

Uma Proposta para a Classificação de Melanomas a partir de Imagens Capturadas por Dispositivos Móveis

Karina da S. Salles, Adenauer C. Yamin, and Marilton S. de Aguiar

Resumo—Devido à gravidade do melanoma maligno, a comunidade médica-científica tem se mobilizado no sentido de orientar sobre a importância do tratamento do mesmo ser realizado precocemente. Isto se deve porque nas fases iniciais do estágio evolutivo da doença a probabilidade de cura é maior. Este trabalho tem o objetivo primordial de conceber uma proposta para uma classificação rápida de imagens capturadas por dispositivos móveis para os diversos tipos de melanomas utilizando algoritmos genéticos para a segmentação destes padrões e das características proporcionadas pela computação ubíqua para coleta e retorno dos resultados em qualquer lugar, e pela computação de alto desempenho para reduzir o tempo de produção de resultados promovendo uma sinergia no retorno dos mesmos ao paciente. O algoritmo concebido é nomeado ACIM, uma descrição bem com uma avaliação preliminar de seu funcionamento é apresentada neste trabalho.

Index Terms—Melanoma, Processamento Digital de Imagens, Segmentação, Classificação, Algoritmo Genético, Quadtree, Processamento Paralelo, Dispositivos Móveis.

I. INTRODUÇÃO

O melanoma maligno é uma das formas de câncer de pele mais agressivas e perigosas [1], [2]. Somente em território nacional, cerca de 25% dos casos de tumores malignos registrados são referentes a câncer de pele. Nos EUA, esse índice corresponde a 50% dos casos [3], e tem triplicado nos últimos 30 anos. Por tratar-se de uma forma de câncer agressiva e com alto potencial de produzir metástase¹ [4], pode levar o indivíduo a óbito na ausência de diagnóstico ou em caso de tratamento tardio [5].

Devido à gravidade do melanoma maligno, a comunidade médica/científica tem se mobilizado no sentido de orientar sobre a importância do tratamento realizado precocemente. Isto acontece porque nas fases iniciais do estágio evolutivo da doença, o melanoma maligno está restrito a camada superficial da pele, o que favorece o diagnóstico e o tratamento, aumentando a probabilidade de cura [5].

Em [6], é afirmado que a dermatoscopia isolada não é suficiente para detectar todos os melanomas precoces. Além disso, os autores indicam que um algoritmo simplificado

K. Salles e A. Yamin pertencem ao Centro Politécnico (CPOLI), Universidade Católica de Pelotas (UCPel), Rua Félix da Cunha, 412. - 96010-000 - Pelotas - RS - Brasil. {karina, adenauer}@ucpel.tche.br

M. Aguiar pertence ao Departamento de Informática (DINFO), Instituto de Física e Matemática (IFM), Universidade Federal de Pelotas (UFPel), Campus Universitário, s/n. - Caixa Postal 354 - 96010-900 - Pelotas - RS - Brasil. marilton@ufpel.edu.br

¹A presença de câncer em outros tecidos ou órgãos distantes do tumor primário.

com base nas características dermatoscópicas não uniformes combinadas com o crescimento observado pelas fotografias iniciais direciona o diagnóstico para tumores melanocíticos precoces com alta probabilidade de malignidade. A Figura 1 apresenta os tipos mais comuns de lesões que poderiam ser classificadas, por exemplo, por um método evolutivo capaz de acelerar o diagnóstico.

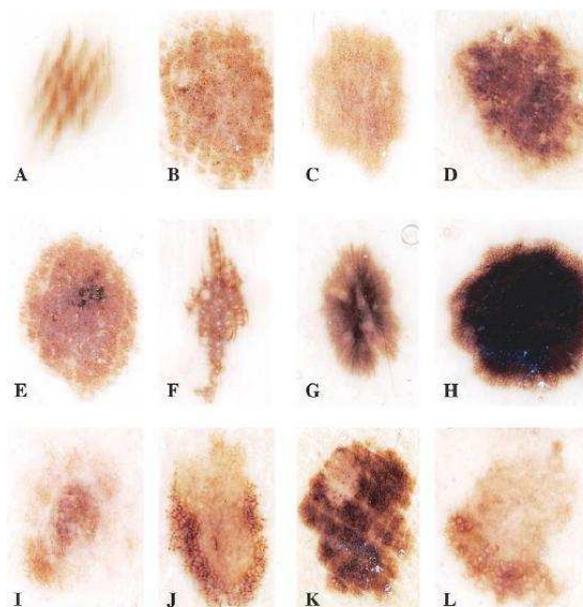


Figura 1. Exemplos de melanomas [6]

