



**UNIVERSIDADE
FEDERAL
DE PERNAMBUCO**



Universidade Federal de Pernambuco
Centro de Tecnologia e Geociências
Departamento de Eletrônica e Sistemas



Graduação em Engenharia Eletrônica

GABRIELA LEITE PEREIRA

**DETECÇÃO E CLASSIFICAÇÃO DE REGIÕES
DE INTERESSE EM ULTRASSONS
EMPREGANDO MACHINE LEARNING**

Recife

2025

GABRIELA LEITE PEREIRA

**DETECÇÃO E CLASSIFICAÇÃO DE REGIÕES
DE INTERESSE EM ULTRASSONS
EMPREGANDO MACHINE LEARNING**

Trabalho de Conclusão apresentado ao Curso de Graduação em Engenharia Eletrônica, do Departamento de Eletrônica e Sistemas, da Universidade Federal de Pernambuco, como requisito parcial para obtenção do grau de Bacharel em Engenharia Eletrônica.

Orientador(a): Prof. SIDNEY MARLON LOPES DE LIMA, Dr.

Recife
2025

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor,
através do programa de geração automática do SIB/UFPE

Pereira, Gabriela Leite.

Detecção e classificação de regiões de interesse em ultrassons empregando machine learning / Gabriela Leite Pereira. - Recife, 2025.

96 p. : il., tab.

Orientador(a): Sidney Marlon Lopes de Lima

Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação) - Universidade Federal de Pernambuco, Centro de Tecnologia e Geociências, Engenharia Eletrônica - Bacharelado, 2025.

Inclui referências, apêndices.

1. Lesões mamárias. 2. Câncer de mama. 3. Imagens biomédicas. 4. Aprendizado de máquina. 5. Ultrassonografia. I. Lima, Sidney Marlon Lopes de. (Orientação). II. Título.

620 CDD (22.ed.)



Universidade Federal de Pernambuco - UFPE
Centro de Tecnologia e Geociências - CTG
Departamento de Eletrônica e Sistemas -DES



ATA DE SESSÃO DE DEFESA DE TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO

No dia 16 do mês de abril do ano de dois mil e vinte e cinco, às 15:00 horas, reuniu-se a banca examinadora para a sessão pública de defesa do Trabalho de Conclusão de Curso em Engenharia Eletrônica da Universidade Federal de Pernambuco, intitulado: “**Detecção e Classificação de Regiões de Interesse em Ultrassons Empregando Machine Learning**”, elaborado pelo(a) aluno(a) **Gabriela Leite Pereira**, matrícula 20200028760, composta pelos professores **Sidney Marlon Lopes de Lima** (Orientador(a)), **Juliana Carneiro Gomes Cassemiro** (membro titular), **Maíra Araújo de Santana** (membro titular) e **Daniel de Filgueiras Gomes** (membro titular). Após a exposição oral, o(a) candidato(a) foi arguido(a) pelos componentes da banca que em seguida reuniram-se reservadamente e deliberaram pela aprovação do(a) candidato(a), atribuindo-lhe a média DEZ (10,0), julgando-o(a) apto(a) à conclusão da disciplina de TCC. Para constar, redigi a presente ata aprovada por todos os presentes, que vai assinada por mim e pelos demais membros da banca.

Recife, 18 de abril de 2025.

| | |
|--|----------------|
| _____ Prof. Sidney Marlon Lopes de Lima (Orientador(a)) Universidade Federal de Pernambuco - UFPE | Nota: 10,0 |
| _____ Prof. Juliana Carneiro Gomes Cassemiro (Membro titular) Universidade Federal de Pernambuco - UFPE | Nota: 10,00 |
| _____ Prof. Maíra Araújo de Santana (Membro titular) Universidade Federal de Pernambuco - UFPE | Nota: 10,00 |
| _____ Prof. Daniel de Filgueiras Gomes (Membro titular) Universidade Federal de Pernambuco - UFPE | Nota: 10,00 |

Guilherme Nunes Melo
Coordenador(a) do curso de Engenharia Eletrônica

0.1 Agradecimentos

Primeiramente, quero agradecer a Deus, que sempre me abençoou na minha jornada. Depois, quero agradecer a minha família, em especial à minha mãe, Christiane, meu pai, Laurécio, e meu irmão, Guilherme. Obrigado por todo apoio de sempre e por me fazer rir nos momentos difíceis.

Meu próximo agradecimento é para meu professor e orientador Sidney e meu colega Luís Gustavo. Sem os dois, esse trabalho nunca teria sido feito na qualidade que ele se encontra hoje.

Por último, quero agradecer aos meus colegas e professores que me mantiveram motivada e focada não importando a dificuldade.

Resumo do Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Departamento de Eletrônica e Sistemas, como parte dos requisitos necessários para a obtenção do grau de Bacharel em Engenharia Eletrônica(Eng.)

DETECÇÃO E CLASSIFICAÇÃO DE REGIÕES DE INTERESSE EM ULTRASSONS EMPREGANDO MACHINE LEARNING

GABRIELA LEITE PEREIRA

O câncer de mama é principal causa de morte por câncer em mulheres adultas no Brasil. O diagnóstico tardio resulta em altas taxas de mortalidade, e pode levar a cirurgias mutilantes. O acesso limitado a exames de imagem contribui para diagnósticos em estágios avançados, ressaltando a importância da identificação precoce para aumentar as chances de cura e evitar procedimentos agressivos. Tecnologias de imagens médicas, incluindo avanços em aprendizado de máquina, são essenciais, melhorando a acurácia e eficiência diagnóstica. O presente estudo tem como objetivo aprimorar o diagnóstico do câncer de mama, especialmente em países onde os diagnósticos tardios são prevalentes. Foram utilizadas técnicas avançadas de aprendizado de máquina em imagens de ultrassom, buscando desenvolver um sistema computacional de suporte à decisão. O método computacional desenvolvido foi capaz de distinguir lesões benignas de pacientes normais em 83,33% dos casos, em média. Os resultados indicam que a abordagem proposta apresenta eficiência na detecção e classificação de lesões mamárias em imagens de ultrassom, representando um avanço na área e potencialmente contribuindo para uma melhoria nas perspectivas de recuperação para pacientes com câncer de mama.

Palavras-chave: Lesões mamárias; Câncer de mama; Imagens biomédicas; Aprendizado de máquina; Ultrassonografia.

Abstract of Course Conclusion Work, presented to Department of Electronic and Systems, as a partial fulfillment of the requirements for the degree of Bachelor of Electronic Engineering(Eng.)

DETECTION AND CLASSIFICATION OF REGIONS OF INTEREST IN ULTRASOUND USING MACHINE LEARNING

GABRIELA LEITE PEREIRA

Breast cancer is a significant public health concern, being the leading cause of cancer death in adult women in Brazil. Late diagnosis results in high mortality rates and can lead to invasive surgery. Limited access to imaging tests leads to late diagnoses. This shows how vital early detection is. It boosts the chances of a cure and helps avoid harsh treatments. Medical imaging technologies are crucial. They include new methods like deep and extreme learning. These advances boost diagnostic accuracy and efficiency. This study aims to make breast cancer diagnosis better. This is important in countries where late diagnosis occurs often. It uses advanced AI and learning techniques on thermographic images. The goal is to create a computer system that works well and explains its diagnoses clearly to healthcare professionals. The results show that this method effectively detects and classifies breast lesions in thermographic images. This represents a big step forward in the field and could help improve recovery for breast cancer patients. The computer system developed was able to distinguish benign lesions from normal patients in 83.33% of cases, on average.

Keywords: Breast lesions; Breast cancer; Biomedical imaging; Machine learning; Ultrasound.

Lista de Ilustrações

| | | |
|-----|---|----|
| 1.1 | Paciente pós-cirurgia de mastectomia. | 14 |
| 1.2 | Fotos dos métodos de reconstrução da mama | 15 |
| 1.3 | Exame de ultrassonografia. | 17 |
| 1.4 | Segmentações manuais. | 19 |
| 2.1 | Magnitude das funções base dos momentos de Zernike em unidades de disco. | 30 |
| 2.2 | Descrição da forma do achado através do momento de Zernike Z_2^0 . . . | 31 |
| 2.3 | Exemplo do uso do <i>watershed</i> | 33 |
| 2.4 | Desempenhos bem-sucedidos de <i>kernels</i> compatíveis com os conjuntos de dados. Estes são exemplos hipotético-dedutivos autorais. | 38 |
| 2.5 | Desempenhos mal-sucedidos do <i>kernel</i> Linear em conjuntos de dados não linearmente separáveis. Estes são exemplos hipotético-dedutivos autorais. | 39 |
| 2.6 | Processo para aquisição de imagens Ultrassonográficas. | 46 |
| 2.7 | Aparato utilizado para aquisição de imagens Ultrassonográficas. . . . | 48 |
| 4.1 | Detalhamento do desenvolvimento. | 53 |
| 4.2 | Triagem da Base de Dados: Figura com <i>Caliper</i> | 55 |
| 4.3 | Triagem da Base de Dados: Figura com letras no achado. | 56 |
| 4.4 | Escala das pseudo-cores criadas. | 57 |
| 4.5 | Achado benigno: (a) em tons de cinza; (b) colorido. | 57 |
| 4.6 | Achado maligno: (a) em tons de cinza; (b) colorido. | 58 |

| | | |
|------|--|----|
| 4.7 | Paciente normal: (a) em tons de cinza; (b) colorido. | 58 |
| 4.8 | (a) Filtragem orientada aos três primeiros <i>clusters</i> de cores da paleta <i>nipy_spectral</i> de um achado benigno. (b) Filtragem orientada aos três <i>clusters</i> de cores subsequentes de um achado benigno. (c) Junção dos seis primeiros <i>clusters</i> de cores de um achado benigno. | 59 |
| 4.9 | (a) Filtragem orientada aos três primeiros <i>clusters</i> de cores da paleta <i>nipy_spectral</i> de um achado maligno. (b) Filtragem orientada aos três <i>clusters</i> de cores subsequentes de um achado maligno. (c) Junção dos seis primeiros <i>clusters</i> de cores de um achado maligno. | 60 |
| 4.10 | (a) Imagem decomposta original; (b) Imagem decomposta com <i>watershed</i> | 61 |
| 4.11 | (a) imagem original em pseudo-cores contendo um achado benigno; (b) decomposição do achado; (c) região de vizinhança do achado acrescido de 20% com base em seu diâmetro. | 63 |

Lista de Tabelas

| | | |
|-----|---|----|
| 3.1 | Resumo das principais técnicas inteligentes em ultrassonogramas de última geração. | 49 |
| 5.1 | Resultados do classificador SVM, onde a primeira linha equivale ao melhor resultado e a segunda linha equivale ao pior resultado. Por normal, denota-se pacientes sem achado. | 68 |
| 5.2 | Matriz de confusão dos melhores cenários em termos percentuais (%) | 70 |
| 5.3 | Matriz de confusão dos piores cenários em termos percentuais (%) . . | 70 |
| 5.4 | Resultados do classificador SVM, onde a primeira linha equivale ao melhor cenário e a segunda linha equivale ao pior cenário. | 72 |
| 5.5 | Matriz de confusão melhores cenários em termos percentuais (%) . . . | 73 |
| 5.6 | Matriz de confusão piores cenários em termos percentuais (%) | 73 |
| A.1 | Descrição de Características de Formas e de Texturas | 87 |

Lista de Abreviações

| | |
|---------|---|
| CNN | <i>Convolutional Neural Network</i> - Rede Neural Convolucional |
| SVM | <i>Support Vector Machine</i> — Máquina de Vetores de Suporte |
| ELM | <i>Extreme Learning Machine</i> — Máquina de Aprendizado Extremo |
| IA | Inteligência Artificial |
| ROC | <i>Receiver Operating Characteristic</i> — Curva Característica de Operação do Receptor |
| RPF-ELD | <i>Regional Prior Fusion using Early and Late Distillation</i> — Fusão Regional Priorizada com Destilação Inicial e Tardia |
| ROI | <i>Region of Interest</i> — Região de Interesse |
| TCI | <i>Tumor-Centered Image</i> — Imagem Centralizada no Tumor |

Sumário

| | | |
|----------|--|-----------|
| 0.1 | Agradecimentos | 4 |
| 1 | Introdução | 13 |
| 1.1 | Câncer de Mama | 13 |
| 1.2 | Processamento Digital de Imagens Biomédicas | 16 |
| 1.3 | Justificativa | 20 |
| 1.4 | Objetivo Geral | 22 |
| 1.5 | Objetivos Específicos | 22 |
| 1.6 | Organização do TCC | 24 |
| 2 | FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA | 25 |
| 2.1 | Estudos Preliminares: Extração de Características em Imagens Biomédicas | 25 |
| 2.1.1 | Descritores geométricos de forma de região | 26 |
| 2.1.2 | Momentos de Zernike | 27 |
| 2.1.3 | Descritores de textura de região | 32 |
| 2.2 | Watershed | 32 |
| 2.3 | Aprendizado de Máquina: Máquinas de Vetores de Suporte | 34 |
| 2.4 | Aprendizado Profundo (<i>Deep Learning</i>): Vantagens e Desvantagens . | 40 |
| 2.5 | Ultrassonografia | 46 |
| 3 | Estado da Arte | 49 |
| 4 | Desenvolvimento | 53 |
| 4.1 | Base de dados | 54 |

| | | |
|----------|---|-----------|
| 4.2 | Processamento das Imagens de Ultrassonografia | 54 |
| 4.2.1 | Triagem das imagens contendo elementos externos | 54 |
| 4.2.2 | Criação de pseudo-cores | 56 |
| 4.2.3 | Filtragem pela faixa de cor | 59 |
| 4.2.4 | Watershed | 59 |
| 4.3 | Escolha de região de interesse | 61 |
| 4.4 | Análise de padrões | 62 |
| 4.4.1 | Extração de características | 62 |
| 4.4.2 | Classificação | 63 |
| 4.5 | Discussão | 65 |
| 5 | Resultados | 67 |
| 5.1 | Reconhecimento de Padrão com Poda | 70 |
| 5.2 | Discussão | 74 |
| 6 | Conclusão | 76 |
| 6.1 | Dificuldades Encontradas | 77 |
| 6.2 | Trabalhos Futuros | 78 |
| | Referências | 80 |
| A | Descrição de Características de Formas e de Texturas | 86 |

Capítulo 1

Introdução

1.1 Câncer de Mama

O câncer mamário é uma doença que transcende fronteiras, afetando mulheres em diversos países, independentemente de seu nível de desenvolvimento socioeconômico. No entanto os dados epidemiológicos indicam um aumento nas taxas de ocorrência desse tipo de anomalia em países desenvolvidos, como os Estados Unidos, Canadá e Reino Unido, a partir do século XXI. Estudos apontam que o crescimento da obesidade e do sedentarismo nesses países pode estar relacionado a esse aumento (INCA,2004). No Brasil, o câncer de mama se destaca como a principal causa de morte por câncer entre mulheres adultas (INCA,2023).

A incidência elevada de câncer de mama nos países desenvolvidos não se traduz necessariamente em altas taxas de mortalidade. Ao comparar a Europa e a África em 2022, observa-se um número consideravelmente maior de novos casos na Europa (563.431 contra 198.831 casos/ano), porém as taxas de mortalidade não tiveram diferenças tão discrepantes quanto o número de casos (14,7% versus 19,2%) (IARC, 2022). Essa aparente contradição pode ser explicada pelas diferenças no acesso aos serviços de saúde e as técnicas de rastreamento da doença. Pois, às vezes, o acesso ao serviço de saúde pode ser até mais fácil, mas nem sempre tem os equipamentos e/ou profissionais necessários para avaliar aquela condição em específico. A dificuldade em realizar exames de imagem mamária na África leva a diagnósticos tardios o que pode

refletir em mortes que poderiam ser evitadas. O diagnóstico tardio também pode comprometer o prognóstico e aumentar a necessidade de procedimentos cirúrgicos mais extensos, como a mastectomia, como exemplificado na Figura 1.1.

Figura 1.1: Paciente pós-cirurgia de mastectomia.

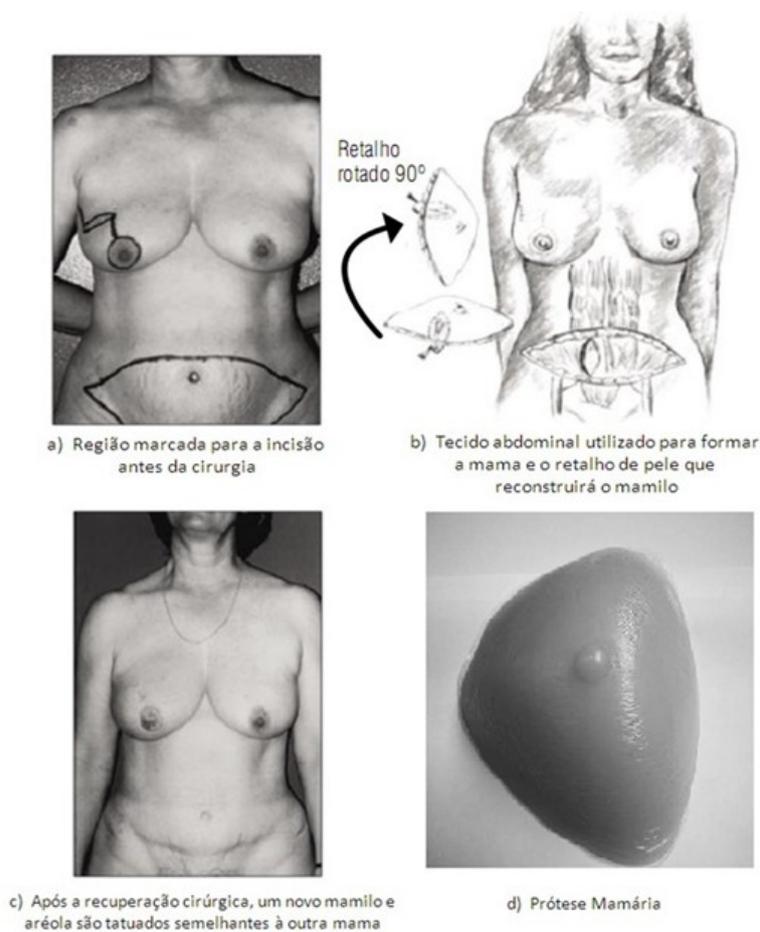


Fonte: (Manoel,2011)

A detecção precoce do câncer de mama é um fator determinante para o sucesso do tratamento e a sobrevivência das pacientes. Em países em desenvolvimento, o diagnóstico tardio, frequentemente atribuído à ausência de sintomas nas fases iniciais e à limitada disponibilidade de recursos para exames de imagem, contribui significativamente para as altas taxas de mortalidade por essa doença (INCA,2004, INCA,2011). É importante ressaltar que o período entre o surgimento da lesão e sua detecção por palpação pode ser de aproximadamente 10 anos, o que demonstra a importância de um diagnóstico precoce. Em 2022, o câncer de mama causou cerca de 12,7% dos óbitos por câncer em mulheres em todo o mundo (IARC,2022). A implementação de programas de rastreamento e a ampliação do acesso a exames de imagem são medidas essenciais para reverter esse quadro.

A evolução das técnicas cirúrgicas tem proporcionado às mulheres mastectomizadas a possibilidade de reconstrução mamária, minimizando o impacto psicológico da perda da mama. Procedimentos como a utilização do retalho TRAM (*Transverse Abdominal Myocutaneous Flap* – Reto Transversal Abdominal), que envolve a transferência de tecido da região abdominal para a região mamária, têm se mostrado eficazes na restauração do contorno mamário, como evidenciado nas figuras 1.2 (a), (b) e (c). Além do TRAM, a colocação de próteses mamárias, ilustrada na Figura 1.2 (d), é outra alternativa amplamente utilizada.

Figura 1.2: Fotos dos métodos de reconstrução da mama



Fonte:(Quimioral,2018).

A reconstrução mamária é um passo importante na recuperação da autoestima das mulheres mastectomizadas, porém a ausência da mesma sensibilidade da mama original pode gerar desconforto e afetar a qualidade de vida. Sensações como formigamento são frequentemente relatadas pelas pacientes (INCA,2011). É fundamental destacar que a terapia conservadora da mama, quando possível, não impacta negativamente a sobrevida das pacientes, sendo uma alternativa a ser considerada (INCA,2011). O diagnóstico precoce, obtido por meio de exames de imagem, é crucial para a indicação da terapia conservadora e para a preservação da mama, contribuindo para a saúde física e emocional da mulher (INCA,2004).

1.2 Processamento Digital de Imagens Biomédicas

A crescente sofisticação das tecnologias de imagem médica tem revolucionado a prática clínica, proporcionando um nível de detalhamento sem precedentes da anatomia humana. A partir da análise minuciosa das imagens, os profissionais da saúde podem planejar e executar procedimentos cirúrgicos com maior acurácia, além de otimizar o tratamento de doenças como o câncer, através da radioterapia. A capacidade de visualizar com nitidez a localização e as características dos achados permite um diagnóstico melhor elaborado.

A análise de imagens médicas é fundamental para o diagnóstico e acompanhamento de diversas doenças, porém exige um alto grau de expertise por parte do profissional especialista. A variabilidade anatômica e a presença de interferências nas imagens podem dificultar a identificação dos achados, levando a diagnósticos errôneos. A alta taxa de falsos positivos em biópsias de mama, por exemplo, evidencia a necessidade de aprimorar os métodos de interpretação de imagens (Leucht e Leucht,1996; Taylor et al.,2002; Gefen et al.,2003). A obra de Juhl et al.,2014 destaca a importância de considerar a variabilidade interindividual e a complexidade das manifestações radiológicas ao interpretar as imagens.

A ultrassonografia mamária tem se mostrado uma ferramenta importante na avaliação de mulheres com mamas densas, nas quais a mamografia apresenta limitações (Carolina Oliveira Natri e de Jesus Lenharte,2011). Ao complementar a mamografia, a ultrassonografia permite a identificação de achados com resultados acima de 90% de assertividade utilizando o auxílio de *machine learning* (Dallagassa e de Oliveira,2024). A indicação da ultrassonografia para rastreamento em mulheres com exames prévios normais e em mulheres mais jovens é um tema em debate, mas a literatura sugere que ela pode ser útil, especialmente em mulheres com fatores de risco para câncer de mama. A Figura 1.3 mostra a utilização da ultrassonografia para a região das mamas.

Figura 1.3: Exame de ultrassonografia.



Fonte: (Rad,2024)

A prevenção do câncer de mama passa pela realização regular de exames de imagem, como a ultrassonografia e a mamografia. De acordo com as recomendações do Ministério da Saúde, mulheres com menos de 35 anos devem realizar ultrassonografias mamárias anualmente, devido à tendência de apresentarem mamas mais densas. Já para mulheres acima dessa faixa etária, a orientação é realizar a mamografia anualmente (Costa et al., 2004). Já aquelas com histórico familiar ou outros fatores de risco devem iniciar o exame da mamografia aos 35 anos e repeti-lo semestralmente. Para a maioria da população feminina, entre 50 e 69 anos, a frequência recomendada é de um exame a cada dois anos (INCA,2004).

Devido à variabilidade dos casos e à heterogeneidade da anatomia humana, a identificação imediata de achados mamários em exames de ultrassom nem sempre é uma tarefa trivial. Com o avanço da era digital, surgiram ferramentas inovadoras conhecidas como tecnologias de "segunda análise", desenvolvidas para auxiliar os profissionais de saúde no processo de diagnóstico (de Estudos para o Desenvolvimento da Sociedade da Informação, CETIC.br). Baseadas em algoritmos sofisticados e inteligência artificial, essas ferramentas oferecem uma análise aprofundada dos dados, complementando a expertise médica. Ao fornecer informações adicionais e comparativas, elas ampliam o leque de recursos disponíveis para os profissionais, potencializando a acurácia dos diagnósticos e, conseqüentemente, a qualidade do tratamento oferecido aos pacientes.

