

### COMITÊ INSTITUCIONAL DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA – COIC/IPECI CICLO 2021/2022

#### Relatório Final

O **relatório final** de atividades tem por objetivo demonstrar, de forma clara, o desenvolvimento e desempenho dos bolsistas de Iniciação Científica/Tecnológica. Ao preenchê-lo, é importante ter em mente que devem ser apresentados os avanços, os resultados positivos ou negativos e conclusões alcançadas.

Leia atentamente a descrição de cada item do relatório (Exemplo: INTRODUÇÃO, METODOLOGIA, etc.) e preencha conforme as instruções.

<u>Data de entrega</u>: Até 29 de agosto de 2022 – na plataforma Moodle da Universidade Católica de Santos – comunidade "IPECI – SALA IC\_IT\_2021-2022" em formato Word, no TÓPICO [DISCENTES] RELATÓRIO FINAL

Assunto e título do arquivo: "RF nome do aluno" Exemplo: RF Manuela Souza

### Avaliação Discente do Programa 2021-2022

Preenchimento <u>obrigatório</u> do <u>Questionário de avaliação do Programa de Iniciação Científica</u> na comunidade "IPECI – SALA IC\_IT\_2021-2022". O formulário estará disponível no Moodle a partir do dia 15 de agosto de 2022.

### XVI JORNADA DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA E TECNOLÓGICA

Pedimos também o envio do **resumo expandido** até **05 de setembro de 2022** em formulário eletrônico próprio, cujo *link* será disponibilizado em agosto. A submissão do resumo expandido é parte da participação obrigatória na **XVI Jornada de Iniciação Científica e Iniciação em Desenvolvimento Tecnológico e Inovação** a ser realizada em **19 e 20 de outubro de 2022**.

#### RELATÓRIO FINAL DE ATIVIDADES DE PESQUISA



### (2021/2022)

\*OBSERVAÇÃO: este relatório deve ser redigido pelo discente com supervisão do orientador

- 1. DADOS DO SUBPROJETO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA OU TECNOLÓGICA
- 1.4 TÍTULO DO SUBPROJETO: Estudo e Aplicações de Máquinas de Suporte Vetorial
- 1.5 ORIENTADOR: José Fontebasso Neto
- 1.6 ALUNO: Levy Souto Sousa
- 1.7 BOLSISTA: [ ] PIBIC / [ ] PIBITI / [ ] PROIN / [ ] PROITI / [ X ] VOLUNTÁRIO
- 2. DIVULGAÇÃO DA PESQUISA (Apresentação do trabalho em congressos/resumos publicados ou aprovados para publicação em anais de eventos; artigos publicados ou aprovados em periódicos; prêmios recebidos)
- 3. RESUMO DO SUBPROJETO (descrever de forma direta e concisa um resumo contendo 250 palavras, compreendendo os tópicos: problematização, objetivos, metodologia e resultados da pesquisa)

O estudo tem como propósito utilizar algoritmos de *Machine Learning* para realizar processamento de imagens de tomografia e ressonâncias magnéticas em três dimensões do depositório MRI, como cérebros, pulmões, fígado, entre outros, algumas delas contendo tumores ou edemas. Baseando o estudo em modelos de Classificação, foram usadas Máquinas de Suporte Vetorial (SVM)

Com o processamento das diversas imagens, será possível separá-las em treino, *labels*(etiquetas) e teste, assim o algoritmo deverá ser capaz de prever em quais imagens de teste há um tumor ou não, e o nível de acurácia baseado nas *labels*.

Observou-se que em outros algoritmos de classificação os resultados foram obtidos de forma rápida, em apenas alguns segundos, porém o algoritmo SVM se mostrou desvantajosa em relação aos demais algoritmos para trabalhar com o *Dataset* escolhido, devido ao grande tempo e esforço computacional.



## 4. REFERENCIAL TEÓRICO (revisão da literatura que embasa o desenvolvimento da pesquisa)

Máquina de Suporte Vetorial (SVM) é um algoritmo supervisionado de Machine Learning utilizado para classificação e regressão de dados, separando-os em classes separadas linearmente ou não por um hiperplano. É dividido em módulos SVC para classificação e SVR para regressão. Na Figura 1.0 há um exemplo de classificação para dados rotulados utilizando SVC.

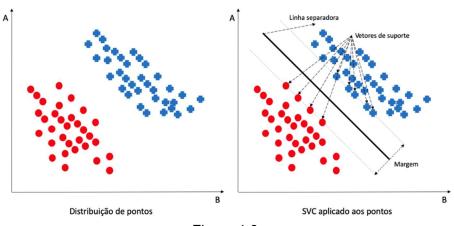


Figura 1.0 Fonte: Digital House

O SVM recebe dois parâmetros: gamma e C(Scikit-Learn Documentation); o parâmetro gamma é responsável por definir a influência de uma amostra no treinamento, quanto menor seu valor, pontos mais distantes são considerados no cálculo do hiperplano; Já o parâmetro C controla erros de margem na classificação e aplica penalidades afetando o hiperplano, quanto mais alto o valor do parâmetro C, mais clara será a separação entre classes, porém custa mais tempo de treinamento pela complexidade da formação de margens.