Na área de processamento digital de imagens, tem-se verificado avanços significativos nos últimos anos para fazer face aos desafios mais variados na obtenção de informações relevantes a partir de imagens. Na área médica, a obtenção de imagens para análise e diagnóstico de doenças tem sofrido inúmeros e notáveis avanços tendo em vista a miniaturização das câmeras de imagem e dispositivos afins [7].

A análise das imagens adquiridas por tais dispositivos tem constituído um grande desafio para os investigadores, quando da geração de informações que auxiliem o médico na definição de diagnósticos e tratamentos. O principal objetivo do processo de segmentação é a partição de uma imagem em regiões que são homogêneas com respeito a uma ou mais características ou propriedades.

Observa-se que existem vários métodos para segmentação de imagens [8], [9], [10], [11]. O principal problema com a

maioria destes métodos é que eles são heurísticos e frequentemente métodos diferentes produzem resultados diferentes. Portanto, é desejável que métodos mais confiáveis sejam pesquisados, como exemplo neste sentido teríamos [12], [13], [14]. Além disso, é possível contemplar métodos otimizados para lidar com modalidades específicas de imagens.

Modelos estocásticos de imagens são úteis quantitativamente especificando restrições naturais e suposições gerais sobre o mundo físico e o processo de imageamento. Modelos de campos aleatórios permitem a introdução do contexto espacial no problema de nomeação de pixels. A Segmentação Crisp, onde o pixel é atribuído a uma região particular, frequentemente apresenta problemas. Em muitas situações, não é trivial determinar se um pixel pertence ou não a uma região. Isto é decorrente do fato que as propriedades utilizadas para determinar a homogeneidade podem não ter transições claras nas regiões limítrofes [7].

Para tratar esta situação, pretende-se utilizar conceitos de conjuntos fuzzy no processo de segmentação de imagens e na estimativa da intensidade das heterogeneidades destas propriedades. Os conjuntos fuzzy são os modelos mais tradicionais para o tratamento de informações vagas e inexatas. Introduzido por Zadeh em [15] tem como objetivo permitir um elemento pertencer, com mais ou menos intensidade, a uma dada classe.

A lógica fuzzy utiliza conjuntos para representar a informação que não é precisa [16], [17], provendo um mecanismo capaz de representar e manipular níveis de incerteza e ambiguidade. Pode-se observar que os operadores fuzzy e suas propriedades tem várias aplicações principalmente em análise de imagens e reconhecimento de padrões [18].

Neste trabalho, tem-se como objetivo central a classificação de imagens capturadas por dispositivos móveis para os diversos tipos de melanomas utilizando-se de algoritmos genéticos para a segmentação destes padrões e das características proporcionadas pela computação ubíqua e pela computação de alto desempenho. Além disso, a proposta agregará às classificações resultantes o tratamento das incertezas decorrentes das segmentações com o uso da modelagem fuzzy.

Na seção 2 deste artigo, é apresentado o referencial teórico deste trabalho que inclui, lógica fuzzy, algoritmos genéticos (AG's) e segmentação de imagens. Na seção 3 são encontrados os trabalhos relacionados com a classificação de melanomas e classificação com AG's. A seção 4 apresenta a solução proposta para o problema, contemplando sua visão arquitetural e algorítmica. Já na seção 5 são demonstrados os resultados referentes a eficácia e ao desempenho do algoritmo, encerrando com a conclusão na seção 6.

II. REFERENCIAL TEÓRICO

Esta seção destaca os principais aspectos das três áreas em que o trabalho está organizado.

