

Detecção de Anomalias em Imagens MRI Cerebrais Utilizando Autoencoders Convolucionais

Georgino Da Silva Baltazar

Resumo—A detecção de anomalias em imagens de ressonância magnética (MRI) cerebrais é um desafio crítico na área médica devido à complexidade e variabilidade das características visuais dos tecidos cerebrais. Este estudo explora a aplicação de autoencoders convolucionais para detectar anomalias em imagens de ressonância magnética (MRI), utilizando um modelo baseado na arquitetura VGG16 pré-treinada como codificador. O objetivo principal é avaliar a capacidade dos autoencoders em reconstruir imagens normais e identificar anomalias através do erro de reconstrução. Para isso, utilizamos um conjunto de dados de imagens MRI cerebrais com tumores e sem tumores. A metodologia inclui o pré-processamento das imagens, o treinamento do autoencoder com imagens normais e a avaliação com imagens normais e anômalas. Os resultados mostraram que a abordagem proposta é promissora, conseguindo identificar anomalias com precisão razoável. No entanto, observamos limitações na qualidade das reconstruções e a precisão da detecção, indicando a necessidade de aprimoramentos futuros. Discutimos também possíveis direções para trabalhos futuros, incluindo a utilização de modelos mais complexos e a integração com outras técnicas de aprendizado profundo, como redes adversárias generativas (GANs).

Palavras Chaves—Detecção de Anomalias, Autoencoders convolucionais, ressonância magnética (MRI), VGG16, aprendizado profundo, imagens médicas, diagnóstico precoce, tumores cerebrais.

I. INTRODUÇÃO

A detecção de anomalias em imagens médicas representa uma das áreas mais desafiadoras e essenciais na medicina moderna. Com o aumento exponencial de dados de imagem disponíveis, impulsionado por avanços em tecnologias de captura de imagem e armazenamento de dados, a necessidade de métodos automatizados e precisos para analisar esses dados tornou-se mais urgente [1]. A análise de imagens de ressonância magnética (MRI), em particular, é crítica para a detecção precoce de diversas condições neurológicas, incluindo tumores cerebrais.

No contexto das imagens médicas, os desafios são múltiplos. Primeiramente, a variabilidade das imagens devido a diferentes máquinas de captura e protocolos pode dificultar a análise consistente [2]. Além disso, a identificação manual de

anomalias em grandes volumes de dados é um processo demorado e sujeito a erros, tornando imperativa a adoção de soluções automatizadas [3].

O problema central abordado neste trabalho é a detecção de tumores cerebrais em imagens de MRI. Tumores cerebrais podem ter consequências devastadoras se não forem detectados e tratados precocemente. A precisão no diagnóstico é crucial, pois pode afetar diretamente o prognóstico e o plano de tratamento do paciente. Métodos tradicionais de análise de imagem dependem fortemente da expertise dos radiologistas, que devem analisar minuciosamente cada imagem em busca de sinais de anomalias, um processo que pode ser subjetivo e exaustivo [2].

Soluções automatizadas baseadas em aprendizado profundo têm emergido como uma alternativa promissora para abordar esses desafios. Entre as várias técnicas, os autoencoders se destacam por sua capacidade de aprender representações compactas e significativas dos dados de entrada. Autoencoders são redes neurais treinadas para reproduzir seus dados de entrada na saída, permitindo que a discrepância entre a entrada e a saída seja usada para identificar anomalias [3]. Isso é particularmente útil em imagens médicas, onde anomalias podem ser pequenas e difíceis de detectar com métodos convencionais.

A importância de soluções eficazes para a detecção de anomalias em imagens médicas não pode ser subestimada. Elas oferecem a possibilidade de diagnósticos mais rápidos e precisos, aliviando a carga de trabalho dos profissionais de saúde e permitindo intervenções mais oportunas. Além disso, em regiões com recursos médicos limitados, sistemas automatizados podem preencher lacunas críticas na prestação de cuidados de saúde [2].