A Figura 1.1 mostra a aplicação do algoritmo com diferentes kernels, alterando a margem de classificação.



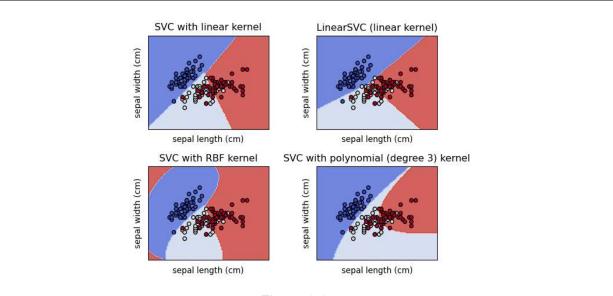


Figura 1.1 Fonte: Scikit-Learn

# 5. METODOLOGIA (Descrever detalhadamente como a pesquisa foi desenvolvida, explicitando os procedimentos e os instrumentos utilizados, empregando uma redação científica, com uma linguagem impessoal)

A principal ferramenta utilizada foi a linguagem de programação Python, devido à sua gama de funcionalidades para manipulação de dados. Dentro desse escopo foram manuseadas as seguintes ferramentas: *Scikit-Learn, framework open-source* para suporte à algoritmos de Inteligência Artificial; Matplotlib, biblioteca para criação gráfica; Numpy para funções matemáticas, arranjos e matrizes; Nibabel, para manipular Neuro-Imagens.nii.gz; Nilearn, para trabalhar com Machine Learning em Neuro-Imagens, e Pickle, que permite guardar variáveis em arquivos e utilizá-las posteriormente no programa. As interfaces de desenvolvimento para interpretar o código-fonte foram Google Collab e Jupyter Notebook.

Para exemplificar, foram utilizadas tomografias de cérebros com tumores do *Dataset* MRI, como a representação abaixo, onde são exploradas camadas para verificar existência de tumores (PAL, Arghya; RATHI, Yogesh). As imagens com extensão.nii.gz podem ser manipuladas pela biblioteca Nibabel, são divididas em 4



capturas, cada uma com 3 dimensões: altura, largura e profundidade(240X240X155).

O *Dataset* contém 484 imagens para treino do algoritmo, assim como suas respectivas *labels*, além de mais 250 para testes de predição.

Inicialmente é feito o carregamento do arquivo pelo Google Drive, a imagem é processada, selecionada e transformada em vetor numpy, reduz-se a dimensionalidade para 3D, a partir disso podemos criar as visualizações por camadas e eixos com Matplotlib, em algumas é possível notar o tumor.

Após estes processos, a biblioteca Nilearn é empregada com o intuito de aplicar a Máquina de Suporte Vetorial nos três eixos da imagem, a função *view\_img* permite interagir com o hiperplano e explorar as camadas, separando a visualização do tumor do resto do cérebro.

Em seguida são carregadas aproximadamente apenas 5 imagens de treino, *labels* e 2 para teste devido à limitação da Memória RAM, não é possível transferir todos os arquivos. A biblioteca Pickle permitiu guardar as variáveis em arquivos e carregá-las posteriormente com propósito de reutilizá-las sem grande esforço computacional.

Nas imagens de treino e testes, foram aplicadas máscaras booleanas para retirar o plano de fundo, e outras informações que não fossem o cérebro em si, após este processo, as variáveis de treino, labels e teste foram redimensionadas para respectivamente 2 dimensões (amostras, características), 1 dimensão(amostras) e 2 dimensões (amostras, características).

Finalmente é possível a aplicação do SVM a partir da documentação do *Scikit-Learn* em parte do *Dataset* para predição e classificação, o algoritmo deverá ser capaz de identificar se há tumores nas imagens de teste ou não, e revelar a precisão dos acertos (*Scikit-Learn Documentation*).

6. RESULTADOS E DISCUSSÃO (Esse é o item mais importante do relatório, no qual



devem constar os resultados obtidos, com uma descrição analítica, que podem ser expressos na forma de tabelas, gráficos ou figuras, quando for aplicável. Além disso, demonstrar neste item, a partir do levantamento bibliográfico, o confronto dos dados da literatura científica com os resultados obtidos)

A imagem tem sua estrutura formada por *voxels* (grade regular tridimensional, equivalente a pixeis em figuras 2d), podemos contar quantos *voxels* há em cada serie. temporal por cada imagem na Figura 2.0.