A. Lógica Fuzzy

A capacidade de deduzir conclusões baseadas em respostas incertas e imprecisas caracteriza uma das principais aplicações da lógica fuzzy. Pode-se dizer que a lógica fuzzy é uma ferramenta capaz de capturar informações vagas, em geral

descritas em uma linguagem natural e convertê-las para um formato numérico.

A noção de conjunto fuzzy foi dada por [15] com o objetivo de definir “conjuntos” que não possuem fronteiras bem definidas e a lógica fuzzy é baseada na teoria dos conjuntos fuzzy. Esta é uma generalização da teoria dos conjuntos tradicionais para resolver os paradoxos gerados à partir da classificação “verdadeiro ou falso” da lógica clássica.

Tradicionalmente, uma proposição lógica tem dois extremos: ou “completamente verdadeiro” ou “completamente falso”. Entretanto, na lógica fuzzy, uma premissa varia em grau de verdade de 0 a 1, o que leva a ser parcialmente verdadeira e parcialmente falsa. Além disso, a ideia de conjunto quando o conceito de pertinência de um elemento a um conjunto deixa de ser um conceito primitivo como no caso clássico.

A ideia principal dos conjuntos fuzzy é o *grau de pertinência* (valor que indica o grau com que um elemento pertence ao conjunto). Os conjuntos são denominados de forma qualitativa e os elementos destes conjuntos são caracterizados variando o grau de atribuição. Um exemplo disso é o gráfico da Figura 2, que ilustra o grau de pertinência de cada elemento ao conjunto dos números pequenos [19].

Além disso, os sistemas fuzzy estimam funções com descrição parcial do comportamento do sistema, em que especialistas podem prover o conhecimento heurístico ou este pode ser inferido a partir de dados de entrada-saída do sistema. Então, pode-se dizer que os sistemas fuzzy são sistemas baseados em regras que utilizam variáveis linguísticas para executar um processo de tomada de decisão [20].

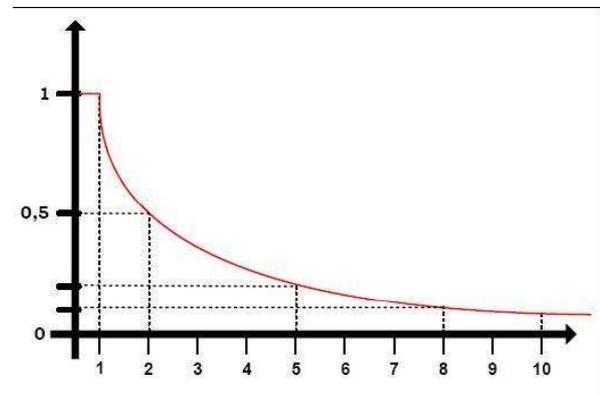


Figura 2. Gráfico da função de pertinência dos números inteiros “pequenos” [19]

B. Algoritmos Genéticos

Os algoritmos genéticos foram inventados por John Holland nos anos 60 e desenvolvidos por seus alunos na Universidade de Michigan em meados de 1970. O principal objetivo de Holland não foi desenvolver algoritmos para solucionar problemas específicos, mas dedicar-se ao estudo formal do fenômeno de evolução, como ocorre na natureza, e desenvolver maneiras de importá-lo aos sistemas de computação [21].

Pois ao incorporar os princípios da evolução em um programa de computador se pode resolver, por simulação, problemas complexos assim como ocorre na natureza [22]. O

algoritmo era capaz de resolver problemas complexos de uma maneira muito simples, e assim como na natureza o algoritmo não precisaria saber o tipo de problema que estava sendo resolvido.

Resumidamente, o sistema trabalha com uma população (um conjunto) de algumas cadeias de bits (0's e 1's) denominados indivíduos. Semelhante à natureza, o sistema evolui até o melhor cromossomo para atender um problema específico, mesmo sem saber que tipo de problema está sendo solucionado. A solução é encontrada de um modo automático e não-supervisionado, e as únicas informações dadas ao sistema são os ajustes de cada cromossomo produzido por ele [21].