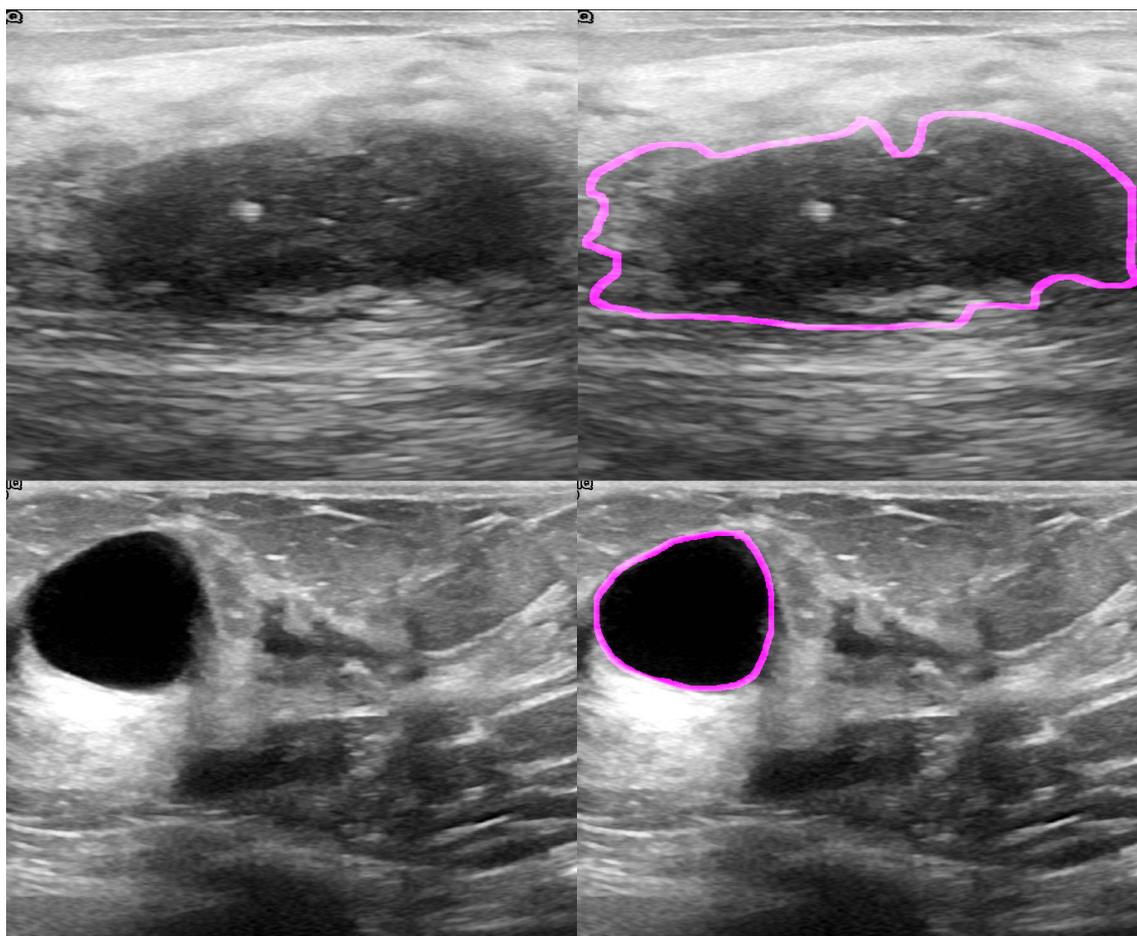
A acurácia na identificação e caracterização de achados mamários em exames de

imagem está diretamente ligada à eficácia da etapa de segmentação. Essa técnica, que consiste em isolar o achado do restante da imagem, permite uma análise mais detalhada de suas características, como forma, tamanho e textura. Ao extrair informações da região de interesse, os métodos de segmentação possibilitam a obtenção de métricas que auxiliam no diagnóstico e classificação dos achados. As ferramentas de "segunda análise", que operam diretamente nos *pixels* da imagem, aprimoram significativamente esse processo, proporcionando resultados confiáveis.

As segmentações manuais realizadas por radiologistas em imagens do banco de dados BUSI(Hesaraki,2022), como ilustrado na Figura 1.4 delineado em magenta, servem como referência para o desenvolvimento e avaliação de algoritmos de segmentação automática. No entanto essas segmentações manuais, embora realizadas por especialistas, apresentam variações e inconsistências. Por exemplo, os contornos traçados pelos radiologistas nem sempre correspondem aos gradientes da imagem original. Essas nuances demonstram a complexidade da tarefa de segmentação e a importância do papel do especialista na identificação e classificação dos achados mamários.

Além da segmentação, as técnicas modernas de processamento de imagens frequentemente demandam intervenção manual por parte dos especialistas para otimizar seu desempenho(Paula, 2010). Esse tipo de ajuste manual pode consumir um tempo considerável. A dificuldade reside no fato de que as ultrassonografias apresentam ruído em excesso, tornando a definição das bordas do achado pouco nítida. A manipulação manual dos segmentos, seja adicionando ou removendo partes, pode influenciar a extração de características relevantes. Conseqüentemente, a comparação entre a área manualmente delimitada e a região circundante pode gerar resultados discrepantes em relação à imagem original, afetando a classificação do achado. As abordagens atuais geralmente não descrevem detalhadamente como os especialistas realizam essas correções.

Ajustar parâmetros de processamento ou definir limiares específicos para diferentes áreas do achado pode exigir o uso de programas de edição de imagens ou

Figura 1.4: Segmentações manuais.

Fonte: Adaptada da base de dados BUSI (*Breast Ultrasound Images Dataset* - Conjunto de dados de imagens de ultrassom da mama.) (Hesaraki,2022).

softwares customizados. Contudo a utilização desses recursos pode apresentar dificuldades para os profissionais de saúde, principalmente em jornadas de trabalho intensas, quando a disponibilidade de tempo é limitada(Jauhar e Thomes, 2024).

Em contrapartida, o desenvolvimento de métodos computacionais avançados tem expandido as possibilidades de detecção de achados em ultrassonografia(Diniz, Diniz). As técnicas de aprendizado profundo (*deep learning*), caracterizadas por sua alta complexidade computacional, têm apresentado resultados elevados em relação à acurácia na classificação e detecção de achados mamários. Uma das vantagens do aprendizado profundo é a capacidade de processar diretamente as imagens originais, sem depender exclusivamente dos resultados da segmentação manual, prática comum nos exames atuais.

1.3 Justificativa

Apesar de ser considerado o ápice da tecnologia em engenharia biomédica, o *Deep Learning* apresenta certas desvantagens. Uma delas reside na necessidade de infraestrutura computacional robusta, com elevada capacidade de processamento e armazenamento de dados. Outra limitação importante é o tempo necessário para o treinamento dos modelos, que pode se estender por meses ou até anos, mesmo utilizando equipamentos de alta performance.

Cabe destacar que as redes de *Deep Learning* têm sido apontadas como grandes consumidoras de energia e água, utilizadas respectivamente para seu funcionamento e refrigeração (Zewe, 2024). Estima-se que o treinamento de um único modelo de *Deep Learning* pode consumir mais de 1.287 MWh de eletricidade (Patterson et al., (2021)). Isso equivale aproximadamente ao consumo anual de cerca de 120 lares médios nos Estados Unidos (Patterson et al., (2021)). Ressalta-se que justamente esses dois recursos exigidos pela *Deep Learning*: energia e água tratada, estão entre os que mais enfrentam problemas de escassez em escala global. Quatro bilhões de pessoas enfrentam escassez severa de água durante pelo menos um mês do ano (Mekonnen e Hoekstra, (2016)).

Como benefício, os modelos de *Deep Learning*, após serem devidamente treinados, adquirem uma impressionante capacidade de generalização. Tornam-se verdadeiros políglotas, aptos a discutir praticamente qualquer tema em linguagem humana, já que seus treinamentos utilizam como base grande parte da rede mundial de computadores. Por consequência, as *Deep Learning* podem abranger grande parte do conhecimento produzido pela humanidade. Como efeito colateral, esses modelos podem encontrar dificuldades ao serem confrontados com tarefas muito específicas, como, por exemplo, resolver uma equação não linear. Didaticamente, as técnicas de *Deep Learning* se destacam como excelentes generalistas, mas podem apresentar limitações quando exigidas a tomar decisões altamente especializadas.

Diante disso, o presente trabalho defende a criação de abordagens especializadas ao invés de generalistas. Em termos técnicos, os atributos irrelevantes para o

problema-alvo devem ser desconsiderados, de modo a evitar desvios de finalidade da máquina de aprendizado. Deve-se, portanto, ponderar os atributos e características verdadeiramente relevantes para o problema em questão.

Utilizar o vasto conhecimento produzido pela humanidade sem o devido contexto pode comprometer seriamente os resultados, ainda que se disponha das técnicas de *prompt engineering*. Nesse cenário, a engenharia de *prompt* pode não ser capaz de compensar a ausência da poda estatística e conseqüentemente ocorrer a geração de resultados totalmente desalinhados com o objetivo pretendido.

Adicionalmente, o presente trabalho defende que, caso não haja um reposicionamento estratégico no uso das técnicas computacionais, corre-se o risco de gerar impactos ainda mais graves do que as atuais limitações enfrentadas pelos sistemas de saúde nacionais. Embora os sistemas computacionais representem um avanço promissor no apoio ao diagnóstico e à gestão clínica, seu uso indiscriminado e sem consideração dos custos ambientais pode agravar crises globais relacionadas à escassez de energia e água. Tratam-se de recursos fundamentais não apenas para o funcionamento dessas tecnologias, mas também para a própria infraestrutura hospitalar. A presente pesquisa busca empregar técnicas de aprendizado de máquinas dotadas de baixíssimas complexidades computacionais visando a identificação e classificação de achados mamários, sem que haja degradação significativa nas taxas de acerto em comparação ao estado-da-arte.

O presente trabalho emprega as imagens de ultrassom como fonte de dados para o aprendizado das técnicas computacionais adotadas. A ultrassonografia é uma técnica utilizada há décadas na detecção do câncer de mama (Carolina Oliveira Natri e de Jesus Lenharte,2011; Dallagassa e de Oliveira,2024). A ultrassonografia mamária, por não empregar radiação ionizante, configura-se como uma alternativa interessante para avaliações anatômicas das mamas, atuando como um exame complementar aos métodos de imagem convencionais. Ao contrário da mamografia, a ultrassonografia é aplicável a mulheres de todas as idades, embora apresente maiores taxas de acerto em pacientes jovens devido à tendência de um tecido muscular mais denso. A ultras-

sonografia pode ser aplicada em gestantes, mulheres amamentando, portadoras de implantes mamários, com alta densidade mamária ou com presença de fibrocistos, assim como para mulheres em terapia hormonal. O exame pode ser efetuado tanto em mulheres no período pré-menopáusico quanto no pós-menopáusico (D'Or,2024). O procedimento diagnóstico emprega ondas ultrassônicas de alta frequência para gerar uma representação visual das estruturas internas mamárias.

A simples execução correta da técnica computacional em imagens ultrassonográficas não é suficiente. Os dispositivos de engenharia biomédica precisam demonstrar a lógica por trás de suas operações. É essencial que o profissional especializado tenha plena convicção da utilidade da ferramenta de "segunda opinião". Mais do que fornecer apenas rótulos, a ferramenta computacional precisa contribuir de forma ativa para o diagnóstico, indicando a região de interesse e descrevendo as características que fundamentaram sua sugestão. Dessa forma, o profissional terá à disposição argumentos técnicos sólidos, capazes de respaldá-lo diante de entidades reguladoras, por exemplo.

1.4 Objetivo Geral

Esta pesquisa visa desenvolver um método computacional para a identificação e categorização de achados mamários em imagens biomédicas, empregando aprendizado de máquina em ultrassonografia. O método proposto será concebido com a característica inerente de explicitar seu próprio funcionamento de forma inteligível para o entendimento humano. Tal característica possibilitará a validação por parte de profissionais especializados, comprovando que a ferramenta pode fornecer uma "segunda opinião" funcional.

1.5 Objetivos Específicos

- **Investigar métodos e algoritmos de processamento digital aplicados a imagens biomédicas de ultrassonografia.** Este objetivo visa realizar um

estudo aprofundado sobre as técnicas clássicas e modernas de processamento digital de imagens, com ênfase naquelas aplicáveis ao contexto biomédico, como ultrassonografias. A investigação compreende o levantamento de algoritmos de realce, segmentação, extração de características, análise morfológica e classificação, com foco em sua aplicabilidade para a identificação, delimitação e interpretação de estruturas clínicas relevantes nas ultrassonografias.

- **Adaptar as técnicas computacionais selecionadas para resolver os desafios encontrados na utilização de imagens ultrassonográficas, que diferem das imagens e descrições tradicionais.** As imagens ultrassonográficas frequentemente apresentam imagens com baixa qualidade, presença de ruídos, sobreposição de estruturas anatômicas e variações anatômicas naturais entre pacientes. Este objetivo contempla a adaptação dos métodos estudados para que sejam eficazes mesmo diante dessas adversidades, por meio da calibração de parâmetros, combinação de técnicas ou customização de algoritmos. O foco está na criação de soluções robustas que reflitam o contexto real do uso da ultrassonografia e que possam ser integradas de forma prática a sistemas de apoio ao diagnóstico.
- **Definir o ambiente experimental.** Este objetivo refere-se à especificação clara do conjunto de ferramentas, bibliotecas, linguagens de programação, bases de dados, hardware e protocolos de avaliação que serão utilizados ao longo do trabalho. A definição do ambiente experimental garante a reprodutibilidade do estudo e possibilita que os resultados obtidos sejam comparáveis com os de outras pesquisas. Inclui também a descrição das imagens utilizadas, critérios de inclusão/exclusão e organização das etapas de teste e validação.
- **Analisar os resultados.** Este item envolve a interpretação crítica dos dados obtidos após a aplicação das técnicas desenvolvidas ou adaptadas. A análise considera métricas quantitativas, como acurácia, sensibilidade, especificidade, desvio padrão, entre outras, além de uma avaliação qualitativa, quando perti-

nente. O objetivo é identificar o desempenho do sistema proposto, compreender seus limites e destacar as contribuições em relação ao estado da arte.

1.6 Organização do TCC

O conteúdo deste TCC está dividido em seis capítulos. As referências encontram-se nas páginas finais. A seguir, um resumo dos capítulos seguintes do TCC.

Capítulo 2: expõe a base teórica relacionada ao processamento de imagens biomédicas ultrassonográficas. São abordados os fundamentos da formação de imagem por ultrassom, técnicas de pré-processamento, segmentação e extração de características aplicáveis a esse tipo de dado.

Capítulo 3: estado da arte das pesquisas que integram *machine learning* à engenharia biomédica, com ênfase na análise de imagens por ultrassonografia. Destaca as abordagens mais recentes, algoritmos utilizados, limitações enfrentadas e lacunas ainda existentes na literatura.

Capítulo 4: metodologia adotada para a construção e validação de um sistema de inteligência artificial. Inclui a seleção dos extratores de características, o ambiente computacional, os dados utilizados e os critérios de avaliação do modelo.

Capítulo 5: resultados obtidos a partir dos experimentos conduzidos com o sistema desenvolvido. A análise considera métricas quantitativas e qualitativas, comparando o desempenho com outras abordagens da literatura.

Capítulo 6: conclusões gerais do trabalho à luz dos objetivos propostos e dos resultados alcançados. Também aponta limitações, contribuições práticas e sugestões para estudos futuros e aperfeiçoamentos do sistema.

Capítulo 2

FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

2.1 Estudos Preliminares: Extração de Características em Imagens Biomédicas

A obtenção de características relevantes em imagens biológicas apresenta desafios notáveis. A seleção de um extrator apropriado para uma aplicação específica na área biomédica não garante sua eficácia em outras aplicações. A ampla variação da constituição física e dos processos metabólicos humanos impõe dificuldades às técnicas computacionais empregadas em imagens biológicas. Nesse sentido, os Momentos de *Zernike* representam extratores de características que demonstram potencial para gerar resultados satisfatórios em uma gama de cenários biomédicos, incluindo mamografias, termografias e ultrassonografias (Pereira,2020; Lima et al.,2014; Lima et al.,2020; de Lima et al.,2016; Azevedo et al.,2015a; Azevedo et al.,2015b; Azevedo da Silva et al.,2021). Além dos momentos de *Zernike*, nesse trabalho também foram utilizados descritores de forma de região e descritores de textura da região.

Na análise de imagens, esses descritores são amplamente utilizados para representar informações relacionadas à *forma*, *textura* e *intensidade*. Os Momentos de *Zernike* extraem características globais da forma com invariância à rotação, sendo úteis para capturar simetrias e estruturas regulares. O *RegionProps*, por sua vez, fornece medidas geométricas como área, perímetro e excentricidade de regiões seg-

mentadas, permitindo uma análise morfológica detalhada.

A *GLCM* avalia a frequência de ocorrência de pares de intensidades de cinza em posições espaciais específicas, fornecendo métricas como contraste e homogeneidade, que ajudam a descrever a textura dos tecidos. Já os histogramas de intensidade quantificam a distribuição tonal da imagem: o histograma *global* sintetiza o mapa de calor geral da imagem, o histograma *local* permite identificar variações dentro de região de interesse. Por fim, o histograma da *vizinhança* captura o mapa de calor do achado avaliado.

2.1.1 Descritores geométricos de forma de região

Descritores geométricos de forma de região são métricas utilizadas para quantificar e caracterizar as propriedades geométricas de regiões em imagens segmentadas. Esses descritores fornecem informações essenciais para a análise de formas, permitindo a distinção e classificação de diferentes objetos em uma imagem.

O *regionprops* é um conjunto bem estabelecido de descrição de forma, implementado nas mais distintas linguagens e serve para calcular diversas propriedades geométricas de regiões identificadas em uma imagem binária ou rotulada (MathWorks, 2025). Entre os principais descritores disponíveis estão:

- Área: número total de pixels que compõem a região;
- Perímetro: comprimento da fronteira da região;
- Centróide: coordenadas médias dos pixels da região, representando o "centro de massa" da forma;
- Excentricidade: medida que indica o grau de alongamento da região, variando de 0 (círculo perfeito) a 1 (linha);
- Extensão: razão entre a área da região e a área da caixa delimitadora mínima que a envolve;

- Orientação: ângulo entre o eixo maior da elipse ajustada à região e o eixo horizontal da imagem;
- Razão de Aspecto: proporção entre a largura e a altura da caixa delimitadora da região.

Esses descritores são fundamentais para aplicações em reconhecimento de padrões, análise de formas e classificação de objetos em imagens. A função *regionprops* facilita a extração dessas propriedades, permitindo uma análise detalhada das características geométricas das regiões de interesse.

2.1.2 Momentos de Zernike

Os Momentos de Zernike constituem um conjunto de valores matemáticos que representam o formato de uma superfície circular. Tais momentos são frequentemente empregados em óptica, visão computacional e campos correlatos para qualificar os achados e a qualidade da imagem de sistemas ópticos. A denominação é uma homenagem ao matemático neerlandês *Frits Zernike*, criador dessa técnica em 1934 e laureado com o Prêmio Nobel de Física em 1953 por suas contribuições (Niu e Tian, 2022).

O cálculo dos Momentos de Zernike se baseia nas coordenadas polares de uma superfície, considerando um ponto central como referência. Cada um desses momentos corresponde a um polinômio de Zernike particular e representa uma propriedade específica da configuração da superfície. Sua aplicação permite quantificar as imperfeições ou desvios de uma superfície em contraste com uma forma perfeita, como uma esfera ideal (Niu e Tian, 2022).

A forma geral do polinômio de *Zernike* pode ser vista na Equação 2.1 abaixo:

$$Z_{n,m}(r, \theta) = R_{n,m}(r) \cdot e^{im\theta} \quad (2.1)$$

Onde:

- n é um número não negativo inteiro que controla o número de lóbulos radiais no polinômio.
- m é um número inteiro que determina o número de vezes que a função enrola ao redor do centro.
- r é a distância radial da coordenada polar ao centro.
- θ é o ângulo polar.

Os polinômios de Radial *Zernike*, $R_n^m(r)$, são obtidos por uma relação recursiva baseada nos polinômios de *Legendre*. Podendo ser expressos como visto na Equação 2.2 abaixo:

$$R_n^m(r)(r) = \sum_{k=0}^{\frac{n-m}{2}} \frac{(-1)^k \cdot (n-k)!}{k! \cdot \left(\frac{n+m}{2} - k\right)! \cdot \left(\frac{n-m}{2} - k\right)!} \cdot r^{n-2k} \quad (2.2)$$

Algumas situações onde os momentos de Zernike podem ser utilizados são:

- Quantificação de deformidades ópticas: os Momentos de Zernike servem para quantificar e descrever os achados em sistemas ópticos, permitindo entender o impacto dessas irregularidades na qualidade da imagem formada.
- Correção de aberrações atmosféricas em astronomia: empregam-se os Momentos de Zernike na correção em tempo real das distorções causadas pela atmosfera em observações astronômicas, otimizando a nitidez das imagens.
- Caracterização de distorções em microscopia: os Momentos de Zernike possibilitam a identificação e a caracterização de distorções ópticas em equipamentos microscópicos.
- Avaliação de problemas visuais em humanos: usam-se os Momentos de Zernike para avaliar as alterações visuais do sistema ocular humano, contribuindo para a prescrição de lentes corretivas personalizadas.

Os Momentos de Zernike exercem uma função fundamental na óptica contemporânea, viabilizando uma avaliação quantitativa dos achados ópticos e fornecendo

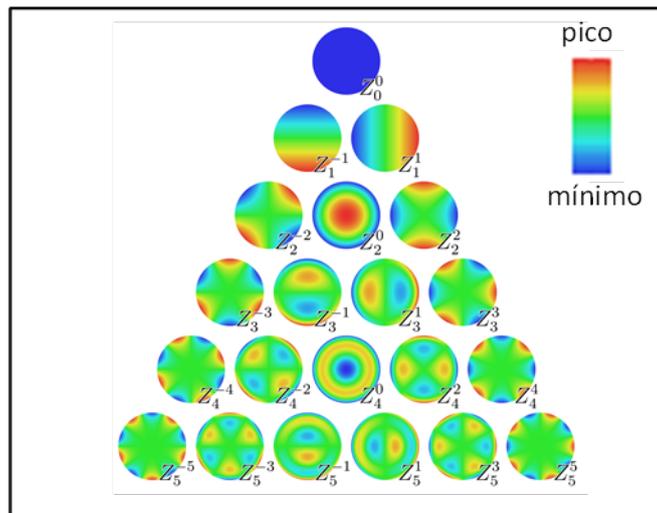
um alicerce matemático robusto para a correção dessas anomalias. A vasta gama de aplicações em distintos campos da óptica os converte em um instrumento imprescindível para a descrição estatística das imagens.

A forma dos achados mamários tem sido frequentemente analisada com o auxílio dos Momentos de Zernike, que extraem atributos relevantes para essa finalidade (Azevedo et al., 2015a; Azevedo et al., 2015b; Azevedo da Silva et al., 2021). As técnicas de aprendizado de máquina clássicas dependem da extração prévia de características dos dados não processados. Em virtude de sua reduzida complexidade computacional, as técnicas de aprendizado de máquina apresentam carência de mecanismos para transformar os dados brutos em uma base de aprendizado estatístico. No aprendizado de máquina clássico, a tarefa de detectar e categorizar achados mamários utilizando imagens biomédicas sofre forte influência da fase de pré-processamento dos dados, ou seja, da extração de características (de Lima et al., 2016).

