f) *Fuzzy*-Adaptativo.

A Figura 6 (a) representa a imagem original enquanto que a coluna (b) mostra a imagem ouro. As Figura 6 (c)-(d) mostram os resultados de binarização para as técnicas adaptativa, *fuzzy*, Otsu e *fuzzy*-adaptativo, respectivamente. É possível observar que o método de Otsu possui dificuldade de segmentação em algumas imagens devido à variação de iluminação. O método adaptativo, apesar de conseguir segmentar bem os cromossomos na maioria dos casos, às vezes acaba eliminando algum componente do cromossomo. Porém, esses componentes conseguem ser preservados na abordagem *fuzzy*-adaptativa.

A Figura 7 mostra os resultados quantitativos da segmentação de cada técnica, para as métricas analisadas. Os valores de parâmetros utilizados em cada técnica foram definidas através da análise de variação de parâmetros descritos anteriormente, onde foram definidos os melhores parâmetros baseados nas métricas estudadas. A partir dos resultados da Figura 7, pode-se observar que o método proposto obteve maiores valores do que as outras técnicas para as métricas de sensibilidade, especificidade, acurácia

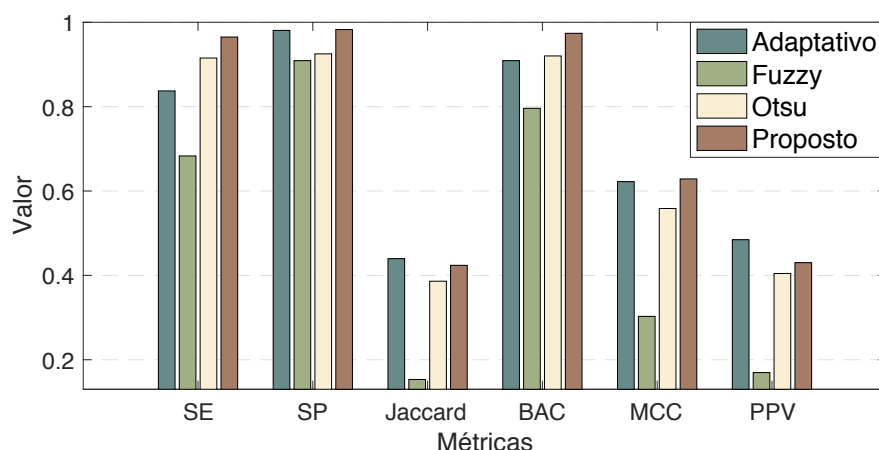


Figura 7. Média das métricas para as imagens segmentadas pelas técnicas de limiarização adaptativa, fuzzy, Otsu e método proposto.

balanceada e MCC. Para a métrica de Jaccard e PPV o método adaptativo obteve melhores resultados. No entanto, o método adaptativo obtém baixo valor de sensibilidade comparado às outras técnicas. A sensibilidade é uma métrica importante para assegurar a detecção dos cromossomos, pois ela está relacionada à taxa de verdadeiro positivo. Os resultados também mostraram que o método proposto obteve melhores resultados do que o método de Otsu, que é um método de segmentação bastante utilizado nos trabalhos do estado da arte. A abordagem híbrida desenvolvida mostrou que a composição de técnicas de segmentação pode ser vantajosa para a segmentação de cromossomos.

6. Conclusão

Este trabalho propõe um novo método de segmentação de cromossomos baseado em uma abordagem híbrida de limiarização adaptativa com lógica fuzzy. O método desenvolvido é aplicado para 35 imagens da base do CRCN-NE e comparado com técnicas da literatura para as métricas de sensibilidade, especificidade, acurácia balanceada, Jaccard, MCC e PPV.

Resultados mostraram que o método fuzzy-adaptativo obtém melhores valores do que métodos bastante usados no estado da arte, como o método de Otsu. Quando comparado com a limiarização adaptativa sozinha, o método proposto consegue obter maior valor de sensibilidade e especificidade, gerando melhores resultados de acurácia balanceada. O trabalho desenvolvido mostra que a abordagem híbrida para segmentação de cromossomos é favorável para a qualidade da segmentação. Além disso, o método contribui para o estado da arte, obtendo melhores resultados do que algoritmos existentes. Trabalhos futuros envolvem a extensão da base de dados e adição de uma etapa de classificação.

Referências

- Arora, T. and Dhir, R. (2016). A review of metaphase chromosome image selection techniques for automatic karyotype generation. *Medical & biological engineering & computing*, 54(8):1147–1157.
- Burger, W. and Burge, M. J. (2016). *Digital image processing: an algorithmic introduction using Java*. Springer.

- Cunha, D. M. d. C. et al. (2015). Análise cromossômica por microarranjos em probandos com indicação clínica de síndrome de down sem alterações cariotípicas.
- Dubois, D. and Prade, H. (1978). Operations on fuzzy numbers. *International Journal of systems science*, 9(6):613–626.
- Dubois, D. J., Prade, H., and Yager, R. R. (2014). *Readings in fuzzy sets for intelligent systems*. Morgan Kaufmann.
- Grisan, E., Poletti, E., and Ruggeri, A. (2009). Automatic segmentation and disentangling of chromosomes in q-band prometaphase images. *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine*, 13(4):575–581.
- Haykin, S. S. (2001). *Redes neurais*. Bookman.
- Jianzhuang, L., Wenqing, L., and Yupeng, T. (1991). Automatic thresholding of gray-level pictures using two-dimension otsu method. In *Circuits and Systems, 1991. Conference Proceedings, China., 1991 International Conference on*, pages 325–327. IEEE.
- Khmelninskii, A., Ventura, R., and Sanches, J. (2008). Automatic chromosome pairing using mutual information. In *Engineering in Medicine and Biology Society, 2008. EMBS 2008. 30th Annual International Conference of the IEEE*, pages 1918–1921. IEEE.
- Kurtz, G. C. (2011). Metodologias para detecção do centrômero no processo de identificação de cromossomos.
- Madian, N., Jayanthi, K., and Suresh, S. (2015). Contour based segmentation of chromosomes in g-band metaphase images. In *Signal and Information Processing (Global-SIP), 2015 IEEE Global Conference on*, pages 943–947. IEEE.
- Matta, M. C. d. (2013). Processamento de imagens em dosimetria citogenética.
- Minaee, S., Fotouhi, M., and Khalaj, B. H. (2014). A geometric approach to fully automatic chromosome segmentation. In *Signal Processing in Medicine and Biology Symposium (SPMB), 2014 IEEE*, pages 1–6. IEEE.
- NUSSBAUM, R. L., MCINNES, R. R., and Willard, H. (2008). Thompson: Genética médica.
- Pantaleão, C. H. Z. et al. (2003). Contribuição à análise e classificação citogenética baseada no processamento digital de imagens e no enfoque lógico-combinatório.
- Poletti, E., Zappelli, F., Ruggeri, A., and Grisan, E. (2012). A review of thresholding strategies applied to human chromosome segmentation. *Computer methods and programs in biomedicine*, 108(2):679–688.
- Uttamatanin, R., Intarapanich, A., Kaewkamnerd, S., Yuvapoositanon, P., and Tongsimma, S. (2013a). Band classification based on chromosome shapes. In *Biomedical Engineering International Conference (BMEiCON), 2013 6th*, pages 1–5. IEEE.
- Uttamatanin, R., Yuvapoositanon, P., Intarapanich, A., Kaewkamnerd, S., Phuksaritanon, R., Assawamakin, A., and Tongsimma, S. (2013b). Metasel: a metaphase selection tool using a gaussian-based classification technique. *BMC bioinformatics*, 14(16):S13.