Um AG canônico funciona da seguinte forma [23]: (i) uma população de cromossomos se mantém ao longo de todo o processo; (ii) a cada um dos cromossomos associa-se um valor de adaptação que está diretamente relacionado com o valor da função objetivo a otimizar; (iii) cada cromossomo codifica um ponto no espaço de busca do problema; (iv) dois cromossomos são selecionados de acordo com seus valores de adaptação para serem os geradores de duas novas configurações mediante um processo de reprodução; (v) estas novas configurações ocupam, reservam, seu espaço na nova geração. Este processo é repetido tantas vezes quantas forem necessárias. Como mostra a Figura 3.

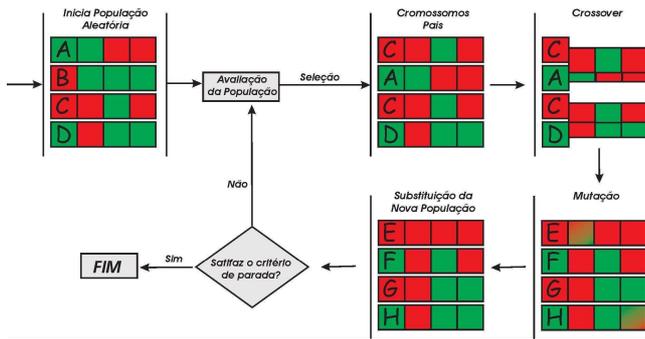


Figura 3. Etapas dos AG's [7]

A viabilidade da aplicação de AG's para problemas de otimização, em especial problemas de segmentação e classificação de imagens obtidas por sensoriamento remoto, foi confirmada em [7].

C. Segmentação de Imagem

A segmentação subdivide uma imagem em suas partes ou objetos constituintes, e deve parar quando os objetos de interesse na aplicação tiverem sido isolados.

Os algoritmos de segmentação para imagens monocromáticas são geralmente baseados em uma das seguintes propriedades básicas de valores de níveis de cinza:

- descontinuidade: a abordagem é particionar a imagem baseado em mudanças bruscas nos níveis de cinza. As principais áreas de interesse nessa categoria são a detecção de pontos isolados e detecção de linhas e bordas na imagem;
- similaridade: as principais abordagens dessa categoria baseiam-se em limiarização, crescimento de regiões e divisão e fusão de regiões.

Os métodos de segmentação por região que foram mais estudados e que serão utilizados nesse trabalho são:

Limiarização: o princípio da limiarização consiste em separar as regiões de uma imagem quando esta apresenta duas classes, o fundo e o objeto, utilizando-se do histograma para isto [24].

Caso tenha-se uma imagem com fundo e objeto bem distintos (níveis de cinza com uma variação bem definida), ter-se-á um histograma com dois picos bem distintos separados por um “vale” de valores relativamente baixos (Vide Figura 4).

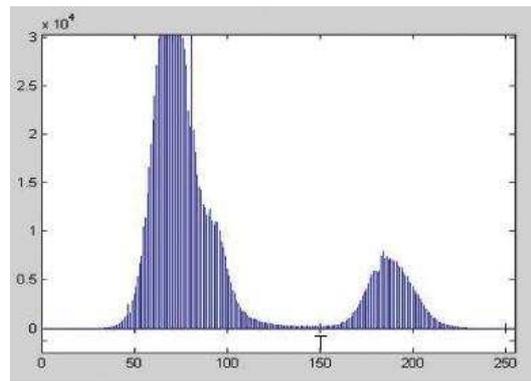


Figura 4. Histograma de níveis de cinza que pode ser particionado por limiares

Uma imagem limiarizada $g(x, y)$ é definida como

$$g(x, y) = \begin{cases} 1 & \text{se } f(x, y) > T \\ 0 & \text{se } f(x, y) \leq T \end{cases}$$

Portanto, pixels rotulados com 1 (ou qualquer outro nível de cinza conveniente) corresponde aos objetos, enquanto que aqueles rotulados com 0 correspondem ao fundo.

Divisão e Fusão: este método consiste em subdividir a imagem em um conjunto de regiões arbitrárias e disjuntas, e então realizar a divisão e/ou a fusão das regiões na tentativa de que todos os pixels da região possuam a mesma intensidade, ou seja, exista uma homogeneidade [24].