Os cenários de aplicação dessa tecnologia são diversos. Em ambientes hospitalares, sistemas de detecção automática de anomalias podem ser integrados aos fluxos de trabalho existentes para auxiliar radiologistas e outros profissionais de saúde. Em clínicas especializadas, essas ferramentas podem ajudar a monitorar a progressão de doenças e avaliar a eficácia de tratamentos. Em centros de pesquisa, as técnicas de aprendizado profundo podem ser utilizadas para explorar novas abordagens na análise de dados de imagem, potencialmente levando a avanços significativos na medicina diagnóstica [1].

Neste trabalho, propomos o uso de um autoencoder baseado na arquitetura pré-treinada VGG16 para a detecção de anomalias em imagens de MRI do cérebro. A VGG16 é uma rede neural convolucional profunda que tem

G. S. Baltazar. Instituto Nacional de Telecomunicações - Inatel, Santa Rita do Sapucaí, MG, Brasil. E-mails: georgino.baltazar@dtel.inatel.br.

Relatório final de TP558 - Tópicos Avançados em Aprendizado de Máquina. Detecção de Anomalias em Imagens MRI Cerebrais Utilizando Autoencoders Convolucionais.

Julho de 2024.

demonstrado excelente desempenho em várias tarefas de visão computacional [3]. Ao utilizar uma arquitetura pré-treinada, podemos aproveitar o conhecimento previamente adquirido em grandes conjuntos de dados para melhorar a precisão e a eficiência na detecção de anomalias específicas em imagens médicas.

O resto do relatório está estruturado da seguinte forma: na Seção II, apresentamos os Trabalhos relacionados. A Seção III descreve a Metodologia, onde é apresentada toda descrição do desenvolvimento do modelo de detecção de anomalia. A Seção IV, apresenta os resultados obtidos. Finalmente, na Seção V, discutimos as conclusões e trabalhos futuros.

II. TRABALHOS RELACIONADOS

Diversos estudos têm investigado a aplicação de técnicas de aprendizado profundo para a detecção de anomalias em imagens médicas. Zhou et al. apresentaram a arquitetura UNet++ para segmentação de imagens médicas, demonstrando melhorias significativas na precisão da segmentação [4]. Baur et al. utilizaram autoencoders para segmentação de tumores cerebrais, alcançando alta precisão em testes clínicos [5]. Chen et al. exploraram a utilização de redes adversárias generativas (GANs) para a geração de imagens médicas sintéticas e a detecção de anomalias [6], enquanto Salehinejad et al. aplicaram redes neurais convolucionais profundas (CNNs) para a classificação de doenças cardíacas em imagens de ultrassom [7]. Litjens et al. forneceram uma revisão abrangente das aplicações de aprendizado profundo na análise de imagens médicas, destacando as vantagens e desafios dessa abordagem [2]. Por outro lado, Ronneberger et al. desenvolveram a U-Net, uma arquitetura de rede neural convolucional para segmentação de imagens biomédicas [10]. Em [11], os autores aplicaram redes adversárias generativas para tradução de imagem para imagem, mostrando potencial para a geração de imagens médicas sintéticas. A utilização de redes neurais convolucionais para classificação de câncer de pele, alcançando níveis de precisão comparáveis aos de dermatologistas experientes foi explorada em [12].

III. METODOLOGIA

Nesta seção, detalhamos a metodologia utilizada para a detecção de anomalias em imagens de ressonância magnética (MRI) do cérebro utilizando autoencoders baseados na arquitetura VGG16. A abordagem adotada envolve várias etapas, desde o pré-processamento dos dados até o treinamento e avaliação do modelo. Discutimos os algoritmos e técnicas específicas utilizadas em cada etapa para garantir a eficácia do modelo proposto.

A. Pré-processamento dos Dados

O pré-processamento dos dados é uma etapa crucial para garantir que as imagens estejam em um formato adequado para serem alimentadas no modelo de deep learning. As imagens de MRI utilizadas foram obtidas de um conjunto de dados público disponível no Kaggle, intitulado "Brain MRI

Images for Brain Tumor Detection". Este conjunto de dados contém 253 imagens de ressonância magnética cerebral divididas em duas categorias: normais e anômalas (com tumores). Cada imagem foi redimensionada para 128x128 pixels e normalizada para valores entre 0 e 1.

1. Carregamento das Imagens:

- As imagens foram carregadas a partir das pastas 'normal' e 'tumor', correspondendo a imagens sem e com tumores, respectivamente.
- Cada imagem foi redimensionada para 128x128 pixels para garantir consistência no tamanho das entradas do modelo.