Analisando o momento de Zernike Z_2^0 , observa-se que a porção da imagem correspondente ao centro do disco será submetida a uma análise mais acentuada, devido ao seu valor máximo, visualizado na Figura 2.1 pela tonalidade vermelha. Porém, para o escopo do trabalho, os tons frios são as áreas de interesse, já que, de acordo com a paleta de cores adotada, eles contêm o padrão ouro (regiões de interesse). A intensidade máxima nesse contexto equivale à média dos valores dos pixels na região, sem apresentar qualquer decréscimo.

À medida que a análise se estende para a região externa ao disco da imagem, a intensidade do gradiente decresce progressivamente até atingir a borda do disco, representada pela cor azul na Figura 2.1. Conseqüentemente, nas proximidades da área sobreposta ao disco, observa-se uma redução gradual na média ponderada dos valores dos pixels. O momento de Zernike Z_2^0 mostra-se especialmente adequado para a caracterização de achados mamários com formato regular e arredondado, como os cistos. Porém, na base de dados empregada para o presente trabalho, não há cistos, somente achados benignos.

Figura 2.1: Magnitude das funções base dos momentos de Zernike em unidades de disco.



Fonte: (Tahmasbi et al.,2011).

A Figura 2.2 demonstra como o momento de Zernike Z_0^0 pode ser empregado para descrever um determinado achado anatômico. Por outro lado, o momento de Zernike Z_5^5 é particularmente útil para caracterizar achados com bordas irregulares, exibindo projeções radiais a partir do centro, conforme visualizado na Figura 2.1. É fundamental destacar que, na prática clínica, muitos casos apresentam características que se desviam dos padrões clássicos descritos na literatura (de Lima et al.,2016).

Embora um achado com bordas irregulares possa ser benigno, essa possibilidade é pouco provável. A decisão de realizar uma biópsia da achado suspeita cabe ao especialista. Os Momentos de Zernike desempenham um papel fundamental na análise de achados ultrassonográficos, porém sua aplicação está sujeita a algumas limitações. A sensibilidade dos Momentos de Zernike a diversos fatores, como

- A inclinação da descrição anatômica em relação ao disco dos momentos de Zernike introduz uma variabilidade que pode comprometer a precisão na caracterização de achados mamários, dada a heterogeneidade desses achados.
- A dimensão da área considerada na imagem original para o cálculo dos momentos de Zernike constitui uma limitação. A Figura 2.2 evidencia que os momentos de Zernike não possuem mecanismos para excluir regiões que não

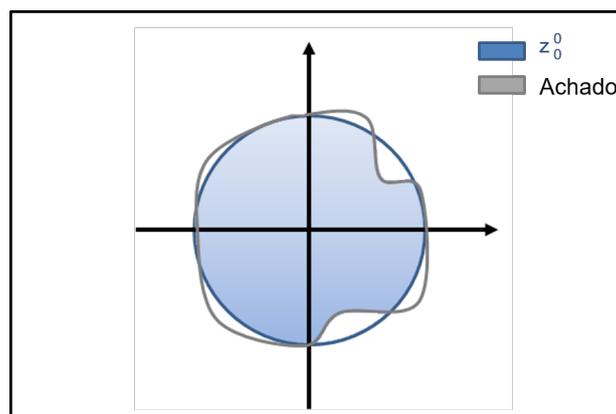
correspondem à área de interesse na ultrassonografia. Essa restrição pode comprometer a precisão na caracterização do achado na mama da imagem.

- A irregularidade da forma do achado anatômica impacta significativamente a eficácia dos momentos de Zernike. Uma forma irregular refere-se a uma configuração que não se ajusta a padrões geométricos convencionais, como linhas ou círculos. Os achados mamários podem apresentar contornos irregulares e assimétricos. Nesses casos, os momentos de Zernike demonstram limitações na caracterização precisa das peculiaridades do achado.

Tendo em vista os pontos mencionados, é claro que, apesar de os momentos de Zernike serem úteis na caracterização de anormalidades em imagens ultrassonográficas, a suscetibilidade a fatores como obliquidade, tamanho e formato irregular restringe sua efetividade em determinados cenários. Tais restrições motivam a procura por métodos adicionais e mais resilientes na avaliação de ultrassonografias para assegurar diagnósticos precisos e seguros.

Isoladamente o momento Zernike pode não ser o suficiente. Ele é um importante descritor de forma, que em comunhão com descritores de textura e frequência, pode compor um repertório de extrator de características funcional e mais abrangente.

Figura 2.2: Descrição da forma do achado através do momento de Zernike Z_2^0 .



Fonte: (de Lima et al.,2016).

2.1.3 Descritores de textura de região

Descritores de textura de região são métricas utilizadas para quantificar as variações de intensidade ou padrões presentes em uma região de uma imagem. Eles fornecem informações sobre a estrutura superficial e a disposição espacial dos pixels, sendo fundamentais para a análise e classificação de texturas em imagens digitais. Existem várias bibliotecas que a utilizam.

Uma abordagem amplamente utilizada para a extração de descritores de textura é a Matriz de Coocorrência de Níveis de Cinza (GLCM, do inglês *Gray-Level Co-occurrence Matrix*). A GLCM é uma matriz que representa a frequência com que pares de pixels com intensidades específicas ocorrem em uma determinada relação espacial na imagem. A partir dessa matriz, é possível calcular diversas propriedades que caracterizam a textura da região.

Entre as principais propriedades extraídas da GLCM estão:

- **Contraste:** mede a variação local nas intensidades de cinza, indicando a diferença entre os valores de pixel e seus vizinhos;
- **Correlação:** avalia o grau de correlação entre pixels em posições específicas, refletindo a linearidade na textura;
- **Energia:** também conhecida como uniformidade ou angular second moment, indica a uniformidade da textura, sendo maior em texturas homogêneas;
- **Homogeneidade:** mede a proximidade da distribuição dos elementos da GLCM em relação à diagonal principal, indicando a similaridade entre os pixels vizinhos.

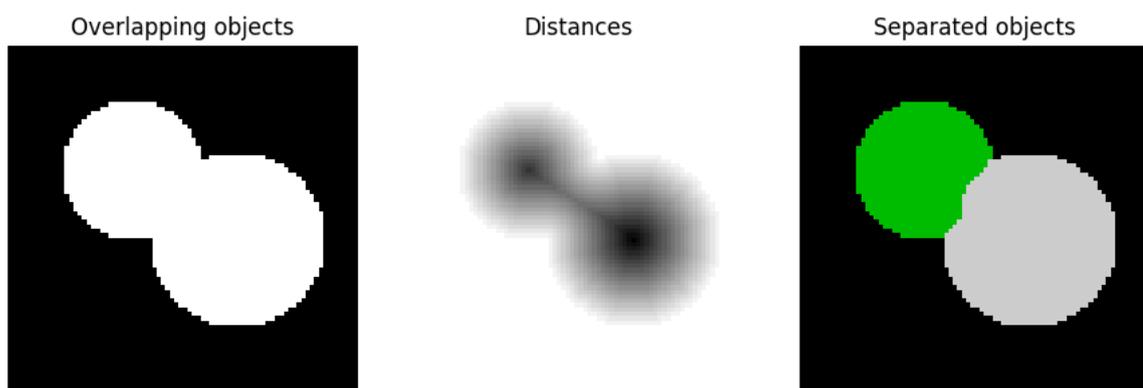
2.2 Watershed

O algoritmo *watershed* (ou "divisor de águas") é uma técnica clássica de segmentação de imagens, utilizada para separar diferentes objetos em uma cena. Inspirado na geografia, onde o termo representa a linha que separa duas bacias hidrográficas,

o algoritmo interpreta a imagem como uma superfície topográfica: os níveis de cinza correspondem a elevações, com regiões escuras sendo tratadas como vales (mínimos locais) e áreas claras como picos. A segmentação ocorre a partir de marcadores definidos pelo usuário, frequentemente escolhidos como os mínimos locais da imagem. A partir desses pontos, o algoritmo simula uma inundação, preenchendo as bacias até que diferentes frentes de água se encontrem. O encontro dessas frentes define as cristas — ou linhas de *watershed* — que delimitam os contornos das regiões segmentadas. Dessa forma, o *watershed* permite uma separação eficiente entre objetos com base em suas variações de intensidade, sendo especialmente útil em imagens com estruturas bem definidas.

No exemplo, que pode ser visto na Figura 2.3, dois círculos sobrepostos precisam ser distanciados. Para isso, é gerada uma imagem que representa a distância até o plano de fundo. Os pontos de máxima distância (ou seja, os pontos de mínima distância em relação ao fundo) são selecionados como marcadores, e a partir desses marcadores, a inundação das bacias separa os dois círculos ao longo de uma linha de bacia hidrográfica.

Figura 2.3: Exemplo do uso do *watershed*.



Fonte:(Contributors,2024).

O método *watershed* pode ser altamente funcional, especialmente quando se busca superar as limitações de segmentação baseadas apenas em faixas de cor, como no caso da clusterização. Ao aplicar segregações baseadas na forma, o *watershed* é capaz de decompor uma imagem, mesmo que ela pertença ao mesmo *cluster* de cor. Essa característica torna o *watershed* particularmente útil em imagens de ul-

trassonografia, já que, em alguns casos, não há uma distinção abrupta de cores na imagem. Em termos mais simples, algumas imagens de ultrassom podem apresentar características que se assemelham a vazamentos em forma de círculos. Nessas situações, o Watershed aprimora a segmentação inicial, delineando com acurácia as bordas da região alvo.

No presente trabalho, o *watershed* foi utilizado na junção de dois filtros. Isso introduziu um efeito colateral relevante: a formação de regiões que, visualmente, se assemelham a “vazamentos” no processo de segmentação da imagem. Esse fenômeno pode ser atribuído à própria natureza difusa da anatomia humana, agravada pelas limitações das imagens de ultrassom, especialmente em pacientes com baixo volume de tecido fibroso. Nessas condições, torna-se mais difícil obter um contraste nítido entre a lesão, geralmente representada por tons mais frios, e o parênquima circundante, que, em condições ideais, apresentaria uma intensidade mais quente. Diante desse desafio, adotou-se o algoritmo *watershed*, amplamente reconhecido no processamento de imagens por sua eficácia na segmentação de estruturas adjacentes com base na morfologia matemática e em características topológicas. A aplicação dessa técnica tem como principal objetivo corrigir os vazamentos observados e promover uma segmentação mais coerente com a anatomia real das estruturas analisadas.

2.3 Aprendizado de Máquina: Máquinas de Vetores de Suporte

Com o objetivo de aprimorar o controle sobre as técnicas de aprendizado de máquina, a comunidade científica está revisitando abordagens clássicas dessa área. O intuito é entender os motivos pelos quais as técnicas inteligentes tomam as suas respectivas decisões. Nesse contexto, o presente trabalho defende que, caso não haja um reposicionamento estratégico no uso das técnicas computacionais, corre-se o risco de enfrentar impactos ainda mais graves do que as limitações atuais dos sistemas de saúde nacionais. Embora as *Deep Learning* representem um avanço promissor no

apoio ao diagnóstico e à gestão clínica, seu uso indiscriminado, sem considerar os custos ambientais, pode agravar crises globais relacionadas à escassez de energia e água.

Máquina de Vetores de Suporte (SVM) constituem técnicas de aprendizado de máquina supervisionado usado para classificação de problemas ou análise de regressão (Mehdi Hosseinzadeh, 2020). A Máquina de Vetores de Suporte visa mapear uma fronteira que melhor segrega as classes alvo do problema a ser resolvido. Para isso, a SVM utiliza a proximidade dos dados para construir um ou mais hiperplanos, com o intuito de dividir as diferentes áreas com a máxima acurácia

A tarefa de reconhecimento de padrões geralmente se inicia com a divisão do conjunto de dados em duas partes: uma destinada ao treinamento e outra ao teste. Cada instância dos dados é composta por diversos atributos, entre os quais se destaca o campo "alvo", responsável por indicar o rótulo da classe correspondente. O objetivo do método SVM é construir modelos capazes de prever corretamente esse atributo alvo, com base nas amostras utilizadas durante a fase de treinamento (Mehdi Hosseinzadeh, 2020). Em situações onde não há um conhecimento prévio aprofundado sobre o domínio do problema, o SVM se destaca como uma excelente escolha inicial para experimentações, devido à sua robustez e capacidade de generalização (Mehdi Hosseinzadeh, 2020).

Matematicamente, o SVM procura resolver um problema de otimização que minimiza a norma do vetor de peso $\|w\|$, permitindo que os dados sejam classificados corretamente. φ é uma função ordinária. x são os atributos de entrada e b é o *bias*. Quando os dados são linearmente separáveis, o hiperplano de decisão é definido pela equação 2.3:

$$\varphi(x) = w \cdot x + b = 0 \quad (2.3)$$

Em situações em que os dados não são linearmente separáveis, o SVM usa uma abordagem de margem suave, permitindo pequenos erros para obter uma boa generalização. Além disso, o algoritmo permite o uso de funções de kernel, que trans-

formam os dados em espaços de dimensões mais altas para lidar com relações não lineares.

No presente conjunto, os seguintes núcleos SVM são investigados:

- Linear: cria um hiperplano simples que separa os dados, sendo eficiente para problemas em que a relação entre as variáveis pode ser modelada por uma separação linear. O kernel linear mantém os dados no espaço original e calcula o produto interno diretamente, conforme mostrado na Equação 2.4:

$$\varphi(x_i, x_j) = x_i \cdot x_j \quad (2.4)$$

(x_i, x_j) : matriz de entrada, onde $i=1, \dots, n$ e $j=1, \dots, m$. n , m diz respeito à quantidade de atributos de entrada e m é inerente à quantidade de pesos ponderados empregados pela *machine learning*.

- Polinomial: cria curvas de decisão que podem modelar relações não lineares ajustando o grau polinomial. O núcleo polinomial transforma os dados em um espaço de dimensão superior com base no grau polinomial escolhido, conforme mostrado na Equação 2.5:

$$\varphi(x_i, x_j) = (x_i \cdot x_j + c)^d \quad (2.5)$$

c : coeficiente de interceptação ajustável.

d : grau do polinômio.

- RBF (Função de Base Radial): ajustada com valores diferentes para o parâmetro γ para modelar distribuições não lineares. O kernel RBF mapeia os dados em um espaço de dimensão infinita com base na distância entre os pontos, conforme mostrado na Equação 2.6:

$$\varphi(x_i, x_j) = \exp\left(-\gamma \|x_i - x_j\|^2\right) \quad (2.6)$$

$\|x_i - x_j\|$: distância euclidiana entre x_i e x_j .

γ : parâmetro de escala que controla a influência de cada ponto.

- Sigmoidal: mapeia os dados em um espaço em que as relações entre as variáveis podem ser modeladas como curvas sigmoidais. O kernel sigmoidal é inspirado nas funções de ativação usadas em redes neurais, conforme mostrado na Equação 2.7:

$$\varphi(x_i, x_j) = \tanh(\alpha x_i \cdot x_j + c) \quad (2.7)$$

α : parâmetro de escala.

c : coeficiente de interceptação.

Um dos principais desafios, em máquinas de aprendizado estatístico, diz respeito a encontrar um *kernel* que otimize a fronteira de decisão entre as classes de uma aplicação dada. SVM, por exemplo, com *kernel* Linear é capaz de resolver um problema linearmente separável, como visto na Fig. 2.4 (a). Seguindo o mesmo raciocínio, *kernels* Sigmoidal, RBF e Sinusoidal são capazes de resolver problemas separáveis por funções Sigmoidal, Radial e Sinusoidal, vistos na Fig. 2.4 (b), na Fig. 2.4 (c) e na Fig. 2.4 (d), respectivamente.

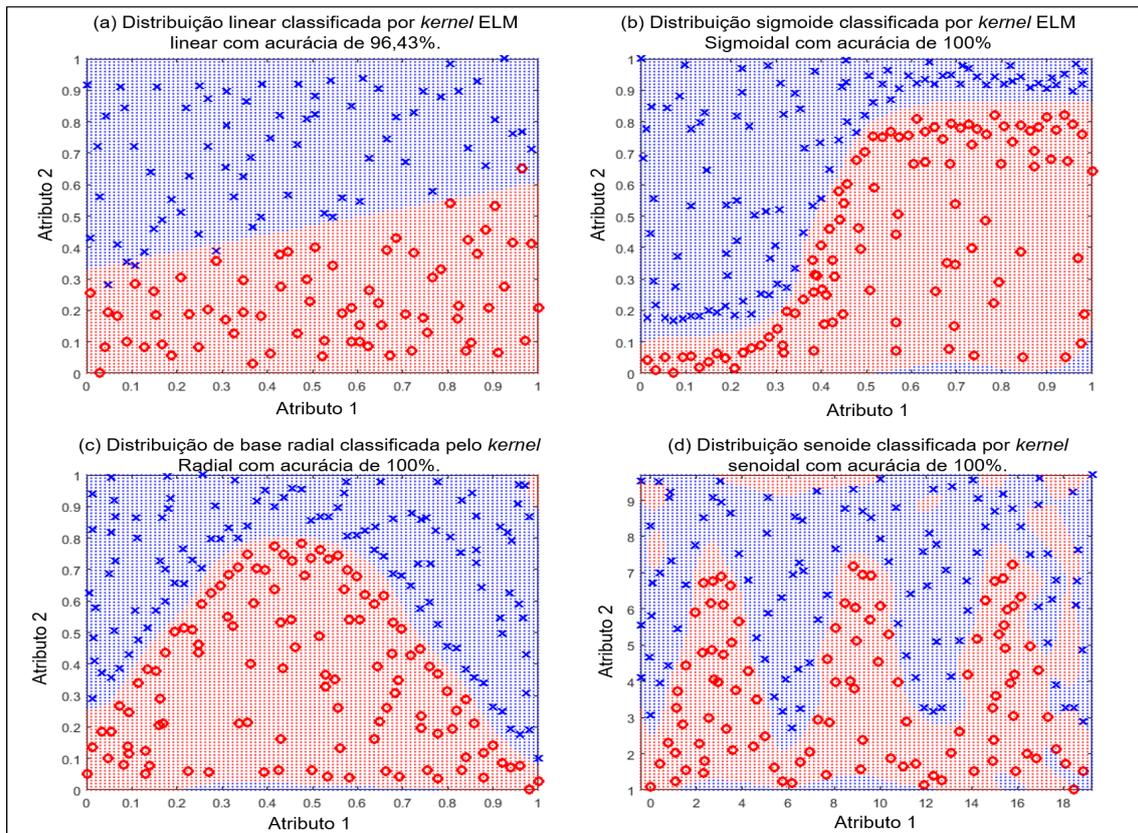
Dessa forma, a capacidade de generalização de uma boa máquina de aprendizado estatístico pode depender de uma escolha bem ajustada do *kernel*. O melhor *kernel* pode ser subordinado ao problema a ser resolvido. Como efeito colateral, investigar diferentes *kernels* geralmente é um processo custoso envolvendo validação cruzada combinada com diferentes condições iniciais. Porém a investigação de diferentes *kernels* pode ser necessária. Caso contrário, a rede neural composta, por um *kernel* mal ajustado, pode gerar resultados insatisfatórios.

Como contraexemplo, observe o emprego do *kernel* Linear aplicado às distribuições Sigmoidal e Sinusoidal apresentadas na Fig. 2.5 (a) e na Fig. 2.5 (b), respectivamente. As acurácias de classificação expostas são de 78.71% e 73.00%,

respectivamente. Visualmente, é possível observar que o *kernel* Linear não mapeia adequadamente os limites de decisão das distribuições Sigmoidal e Sinusoidal.

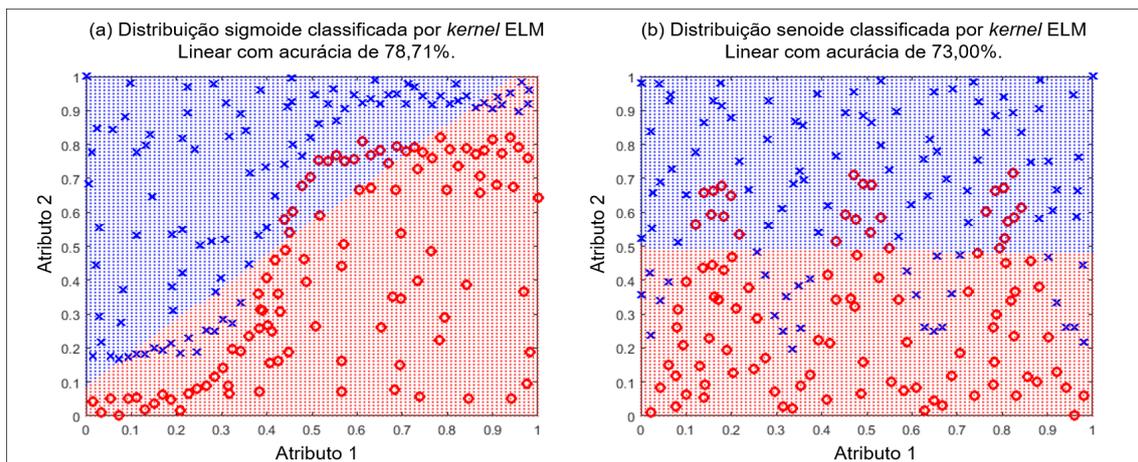
A boa capacidade de generalização desses *kernels* também depende de uma escolha bem ajustada dos parâmetros (C, γ) . O parâmetro de custo C se refere a um ponto de equilíbrio razoável entre a largura da margem do hiperplano e a minimização do erro de classificação em relação ao conjunto de treinamento. O parâmetro *kernel* γ controla a fronteira de decisão como uma função das classes [34][36][35][53]. Não há um método universal no sentido de escolher os parâmetros (C, γ) . No presente trabalho, os parâmetros C e γ variam exponencialmente em sequências crescentes, matematicamente de acordo com a função 10^n , onde $n = \{-3, -2, -1, 0, 1, 2, 3\}$. A hipótese é verificar se esses parâmetros distintos dos padrões; $(C, \gamma) = (10^0, 10^0)$, são capazes de gerar melhores acurácias.

Figura 2.4: Desempenhos bem-sucedidos de *kernels* compatíveis com os conjuntos de dados. Estes são exemplos hipotético-dedutivos autorais.



Fonte: O autor (2025).

Figura 2.5: Desempenhos mal-sucedidos do *kernel* Linear em conjuntos de dados não linearmente separáveis. Estes são exemplos hipotético-dedutivos autorais.



Fonte: O autor (2025).

2.4 Aprendizado Profundo (*Deep Learning*): Vantagens e Desvantagens

O aprendizado profundo (*deep learning*) é uma subárea do aprendizado de máquina que se baseia em redes neurais artificiais com múltiplas camadas (chamadas de "camadas profundas") para modelar e aprender representações de dados de maneira hierárquica (Awari, 2023). No contexto de reconhecimento de padrões, o aprendizado profundo é aplicado para identificar e classificar padrões complexos em grandes volumes de dados, como imagens, áudio ou texto.

Baseadas na compreensão biológica do cérebro humano, as redes neurais dotadas de aprendizado profundo surgem como ferramentas principais nesse contexto. Tais redes, amplamente aplicadas na identificação de padrões em imagens médicas digitais, obtiveram excelente precisão, motivando seu uso em diversas áreas (Solutions, 2024).