Este método é normalmente associado a uma estrutura *quadtree* que permite decompor e agrupar partes de uma imagem (Vide Figura 5).

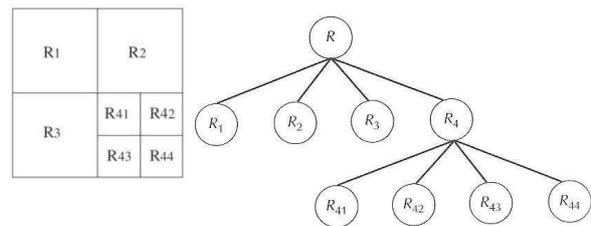


Figura 5. (a) imagem particionada; (b) quadtree correspondente

D. Trabalhos Relacionados

Dentre os trabalhos relacionados, são destacados três. Um primeiro seria o trabalho [25], onde é apresentada uma metodologia para análise e classificação de imagens de câncer de pele, baseada nas técnicas de processamento digital de imagens para extração de características de cor, forma e textura, utilizando a Transformada *Wavelet Packet* (TWP) e a técnica de aprendizado de máquina denominada Máquina de Vetor de Suporte (SVM).

A Transformada *Wavelet Packet* é aplicada para extração de características de textura nas imagens. Esta consiste de um conjunto de funções bases que representam a imagem em diferentes bandas de frequência, cada uma com resoluções distintas correspondente a cada escala. Além disso, são calculadas também as características de cor da lesão que são dependentes de um contexto visual, influenciada pelas cores existentes em sua volta, e os atributos de forma através dos descritores de *Fourier*.

Para a tarefa de classificação é utilizada a Máquina de Vetor de Suporte, que é baseada nos princípios da minimização do risco estrutural, proveniente da teoria do aprendizado estatístico. A SVM tem como objetivo construir hiperplanos ótimos que apresentem a maior margem de separação entre classes. O hiperplano gerado é determinado por um subconjunto dos pontos das classes, chamado vetores de suporte.

Alternativamente, como segundo trabalho tem-se [5], o qual desenvolveu uma metodologia para quantificar com maior precisão o potencial melanômico com base na regra ABCD. Esta regra foi apresentada em [26]. Atualmente é o padrão utilizado em análises dermatoscópicas na classificação das lesões pigmentadas.

As características da lesão consideradas pela metodologia fundamentam-se em identificadores como: assimetria (A); irregularidade das bordas (B); variabilidade de cores (C) e estruturas diferenciais (D)². Após a verificação destes atributos é obtido o potencial melanômico da lesão pigmentada em questão, denominado *Dermatoscopy Point Value* (DPV). O DPV tem por finalidade auxiliar o dermatologista durante o processo de diagnóstico de lesões pigmentadas. De acordo com o quantificador DPV podem-se classificar as lesões de acordo com as faixas decisórias.

Entretanto, estas propostas são computacionalmente complexas e não exploram a possibilidade do paralelismo intrínseco, por exemplo, presente na metaheurística alvo deste trabalho. A recente tecnologia de arquiteturas multicore pode também ser explorada pela técnica desenvolvida por este trabalho.

Já o terceiro trabalho [27], também faz uso da metaheurística AG. É apresentada uma proposta de desenvolvimento de uma ferramenta computacional para viabilizar o diagnóstico da osteoporose e a administração de terapia com custo operacional reduzido, a partir do uso de raio-X convencional e de algoritmos para segmentação e classificação de imagens, demonstrando o tratamento das incertezas decorrentes das diferentes etapas do processamento.

²Características como redes pigmentadas, áreas homogêneas ou subestruturas, riscos, pontos e glóbulos. Consideradas por alguns especialistas.

Para este propósito, são utilizados diversos recursos de pesquisa teórica e aplicada. Ainda, aplicam-se algoritmos genéticos na segmentação da imagem original, utilizando o particionamento *quadtree*. Também, a classificação resultante passa por um processo de “fuzzificação”, em que são tratados os valores quantitativos da densidade óssea e os qualitativos dos fatores de risco. Além disso, os modelos apresentados em [27] fornecem informações sobre a densidade mineral óssea combinando informações qualitativas, oriundas do modelo fuzzy, e quantitativas, geradas a partir do algoritmo genético.