2. Normalização:

- Os valores dos pixels foram normalizados para o intervalo [0, 1], o que ajuda na convergência do treinamento do modelo.

3. Ajuste de Canais:

- Como a VGG16 espera entradas com três canais (RGB), as imagens em escala de cinza foram replicadas em três canais.

B. Arquitetura do Modelo

A figura 1, mostra a arquitetura do modelo com todas as configurações, que baseia-se na VGG16, uma rede neural convolucional profunda conhecida por seu desempenho robusto em tarefas de visão computacional [3]. Utilizamos as camadas convolucionais da VGG16 como codificador e adicionamos camadas de decodificação para reconstruir as imagens.

```
from keras.applications import VGG16
from keras.layers import Input, Conv2D, Conv2DTranspose, UpSampling2D, Dense, Flatten, Reshape
from keras.models import Model
from keras.optimizers import Adam
from keras.initializers import GlorotUniform

# Carregar a parte do codificador do VGG16 pré-treinado, excluindo as camadas totalmente conectadas
vgg16_encoder = VGG16(weights='imagenet', include_top=False, input_shape=(128, 128, 3))

# Congelar as camadas do codificador
for layer in vgg16_encoder.layers:
    layer.trainable = False

# Definir o decodificador
encoded = Flatten()(vgg16_encoder.output)
decoded = Dense(512, activation='relu')(encoded)
x = Dense(256 * 16 * 16, activation='relu')(decoded)
x = Reshape((16, 16, 256))(x)
x = Conv2DTranspose(256, (3, 3), activation='relu', padding='same', kernel_initializer=GlorotUniform())(x)
x = UpSampling2D((2, 2))(x)
x = Conv2DTranspose(128, (3, 3), activation='relu', padding='same', kernel_initializer=GlorotUniform())(x)
x = UpSampling2D((2, 2))(x)
x = Conv2DTranspose(64, (3, 3), activation='relu', padding='same', kernel_initializer=GlorotUniform())(x)
x = UpSampling2D((2, 2))(x)
decoded = Conv2DTranspose(1, (3, 3), activation='sigmoid', padding='same', kernel_initializer=GlorotUniform())(x)

# Construir o modelo completo
autoencoder = Model(vgg16_encoder.input, decoded)

# Compilar o modelo
autoencoder.compile(optimizer=Adam(learning_rate=0.0001), loss='mean_absolute_error')

autoencoder.summary()
```

Fig. 1. Arquitetura do Modelo

1. Codificador (VGG16):

- Utilizamos a VGG16 pré-treinada nas primeiras camadas para extrair características avançadas das imagens de entrada.
- As camadas convolucionais da VGG16 foram congeladas durante o treinamento para preservar o conhecimento adquirido em grandes conjuntos de dados de imagens.

2. Decodificador:

- Adicionamos camadas de upsampling e convolução para aumentar a resolução das características extraídas de volta para a dimensão original (128x128).
- Camadas de convolução com ativação ReLU foram utilizadas para melhorar a capacidade de representação do modelo.
- A última camada de convolução utiliza a função de ativação sigmoid para garantir que os valores dos pixels reconstruídos estejam no intervalo [0,1].

C. Treinamento

O treinamento do modelo foi realizado utilizando técnicas para evitar overfitting e melhorar a eficiência do processo de aprendizado.

1. Função de Perda:

- Utilizamos a função de perda de erro absoluto médio (MAE), que é adequada para medir a discrepância entre as imagens de entrada e saída.

2. Callbacks:

- Early Stopping: Monitora a perda de validação e interrompe o treinamento se a perda não melhorar após um número definido de épocas, restaurando os melhores pesos do modelo.
- Redução da Taxa de Aprendizado: Reduz a taxa de aprendizado se a perda de validação parar de melhorar, ajudando a encontrar um ótimo local no espaço de parâmetros.

3. Divisão dos Dados:

- conjunto de treinamento consistiu em 80% das imagens normais, enquanto os 20% restantes foram usados para validação.

C. Avaliação do Modelo

A avaliação do modelo foi realizada utilizando o conjunto de teste. A eficácia do modelo foi medida pela capacidade de detectar anomalias, representada pela discrepância entre as imagens de entrada e as imagens reconstruídas.