O nome aprendizado profundo é dado a tais redes em virtude de sua alta complexidade de cálculo. Por outro lado, técnicas de aprendizado de máquinas, também chamadas de aprendizado raso, diferenciam-se por sua baixa complexidade de cálculo. O *Deep Learning*, uma alternativa poderosa, consolidou sua posição como o que há de mais moderno para superar as limitações do aprendizado raso.

Métodos de *Deep Learning* (Aprendizado Profundo), apesar de sofisticados, apresentam dificuldades relevantes em razão da complexidade de cálculo. O uso eficiente de tais modelos demanda o uso de computadores de alto desempenho com grande capacidade de cálculo e memória. Tais recursos se fazem necessários para a automatização da investigação de todo o conjunto de possibilidades, com o objetivo de encontrar as configurações ideais. Dessa forma, a procura por acurácia no diagnóstico por meio de métodos computacionais não só demanda tecnologia sofisticada. Ela também demanda uma quantidade significativa de tempo para ser concluído. Isso devido à sua complexidade, quantidade de dados ou até a natureza do treinamento de modelos (Menghani, 2021).

A criação de uma técnica computacional com foco na detecção de achados nas mamas em ultrassons requer uma estratégia para a seleção dos métodos de aprendizado. Nesse cenário, o uso de aprendizado profundo talvez não seja a solução mais adequada. Para exemplificar essa situação, pode-se usar como exemplo a rede neural complexa *Inception-V3*, que possui uma complexidade considerável, com cerca de 23,6 milhões de parâmetros modificáveis (Chollet,2017).

Dentre as dificuldades da *Deep Learning* está a necessidade de uma enorme quantidade de dados para que ela adquira uma capacidade de generalização. Tamanha quantidade de parâmetros requer um conjunto de dados similarmente amplo para o aprendizado eficiente do modelo.

De forma simplificada, pode-se afirmar que o aprendizado profundo necessita de muitos dados - um grande número de parâmetros treináveis precisa receber uma quantidade equivalente de dados de entrada(Wolf et al., 2023). Na área da engenharia biomédica, é crucial destacar que a quantidade de ultrassons pode não ser tão ampla quanto as imagens genéricas, em que as *Deep Learning* costumeiramente são treinadas. É fundamental destacar que o aprendizado profundo atinge seu potencial máximo em situações com muitos dados de treinamento, possibilitando que a estrutura da rede aprenda a generalizar para diversos cenários. Porém, quando recebe um conjunto de dados restrito, formado por centenas, e não milhões de exemplos, a capacidade de generalização do aprendizado profundo pode ser prejudicada.

No caso de uma técnica computacional com o objetivo de detectar achados nas mamas em imagens de ultrassom, a utilização de aprendizado profundo pode parecer uma opção atrativa inicialmente, porém existem alguns aspectos que devem ser considerados. Assim sendo, enquanto o aprendizado profundo demonstra grande eficácia em situações com grande quantidade de dados, para uma inteligência artificial com foco em ultrassons, outros métodos, tais como técnicas de aprendizado supervisionado com conjuntos de dados menores e mais específicos, podem ser mais apropriadas e eficientes. Tais métodos constituem alternativas mais práticas e eficazes para desenvolver soluções para achados mamárias em ultrassons.

Um ponto negativo do aprendizado profundo é o demorado tempo de treinamento. Modificar os pesos das conexões com métodos iterativos baseados em gradientes é custoso em termos de computação. Mesmo utilizando um computador com altíssima velocidade de processamento e grande capacidade de memória, um treinamento básico de rede complexa pode levar meses ou até anos. As técnicas de aprendizado complexo mais recentes requerem o uso de grandes *datacenters*, ao invés de computadores de mesa comuns. Tais técnicas podem ter milhões de parâmetros modificáveis (treináveis).

Ademais, as redes complexas possuem capacidade limitada para processamento paralelo em virtude da natureza sequencial das camadas convolucionais. O processamento de cada camada ocorre apenas após a conclusão do processamento da camada precedente. Caso todas as camadas fossem executadas ao mesmo tempo, o modelo produtor-consumidor aconteceria. A camada que utiliza os dados tentaria ler os dados enquanto a camada que os produz ainda estivesse processando-os, ocasionando a possível obtenção de dados incompletos e incorretos (Patterson, 2013).

Modelos de *Deep Learnings* que visam efetuar o tratamento de informações de maneira paralela de processamento estão em fase embrionária de progresso e ainda não exibem índices elevados de acurácia em diversas aplicações (Pinheiro et al., Pinheiro et al.; dos Santos et al., 2019). A *Deep Learning* proposta por dos Santos et al., 2019 é passível de paralelização e contém 30 mil filtros convolucionais acionados ao mesmo tempo. Quando processada em um servidor de alta capacidade, a rede desenvolvida apresenta um tempo de treinamento equiparável ao de aprendizado raso. Desde que esteja em um servidor, esse modelo demonstra um período de treinamento não destoante do aprendizado raso.

O *Deep Learning* dotado de paralelismo de dos Santos et al., 2019 apresenta ótimo desempenho quando utilizada no tratamento de imagens, principalmente na identificação óptica de caracteres. Contudo, o referido aprendizado profundo complexo paralelizável proposta por dos Santos et al., 2019 não obteve êxito ao ser utilizada na

identificação de padrões de *software* malicioso ¹. Seus resultados foram estatisticamente menores que o aprendizado superficial e as redes neurais complexas baseadas em camadas sequenciais (grafos em cascata)² (Pinheiro et al.,2022). Em síntese, não existem indícios de que uma *Deep Learning* paralelizável alcance bons resultados na área da engenharia biomédica.

Um método computacional baseado em *deep learning* também pode ser afetado pela maldição da dimensionalidade. Por exemplo, a rede neural complexa *Inception-V3* possui 23,6 milhões de parâmetros ajustáveis (Chollet,2017). É impossível deduzir quais desses milhões de parâmetros ajustáveis conseguem otimizar a acurácia da rede. Também se torna inexecutável tentar elaborar uma explicação de como uma *Deep Learning* complexa opera. Como exemplo, não existe um meio de saber quais parâmetros controlam o limite de decisão em função das classes alvos da aplicação. Em resumo, alguns aprendizados profundos funcionam como caixas pretas sem muito controle e/ou explicação de suas ações.

A transferência de aprendizado surge como uma tática inteligente para superar as elevadas exigências de tempo relacionadas ao treinamento de *Deep Learning*. Ao invés de começar com uma estrutura aleatória de parâmetros, sem conhecimento ou expertise, a estratégia da transferência de aprendizado introduz um ponto de partida mais evoluído. O aprendizado profundo, previamente treinado para atividades distintas, é reutilizado, atuando como uma espécie de extrator de características arbitrário.

Essa base de conhecimento prévio, apesar de direcionada para uma aplicação diferente, é ajustada e aprimorada para a nova atividade em foco, possibilitando uma rápida aceleração do processo de aprendizagem. O intervalo de tempo necessário para treinar uma *Deep Learning*, que antes exigiria meses de trabalho, é drasticamente diminuído para apenas alguns dias, devido ao reconhecimento de padrão do aprendizado anterior. Essa transferência inteligente impulsiona a eficiência do

¹*malware*: malicioso + *software*.

²Exemplo de arquitetura de rede neural profunda. Disponível em:<https://se.mathworks.com/help/deeplearning/gs/create-simple-image-classification-network-using-deep-network-designer.html>, Acessado em março. 2025

treinamento, maximizando o potencial da técnica computacional e abrindo caminho para uma adaptação mais rápida e precisa às exigências específicas de cada aplicação. Todavia, mesmo com essa redução significativa nesse intervalo de tempo de treinamento, ainda há certa resistência em utilizar essa metodologia de *Deep Learning*. Aguardar dias até a conclusão da fase de aprendizado pode ser proibitivo em grande parte das atividades cotidianas.

Um novo método de transferência de aprendizado despontou para suprir a demanda por redução do tempo de treinamento em *Deep Learning*(Iman et al., 2023). Essa solução inovadora tem se sobressaído como o que há de mais moderno em computação inteligente e encontra aplicação em diversos campos. Por intermédio dessa estratégia complementar, um estudo científico pode obter o reconhecimento associado ao *Deep Learning*, e ao mesmo tempo ser finalizado em um período comparável ao de aprendizado raso.

Uma *Deep Learning*, previamente treinada para fins diferentes, conserva seus parâmetros ajustáveis inalterados. Atuando como uma mescla entre um extrator de características e um minerador de dados. Nessa situação, a *Deep Learning* pré-treinada recebe as informações do problema específico e gera seu próprio reconhecimento de padrões, os quais foram treinados para outra aplicação. Como exemplo, a rede neural complexa *Xception* foi elaborada com especialização na identificação de objetos e organismos em imagens.

A *Inception-V3* consegue classificar imagens em 1.000 categorias diferentes, incluindo objetos como teclado, mouse, lápis, e também diversos animais, como leão, elefante e girafa, dentre outros(MathWorks, 2023). Sem dúvida, a *Inception-V3* contribui expressivamente para a notoriedade das redes neurais complexas, demonstrando uma capacidade de generalização notável. Na migração de aprendizado, os 1.000 neurônios de saída da *Inception-V3*, previamente treinada para outros fins, podem ser utilizados como entrada para um classificador superficial. Desse modo, o classificador superficial é capaz de identificar padrões na aplicação alvo, mesmo sem ter acesso direto às suas informações.

Há diversas hipóteses e teorias que buscam elucidar de forma lógica os altos índices de acurácia obtidos ao usar a transferência de aprendizado entre *Deep Learning* e aprendizado superficial. Uma possibilidade é que durante os longos períodos de treinamento das redes neurais complexas, sejam elaborados descritores de frequência, textura e forma de ótima qualidade. Esses descritores estariam incorporados nos milhões de parâmetros ajustáveis de uma arquitetura profunda. É praticamente inviável determinar computacionalmente quais são esses descritores espontâneos e onde exatamente se encontram dentro da estrutura de milhões de parâmetros interconectados entre si. Entretanto é admissível que esses descritores espontâneos de frequência, textura e forma sejam úteis em diversas aplicações, independentemente da finalidade para a qual a *Deep Learning* foi inicialmente treinada.

Nos meios legais e de saúde, a transferência de aprendizado, entre distintas máquinas de aprendizado estatístico, enfrenta grande oposição à sua utilização. Também há uma preocupação por parte das *BigTechs*. O CEO do *Google*, *Sundar Pichai*, expressou preocupações sobre a natureza de "caixa preta" dos modelos de inteligência artificial, que dificultam a compreensão de seu funcionamento interno. *Sundar Pichai* afirmou que "*não entendemos muito bem (como a IA funciona)*. *Não podemos realmente dizer por que (a IA) disse isso ou por que errou*" (BrasilAgro, 2023). Adicionalmente, *Jeff Dean*, líder de IA no *Google*, já discutiu publicamente a importância da interpretabilidade em modelos de *Deep Learning*. Em síntese, há uma necessidade de entender e controlar melhor as tecnologias baseadas em computação inteligente para evitar resultados inesperados.

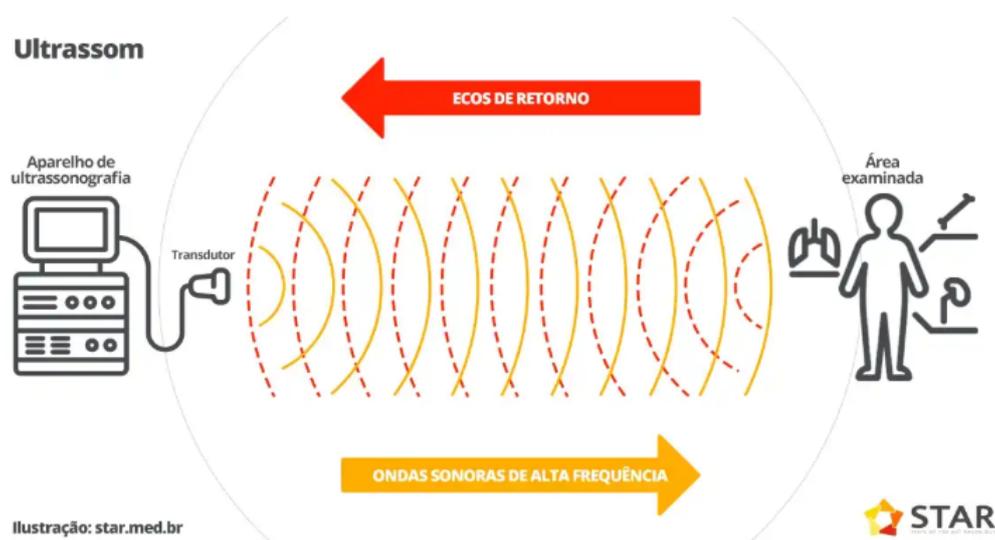
Enfatiza-se que desde que bem parametrizada, máquinas de aprendizado rasas acompanhada de extratores clássicos de características podem obter resultados estatisticamente equivalentes a qualquer modelo de aprendizado profundo de última geração (Ba e Caruana, 2014), (Lima et al., 2023). Como vantagem, as máquinas de aprendizado rasas podem ser executadas em qualquer computador de mesa comum. Enfatiza-se que estatisticamente equivalente não significa que as máquinas de aprendizado rasas apresentam resultados iguais. Em síntese, as arquiteturas profundas

podem alcançar resultados superiores na média, mas na mesma margem de erro em comparação às máquinas de aprendizado rasas.

2.5 Ultrassonografia

O ultrassom é um tipo de exame de imagem que utiliza ondas sonoras de alta frequência (ultrassom) para gerar imagens de órgãos internos e de outros tecidos. Durante um ultrassom, um aparelho chamado transdutor converte a corrente elétrica em ondas sonoras, que são enviadas para os tecidos do corpo. As ondas sonoras colidem com as estruturas do corpo e são refletidas de volta para o transdutor, que converte as ondas em sinais elétricos. Um computador converte o padrão de sinais elétricos em uma imagem, que é exibida em um monitor e registrada na forma de uma imagem digital de computador. A ilustração desse processo pode ser visto na Figura 2.6. Não são usados raios X, portanto, não há exposição à radiação durante um ultrassom(NIBIB, 2023).

Figura 2.6: Processo para aquisição de imagens Ultrassonográficas.



Fonte:(das Posses, 2024).

Porém a interpretação das imagens ultrassonográficas pode ser complexa e requerer treinamento especializado. Adicionalmente, se o técnico inserir o transdutor no corpo para realizar o ultrassom, a inserção pode causar algum desconforto. Ocasionalmente, quando um transdutor é inserido, o tecido pode ser danificado, causando

hemorragia ou infecção. Outro ponto a ser destacado é que osso ou gases podem obstruir o ultrassom. Portanto utilizar o ultrassom para obter imagens de certas estruturas pode não ser funcional. Por exemplo, as estruturas situadas atrás de ossos ou atrás de órgãos armazenadores de gases (Kremkau e Taylor, 2022).

Apesar dessas restrições, o ultrassom continua sendo uma ferramenta importante em distintas aplicações, incluindo para exibir o movimento dos órgãos e das estruturas do corpo em tempo real, buscar massas e achados anômalos que estão próximos à superfície do corpo. O exame de ultrassom é capaz de obter imagens dos órgãos internos a exemplo do abdômen, mama e pelve. O ultrassom também pode ser usado para orientar o(a) médico(a) no momento em que ele(a) coleta uma amostra de tecido para biópsia (MSD, 2025).

Para o câncer de mama sua aplicação pode ser utilizada para auxiliar na caracterização de lesões e guiando biópsias. A classificação BI-RADS (*Breast Imaging-Reporting and Data System*) é utilizada para padronizar os achados em exames de imagem da mama, incluindo o ultrassom. No ultrassom, as lesões são avaliadas por características como forma, margens e padrão ecogênico. No contexto de ultrassonografia, padrão ecogênico refere-se à capacidade de um tecido ou estrutura de refletir as ondas sonoras do transdutor de ultrassom, produzindo diferentes níveis de brilho (ou "eco") na imagem gerada.

Nódulos sólidos, por exemplo, devem ser visualizados em dois eixos, por intermédio do calíper digital. Adicionalmente, cabe a caracterizados de acordo com sua forma, orientação, margens, limites e padrão de ecogenicidade. Achados classificados como BI-RADS 4 ou 5 são considerados suspeitos, indicando a necessidade de biópsia (Diagnósticos, 2023). A Figura 2.7 mostra um equipamento que produz imagens ultrassonográficas.

Figura 2.7: Aparato utilizado para aquisição de imagens Ultrassonográficas.



Fonte:(Telerradiologia,2023).

Capítulo 3

Estado da Arte

A Tabela 3.1 apresenta uma lista de algumas técnicas computacionais do estado da arte aplicadas a ultrassonogramas. Incluem-se algoritmos de aprendizado de máquina e redes neurais. Técnicas computacionais têm mostrado resultados promissores na detecção precoce e na classificação de anomalias mamárias.

Tabela 3.1: Resumo das principais técnicas inteligentes em ultrassonogramas de última geração.

| Autores | Tipo de Técnica | Objetivo | Citações no Google Scholar | Indica achado na imagem | Dataset | Acurácia |
|---------------------------------|-----------------|--|----------------------------|-------------------------|---------|----------|
| <i>Machine Learning</i> Autoral | Rasa | Extrator de características + Reconhecimento de padrão | - | Sim | Público | 83,33% |
| Fukuda,2023 | Rede profunda | Reconhecimento de padrão | 8 | Não | Privado | 89,8% |
| Al-Karawi,2024 | Rede profunda | Reconhecimento de padrão | 6 | Não | Público | 95,07% |
| Al-Karawi,2024 | Rasa | Reconhecimento de padrão | 6 | Não | Público | 89,91% |
| Wang,2024 | Rede profunda | Reconhecimento de padrão | 27 | Não | Privado | 88,17% |
| Zhang,2024 | Rede profunda | Extrator de características + Reconhecimento de padrão | 36 | Não | Privado | 92,12% |

Fonte: O autor (2025).

Fukuda,2023 apresenta um estudo que investiga o uso de redes neurais convolucionais (CNNs) para classificar lesões mamárias detectadas por elastografia em exames de ultrassonografia. O modelo proposto realiza uma classificação binária, distinguindo entre massas benignas e malignas. Para isso, foram utilizadas imagens de elastografia de 245 massas mamárias obtidas de 239 pacientes, sendo 146 benignas e 99 malignas. A rede neural apresentou sensibilidade de 80%, especificidade de 96,6%, acurácia de 89,8% e área sob a curva ROC (AUC) de 0,895 (Fukuda,2023). Esse trabalho diz que a base de dados tem o padrão ouro, apontando para a região, mas ele não se propõe a achar esse padrão. Ele somente dá rótulos sem maiores detalhes.

Al-Karawi,2024 implementa diversas redes neurais especificamente à imagens de ultrassonografia. A rede YOLOv7 foi aplicada à detecção e classificação de tumores mamários em imagens de ultrassonografia, com excelentes resultados. O modelo foi treinado e testado com um total de 655 imagens, sendo 445 de lesões benignas e 210 de lesões malignas. Em termos de desempenho, a YOLOv7 alcançou uma acurácia de 95,07%, com sensibilidade de 94,97% e especificidade de 95,24% (Al-Karawi,2024), indicando uma performance altamente confiável tanto para detectar tumores quanto para evitar falsos positivos.

Outra rede utilizada por Al-Karawi,2024 foi a LeNet modificada. Ela foi utilizada para a classificação de tumores mamários em imagens de ultrassonografia, realizando uma classificação binária entre lesões benignas e malignas. Seu treino foi feito com um total de 780 imagens, da mesma base de dados que é utilizada para esse trabalho. A principal modificação em relação à LeNet original foi a introdução de melhorias como a função de ativação ReLU e o uso de batch normalization. Com essas adaptações, a rede alcançou uma acurácia de 89,91%(Al-Karawi,2024), mostrando bom desempenho na tarefa de detecção e classificação de lesões. Por ser uma rede com poucas camadas, a LeNet é considerada uma rede rasa, e embora não seja inteiramente autoexplicável, sua estrutura simples permite um grau maior de interpretabilidade em comparação com redes mais profundas. Isso pode representar uma vantagem em ambientes clínicos onde a explicabilidade do modelo é desejável.

Wang,2024 propõe o modelo RPF-ELD, uma arquitetura de aprendizado profundo baseada em destilação de conhecimento (teacher-student) para o reconhecimento de câncer de mama em imagens de ultrassonografia. A tarefa de classificação considera duas classes: benigno e maligno. O conjunto de dados UDIAT possui 163 imagens (109 benignas e 54 malignas). A rede é treinada em duas etapas: primeiro, um modelo teacher recebe imagens de ultrassom com as regiões tumorais previamente marcadas (informação de região de interesse), e em seguida, um modelo student é treinado para aprender essas informações apenas com base nas imagens puras, sem necessidade de marcações. O objetivo é tornar o modelo robusto e aplicá-

vel em ambientes clínicos reais, onde imagens com marcações não estão disponíveis. Em termos de desempenho, o modelo RPF-ELD supera métodos de ponta. No conjunto UDIAT, ele alcança AUC de 88,26%, acurácia de 88,17% e especificidade de 90,33%(Wang,2024). Além da base de dados UDIAT, foi utilizado também a base de dados BUSI. Porém, utilizando a base de dados UDIAT a obra de Wang,2024 obteve melhores resultados.

Zhang,2024 propõe um novo método de classificação de tumores mamários em imagens de ultrassonografia, utilizando uma abordagem baseada em aprendizado multi-visão (multi-view learning) e extração de características de alto nível e fine-grained. O modelo realiza uma classificação binária, distinguindo entre lesões benignas e malignas. Foram utilizadas 1.702 imagens de ultrassom de 596 pacientes, sendo 786 benignas e 916 malignas, todas com confirmação histopatológica.

Para superar limitações dos métodos tradicionais baseados em recorte único da imagem (TCI¹), o trabalho propõe a criação de múltiplas TCIs com diferentes resoluções, a partir de uma única imagem. Cada TCI é tratada como uma “visão” distinta do tumor, alimentando uma rede neural bilinear homogênea (com *backbone Xception*) para extração de características mais finas. As saídas dessas redes são então combinadas por meio de uma estratégia de fusão híbrida, que mistura fusão precoce (de características) e tardia (de decisões). Os resultados experimentais demonstraram desempenho ótimo em todas as métricas em comparação com métodos anteriores. O modelo proposto alcançou acurácia de 92,12%, sensibilidade de 95,31%, especificidade de 88,41% e AUC de 0,9743. Isso mostra um excelente equilíbrio entre sensibilidade e especificidade, essencial para reduzir falsos negativos e minimizar biópsias desnecessárias.