III. ACIM: SOLUÇÃO PROPOSTA

Esta seção tem como objetivo demonstrar os aspectos arquiteturais e algorítmicos propostos para a ferramenta ACIM (Algoritmo para Classificação de Imagens Médicas).

A. Visão Arquitetural

Conforme pode ser observado na Figura 6, a arquitetura da ferramenta ACIM é composta por três módulos que se comunicam via *GPRS*, *3G*, *Wifi* ou *Ethernet*, os módulos são:

- captura da imagem por dispositivo móvel;
- processamento em *cluster*;
- visualização dos resultados via dispositivo móvel.

No primeiro módulo, os profissionais da área da saúde irão capturar, via dispositivo móvel, a imagem da região da pele do paciente onde se encontra a mancha a ser classificada. Logo após irão submeter essa imagem ao banco de dados do sistema.

Já na fase de processamento, o sistema irá: (i) buscar no banco de dados uma imagem; (ii) realizar a segmentação dessa imagem em paralelo, onde cada nodo, ou núcleo de processamento (*core*), irá executar a segmentação com uma configuração de parâmetros diferentes; (iii) avaliar os resultados obtido, chegando a uma matriz de segmentação final; (iv) classificar a imagem a partir da segmentação obtida; (v) gerar um laudo da imagem. Esse laudo será armazenado juntamente com a imagem no banco de dados. O processamento paralelo, produzindo resposta com elevada rapidez, viabilizará a efetiva ubiquidade, isto é, um retorno em qualquer lugar, a qualquer momento, utilizando equipamentos de diferentes tipos, como por exemplo, um desktop ou smartphone.

No último módulo, os profissionais da área da saúde, acessarão o banco de dados do sistema para consultar o laudo que foi gerado para a imagem que ele havia submetido à classificação. Esse acesso poderá ser realizado via dispositivo móvel.

B. Visão Algorítmica

A premissa é que o algoritmo evolutivo proposto seja capaz de classificar manchas da pele com eficiência e rapidez, a partir de imagens capturadas por dispositivos móveis, para ajudar no diagnóstico precoce de melanomas. O algoritmo que está sendo desenvolvido utiliza a meta-heurística algoritmo genético aplicada na segmentação de imagens dos melanomas e, também, utiliza a lógica fuzzy para a classificação dos padrões deste tipo de câncer.

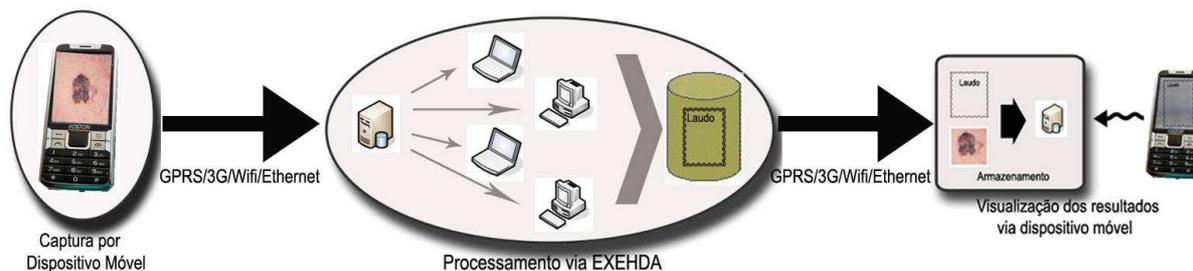


Figura 6. Arquitetura proposta

A estrutura de um algoritmo genético é a base para o algoritmo proposto. Dentro da segmentação utiliza-se o método de divisão e fusão como técnica para segmentar a imagem. Já a lógica fuzzy é utilizada na classificação para o tratamento das incertezas.

O algoritmo evolutivo está sendo desenvolvido utilizando linguagem de programação Java [28], é denominado ACIM, e é composto de cinco etapas, ilustradas pela Figura 7 e descritas abaixo.