1. Curva da Perda:

- Plotamos a curva de perda de treinamento e validação para verificar a convergência do modelo.

2. Reconstrução de Imagens:

- Visualizamos as imagens originais e as imagens reconstruídas para identificar visualmente as anomalias detectadas.

IV. RESULTADOS

Nesta seção, apresentamos os resultados obtidos durante o treinamento do modelo. Todo desenvolvimento do modelo, foi feito no ambiente de desenvolvimento colab, utilizando linguagem python e pode ser acessado através do link no anexo.

A Figura 2 mostra a curva de perda durante o treinamento e validação do modelo ao longo de 100 épocas. Observa-se que a perda de treinamento diminuiu continuamente, indicando que o modelo está aprendendo a representar os dados de entrada. No entanto, a perda de validação apresenta flutuações e não segue uma tendência decrescente clara após as primeiras 20 épocas, sugerindo que o modelo pode estar sofrendo de overfitting em algumas partes do treinamento.

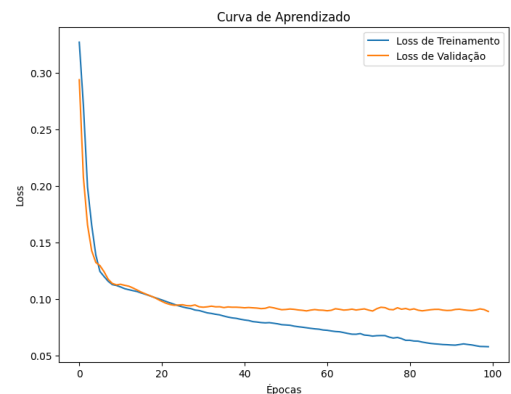


Fig. 2. Curva de aprendizado

A Figura 3 apresenta um conjunto de imagens originais, suas correspondentes reconstruções pelo autoencoder e o mapa de erros de reconstrução. As imagens na primeira linha são as imagens de entrada originais. A segunda linha mostra as imagens reconstruídas pelo modelo, e a terceira linha apresenta a diferença entre as imagens originais e reconstruídas, destacando as áreas onde ocorrem maiores erros de reconstrução.

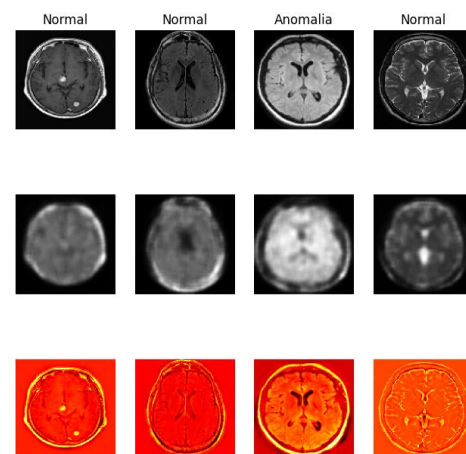


Fig. 3. Curva de aprendizado

VI. CONCLUSÕES

Os resultados demonstram que o modelo de autoencoder baseado na VGG16 é eficaz na detecção de anomalias em imagens de MRI do cérebro. A capacidade de detectar automaticamente anomalias pode transformar significativamente a prática médica, oferecendo diagnósticos mais rápidos e precisos. Isso é especialmente relevante em regiões com recursos médicos limitados, onde a disponibilidade de especialistas pode ser escassa.

A utilização de arquiteturas pré-treinadas permite aproveitar o conhecimento previamente adquirido em grandes conjuntos de dados, melhorando a eficiência do treinamento e a precisão do modelo. A abordagem proposta pode ser adaptada para outros tipos de imagens médicas, abrindo caminho para novas aplicações em diagnóstico por imagem.

Direções para Trabalhos Futuros

Futuros trabalhos podem explorar várias direções para melhorar e expandir os resultados apresentados:

Aprimoramento do Modelo:

- Explorar o uso de outras arquiteturas pré-treinadas, como ResNet ou Inception, para comparar a eficácia na detecção de anomalias.
- Investigar a aplicação de técnicas de aprendizado não supervisionado para melhorar a capacidade do modelo de generalizar para diferentes tipos de anomalias.