A correta aplicação de uma técnica computacional em imagens de ultrassonografia, por si só, não é suficiente. Os sistemas desenvolvidos na área de engenharia biomédica devem ser capazes de expor a lógica que sustenta suas decisões. É fundamental que o especialista tenha total confiança na efetividade da ferramenta

¹Tumor-Centered Image

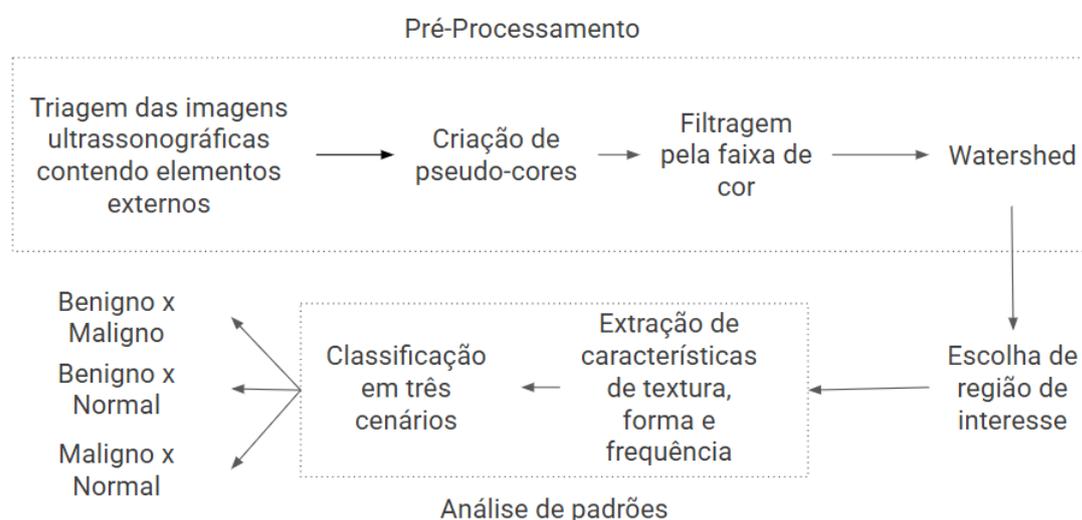
utilizada como apoio diagnóstico. Mais do que simplesmente atribuir classificações, o recurso computacional precisa atuar de maneira proativa no processo diagnóstico, destacando a região relevante e apresentando as evidências que embasaram sua recomendação. Assim, o profissional contará com justificativas técnicas consistentes, que poderão servir como respaldo em eventuais questionamentos de órgãos reguladores, por exemplo. É possível apontar pela Tabela 3.1, que o trabalho autoral é o único que se propôs a identificar o local do achado. Uma *Machine Learning* pode se especializar em *caliper* ou em letras na imagem, pois eles têm um padrão de espessura e textura bem definidos, já que são artificiais. Como os trabalhos do estado-da-arte não entraram em detalhes sobre a classificação dos seus respectivos achados, é possível que elas tenham se especializado em *caliper*, em letras na imagem ou outro padrão alheio à natureza humana.

Capítulo 4

Desenvolvimento

A Figura 4.1 ilustra o fluxograma, o qual detalha cada uma das fases do processo de desenvolvimento. O referido fluxograma oferece uma visão abrangente e elucidativa do fluxo de trabalho adotado. Todas as imagens produzidas, todos os repositórios de aprendizagem estatísticos e *Machine Learnings* empregadas estão no GitHub Pereira, 2025.

Figura 4.1: Detalhamento do desenvolvimento.



Fonte: O autor(2025).

4.1 Base de dados

Antes de explicar como o trabalho foi desenvolvido, é importante comentar que base de dados foi utilizada nele. A base de dados BUSI, possui 780 imagens ultrassonográficas. Essas imagens são classificadas com base em seus diagnósticos, que incluem achados benignos, achados malignos e normal. Para cada imagem ultrassônica, com o diagnóstico benigno ou maligno, é apresentado a sua máscara com o achado destacado. Essa base de dados apresenta o padrão ouro das lesões.

Após o processo de refino, foram considerados 163 pacientes com câncer benigno, 167 com câncer maligno e 167 pacientes classificados como normais.

4.2 Processamento das Imagens de Ultrassonografia

Para obter as informações necessárias das imagens, é recomendado o pré-tratamento do banco de dados, pois, como se trata de uma *machine learning*, não se pode utilizar os dados brutos e esperar que o algoritmo os interprete corretamente na maioria dos casos. Portanto, é necessária essa manipulação prévia dos dados para que o programa assimile apenas os dados de interesse. Para explicar o pré-tratamento, pode-se dividi-lo em fases.

4.2.1 Triagem das imagens contendo elementos externos

Realiza-se a análise da totalidade do conjunto de dados que engloba 780 imagens ultrassonográficas(Sayed, 2023). Essas imagens são classificadas com base em seus diagnósticos, que incluem achados benignos, achados malignos e normal relacionados à mama. Cada tipo de diagnóstico contém múltiplas imagens. Porém 134 imagens tiveram que ser removidas. O percentual de remoção foi de 17,17 %. Após a remoção, sobraram 334 imagens ultrassonográficas benignas, 179 malignas e 133 normais.

A Figura 4.2 apresenta uma imagem de ultrassonografia proveniente da base de dados utilizada. Algumas dessas imagens continham o *caliper*, um marcador gráfico frequentemente utilizado durante exames para indicar medidas. Como efeito colateral, todas as imagens que apresentavam esse marcador foram removidas da base. A presença do *caliper* poderia levar o modelo de *machine learning* a aprender de forma enviesada, associando esse elemento visual ao diagnóstico.

Figura 4.2: Triagem da Base de Dados: Figura com *Caliper*.



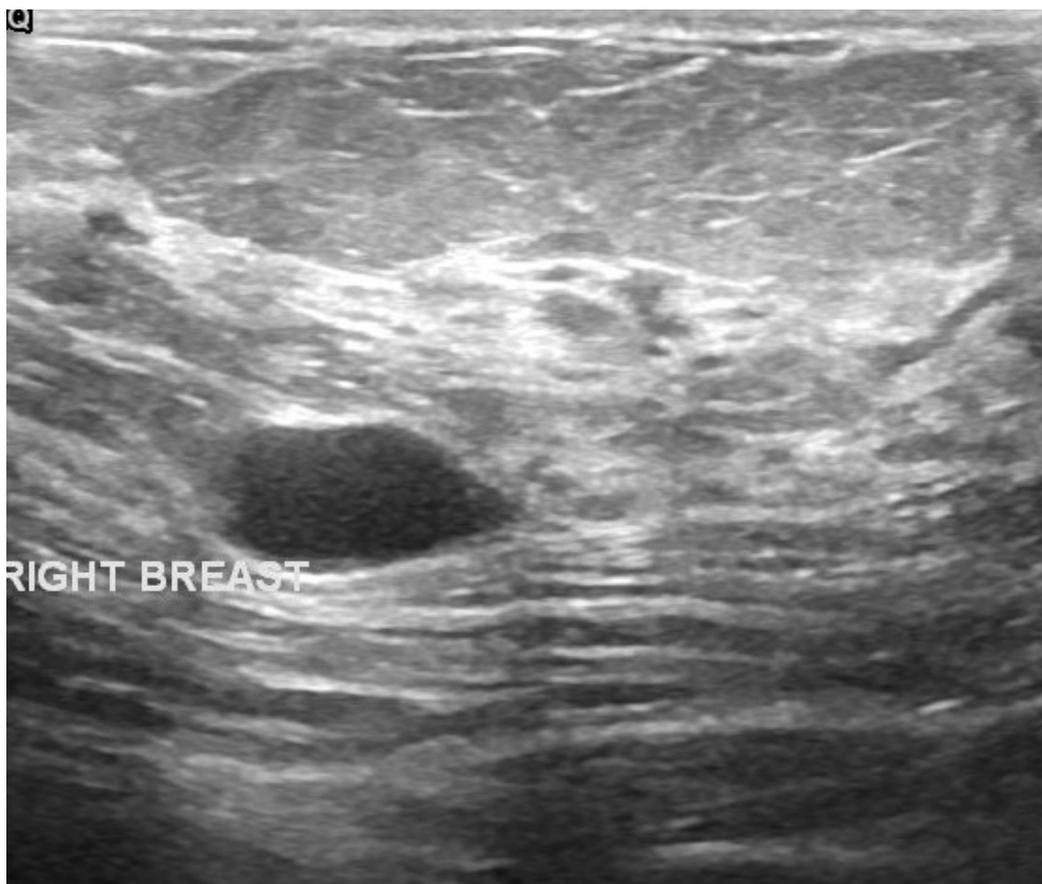
Fonte: O autor (2025).

Adicionalmente, para manter a integridade dos dados, seria necessário desenvolver uma *machine learning* específica para detectar o *caliper* e estimar a informação visual que ele sobrepõe. A referida ação adicionaria complexidade ao processo e ainda assim não garantiria uma reconstrução fiel da imagem original. Como a textura e a forma das estruturas são fundamentais para a correta classificação dos achados, qualquer interferência visual poderia comprometer o desempenho do mo-

delo e, futuramente, gerar incertezas para médicos que analisarem essas imagens.

Outro exemplo de imagem que teve que ser retirada, foram imagens que possuíam algo escrito em cima do achado, como na Figura 4.3. Também seria necessário desenvolver outra IA específica para identificar essas letras, algo que não é o objetivo do trabalho.

Figura 4.3: Triagem da Base de Dados: Figura com letras no achado.



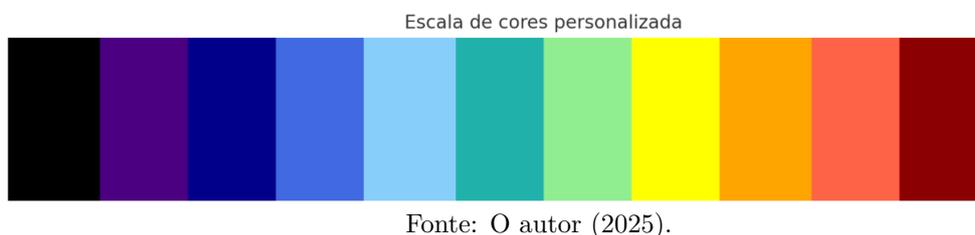
Fonte: O autor (2025).

4.2.2 Criação de pseudo-cores

O trabalho tem como ferramenta a paleta de cores *nipy_spectral*, uma *colormap* padrão do *Matplotlib* (Hunter, 2007) que abrange uma ampla gama de cores, indo do roxo ao vermelho, passando por tons de verde, amarelo, laranja e roxo. O *Matplotlib* é uma biblioteca do python, linguagem que foi utilizada para a execução desse trabalho. A divisão dos *clusters* de cores foi feita autorialmente. Ela varia na seguinte escala: preto, roxo escuro, azul escuro, azul médio, azul claro, verde azulado, verde

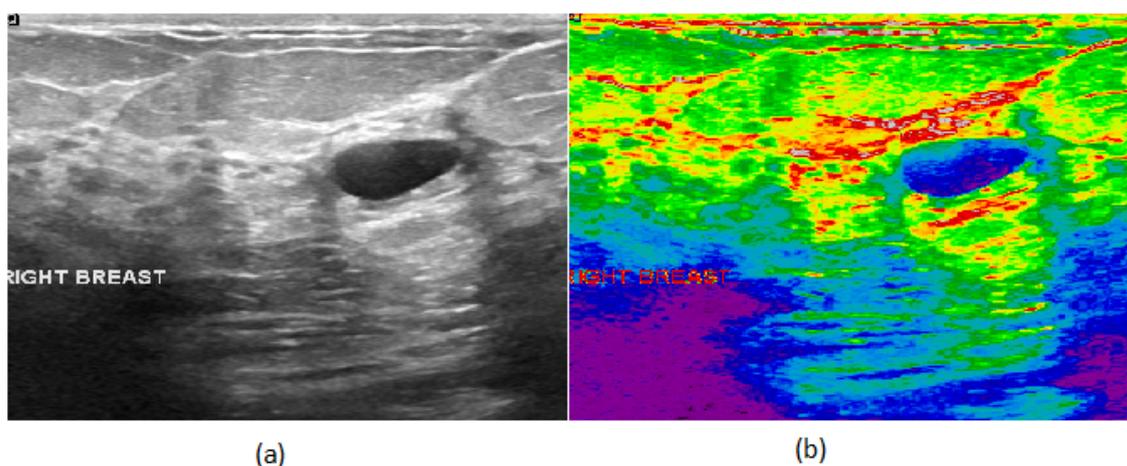
claro, amarelo, laranja, vermelho claro, vermelho escuro e branco. Essa escala pode ser vista na Figura 4.4.

Figura 4.4: Escala das pseudo-cores criadas.



Na Figura 4.5, observa-se um achado benigno. Embora a imagem contenha manuscritos digitais, o que interfere negativamente no histograma global, ela foi mantida na base de dados, uma vez que a triagem já havia descartado uma parcela significativa do conjunto original. A perda de mais imagens poderia afetar a acurácia do trabalho, por isso essas imagens foram mantidas. Nota-se, na Figura 4.5 (b), que o manuscrito digital apresenta coloração predominantemente vermelha, o que pode induzir um modelo de *machine learning* a classificá-lo incorretamente como tecido fibroso, já que esse tecido tem uma alta intensidade de calor, quando, na verdade, trata-se de uma região majoritariamente fria. Na Figura 4.6, tem-se um achado maligno. Na Figura 4.7, tem-se um normal. A classe normal está atrelada a exames os quais não apresentam qualquer indício de anormalidade.

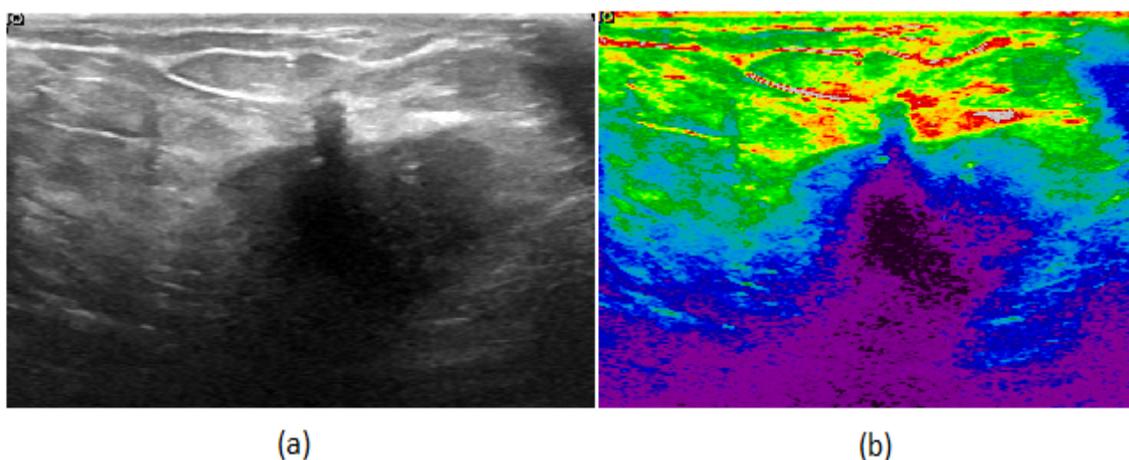
Figura 4.5: Achado benigno: (a) em tons de cinza; (b) colorido.



Fonte: O autor (2025).

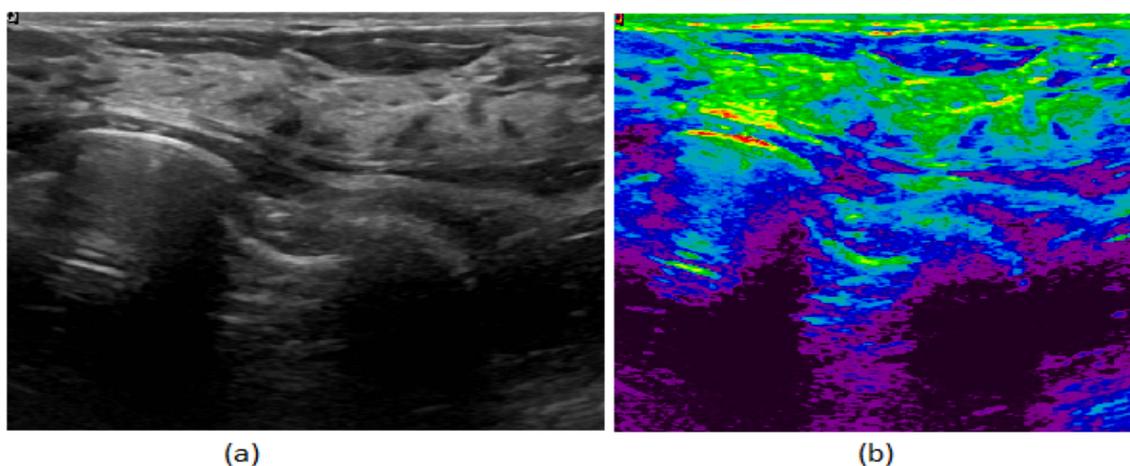
No contexto do projeto, foi necessário realizar uma modificação na paleta de

Figura 4.6: Achado maligno: (a) em tons de cinza; (b) colorido.



Fonte: O autor (2025).

Figura 4.7: Paciente normal: (a) em tons de cinza; (b) colorido.



Fonte: O autor (2025).

cores. Isso porque a *colormap nipy_spectral* inclui cores quentes, como vermelho, amarelo e laranja, que normalmente transmitem a ideia de alerta ou maior intensidade. No entanto, no modelo desenvolvido, essas cores estavam aparecendo justamente em regiões com menor probabilidade de conter achados, o que poderia induzir a interpretações equivocadas por parte de médicos ou pesquisadores. A presença de cores quentes em áreas menos relevantes poderia sugerir falsamente que essas regiões são importantes ou preocupantes.

Para evitar esse tipo de confusão, as cores quentes foram removidas ou substituídas por uma técnica computacional autoral, que tinha como entrada a imagem colorida e como saída a imagem somente com as cores do preto ao verde azulado.

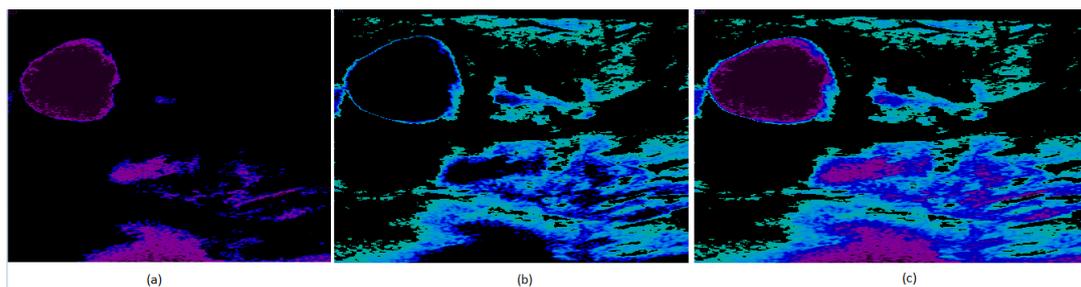
Essa alteração foi feita para reforçar visualmente que essas regiões possuem menor relevância diagnóstica. Assim, as regiões com maior probabilidade de conter achados continuam destacadas com cores mais frias, enquanto áreas menos relevantes desaparecem.

4.2.3 Filtragem pela faixa de cor

A filtragem é feita em três etapas. A primeira etapa filtra roxo escuro, roxo claro e azul escuro. A segunda filtra: azul médio, azul claro e verde azulado. Por último, o filtro é a junção das cores das duas primeiras etapas.

Conforme a Figura 4.8, os achados benignos estão costumeiramente contidos nos três primeiros *clusters* de cores mais frios. Porém isso criou uma dificuldade que será corroborada nos resultados. Vimos visualmente, que alguns malignos são a junção dos seis tons mais frios, ou seja, uma junção do primeiro com o segundo filtro, como pode ser visto na Figura 4.9. Se usar somente o primeiro filtro ou somente o segundo filtro, não agradaria esses casos. Por isso, houve esse junção no terceiro filtro. Isso pode ser visto na Figura 4.9 (c).

Figura 4.8: (a) Filtragem orientada aos três primeiros *clusters* de cores da paleta *nipy_spectral* de um achado benigno. (b) Filtragem orientada aos três *clusters* de cores subsequentes de um achado benigno. (c) Junção dos seis primeiros *clusters* de cores de um achado benigno.

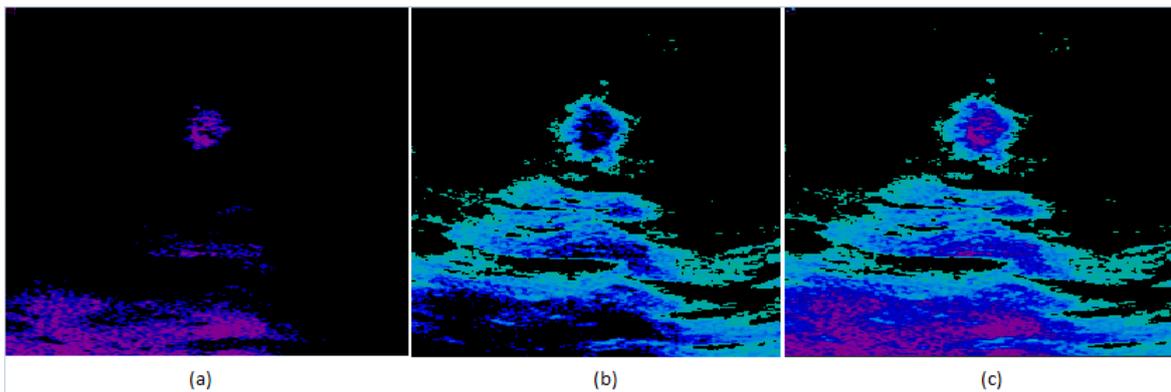


Fonte: O autor (2025).

4.2.4 Watershed

Antes de aplicar o algoritmo *watershed*, foi necessário realizar a decomposição das imagens originais. Essa etapa é fundamental, pois os achados presentes nas imagens costumam ocupar grandes proporções, estendendo-se de ponta a ponta na

Figura 4.9: (a) Filtragem orientada aos três primeiros *clusters* de cores da paleta *nipy_spectral* de um achado maligno. (b) Filtragem orientada aos três *clusters* de cores subsequentes de um achado maligno. (c) Junção dos seis primeiros *clusters* de cores de um achado maligno.



Fonte: O autor (2025).

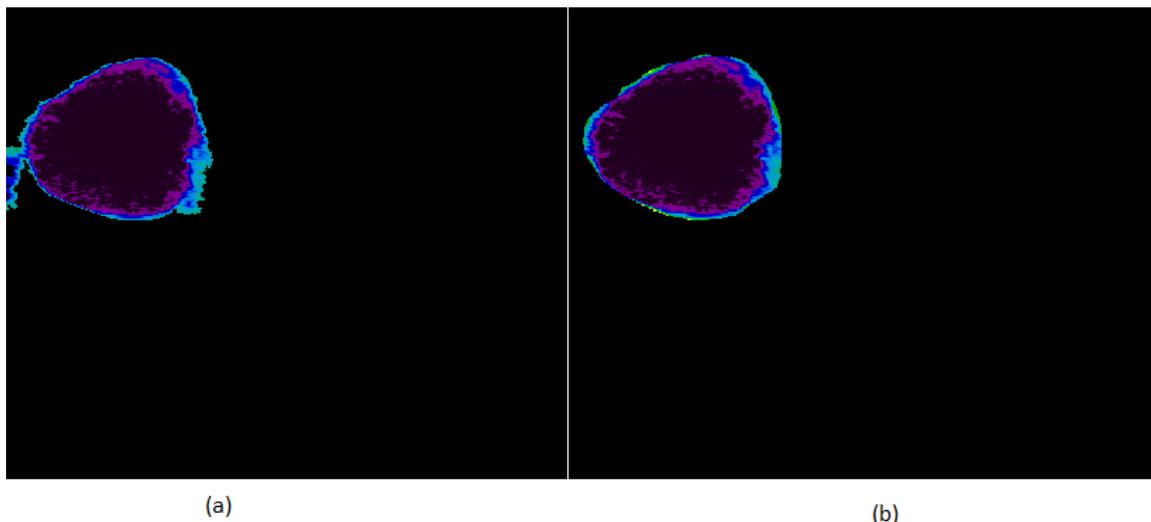
altura ou na largura da imagem. Para lidar com esse desafio, optou-se por uma abordagem de decomposição baseada em morfologia matemática, estruturada em três níveis. O objetivo principal dessa decomposição é localizar com maior acurácia as regiões de interesse, ou seja, onde os achados estão potencialmente concentrados. Visa-se fornecer à etapa final de *machine learning* uma indicação mais refinada de onde se encontra o objeto a ser analisado.