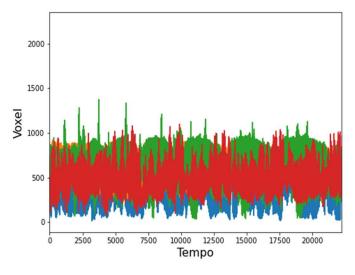


Figura 2.0 Fonte: autor

A Figura 2.1 é o código para criar a visualização da Figura 2.2 com a biblioteca Matplotlib, a função para\_3d reduz a dimensionalidade da série temporal para 3d e retorna em vetor numpy. Na Figura 2.2 é possível observar o tumor.



```
def para_3d(img_4d): #recebe imagem 4d e
devolve array numpy 3d
  imagem_data = img_4d.get_fdata()#dado da
imagem em si
  img_3d = imagem_data[...,3] #imagem 3d em
numpy array usando elipsis, 3 imagem em 4
  return img_3d

img_3d=para_3d(img)
plt.imshow(img_3d[:, :, 77],cmap='inferno')
plt.colorbar()
```

Figura 2.1

Fonte: autor

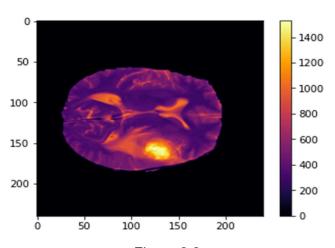


Figura 2.2

Fonte: autor

A Figura 2.3 apresenta o código para a exibição das camadas no eixo Z(cima), através de um índice de repetição que seleciona a partir das 60, dez camadas até a 110.



```
fig, axes = plt.subplots(nrows=1,ncols=6)
indices =[60,70,80,90,100,110]
for i in range(6):
    cerebro = img_3d[:,:,indices[i]]
    axes[i].imshow(cerebro,cmap='hsv')
    axes[i].axis('off')

plt.title('visualização de camadas no eixo Z')
plt.show()
```

Figura 2.3

Fonte: autor

visualização de camadas no eixo Z













Figura 2.4

Fonte: autor

As Figuras 2.5 e 2.6 apresentam respectivamente o código para aplicação do SVM na imagem, é uma função interativa, sendo possível arrastar o hiperplano em qualquer eixo, o qual exibe a área a qual o tumor abrange.



Figura 2.5

Fonte: autor



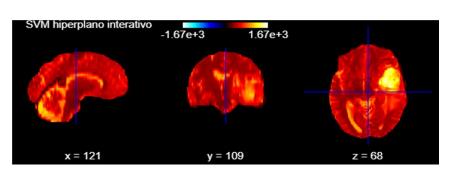


Figura 2.6

Fonte: autor

Agora, são separados treino, teste e *labels*, aplicando máscaras para remover o plano de fundo e guardando seus valores em listas, seguindo o mesmo processo da Figura 2.7.

```
x=[]
for i in range(5):
    img_name = gera_numero(i)
    img =
    nib.load('F:\imagensTreino\imagesTr\BRATS_'
+img_name + '.nii.gz').dataobj[:,:,:,3]
    mask_img = compute_epi_mask(img)
    mask_data = mask_img.get_data().astype(int)
    x.append(mask_data)
```

Figura 2.7

Fonte:autor

Após os dados lidos, são transformados em *arrays* numpy e passados para uma dimensão. Como mostra a Figura 2.8



```
x = np.array(x)
y=np.array(y)
t= np.array(t)
x,t,y =
x.reshape(5,240*240*155),t.reshape(2,240*240*1
55),y.reshape(5,240*240*155)#dados com 2
dimensões
y = y.reshape(5*240*240*155)
x=x.reshape(5*240*240*155)#normalizando x e y
para uma dimensão
x = x.reshape(-1,1)
```

Figura 2.8

Fonte: Autor

Finalmente, é importado o módulo SVC do *Scikit-Learn*, os dados são mais uma vez separados com *train\_test\_split*, é realizado o fit e calculado a taxa de acerto. Como mostra a Figura 2.9.

```
from sklearn.svm import SVC

clf = svm.SVC(kernel = 'rbf', gamma = 'auto')
from sklearn.model_selection import
train_test_split

clf =
OneVsRestClassifier(BaggingClassifier(SVC(kern
el='rbf', probability=True,
class_weight='balanced'),max_samples=1.0/n_est
imators,n_estimators=n_estimators))

clf.fit(x_train,y_train)
clf.predict(t)

acerto = clf.score(x_test,y_test) * 100
print("taxa de acerto %d%%" %acerto)
```