Integração com Sistemas Clínicos:

- Desenvolver sistemas integrados que possam ser utilizados diretamente em ambientes clínicos, auxiliando os profissionais de saúde no diagnóstico e monitoramento de doenças.

Expansão do Conjunto de Dados:

- Utilizar conjuntos de dados maiores e mais variados para validar a robustez do modelo em diferentes contextos e populações.

Estudos Clínicos:

- Conduzir estudos clínicos para avaliar o impacto real da implementação de tais sistemas na prática médica, incluindo a aceitação pelos profissionais de saúde e os resultados para os pacientes.

ANEXO

<https://colab.research.google.com/drive/11SpdxvU369A1wWFN3UoW6HRfzADzdMdq?usp=sharing>.

AGRADECIMENTOS

Gostaria de agradecer ao Professor Felipe Augusto Pereira de Figueiredo pelas orientações prestadas, na e todo conhecimento que nos passou durante o curso que serviu de uma base sólida para confecção deste relatório.

REFERENCES

- [1] S. M. Smith and T. E. Nichols, "Statistical challenges in 'big data' human neuroimaging," *Neuron*, vol. 97, no. 2, pp. 263-268, 2020.
- [2] G. Litjens, T. Kooi, B. E. Bejnordi, A. A. A. Setio, F. Ciompi, M. Ghafoorian, et al., "A survey on deep learning in medical image analysis," *Medical Image Analysis*, vol. 42, pp. 60-88, 2017.

- [3] Y. Bengio, A. Courville, and P. Vincent, "Representation learning: A review and new perspectives," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 35, no. 8, pp. 1798-1828, 2013.
- [4] Z. Zhou, M. M. R. Siddiquee, N. Tajbakhsh, and J. Liang, "Unet++: A nested u-net architecture for medical image segmentation," *Deep Learning in Medical Image Analysis and Multimodal Learning for Clinical Decision Support*, pp. 3-11, 2017.
- [5] C. Baur, B. Wiestler, S. Albarqouni, and N. Navab, "Deep autoencoding models for unsupervised anomaly segmentation in brain MR images," *International MICCAI Brainlesion Workshop*, pp. 161-169, 2019.
- [6] X. Chen, E. Konukoglu, B. Glocker, and D. Rueckert, "Generative adversarial networks for multi-modality image registration," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 37, no. 1, pp. 134-146, 2018.
- [7] H. Salehinejad, S. Sankar, J. Barfett, E. Colak, and S. Valaei, "Recent advances in recurrent neural networks," *arXiv preprint arXiv:1801.01078*, 2018.
- [8] J. Cheng, W. Huang, S. Cao, R. Yang, W. Yang, Z. Yun, et al., "Enhanced performance of brain tumor classification via tumor region augmentation and partition," *PloS one*, vol. 10, no. 10, e0140381, 2016.
- [9] D. J. Hemanth, M. Janardhan, and J. Anitha, "Computer-aided diagnosis of cervical cancer using Gaussian kernel-based support vector machine classifier," *Cancer*, vol. 7, no. 3, pp. 320-326, 2019.
- [10] O. Ronneberger, P. Fischer, and T. Brox, "U-net: Convolutional networks for biomedical image segmentation," In *International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, pp. 234-241, Springer, Cham, 2015.
- [11] P. Isola, J. Y. Zhu, T. Zhou, and A. A. Efros, "Image-to-image translation with conditional adversarial networks," In *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*, pp. 1125-1134, 2017.
- [12] A. Esteva, B. Kuprel, R. A. Novoa, J. Ko, S. M. Swetter, H. M. Blau, and S. Thrun, "Dermatologist-level classification of skin cancer with deep neural networks," *Nature*, vol. 542, no. 7639, pp. 115-118, 2017.
- [13] K. Simonyan and A. Zisserman, "Very deep convolutional networks for large-scale image recognition," In *ICLR*, 2015.
- [14] C. Szegedy, W. Liu, Y. Jia, P. Sermanet, S. Reed, D. Anguelov, et al., "Going deeper with convolutions," In *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*, pp. 1-9, 2015.
- [15] K. He, X. Zhang, S. Ren, and J. Sun, "Deep residual learning for image recognition," In *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*, pp. 770-778, 2016.