A segmentação de imagens é uma técnica essencial na visão computacional, permitindo a divisão da imagem em regiões distintas e semanticamente significativas, o que facilita a análise automatizada. Dentre os métodos disponíveis, o algoritmo *watershed* é amplamente utilizado, especialmente em casos nos quais as bordas entre os objetos não são nitidamente definidas. A Figura 4.10 ilustra bem essa aplicação. Note que na subfigura (a) observa-se uma imagem com aspecto de “vazamento” ou espalhamento da informação, enquanto na subfigura (b), após a aplicação do *watershed*, a imagem apresenta contornos mais definidos e regiões melhor delimitadas.

A escolha pelo *watershed* se justifica especialmente em cenários onde técnicas mais simples, como a limiarização direta, não são eficazes, seja pela complexidade estrutural dos achados ou pela presença de ruídos nas imagens. O *watershed* se mostra eficaz para separar objetos adjacentes ou parcialmente sobrepostos, uma vez que explora as variações de intensidade para definir fronteiras com maior acurácia.

O *watershed* adicionalmente decompõe as regiões que estão *clusterizadas* em

Figura 4.10: (a) Imagem decomposta original; (b) Imagem decomposta com *watershed*.



Fonte: O autor (2025).

uma única faixa de cor. Algo particularmente útil em imagens de ultrassom, que não possuem uma transição de textura bem delineada entre a região de interesse e a região de vizinhança.

4.3 Escolha de região de interesse

Na base de dados empregada, convencionalmente, há uma ou no máximo dois achados por imagem original. Isso posto, uma única imagem como um achado maligno poderia gerar outras dezenas de decomposições normais, sem qualquer anormalidade. Se essa quantidade desbalanceada de decomposições fossem oferecida ao treinamento de uma *machine learning*, ela iria tenderia à classe majoritária. Portanto a *machine learning* tenderia a reconhecer aquela imagem como um caso normal visto que só haveria uma única região de interesse imersa em outras dezenas de regiões sem anormalidades.

É por isso que foi selecionado regiões propensas a benigno, regiões propensas a malignos e regiões propensas a normais na forma balanceada mais próxima possível (163 regiões propensas a benigno, 167 regiões propensas a maligno e 167 regiões propensas como normais) das imagens restantes após o processamento das imagens. É importante lembrar que foram excluídas 134 imagens na etapa de triagem, por

conta do *caliper* ou de letras sobre o achado, ou na região de vizinhança muito próxima.

Se alguma dessas imagens não foi retirada na triagem, elas podem ter degradado a acurácia do trabalho. A *machine learning* pode pensar que aquilo é uma alta intensidade de calor pertencente a um tecido humano fibroso. A inferência é que os criadores da base provavelmente não estavam pensando em submeter em uma *machine learning*.

4.4 Análise de padrões

Na presente seção, serão discutidos quais os extratores de características de forma e textura que forma utilizados, além da classificação dada por esses extratores.

4.4.1 Extração de características

Por se tratar da aplicação de técnicas de *machine learning* rasas, há um efeito colateral importante: pode ser que esses modelos não operem diretamente sobre os dados brutos, como fazem os métodos de *Deep Learning*. Dessa forma, torna-se interessante o uso de extratores de características que permitam representar de forma eficiente as informações relevantes presentes nas imagens. Os extratores adotados neste trabalho foram: *Zernike*, *RegionProps*, *GLCM* (matriz de coocorrência de níveis de cinza) e os histogramas de intensidade: nas versões *global*, *local* e da *vizinhança* da imagem bruta (Pereira, 2020; Lima et al., 2014; Lima et al., 2020; de Lima et al., 2016; Azevedo et al., 2015a; Azevedo et al., 2015b; Azevedo da Silva et al., 2021).

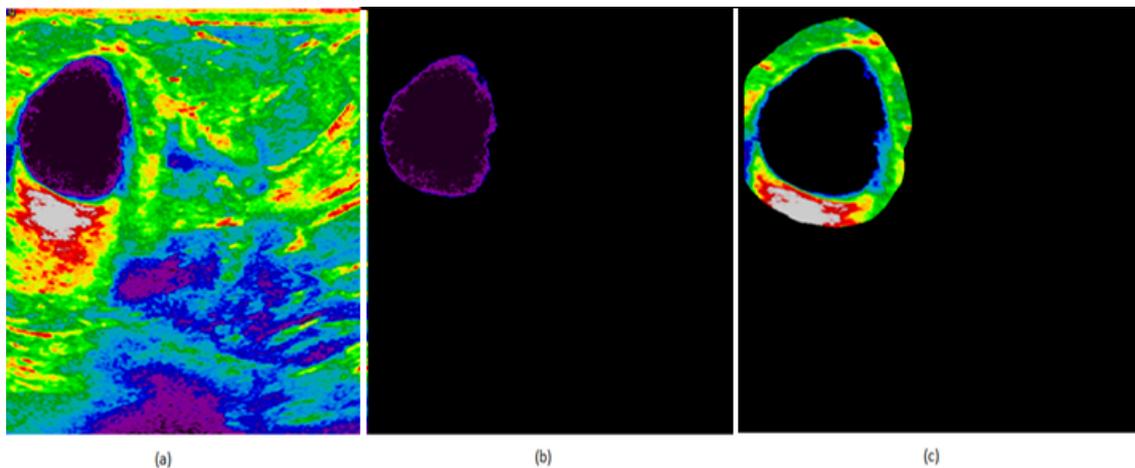
O total de atributos foram 116. Desses atributos: do 1 ao 13 foram do histograma global, do 14 ao 26 foram do histograma local, do 27 ao 39 foram do histograma da vizinhança, do 40 ao 80 foram do *RegionProps*, do 81 ao 101 foram do **GLCM** e do 102 ao 116 foram do *Zernike*.

Esses descritores, ao serem combinados, oferecem uma representação robusta e

multidimensional da imagem, sendo fundamentais para melhorar o desempenho em tarefas de *classificação* e *segmentação*, especialmente no contexto da análise médica.

Para mais detalhes sobre os resultados obtidos, consultar a Seção A. A Figura 4.11 mostra um achado benigno e sua decomposição, que mostra uma região de interesse. Em seguida, mostra o achado com um aumento em 20% da sua região de vizinhança. O objetivo é encontrar transições abruptas entre o achado e sua região de vizinhança. Na literatura clássica, isso aponta a possível presença de uma anomalia o qual teria uma transição abrupta em intensidade em relação a sua região de vizinhança.

Figura 4.11: (a) imagem original em pseudo-cores contendo um achado benigno; (b) decomposição do achado; (c) região de vizinhança do achado acrescido de 20% com base em seu diâmetro.



Fonte: O autor(2025).

Não foi definido nenhum limiar para diferenciar uma estrutura anatômica saudável de um achado. Quem fez esse limiar, no pré-processamento, foi o *watershed*, que se baseia na forma para ir recortando o objeto alvo. A região de vizinhança vista na Figura 4.11(c) é de 20 % além do que foi definida na imagem.

4.4.2 Classificação

No contexto da identificação de padrões em lesões mamárias, uma das etapas fundamentais consiste na atribuição de uma categoria (ou rótulo) a cada exame analisado. A partir de um conjunto de dados conhecido como conjunto de treinamento, torna-se possível construir uma hipótese que represente os diferentes diagnósticos

possíveis. Concluída essa fase inicial de aprendizado, cabe ao modelo de *machine learning* inferir a classe correspondente a um novo exame, com base na comparação entre as características extraídas em tempo real e aquelas previamente aprendidas durante o treinamento.

O principal objetivo da técnica de *machine learning* é encontrar uma função discriminante capaz de separar corretamente as classes envolvidas (por exemplo, maligno ou benigno). Assim, quando um exame inédito é submetido ao sistema, a função é acionada e retorna a classe à qual o exame provavelmente pertence. Em termos matemáticos, essa operação é expressa por $c = f(x)$, onde $x = (x_1, x_2, \dots, x_t)$, representa o vetor de atributos extraídos do exame avaliado; t corresponde às 116 características dinâmicas consideradas; c é a classe (rótulo) atribuída ao exame; e f é a função de mapeamento aprendida pelo modelo durante a fase de treinamento.

A metodologia proposta neste trabalho adota modelos de *machine learning* como classificadores principais. Diferentes combinações de parâmetros de configuração foram exploradas com o intuito de maximizar a acurácia média da aplicação desenvolvida, buscando aprimorar sua eficácia diagnóstica. Os parâmetros explorados foram os parâmetros de custo e parâmetros de gama, além de terem sido explorados 4 *kernels* diferentes: linear, polinomial, radial e sigmoidal.

Em cada uma das investigações dos parâmetros da *machine learning*, feitas em python, foram empregadas 10 distintas execuções atreladas ao método *k-fold*. A finalidade do uso de referido procedimento visa a permitir que *machine learning* tendenciosas não tenha taxas de acerto elevadas. No método *k-fold*, é destinada uma parte para o grupo de teste, ao passo que a restante é destinada ao aprendizado. Esse procedimento ocorre de forma intercalada durante dez rodadas para que todas os grupos de amostras possam ter sido submetidas à etapa de teste. O grau de exatidão da *machine learning* é determinado a partir da média aritmética do índice de sucesso alcançado durante todas as dez execuções. Isso posto, os pacotes com as amostras eram determinados randomicamente. A métrica final diz respeito à média e desvio padrão ao longo das execuções.

Para cada conjunto de parâmetros avaliados nos modelos de *machine learning*, foram realizadas 10 execuções distintas utilizando o método de validação cruzada *k-fold*. A adoção desse procedimento visa mitigar o risco de que modelos tendenciosos obtenham resultados artificialmente elevados, proporcionando uma avaliação mais realista do desempenho. No método *k-fold*, o conjunto de dados é dividido em *k* partes (ou "*folds*"). Em cada rodada, uma dessas partes é utilizada como conjunto de teste, enquanto as demais são empregadas para o treinamento. Esse processo é repetido de forma alternada até que todas as amostras tenham sido utilizadas, ao menos uma vez, na fase de teste. A acurácia do modelo é então estimada com base na média aritmética das taxas de acerto obtidas nas dez execuções. Para cada conjunto de parâmetros investigado, obtêm-se dez medições de desempenho, a partir das quais são calculadas a média e o desvio padrão: indicadores que compõem a métrica final reportada.

4.5 Discussão

Seria importante obter uma base de dados planejada previamente para uma *Machine Learning*. Essa falta de planejamento na base de dados atrapalhou na fase da triagem, pois 134 imagens tiveram que ser retiradas. As imagens que sobraram podem ainda ter letras na imagem, não necessariamente perto do achado, mas que atrapalharam o processamento do histograma global.

A base de dados também não tem informações extra imagens, exemplo: idade da paciente, histórico familiar e etc. Essas informações seriam importantes, pois ela nos daria a oportunidade de criar várias *Machine Learnings*, onde cada uma é especializada em um grupo de mulher diferente. Seria possível criar uma *Machine Learning* só para pacientes jovens, outra para pacientes com histórico de câncer na família, outra para pacientes idosas e entre outras possibilidades. Isso poderia contribuir na criação de uma *Machine Learning* especialistas cada qual em um grupo biossocial de mulheres. Porém, com as imagens obtidas, é possível criar uma *Machine Learning* generalista.

Apesar das limitações enfrentadas com a base de dados, como a ausência de planejamento voltado para *Machine Learning* e a falta de informações extras, os resultados obtidos, que serão vistos no Capítulo 5, demonstram que é possível desenvolver um modelo com desempenho satisfatório. A remoção de imagens problemáticas e os desafios no pré-processamento não comprometeram a essência da análise, e a criação de uma *Machine Learning* generalista mostrou-se viável com os dados disponíveis.

Capítulo 5

Resultados

O presente capítulo apresenta os resultados quanto ao reconhecimento padrão visando a detecção e classificação de pacientes com câncer por intermédio de imagens de ultrassonografia. Com o objetivo de avaliar o desempenho e a robustez dos parâmetros de aprendizado de máquina empregados, foram definidos três diferentes cenários experimentais. Essa estrutura experimental visa evidenciar como cada conjunto de parâmetros de *machine learning* se comporta frente às variabilidades presentes nas imagens médicas e sua capacidade de generalização na qualidade de ferramenta de "segunda opinião".

Na base de dados utilizada, a classe normal está atrelada a exames os quais não apresentam qualquer indício de anormalidade. Para cada paciente, foram extraídas 116 características, abrangendo descritores relacionados à textura, forma e mapa de calor do achado, bem como de sua região de vizinhança e da imagem bruta original. Essas 116 variáveis servem como atributos de entrada para os modelos de aprendizado estatístico avaliados, cada um testado com diferentes configurações de parâmetros. Enfatiza-se que a capacidade de generalização desses modelos está diretamente ligada à escolha adequada de seus parâmetros de configuração.

Em cada cenário apresentado na Tabela 5.1, são destacados os desempenhos máximo e mínimo obtidos. O melhor desempenho do método proposto ocorre quando se realiza a comparação exclusiva entre pacientes com câncer benigno e aquelas sem quaisquer alterações detectáveis. Neste contexto, entende-se como "normais" os

casos em que não há presença de achados clínicos. Nesse cenário ideal, a metodologia desenvolvida obteve uma taxa média de distinção de 83,33% entre os grupos mencionados, durante a fase de avaliação. Ressalta-se que essa fase corresponde ao conjunto de exames que não foram previamente expostos ao modelo de *machine learning* durante seu treinamento, ou seja o conjunto teste, permitindo assim uma análise da capacidade de generalização da solução proposta.

Na Tabela 5.1, são apresentados, respectivamente, o melhor e o pior desempenho obtido em cada um dos cenários analisados. O cenário de maior eficácia do método proposto ocorre na comparação exclusiva entre pacientes com achados benignos e aquelas classificadas como normais. Nesse contexto, considerado o mais favorável, a abordagem desenvolvida atingiu uma acurácia média de 83,33% durante a etapa de testes. É importante ressaltar que essa etapa contemplou apenas exames que não foram utilizados previamente no treinamento do modelo de *machine learning*, permitindo uma análise mais fiel da capacidade de generalização do sistema.

Tabela 5.1: Resultados do classificador SVM, onde a primeira linha equivale ao melhor resultado e a segunda linha equivale ao pior resultado. Por normal, denota-se pacientes sem achado.

| Classe <i>versus</i> contra-classe | Kernel | Função Custo | Função gama | Acurácia Treino (%) | Acurácia Teste (%) |
|---------------------------------------|----------|-----------------|----------------|------------------------|-----------------------|
| Classe benigna | Linear | 0,001 | 0,001 | 75,45 ± 4,97 | 67,58 ± 6,22 |
| <i>versus</i> maligna | Sigmoide | 1 | 0,001 | 29,02 ± 1,1 | 30,05 ± 8,93 |
| Classe benigna | Linear | 0,001 | 0,001 | 90,94 ± 2,92 | 83,33 ± 9,61 |
| <i>versus</i> normal | Sigmoide | 1 | 0,001 | 15,08 ± 0,58 | 16,06 ± 5,26 |
| Classe normal | Linear | 0,001 | 0,001 | 80,34 ± 3,49 | 70,70 ± 6,77 |
| <i>versus</i> maligna | Sigmoide | 1 | 0,001 | 44,38 ± 2,03 | 41,89 ± 7,18 |

Fonte: O autor (2025).

A Tabela 5.2 demonstra as matrizes de confusão dos melhores resultados, apresentados na Tabela 5.1 em termos percentuais. Em termos didáticos, a Tabela 5.2 apresenta a matriz de confusão das primeira linhas de cada cenário avaliado. A matriz de confusão é importante para verificar a qualidade do aprendizado supervisionado. Na Tabela 5.2, C. e CC. são abreviações de Classe e Contra-Classe. As classes desejadas estão dispostas no rótulo vertical, enquanto as contra-classes estão no rótulo horizontal. Na matriz de confusão, a diagonal principal é ocupada

pelos casos em que a classe obtida coincide com a classe esperada, denominados casos verdadeiros positivos. Portanto um bom classificador tem a diagonal principal ocupada por valores altos e os outros elementos têm valores baixos.

A Tabela 5.2 exibe as principais diagonais grifadas em negrito. Em relação ao cenário benigno *versus* normal, o reconhecimento de padrão autoral classificou erroneamente, em média, 27,99 % das amostras sem achados quando se tratavam de pacientes com achados benignos. Seguindo o mesmo raciocínio, observou-se uma média de 37,72 % de classificações incorretas em que pacientes com achados benignos foram identificadas como normais.

Ainda com relação à Tabela 5.2, a sensibilidade e a especificidade referem-se à capacidade do campo receptivo (máscara) reconhecer amostras da classe e contra-classe, respectivamente. O trabalho proposto apresenta a matriz de confusão em termos percentuais para facilitar a interpretação da sensibilidade e da especificidade. Em síntese, a sensibilidade e a especificidade são apresentadas na própria matriz de confusão, descrita na Tabela 5.2. Por exemplo, o primeiro campo receptivo atrelado a cisto tem uma média de 73,01% com relação à sensibilidade e aos verdadeiros positivos. Seguindo o mesmo raciocínio, essa mesma máscara obtém, em média, 62,28 % para a especificidade e os verdadeiros negativos.

É importante apresentar a matriz de confusão em termos percentuais. Isso permite inferir grande parte das métricas relacionadas à classificação estatística. Por exemplo, métricas como: prevalência, precisão, MCC ¹, FM ², curva ROC ³ e curva AUC ⁴ são derivados da matriz de confusão. Há dezenas de métricas que podem ser extraídas da matriz de confusão apresentada na Tabela 5.2.

A Tabela 5.3 apresenta as matrizes de confusão correspondentes aos piores desempenhos observados, previamente listados na Tabela 5.1, representados em termos percentuais. A inclusão dessas matrizes tem como objetivo evidenciar, de forma visual e quantitativa, a fragilidade dos resultados obtidos por determinados modelos

¹MCC: *The Matthews correlation coefficient.*

²FM: *Fowlkes–Mallows index.*

³ROC: *Receiver Operating Characteristic.*

⁴AUC: *Area Under the Curve.*

Tabela 5.2: Matriz de confusão dos melhores cenários em termos percentuais (%)

| | | Treino | | Teste | |
|-----------------------|-----|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|
| | | C. | CC. | C. | CC. |
| Classe benigna | C. | 78,39 ± 4,26 | 27,41 ± 3,75 | 73,01 ± 5,89 | 37,72 ± 4,34 |
| <i>versus</i> maligna | CC. | 21,61 ± 4,26 | 72,59 ± 3,75 | 27,99 ± 5,89 | 62,28 ± 4,34 |
| Classe benigna | C. | 97,41 ± 5,63 | 15,68 ± 4,58 | 89,22 ± 4,58 | 22,70 ± 5,63 |
| <i>versus</i> normal | CC. | 2,59 ± 5,63 | 84,32 ± 4,58 | 10,78 ± 4,58 | 77,30 ± 5,63 |
| Classe normal | C. | 83,10 ± 8,43 | 22,42 ± 5,87 | 75,45 ± 5,89 | 34,13 ± 8,43 |
| <i>versus</i> maligna | CC. | 16,90 ± 8,43 | 77,58 ± 5,87 | 24,55 ± 5,89 | 65,87 ± 8,43 |

Fonte: O autor (2025).

ou configurações. Essa fragilidade se manifesta principalmente nos baixos valores encontrados ao longo da diagonal principal das matrizes, que, idealmente, deveriam concentrar as maiores proporções, uma vez que representam as classificações corretas. Ao exibir essas matrizes, busca-se destacar a limitação dos modelos em distinguir corretamente as classes envolvidas, reforçando a importância de estratégias de ajuste de parâmetros para otimizar o desempenho preditivo da *machine learning*.

Tabela 5.3: Matriz de confusão dos piores cenários em termos percentuais (%)

| | | Treino | | Teste | |
|-----------------------|-----|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|
| | | C. | CC. | C. | CC. |
| Classe benigna | C. | 27,95 ± 6,03 | 69,93 ± 5,23 | 28,83 ± 5,23 | 68,86 ± 6,03 |
| <i>versus</i> maligna | CC. | 72,05 ± 6,03 | 30,07 ± 5,23 | 71,17 ± 5,23 | 31,14 ± 6,03 |
| Classe benigna | C. | 14,77 ± 4,62 | 82,96 ± 3,65 | 14,97 ± 3,65 | 82,82 ± 4,62 |
| <i>versus</i> normal | CC. | 85,23 ± 4,62 | 17,18 ± 3,65 | 85,03 ± 3,65 | 17,04 ± 4,62 |
| Classe normal | C. | 14,24 ± 4,31 | 25,48 ± 4,37 | 11,98 ± 4,37 | 28,14 ± 4,31 |
| <i>versus</i> maligna | CC. | 85,76 ± 4,31 | 74,52 ± 4,37 | 88,02 ± 4,37 | 71,86 ± 4,31 |

Fonte: O autor (2025).

5.1 Reconhecimento de Padrão com Poda

A poda dos atributos de entrada em um modelo de *machine learning* se refere ao processo de selecionar apenas as variáveis mais relevantes para o problema, eliminando aquelas que são redundantes, irrelevantes ou que introduzem ruído. Essa prática traz diversas vantagens importantes. Em primeiro lugar, ela contribui para a redução da complexidade do modelo, tornando-o mais simples e eficiente, tanto em termos de tempo de treinamento quanto de uso de recursos computacionais.

A poda dos atributos estatisticamente irrelevantes também potencializa a capacidade de generalização da *machine learning*, ou seja, na capacidade do modelo de manter um bom desempenho diante de dados não vistos durante a fase de aprendizado. A redução da dimensionalidade resultante da poda pode ser fundamental para tornar viável a aplicação de determinadas *machine learning* que não escalam bem com um número elevado de atributos.

A redução da dimensionalidade de uma *machine learning* é fundamental de modo que se torne viável formular uma hipótese quanto aos seus padrões captados durante a sua etapa de treinamento. A presente seção apresenta uma metodologia autoral visando a poda de atributos de entrada.

No modelo autoral, a redução da dimensionalidade é realizada de maneira preventiva. Essa redução ocorre mesmo antes da otimização dos parâmetros treináveis. A redução da dimensionalidade é aplicada através de matrizes de correlação. O código fonte da poda autoral está livremente disponível no seguinte repositório (Forensics, 2024).

Os testes de correlação representam análises estatísticas aplicadas de modo a comparar dois conjuntos de dados. O objetivo é determinar se existe correlação entre esses conjuntos ou se a hipótese nula é válida. No contexto da poda desenvolvida, o primeiro conjunto de dados é dado pelos atributos de entrada de todas as amostras. Esse conjunto é bidimensional, sendo a primeira dimensão composta pelos atributos e a segunda dimensão pela quantidade total de amostras. Já o segundo conjunto de dados utilizado no teste de correlação corresponde às classes de todas as amostras. Este conjunto é unidimensional, onde cada posição do vetor representa a classe correspondente à sua respectiva amostra. Essa abordagem proporciona uma estrutura eficaz para a análise estatística, possibilitando a avaliação de correlações entre atributos e classes no contexto de *machine learning*.

Na abordagem da poda autoral, caso a correlação entre as amostras seja inferior a 0.1, o respectivo atributo de entrada é removido do repositório de dados. Dessa maneira, permanecem apenas os atributos de entrada que exercem uma influência

direta sobre o valor da classe associada à sua própria amostra. A referida poda não apenas reduz o tempo necessário para o treinamento, mas também aprimora a interpretação dos dados. Essa abordagem se destaca como uma prática benéfica em termos de eficiência e interpretabilidade.