Figura 2.9

Fonte: Autor



A Figura 3.0 mostra o código *fit* em execução, depois de algumas horas processando devido ao cálculo quadrático do SVM temos o resultado abaixo.

```
"Label %s is present in all training examples." % str(classes[c])
//usr/local/lib/python3.7/dist-packages/sklearn/multiclass.py:80: Userw
"Label %s is present in all training examples." % str(classes[c])
//usr/local/lib/python3.7/dist-packages/sklearn/multiclass.py:80: Userw
"Label %s is present in all training examples." % str(classes[c])
//usr/local/lib/python3.7/dist-packages/sklearn/multiclass.py:80: Userw
"Label %s is present in all training examples." % str(classes[c])
```

Figura 3.0

Fonte:Autor

Por fim, a Figura 3.1 mostra a taxa de acerto algoritmo, e apesar de alta, não se pode dizer que é satisfatória, devido ao baixo número de dados de treino, em sistemas computacionais mais avançados, há a possibilidade de treinar o algoritmo com mais dados e mais *labels*.

```
score = clf.score(x,y)*100
print("taxa de acerto %d%%" %score)
taxa de acerto 98%
```

Figura 3.1

## 7. CONSIDERAÇÕES FINAIS/CONCLUSÃO (Relacionar os objetivos e problematização com os resultados)

A partir do que foi exposto, conclui-se que a Máquina de Suporte Vetorial é eficiente quando se trata de previsões por classificação, tanto em circunstâncias mais simples como venda de automóveis distintos por ano, quanto em circunstâncias complexas como a detecção de tumores cerebrais. Embora não tenha sido possível treinar e testar com o *Dataset* completo devido à limitação de hardware e esforço computacional, obtém-se uma visão positiva da capacidade do algoritmo em ambientes com maior potencial de processamento.

Diante disso, podemos inferir que a Máquina de Suporte Vetorial é eficiente e pode ser aplicada em ambientes comerciais e até mesmo hospitalares, supervisionada e treinada por um profissional, pode ser de grande utilidade para o meio a qual esta tecnologia estiver inserida.



## 8. REFERÊNCIAS (Indicar as obras, documentos, artigos científicos e demais materiais bibliográficos/eletrônicos utilizados nesta primeira etapa de acordo com as Normas da ABNT)

Osuna E., Freund R., and Girosi F., "Support Vector Machines: Training and Applications", A.I. Memo No. 1602, Artificial Intelligence Laboratory, MIT, 1997.

MORETTIN, Pedro A.; SINGER, Julio M. **Introdução à ciência de dados fundamentos e aplicações**. São Paulo-SP: Departamento de Estatística da Universidade de São Paulo, IMEUSP, 2020. 354 p.

EVGENIU, Theodorus; PONTIL, Massimiliano. **Support Vector Machines: Theory and Applications** DOI: <u>10.1007/3-540-44673-7\_12</u>. Disponível em: <a href="https://www.researchgate.net/publication/221621494">https://www.researchgate.net/publication/221621494</a> Support Vector Machines Theory and Applications, janeiro,2001.

DOBILAS, Saul. Classificador SVM e kernel RBF.

#### Disponível em:

https://ichi.pro/pt/classificador-svm-e-kernel-rbf-como-fazer-melhoresmodelos-empython-127248222170971.

Michael Joseph, Jerrold Jeyachandra, and Erin Dickie (eds):

Data Carpentry: **Introduction to MRI Data Analysis**." Version 2019.11, November 2019,

Disponível em: https://github.com/carpentries-incubator/SDC-BIDS-IntroMRI

Bailey, Sthephen, "Exploring 3D images with matplotlib". Dezembro de 2017.

Disponível em: https://www.youtube.com/watch?v=5jQVQE6yfio

Scarpace, L. et al. Radiology Data from The Cancer Genome Atlas Glioblastoma Multiforme [TCGA-GBM] collection [Data set]. The Cancer Imaging Archive, 2016.Disponível em: https://doi.org/10.7937/K9/TCIA.2016.RNYFUYE9.



**SVM RBF parameters,** Scikit-Learn documentation disponível em: <a href="https://scikit-learn.org/stable/auto-examples/svm/plot-rbf-parameters.html#rbf-svm-parameters">https://scikit-learn.org/stable/auto-examples/svm/plot-rbf-parameters.html#rbf-svm-parameters</a>. Acesso em setembro de 2021.

PAL, Arghya; RATHI, Yogesh, A review of deep learning methods for MRI reconstruction.

PDF Disponível em: https://arxiv.org/abs/2109.08618. Cornwell University. Acesso em set 2021

### 9. ACEITE ELETRÔNICO DO ORIENTADOR (O aluno deverá postar o relatório final no moodle depois da autorização do professor orientador)

O aceite do orientador deve <u>ser preenchido pelo(a) orientador(a)</u> em **questionário** próprio **[IC-IT] Avaliação Relatório Final Orientador 2021-2022** IPECI (disponível na comunidade moodle IPECI - SALA IC IT 2020-2021)

Sem o aceite do orientador, o relatório final não será aceito.