Ao final da poda, sobraram 45, 43 e 35 atributos, nesta ordem, para os cenários apresentados na Tabela 5.4. A referida tabela apresenta, respectivamente, os melhores e piores desempenhos registrados em cada um dos contextos avaliados. O cenário de desempenho mais expressivo da estratégia proposta foi verificado na comparação exclusiva entre pacientes com lesões benignas e aquelas categorizadas como normais. Nesse cenário, considerado o mais promissor, a solução implementada alcançou uma taxa média de acurácia de 81,52% durante a fase de teste.

Em comparação com a Tabela 5.1, na qual eram utilizados 116 atributos, observa-se que a redução de quase 200% no número de atributos de entrada. Paradoxalmente, a referida redução resultou em uma melhoria na acurácia em dois dos três cenários avaliados. Por exemplo, no cenário que compara achados benignos e malignos, a acurácia média antes da poda era de 67,58%. Após a aplicação da poda de atributos, esse valor aumentou para 73,03%. Esse resultado evidencia que atributos irrelevantes não apenas tornam a etapa de aprendizado mais lenta, como também podem comprometer o desempenho do modelo de machine learning, degradando sua capacidade de reconhecimento de padrão.

Tabela 5.4: Resultados do classificador SVM, onde a primeira linha equivale ao melhor cenário e a segunda linha equivale ao pior cenário.

| Classe versus contra-classe | Melhor kernel | Função Custo | Função gama | Acurácia Treino (%) | Acurácia Teste (%) |
|---|-------------------------|-----------------|----------------|-------------------------------------|-------------------------------------|
| Classe benigna <i>versus</i> maligna | Linear Sigmoides | 0,001 1 | 0,001 0,001 | 74,71 ± 1,26 33,7 ± 1,54 | 73,03 ± 5,82 33,3 ± 4,49 |
| Classe benigna <i>versus</i> normal | Linear Sigmoides | 0,001 1 | 0,001 0,001 | 85,56 ± 1,73 35,93 ± 0,58 | 81,52 ± 7,84 36,06 ± 3,44 |
| Classe normal <i>versus</i> maligna | Polinomial Sigmoides | 0,001 0,1 | 1000 0,001 | 70,56 ± 1,74 50,63 ± 0,59 | 72,14 ± 3,15 45,2 ± 4,17 |

Fonte: O autor (2025).

A Tabela 5.5 ilustra as matrizes de confusão dos piores desempenhos, exibidos na

Tabela 5.4 em valores percentuais. De maneira sintética, a Tabela 5.5 exibe a matriz de confusão das segundas linhas de cada situação analisada. A matriz de confusão é crucial para averiguar a eficácia do aprendizado supervisionado. Na Tabela 5.5, C. e CC. são formas abreviadas de Classe e Contra-classe.

Tabela 5.5: Matriz de confusão melhores cenários em termos percentuais (%)

| | | Treino | | Teste | |
|---|-----|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|
| | | C. | CC. | C. | CC. |
| Classe benigna <i>versus</i> maligna | C. | 81,05 ± 7,93 | 34,26 ± 5,94 | 79,14 ± 5,94 | 41,32 ± 4,16 |
| | CC. | 18,95 ± 7,93 | 65,74 ± 5,94 | 20,86 ± 5,94 | 58,68 ± 4,16 |
| Classe benigna <i>versus</i> normal | C. | 93,68 ± 5,27 | 44,58 ± 3,99 | 93,41 ± 2,81 | 44,79 ± 4,92 |
| | CC. | 6,32 ± 5,27 | 55,42 ± 3,99 | 6,59 ± 2,81 | 55,21 ± 4,92 |
| Classe normal <i>versus</i> maligna | C. | 46,51 ± 5,44 | 33,67 ± 5,31 | 51,50 ± 7,9 | 34,73 ± 5,44 |
| | CC. | 53,49 ± 5,44 | 66,33 ± 5,31 | 48,50 ± 7,9 | 65,27 ± 5,44 |

Fonte: O autor (2025).

A Tabela 5.6 exibe as matrizes de confusão referentes aos desempenhos mais baixos observados, previamente indicados na Tabela 5.5, expressos em termos percentuais. A inserção dessas matrizes tem como finalidade demonstrar, de maneira gráfica e numérica, as fragilidades associadas a determinados modelos ou configurações testadas. Tais limitações tornam-se evidentes principalmente pelos baixos percentuais localizados na diagonal principal das matrizes, a qual, idealmente, deveria concentrar os maiores valores, já que corresponde às classificações corretas. Ao apresentar essas matrizes, pretende-se evidenciar a dificuldade dos modelos em diferenciar adequadamente as classes analisadas.

Tabela 5.6: Matriz de confusão piores cenários em termos percentuais (%)

| | | Treino | | Teste | |
|---|-----|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|
| | | C. | CC. | C. | CC. |
| Classe benigna <i>versus</i> maligna | C. | 39,54 ± 7,21 | 74,85 ± 7,83 | 39,26 ± 7,83 | 74,25 ± 7,85 |
| | CC. | 60,46 ± 7,21 | 25,15 ± 7,83 | 60,74 ± 7,83 | 25,75 ± 7,85 |
| Classe benigna <i>versus</i> normal | C. | 60,75 ± 4,73 | 49,76 ± 6,21 | 61,68 ± 5,88 | 49,69 ± 4,73 |
| | CC. | 39,25 ± 4,73 | 50,24 ± 6,21 | 38,32 ± 5,88 | 50,31 ± 4,73 |
| Classe normal <i>versus</i> maligna | C. | 60,61 ± 4,66 | 59,55 ± 7,21 | 55,09 ± 6,32 | 64,67 ± 7,3 |
| | CC. | 39,39 ± 4,66 | 40,45 ± 7,21 | 44,91 ± 6,32 | 35,33 ± 7,3 |

Fonte: O autor (2025).

5.2 Discussão

A análise dos parâmetros de configuração mostrou-se fundamental em determinados cenários do experimento. Observou-se que, ao alterar apenas os parâmetros, sem modificar a base de dados ou o algoritmo em si, a diferença entre o melhor e o pior desempenho foi expressiva, chegando a quase 100% em termos de acurácia. Esse resultado evidencia a sensibilidade do modelo às escolhas de configuração e reforça a importância da etapa de ajuste fino (ou *tuning*) para garantir a eficácia do sistema. No contexto da presente pesquisa, voltada à detecção e classificação de regiões de interesse em ultrassonografias mamárias, esse achado ganha ainda mais relevância, pois demonstra que o sucesso da *Machine Learning* aplicada ao diagnóstico por imagem depende não apenas da qualidade dos dados ou da arquitetura utilizada, mas também da criteriosa otimização dos parâmetros de configuração.

Os resultados obtidos neste trabalho também evidenciam que a metodologia proposta apresenta relevância estatística quando comparada a modelos de *Deep Learning* considerados de última geração. Isso significa que, mesmo frente a arquiteturas amplamente reconhecidas na literatura como estado-da-arte, o desempenho alcançado pela abordagem desenvolvida não apenas se manteve competitivo, como também demonstrou significância estatística em diversos cenários de teste. Essa constatação reforça o potencial da solução apresentada, sobretudo em contextos que exigem alta precisão diagnóstica e transparência nos resultados.

Com base nos trabalhos do estado da arte, que discute métodos como CNNs, ELNs e abordagens de transferência de aprendizado com estruturas altamente especializadas e geralmente com grande demanda computacional, pode-se observar que muitos desses métodos obtiveram acurácias perto de 90% ao lidar com imagens de ultrassom. Porém, isso ocorre geralmente em contextos que não expõem a lógica de suas decisões e com bases de dados não disponíveis ao público.

Embora o trabalho tenha enfrentado a limitação de não ser possível treinar modelos especializados de *machine learning* para cada subgrupo de pacientes, devido ao tamanho reduzido e à heterogeneidade da base de dados disponível, os resultados

obtidos são bastante expressivos. A acurácia média de 83,33% na distinção entre lesões benignas e pacientes normais é um indicativo claro da eficácia da abordagem proposta. Mesmo sem segmentações por faixa etária, tipo de tecido ou outros fatores clínicos relevantes, o modelo desenvolvido com técnicas de menor complexidade e computacionalmente mais acessíveis atingiu um desempenho promissor, apesar de seus recursos limitados.

O mais relevante é que tal desempenho foi alcançado utilizando exclusivamente informações extraídas diretamente das imagens de ultrassonografia, sem o apoio de metadados clínicos ou anotações externas. Isso demonstra o potencial da abordagem proposta em capturar padrões visuais relevantes de forma autônoma, reforçando sua aplicabilidade em cenários reais, onde nem sempre há dados complementares disponíveis.

Capítulo 6

Conclusão

O estudo foi idealizado com o propósito principal de aperfeiçoar a identificação de achados em pacientes diagnosticados com câncer de mama. A intenção é contribuir significativamente para a agilidade do diagnóstico, de modo que essa doença deixe de ocupar as primeiras posições nos índices de mortalidade da população brasileira. No contexto específico do câncer de mama, a proposta deste projeto é de auxiliar no diagnóstico precoce e dar uma segunda opinião para que o médico possa tomar uma decisão o mais ajustada possível. Uma outra ambição é que o sistema desenvolvido transcenda os muros acadêmicos e seja efetivamente utilizado por profissionais especialistas. O impacto desejado é que a eficiência e precisão dos exames mamários se tornem menos dependentes da interpretação subjetiva e da experiência individual do profissional examinador. Além disso, espera-se que os resultados desta pesquisa sejam considerados nas próximas atualizações do documento de consenso do Ministério da Saúde para o câncer de mama.

O diagnóstico por imagem é complexo devido à variedade dos casos e a heterogeneidade da anatomia humana. Para aprimorar o diagnóstico, são aplicadas técnicas de processamento de imagens que identificam objetos com precisão computacional. Porém, a busca por configurações ideais para essas técnicas é complexa e requer supercomputadores, devido ao vasto espaço de exploração. Embora as redes neurais profundas (*Deep Learning*) sejam utilizadas no estado da arte para reconhecer padrões em imagens médicas, elas apresentam desvantagens, como os longos tempos

de treinamento e a dificuldade em explicar suas decisões, devido aos seus milhões de parâmetros treináveis. Essas limitações podem ser superadas com o uso de técnicas de aprendizado extremo, que são computacionalmente eficientes e mais explicáveis. O projeto empregou máquinas de aprendizado estatístico na detecção e classificação de achados em imagens de ultrassonografia.

De forma metódica, a técnica computacional autoral será submetida a periódicos e congressos de alto impacto. A expectativa é que o estado de Pernambuco assumira uma posição proeminente na prevenção e detecção automatizada de cânceres de mama.

6.1 Dificuldades Encontradas

Durante a pesquisa, foi encontrado alguns obstáculos, como a presença do caliper em certas imagens do banco de dados. Nem todas as imagens apresentavam esse marcador, e, para evitar a criação de uma IA com um enviesamento, tais imagens foram removidas no pré-processamento para não comprometer a eficiência e acurácia do modelo.

Ruídos foram identificados nas imagens ultrassonográficas, algo comum para o exame. Isso, apesar de, a ultrassonografia ser o método mais recomendado para pacientes jovens — geralmente com menos de 35 anos — cujas mamas tendem a ser densas e/ou fibrosas. Essa densidade aumenta o contraste com o parênquima mamário, que são os demais tecidos da mama, e são capazes de fazer o ruído não atrapalhar tanto a distinção dos elementos presentes na imagem. Desenvolver técnicas capazes de detectar e classificar estruturas em imagens com esse nível de ruído é um desafio significativo.

O cenário se torna ainda mais complexo pelo fato de que as técnicas computacionais empregadas apresentam baixa complexidade — são modelos rasos, com poucos parâmetros ajustáveis. Diferente das abordagens baseadas em *Deep Learning*, essas técnicas não contam com milhões de parâmetros que possam ser otimizados para atenuar os efeitos do ruído. Além disso, a adoção de *Deep Learning* exige uma in-

fraestrutura robusta, com alto consumo de energia e água para o funcionamento e a refrigeração dos *datacenters* — algo muitas vezes inviável em contextos com recursos limitados.

6.2 Trabalhos Futuros

No desenvolvimento dessa pesquisa, quatro aspectos despertaram o interesse em novas pesquisas:

- A proposta de aprimorar o pré-processamento das imagens, tornando-o mais eficiente e robusto. Ao otimizar os métodos utilizados nessa etapa, busca-se viabilizar a paralelização da análise das regiões de interesse extraídas das decomposições das imagens ultrassonográficas. Esse aprimoramento pode envolver técnicas avançadas de filtragem, remoção de ruído, normalização de intensidade e realce de bordas. O aperfeiçoamento dessas abordagens tem o potencial de tornar a análise das imagens subsequentes mais precisa e ágil. Com um pré-processamento mais acurado, os modelos de aprendizado de máquina e de reconhecimento de padrões podem atuar de forma mais eficaz, aumentando a confiabilidade dos diagnósticos e contribuindo para decisões clínicas mais bem fundamentadas.
- Outra linha promissora de pesquisa seria o desenvolvimento da computação afetiva como forma de auxiliar a máquina na explicação de seus diagnósticos aos especialistas. Essa abordagem poderia tornar as interações mais intuitivas e empáticas, facilitando a interpretação das informações geradas pelos sistemas automatizados. Com o uso da computação afetiva, a máquina teria a capacidade de adaptar sua comunicação ao perfil do usuário: oferecendo explicações detalhadas e técnicas para especialistas experientes, ao mesmo tempo em que apresentaria informações de forma mais simplificada e acessível para profissionais com menor familiaridade com o sistema. Esse nível de personalização não apenas aprimoraria a usabilidade do programa, como também aumentaria a

confiança dos profissionais nas decisões automatizadas, promovendo uma integração mais efetiva das tecnologias de aprendizado de máquina no ambiente clínico.

- Em testes preliminares de usabilidade, observou-se uma tendência entre cientistas juniores da engenharia biomédica de esperar que a técnica computacional desenvolvida gere regiões de interesse (ROIs) com formato arredondado. No entanto, devido à elevada presença de ruídos nas imagens ultrassonográficas, os achados nem sempre apresentam contornos ovalares ou regulares. Diante disso, trabalhos futuros propõem o uso de técnicas de contorno ativo com o objetivo de suavizar as bordas e conferir uma forma mais arredondada aos achados. A intenção é que tanto profissionais quanto cientistas juniores sintam maior confiança nos resultados produzidos pela ferramenta, mesmo que, visualmente, o contorno ativo gere uma representação que não corresponda exatamente ao domínio original da imagem. Do ponto de vista técnico, o reconhecimento de padrões por meio de aprendizado de máquina continuará operando com base no achado original extraído diretamente da imagem. Já a interface gráfica, em versões futuras, poderá exibir uma representação suavizada, hipotética, mas realista, que esteja alinhada com os padrões descritos na literatura científica e com o padrão-ouro das bases de dados utilizadas, como demonstrado na Figura 1.4 da introdução, a qual evidencia que o delineamento de referência nem sempre corresponde fielmente ao domínio visual da imagem original.
- Validar o sistema computacional junto à comunidade científica. A validação científica consiste na comparação dos resultados com *benchmarks* consolidados e, sempre que possível, na submissão de artigos ou apresentação do trabalho em eventos acadêmicos e científicos. Isso permite que o sistema desenvolvido seja submetido à crítica por pares, conferindo maior legitimidade à solução proposta. Quando viável, esta etapa também pode incluir o envolvimento de profissionais da saúde na avaliação do sistema quanto à usabilidade, aplicabilidade e aderência às necessidades clínicas.

Referências

Al-Karawi, D., A.-Z. S. H. K. A. O. N. M. A. M. A. T. A. B. A. S. M. . A. M. H. (2024). A review of artificial intelligence in breast imaging. *Tomography*, 10:705–726.

Awari (2023). Deep learning em machine learning: Conceitos e aplicações. Acessado em 3 de maio de 2025.

Azevedo, W. W., Lima, S. M. L., Fernandes, I. M. M., Rocha, A. D. D., Cordeiro, F. R., da Silva-Filho, A. G., e dos Santos, W. P. (2015a). *Fuzzy Morphological Extreme Learning Machines to detect and classify masses in mammograms*.

Azevedo, W. W., Lima, S. M. L., Fernandes, I. M. M., Rocha, A. D. D., Cordeiro, F. R., da Silva-Filho, A. G., e dos Santos, W. P. (2015b). *Morphological extreme learning machines applied to detect and classify masses in mammograms*.

Azevedo da Silva, W. W., Araújo de Santana, M., Guilhermino da Silva Filho, A., Lopes de Lima, S. M., e Pinheiro dos Santos, W. (2021). *Chapter 3 - Morphological extreme learning machines applied to the detection and classification of mammary lesions*. Hybrid Computational Intelligence for Pattern Analysis and Understanding. Academic Press.

Ba, J. e Caruana, R. (2014). Do deep nets really need to be deep? In Ghahramani, Z., Welling, M., Cortes, C., Lawrence, N., e Weinberger, K., editors, *Advances in Neural Information Processing Systems*, volume 27. Curran Associates, Inc.

BrasilAgro (2023). A "caixa preta" da inteligência artificial que preocupa os especialistas. Acessado em 3 de maio de 2025.

Carolina Oliveira Nastri, W. d. P. M. e de Jesus Lenharte, R. (2011). Ultrassonografia no rastreamento do câncer de mama. *Feminina*, 39(2):97–102.

Chollet, F. (2017). Xception: Deep learning with depthwise separable convolutions. *2017 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*.

- Contributors, S.-I. (2024). Watershed segmentation example. *Scikit-Image Documentation*.
- Costa, H., Solla, J., e Temporão, J. G. (2004). Controle do câncer de mama: Documento de consenso. *Ministério da Saúde, Secretária de Atenção à Saúde e Instituto Nacional de Câncer*.
- Dallagassa, M. R. e de Oliveira, A. J. C. (2024). Uso de machine learning no diagnóstico de câncer de mama através de ultrassonografia. *Journal of Health Informatics*, 16(Especial,2024).
- das Posses, F. P. (2024). Ultrassonografia: o que é ultrassom e como funciona o exame. Acessado em 3 de maio de 2025.
- de Estudos para o Desenvolvimento da Sociedade da Informação (CETIC.br), C. R. (2023). Inteligência artificial na saúde: o potencial da ia para transformar o setor no brasil. Acessado em 2 de maio de 2025.
- de Lima, S. M., da Silva-Filho, A. G., e dos Santos, W. P. (2016). *Detection and classification of masses in mammographic images in a multi-kernel approach*, volume 134.
- Diagnósticos, S. Z. (2023). Ultrassom da mama: quando é indicado e o que pode detectar. Acessado em 17 de abril de 2025.
- Diniz, e. a. (2023). Uso de machine learning no diagnóstico de câncer de mama por meio de imagens de ultrassom. Acessado em 3 de maio de 2025.
- D'Or, R. (2024). Ultrassonografia de mamas. <https://www.rededorsaoluiz.com.br/exames-e-procedimentos/ultrassonografia/ultrassonografia-mamas>.
- dos Santos, M. M., da Silva Filho, A. G., e dos Santos, W. P. (2019). *Deep convolutional extreme learning machines: Filters combination and error model validation*, volume 329.
- Forensics, D. (2024). Svm. <https://github.com/DejavuForensics/SVM>. Acesso em: abr. 2025.
- Fukuda, T., T. H. Y. K. N. S. H. K. . K. Y. (2023). Deep learning for differentiation of breast masses detected by screening ultrasound elastography. *Ultrasound in Medicine Biology*, 49:989–995.

Gefen, S., Tretiak, O., Piccoli, C., Donohue, K., Petropulu, A., Shankar, P., Dumane, V., Huang, L., Kutay, M., Genis, V., Forsberg, F., Reid, J., e Goldberg, B. (2003). *ROC analysis of ultrasound tissue characterization classifiers for breast cancer diagnosis*, volume 22.

Hesaraki, S. (2022). Breast ultrasound images dataset(busi).

Hunter, J. D. (2007). Matplotlib: A 2d graphics environment. Acessado em 3 de maio de 2025.

IARC (2022). Global cancer observatory. world health organization. globocan, 2022. <https://gco.iarc.who.int/today/en/fact-sheets-populationsregions>.

Iman, M., Arabnia, H. R., e Rasheed, K. (2023). A review of deep transfer learning and recent advancements. *Technologies*, 11(2):40. Acessado em 3 de maio de 2025.

INCA (2004). Inca: Controle do câncer de mama - documento de consenso. *Rev Brasil Cancerologia*, v. 50, n. 2, p. 77-90.

INCA (2011). Fatores prognósticos no câncer da mama feminina. <http://www.inca.gov.br/rbc/n48/v01/pdf/revisao.pdf>.

INCA (2023). Dados e números sobre câncer de mama - relatório anual 2023. <https://www.inca.gov.br/publicacoes/relatorios/dados-e-numeros-sobre-cancer-de-mama-relatorio-anual-2023>.

Jauhar, M. H. O. e Thomes, C. R. (2024). Inteligência artificial em imagens médicas: Impactos e desafios. Acessado em 3 de maio de 2025.

Juhl, J. H., Crummy, A. B., e Kuhlman, J. E. (2014). *Interpretação Radiológica*. Guanabara, 7. edição.

Kremkau, F. W. e Taylor, J. B. (2022). *Diagnostic Ultrasound: Principles and Applications*. Elsevier, 9. edição.

Leucht, W. e Leucht, D. (1996). *Teaching Atlas of Breast Ultrasound*. Georg Thieme Verlag, Thieme Medical Publishers, 2. edição.

LIMA, S. e SILVA, S.H.M.T., P. R. e. (2023). Next generation antivirus for javascript malware detection based on dynamic features. *Knowledge and Information Systems (2023)*.

LIMA, S., SOUZA, D., PINHEIRO, R., SILVA, S., e et. al. (2021). Next generation antivirus endowed with bitwise morphological extreme learning machines. *Microprocessors and Microsystems*, 81:103724.

- Lima, S. M. L., Silva, S. H. M. T., Pinheiro, R. P., Souza, D. M., Lopes, P. G., de Lima, R. D. T., de Oliveira, J. R., Monteiro, T. d. A., Fernandes, S. M. M., Albuquerque, E. d. Q., Silva, W. W. A. d., e dos Santos, W. P. (2023). Next-generation antivirus endowed with web-server sandbox applied to audit fileless attack. *Soft Computing*, 27(3):1471–1491.
- Lima, S. M. L., Silva-Filho, e Santos, W. P. (2020). *Morphological Decomposition to Detect and Classify Lesions in Mammograms*. In: Wellington Pinheiro dos Santos; Maíra Araújo de Santana; Washington Wagner Azevedo da Silva. (Org.). *Understanding a Cancer Diagnosis*. Disponível em: <https://novapublishers.com/shop/understanding-a-cancer-diagnosis/>.
- Lima, S. M. L., Silva-Filho, A. G., e Dos Santos, W. P. (2014). *A methodology for classification of lesions in mammographies using Zernike Moments, ELM and SVM Neural Networks in a multi-kernel approach*. doi: <https://doi.org/10.1109/SMC.2014.6974041>.
- Manoel, W. J.; Mülbeier, D. F. M. V. F. D. e. a. (2011). Câncer de mama e gravidez: relato do caso. *Rev Bras Mastologia*, v. 21, n. 1, p. 42-45.
- MathWorks (2023). Inception-v3 convolutional neural network. Acessado em 3 de maio de 2025.
- MathWorks (2025). regionprops - measure properties of image regions. Acessado em 3 de maio de 2025.
- Mehdi Hosseinzadeh, Amir Masoud Rahmani, B. V. M. B. M. M. M. Z. (2020). Improving security using svm-based anomaly detection: issues and challenges. *Springer-Verlag GmbH Germany, part of Springer Nature 2020*.
- Mekonnen, M. M. e Hoekstra, A. Y. (2016). Four billion people facing severe water scarcity. *Science Advances*, 2(2):e1500323.
- Menghani, G. (2021). Efficient deep learning: A survey on making deep learning models smaller, faster, and better. *arXiv preprint arXiv:2106.08962*. Acessado em 3 de maio de 2025.
- MSD (2025). Procedimentos, uso, variações e desvantagens da ultrassonografia. Acessado em 7 de maio de 2025.
- NIBIB (2023). National institute of biomedical imaging and bioengineering: Ultrasound imaging. Acessado em 17 de abril de 2025.
- Niu, K. e Tian, C. (2022). Zernike polynomials and their applications. *Journal of Optics*, 24(12):123001.

- Patterson, D., Gonzalez, J., Le, Q., Liang, C., Munguia, L., Rothchild, D., So, D. R., Texier, M., e Dean, J. (2021). Carbon emissions and large neural network training. *arXiv preprint arXiv:2104.10350*.
- Patterson, D. A., H. J. L. (2013). *Computer Organization and Design*. Morgan Kaufmann, 5. edição.
- Paula, A. C. d. (2010). Segmentação de imagens ultrassonográficas para detecção de nódulos mamários. Acessado em 3 de maio de 2025.
- Pereira, G. L. (2025). Ultrasound_machine_learning. https://github.com/GabrielaLP01/Ultrasound_Machine_Learning. Acesso em: abr. 2025.
- Pereira, J. M. S. *et al.* (2020). *Method for Classification of Breast Lesions in Thermographic Images Using ELM Classifiers*. In: SANTOS, W.P.; SANTANA, M.A.; SILVA, W.W.A. *Understanding a Cancer Diagnosis*. Disponível em: <https://novapublishers.com/shop/understanding-a-cancer-diagnosis/>.
- Pinheiro, R. P., Lima, S. M. L., Souza, D. M., Silva, S. H. M. T., Lopes, P. G., de Lima, R. D. T., de Oliveira, J. R., Monteiro, T. d. A., Fernandes, S. M. M., Albuquerque, E. d. Q., Silva, W. W. A. d., e Santos, W. P. d. (2022). Antivirus applied to jar malware detection based on runtime behaviors. *Scientific Reports*, 12(1):1945.
- Quimioral, S. (2018). <http://www.quimioral.com.br>.
- Rad, C. (2024). Ultrassonografia mamária. <https://www.clinisomrad.com.br/site/ultrassonografia-mamaria/>.
- Sayed, E. M. (2023). Dataset_{used}with_{gt}. <https://www.kaggle.com/code/esraameslam.sayed/classify-breast-ultrasound-images-using-nn-dl/input>.
- Solutions, O. (2024). Deep learning: aplicações e desafios da inteligência artificial. Acessado em 3 de maio de 2025.
- Tahmasbi, A., Saki, F., e Shokouhi, S. B. (2011). Classification of benign and malignant masses based on zernike moments. *Computers in Biology and Medicine*, 41(8):726–735.
- Taylor, K. J. W., Merritt, C., Piccoli, C., Schmidt, R., Rouse, G., Fornage, B., Rubin, E., Georgian-Smith, D., Winsberg, F., Goldberg, B., e Mendelson, E. (2002). Ultrasound as a complement to mammography and breast examination to characterize breast masses. *Ultrasound Med Biol*, 28(1):19–26.

Telerradiologia, S. (2023). Ultrassonografia: o que é ultrassom e como funciona o exame. Acessado em 3 de maio de 2025.

Wang, H., Z. G. Z. Y. L. F. C. W. X. J. W. Q. Z. H. . L. Y. (2024). Rpf-eld: Regional prior fusion using early and late distillation for breast cancer recognition in ultrasound images. *2024 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM)*, página 2605–2612.

Wolf, D., Payer, T., Lisson, C. S., Lisson, C. G., Beer, M., Götz, M., e Ropinski, T. (2023). Self-supervised pre-training with contrastive and masked autoencoder methods for dealing with small datasets in deep learning for medical imaging. *arXiv preprint arXiv:2308.06534*. Acessado em 3 de maio de 2025.

Zewe, A. (2024). As use of a.i. soars, so does the energy and water it requires. *Yale e360*.

Zhang, J., Z. Z. Z. Y. Z. Y. Z. J. Z. J. . L. L. (2024). Classification of tumor in one single ultrasound image via a novel multi-view learning strategy. *Pattern Recognition*, 144.

Apêndice A

Descrição de Características de Formas e de Texturas

A seguir, são descritas as características de formas e de texturas dos achados.

Tabela A.1: Descrição de Características de Formas e de Texturas

| Atributo | Descrição |
|-------------------------------------|---|
| Zernike: 32 momentos | Devidamente explicado em 2.1.2 |
| Descritor de textura: Contraste | <p>Uma avaliação da diversidade dos tons de cinza na figura. Ela mensura a distinção de brilho entre os elementos de imagem contíguos em uma específica orientação e afastamento na figura. Quanto mais elevada a variação tonal, maior é a disparidade entre os valores de brilho dos elementos de imagem próximos, sinalizando alterações bruscas na tessitura da figura.</p> |
| Descritor de textura: Correlação | <p>Uma avaliação da retilinearidade da ligação entre os tons de cinza na figura. Ela mensura o nível de concordância entre os valores de brilho dos elementos de imagem em uma específica orientação e afastamento na figura. A concordância oscila entre -1 e 1, onde valores próximos a 1 sinalizam uma forte concordância positiva (os elementos de imagem tendem a apresentar valores análogos) e valores próximos a -1 sinalizam uma forte concordância negativa (os elementos de imagem tendem a apresentar valores inversos). Um valor de concordância próximo a zero sinaliza ausência de ligação retilínea. Em termos de tessituras, uma alta concordância pode indicar uma tessitura uniforme e constante, enquanto uma baixa concordância pode indicar uma tessitura mais diversificada ou instável.</p> |
| Descritor de textura: Energia | <p>A intensidade agregada é uma avaliação do quão condensada ou esparsa é a distribuição de tons de cinza na figura. Quanto mais elevada a intensidade agregada, mais homogênea é a tessitura da figura. Essa avaliação é útil para diferenciar entre tessituras uniformes e tessituras com alterações bruscas de brilho.</p> |
| Descritor de textura: Homogeneidade | <p>Uma avaliação da constância ou regularidade dos tons de cinza na figura. Ela mensura o quão próximos os valores de brilho dos elementos de imagem estão uns dos outros. Quanto mais elevada a uniformidade, menor é a diversidade nos tons de cinza entre os elementos de imagem próximos, sinalizando uma tessitura mais constante e regular na figura.</p> |

| Atributo | Descrição |
|---|---|
| Descritor de forma: Área | Quantidade numérica de elementos de imagem na área, expressa como um valor único. |
| Descritor de forma: Área da caixa delimitadora | Quantidade de elementos de imagem do contorno retangular dimensionados pela área do elemento de imagem. |
| Descritor de forma: Área Convexa | A "Área Convexa"concerne à quantidade de elementos de imagem na "Figura Envolvente", isto é, na figura que define o invólucro convexo da área de interesse, onde todos os elementos de imagem dentro do invólucro estão preenchidos (considerados como "ativos"). Essa superfície é expressa como um valor único. |
| Descritor de forma: Área preenchida | "Área preenchida"é a enumeração da quantidade de elementos de imagem ativos na figura preenchida (Superfície Ativada), a qual define uma área com todos os elementos de imagem dentro do limite preenchidos (ativos), expressa como um valor único. |
| Descritor de forma: Comprimento do eixo principal | Dimensão (em elementos de imagem) do eixo principal da elipse que possui os mesmos segundos momentos centrais padronizados que a área, expresso como um valor único. |
| Descritor de forma: Comprimento do eixo menor | Comprimento (em elementos de imagem) do eixo secundário da elipse que possui os mesmos segundos momentos centrais padronizados que a área, expresso como um valor único. |
| Descritor de forma: Caixa delimitadora(1) | Empregada para determinar o contorno retangular de um agrupamento de localizações ou entidades em uma figura. Esse contorno retangular é um quadrilátero que circunda integralmente as localizações ou entidades. A rotina devolve as posições do contorno retangular, usualmente no formato [posição-x-mínima, posição-y-mínima, extensão-horizontal, extensão-vertical], onde Contorno Retangular(1) designa unicamente posição-x-mínima. |
| Descritor de forma: Caixa delimitadora(2) | Empregada para determinar o contorno retangular de um agrupamento de localizações ou entidades em uma figura. Esse contorno retangular é um quadrilátero que circunda integralmente as localizações ou entidades. A rotina devolve as posições do contorno retangular, usualmente no formato [posição-x-mínima, posição-y-mínima, extensão-horizontal, extensão-vertical], onde Contorno Retangular(2) designa unicamente posição-y-mínima. |

| Atributo | Descrição |
|--|---|
| <p>Descritor de forma: Caixa delimitadora(3)</p> | <p>Empregada para determinar o contorno retangular de um agrupamento de localizações ou entidades em uma figura. Esse contorno retangular é um quadrilátero que circunda integralmente as localizações ou entidades. A rotina devolve as posições do contorno retangular, usualmente no formato [posição-x-mínima, posição-y-mínima, extensão-horizontal, extensão-vertical], onde Contorno Retangular(3) designa unicamente extensão-horizontal.</p> |
| <p>Descritor de forma: Caixa delimitadora(4)</p> | <p>Empregada para determinar o contorno retangular de um agrupamento de localizações ou entidades em uma figura. Esse contorno retangular é um quadrilátero que circunda integralmente as localizações ou entidades. A rotina devolve as posições do contorno retangular, usualmente no formato [posição-x-mínima, posição-y-mínima, extensão-horizontal, extensão-vertical], onde Contorno Retangular(4) designa unicamente a extensão-vertical.</p> |
| <p>Descritor de forma: Caixa delimitadora(5)</p> | <p>Usada para calcular a caixa delimitadora de um conjunto de pontos ou objetos em uma imagem. Essa caixa delimitadora é um retângulo que envolve completamente os pontos ou objetos. A função retorna as coordenadas da caixa delimitadora, geralmente na forma [xmin, ymin, xmax, ymax], onde Caixa delimitadora(5) representa somente xmax (a coordenada x máxima da caixa delimitadora).</p> |
| <p>Descritor de forma: Caixa delimitadora(6)</p> | <p>Usada para calcular a caixa delimitadora de um conjunto de pontos ou objetos em uma imagem. Essa caixa delimitadora é um retângulo que envolve completamente os pontos ou objetos. A função retorna as coordenadas da caixa delimitadora, geralmente na forma [xmin, ymin, xmax, ymax], onde Caixa delimitadora(6) representa somente ymax (a coordenada y máxima da caixa delimitadora).</p> |

| Atributo | Descrição |
|---------------------------------------|---|
| Descritor de forma: Centroide | <p>Centro de massa da região, apresentado como um vetor de dimensão Q, onde Q representa a dimensionalidade da figura. O primeiro componente do baricentro é a posição horizontal do ponto central. O segundo componente é a posição vertical. Os demais componentes do baricentro seguem a ordem das dimensões.</p> |
| Descritor de forma: Centroide2 | <p>Centro de massa da região, &devolvido como um vetor 1 por Q, em que Q é a dimensionalidade da imagem. O primeiro elemento da centroide é a coordenada horizontal do centro de massa. O segundo elemento da centroide é a coordenada vertical. Todos os outros elementos da centroide estão por ordem de dimensão.</p> |
| Descritor de forma: Centroide3 | <p>Centro de massa da região, devolvido como um vetor 1 por Q, em que Q é a dimensionalidade da imagem. O primeiro elemento da centroide é a coordenada horizontal do centro de massa. O segundo elemento é a coordenada vertical. O terceiro elemento da centroide é a coordenada na terceira dimensão. Todos os outros elementos da centroide estão por ordem de dimensão.</p> |
| Descritor de forma: Centroide Local 1 | <p>Coordenadas do centro de massa da região em relação à sua caixa delimitadora. Devolvido como um vetor 1 por Q, em que Q é a dimensionalidade da imagem. O primeiro elemento do centroide local é a coordenada horizontal do centro de massa relativa à caixa delimitadora. O segundo elemento é a coordenada vertical relativa à caixa delimitadora. Todos os outros elementos do centroide local estão por ordem de dimensão.</p> |
| Descritor de forma: Centroide Local 2 | <p>Coordenadas do centro de massa da região em relação à sua caixa delimitadora. Devolvido como um vetor 1 por Q, em que Q é a dimensionalidade da imagem. O primeiro elemento do centroide local é a coordenada horizontal do centro de massa relativa à caixa delimitadora. O segundo elemento do centroide local é a coordenada vertical relativa à caixa delimitadora. Todos os outros elementos do centroide local estão por ordem de dimensão.</p> |
| Descritor de forma: Centroide Local 3 | <p>Coordenadas do centro de massa da região em relação à sua caixa delimitadora. Devolvido como um vetor 1 por Q, em que Q é a dimensionalidade da imagem. O primeiro elemento do centroide local é a coordenada horizontal do centro de massa relativa à caixa delimitadora. O segundo elemento é a coordenada vertical relativa à caixa delimitadora. O terceiro elemento do centroide local é a coordenada na terceira dimensão relativa à caixa delimitadora. Todos os outros elementos do centroide local estão por ordem de dimensão.</p> |

| Atributo | Descrição |
|--|---|
| <p>Descritor de forma: Média da coordenada escalar</p> | <p>Média das coordenadas da área com escala aplicada, apresentada como um vetor unidimensional contendo a média das coordenadas de linha e a média das coordenadas de coluna, após a aplicação do espaçamento. Em essência, representa o ponto médio das localizações dos elementos da área após o redimensionamento.</p> |
| <p>Descritor de forma: Desvio padrão da coordenada escalar</p> | <p>Desvio padrão das coordenadas da área com escala aplicada, apresentado como um vetor unidimensional contendo o desvio padrão das coordenadas de linha e o desvio padrão das coordenadas de coluna, após a aplicação do espaçamento. Essencialmente, indica a dispersão das localizações dos elementos da área em relação ao seu ponto médio, após o redimensionamento.</p> |
| <p>Descritor de forma: Média da coordenada</p> | <p>Posição média de todos os pontos que compõem a forma na imagem, tanto na direção vertical (linhas) quanto na horizontal (colunas). Essencialmente, indica o centro geométrico da região.</p> |
| <p>Descritor de forma: Desvio padrão da coordenada</p> | <p>Medida de quanto os pontos que formam a forma estão dispersos em torno desse centro médio. Um valor alto indica que os pontos estão bem espalhados, enquanto um valor baixo sugere que estão mais agrupados perto do centro.</p> |
| <p>Descritor de forma: Diâmetro equivalente</p> | <p>Diâmetro de uma circunferência com a idêntica superfície à área, expresso como um valor único. Determinado por $\sqrt{4 \cdot \text{Área} / \pi}$.</p> |
| <p>Descritor de forma: Número de Euler</p> | <p>Determina a quantidade de áreas interligadas subtraída da quantidade de vazios na área em análise em uma figura binária. Isso oferece informações sobre a disposição da área, auxiliando na distinção entre distintos formatos e arquiteturas existentes na figura. Quanto mais elevado o valor da quantidade de Euler, mais intrincada é a arquitetura da área.</p> |
| <p>Descritor de forma: Extensão</p> | <p>Relação entre elementos de imagem na área e elementos de imagem no contorno retangular total, expressa como um valor único. Determinada pela Superfície segmentada dividida pela superfície do contorno retangular.</p> |

| Atributo | Descrição |
|--|--|
| Descritor de forma: Média da imagem | Intensidade luminosa média de todos os pontos dentro da área delimitada. Pense nisso como o brilho geral da região retangular que envolve a forma. |
| Descritor de forma: Desvio padrão da imagem | Medida da variação na intensidade luminosa dos pontos dentro da área delimitada. Indica o quão diferentes são os tons de cinza dentro desse retângulo. Um valor alto significa grande variação (áreas claras e escuras), enquanto um valor baixo indica tons mais uniformes. |
| Descritor de forma: Média da imagem convexa | Intensidade luminosa média de todos os pontos contidos dentro da menor forma convexa que pode envolver a região de interesse. Imagine esticar um elástico ao redor da forma; a área dentro desse elástico, incluindo a forma original e quaisquer espaços que o elástico "preencheu", tem sua intensidade média calculada. |
| Descritor de forma: Desvio padrão da imagem convexa | Medida da dispersão ou variação dos níveis de brilho dos pontos dentro dessa forma convexa. Um valor alto indica uma mistura de áreas claras e escuras dentro do invólucro convexo, enquanto um valor baixo sugere uma tonalidade mais uniforme. |
| Descritor de forma: Média da imagem preenchida | Intensidade luminosa média de todos os pontos da região original, considerando que quaisquer "buracos" ou espaços vazios dentro dessa região foram preenchidos com a mesma intensidade dos pontos adjacentes da forma. É como se você "pintasse" os buracos internos da forma com a cor da própria forma e depois calculasse o brilho médio. |
| Descritor de forma: Desvio padrão da imagem preenchida | Medida da dispersão ou variação dos níveis de brilho dos pontos na região original após o preenchimento de quaisquer buracos internos. Isso ajuda a entender a variabilidade da intensidade luminosa da forma em si, sem a influência dos espaços vazios internos. |

| Atributo | Descrição |
|---|---|
| Descritor de forma: Média do tensor de inércia | <p>Valor médio de todos os elementos do tensor de inércia da região. O tensor de inércia descreve a distribuição da massa (ou, no caso de uma imagem binária, da área) em torno do centro de massa da região. A média dos seus elementos fornece uma medida geral dessa distribuição.</p> |
| Descritor de forma: Desvio padrão do tensor de inércia | <p>Desvio padrão de todos os elementos do tensor de inércia da região. Indica o grau de variação na distribuição da massa/área ao longo das diferentes direções em relação ao centro de massa. Um valor alto sugere uma distribuição mais irregular ou alongada, enquanto um valor baixo indica uma distribuição mais uniforme ou circular.</p> |
| Descritor de forma: Autovalores do tensor de inércia(1) | <p>O maior autovalor do tensor de inércia da região. Este valor está relacionado à maior extensão ou alongamento da forma.</p> |
| Descritor de forma: Autovalores do tensor de inércia(2) | <p>O autovalor intermediário do tensor de inércia da região. Representa a extensão da forma na direção perpendicular à maior extensão.</p> |
| Descritor de forma: Autovalores do tensor de inércia(3) | <p>O menor autovalor do tensor de inércia da região. Para objetos 2D, este valor pode ser zero ou muito pequeno, representando a menor extensão ou espessura da forma.</p> |
| Descritor de forma: Rótulo | <p>Rotular regiões conectadas de uma matriz de inteiros.</p> |
| Descritor de forma: Média dos momentos | <p>Valor médio de todos os momentos brutos calculados para a região. Os momentos brutos são estatísticas que descrevem a distribuição espacial da intensidade dos pixels da região, sem qualquer normalização ou centralização. A média resume esses valores.</p> |
| Descritor de forma: Desvio padrão dos momentos | <p>Desvio padrão de todos os momentos brutos calculados para a região. Indica a variabilidade ou a dispersão dos valores dos momentos brutos.</p> |

| Atributo | Descrição |
|---|---|
| Descritor de forma: Média dos momentos centrais | Valor médio de todos os momentos centrais calculados para a região. Os momentos centrais são semelhantes aos momentos brutos, mas são calculados em relação ao centroide da região, tornando-os invariantes à translação (mudanças de posição). A média resume esses valores centrados. |
| Descritor de forma: Desvio padrão dos momentos centrais | Desvio padrão de todos os momentos centrais calculados para a região. Indica a variabilidade ou a dispersão dos valores dos momentos centrais. |
| Descritor de forma: Média dos momentos normalizados | Valor médio de todos os momentos centrais normalizados calculados para a região. Os momentos centrais normalizados são os momentos centrais divididos por uma função do momento central de ordem (0,0) (a área), tornando-os invariantes à escala (mudanças de tamanho). A média resume esses valores normalizados. |
| Descritor de forma: Desvio padrão dos momentos normalizados | Desvio padrão de todos os momentos centrais normalizados calculados para a região. Indica a variabilidade ou a dispersão dos valores dos momentos centrais normalizados. |
| Descritor de forma: Lista dos índices dos pixels | Sequência unidimensional das posições dos elementos na área, apresentada como um vetor de p componentes. |
| Descritor de forma: Solidez | Relação entre os elementos de imagem no invólucro convexo que igualmente pertencem à área, expressa como um valor único. A firmeza é determinada por Superfície/ Superfície Envolvente. |
| Descritor de forma: Fatia1 | A primeira fatia na tupla, indicando o intervalo de linhas iniciais a serem selecionadas da imagem original para delimitar o objeto. |
| Descritor de forma: Fatia2 | A segunda fatia na tupla, indicando o intervalo de colunas iniciais a serem selecionadas da imagem original para delimitar o objeto. |
| Descritor de forma: Fatia3 | A terceira fatia na tupla, indicando o intervalo da primeira dimensão (após linha e coluna, se existir, como em imagens 3D) a ser selecionada da imagem original para delimitar o objeto. |

| Atributo | Descrição |
|--|---|
| Descritor de forma: Fatia4 | A quarta fatia na tupla, indicando o intervalo da segunda dimensão (após linha, coluna e a primeira dimensão adicional) a ser selecionada da imagem original para delimitar o objeto. |
| Descritor de forma: Fatia5 | A quinta fatia na tupla, indicando o intervalo da terceira dimensão (após linha, coluna e as duas primeiras dimensões adicionais) a ser selecionada da imagem original para delimitar o objeto. |
| Descritor de forma: Fatia6 | A sexta fatia na tupla, indicando o intervalo da quarta dimensão a ser selecionada da imagem original para delimitar o objeto. |
| Descritor de forma: Fatia7 | A sétima fatia na tupla, indicando o intervalo da quinta dimensão a ser selecionada da imagem original para delimitar o objeto. |
| Descritor de forma: Fatia8 | A oitava fatia na tupla, indicando o intervalo da sexta dimensão a ser selecionada da imagem original para delimitar o objeto. |
| Descritor de forma: Fatia9 | A nona fatia na tupla, indicando o intervalo da sétima dimensão a ser selecionada da imagem original para delimitar o objeto. |
| No total, há três histograma: global, local e região de vizinhança | Global: corresponde a toda a imagem bruta original. Local: região de interesse do achado anatômico. Região de vizinhança: dilatação da borda em até 20% do achado original. |
| Informações sobre a cor: Roxo escuro | Histograma da faixa de cor roxo escuro |
| Informações sobre a cor: Roxo claro | Histograma da faixa de cor roxo claro |
| Informações sobre a cor: Azul escuro | Histograma da faixa de cor azul escuro |
| Informações sobre a cor: Azul claro | Histograma da faixa de cor azul claro |
| Informações sobre a cor: Verde escuro | Histograma da faixa de cor verde escuro |
| Informações sobre a cor: Verde claro | Histograma da faixa de cor verde claro |
| Informações sobre a cor: Amarelo | Histograma da faixa de cor amarelo |
| Informações sobre a cor: Laranja | Histograma da faixa de cor laranja |
| Informações sobre a cor: Vermelho escuro | Histograma da faixa de cor vermelho escuro |
| Informações sobre a cor: Vermelho claro | Histograma da faixa de cor vermelho claro |
| Informações sobre a cor: Branco | Histograma da faixa de cor branco |