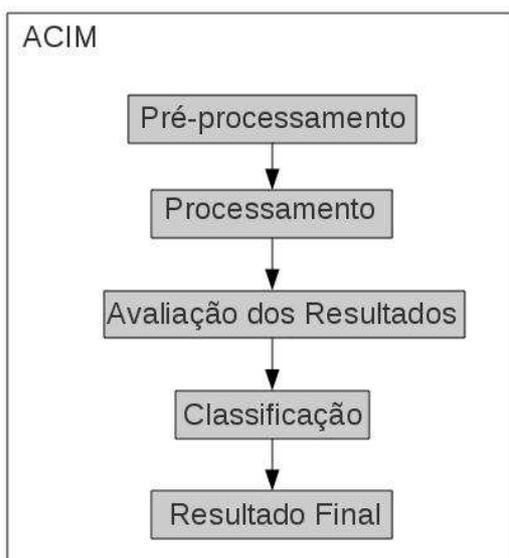


Figura 7. Etapas do algoritmo evolutivo proposto

Etapa de Pré-processamento

Nesta etapa o algoritmo extrai os valores RGB da imagem a ser segmentada e a separa em três arquivos distintos, um para cada componente RGB. Os valores RED estarão no arquivo de extensão “.r”; os valores GREEN estarão no arquivo de extensão “.g”; os valores BLUE estarão no arquivo de extensão “.b”.

Este processo é realizado utilizando os métodos da classe pertencente ao Java, *BufferedImage*, que é destinada para a manipulação de imagens.

Esta etapa é composta pelas seguintes funções:

- *TransformaImagem(String)*: é a função principal deste módulo, onde o processo é iniciado. Recebe como

parâmetro de entrada uma *String* contendo o nome da imagem e ser utilizada;

- *carregaImagem(BufferedImage)*: recebe como parâmetro de entrada o *buffer* da imagem a ser usada. Esta função extrai o valor RGB de cada pixel do *buffer* da imagem e passa, o mesmo, para a função seguinte;
- *carregaPixelARGB(int, int, int)*: recebe como parâmetro de entrada o valor RGB, e sua posição (x,y) na imagem. A partir do valor RGB recebido, ela extrai os valores *red*, *green* e *blue*, armazenando cada valor na sua respectiva matriz;
- *outputFiles(int, int)*: recebe como parâmetro de entrada a altura e o comprimento da imagem. Ele gera a partir das matrizes de *red*, *green* e *blue* os arquivos de saída com as extensões “.r”, “.g” e “.b”, respectivamente.

Etapa de Processamento

Nesta etapa é realizada a segmentação da imagem, ou seja, a partir dos arquivos de RGB é gerada uma imagem composta de 0's e 1's. A base do algoritmo de segmentação é a estrutura de um algoritmo genético e é utilizado o método de divisão e fusão para a segmentação em regiões e o método de limiarização para distinguir pixels pertencentes a pele e a lesão.

O processamento deste algoritmo é realizado em paralelo onde cada nodo ou núcleo de processamento (*core*) estará executando uma instância do código. Cada instância, para sua execução, recebe valores diferentes para certos parâmetros para fim de respostas distintas. Para isso, foram criados os perfis de execução (precisão máxima, média, mínima).

Esta etapa é composta pelas seguintes funções:

- *ag recursivo(int, int, int, int)*: recebe como parâmetros de entrada as coordenadas de dois pontos do envelope que indicam qual é a região que ele deve realizar a segmentação. Como o nome já diz, é uma função recursiva, que chama a si mesmo, com outras coordenadas, quando a região de interesse deve ser subdividida para um novo processamento. É ela que controla todo processo de segmentação e é baseada na estrutura de um AG;
- *gera pop inicial(int, int, int, int)*: escolhe aleatoriamente *n* cromossomos (quantidade já definida no início da execução) para assim gerar a população inicial (cada cromossomo é a coordenada

de um pixel da imagem com seu respectivo valor de avaliação), esta função recebe como parâmetros de entrada o envelope da área da imagem a ser processada nesse momento, afim de sortear somente cromossomos válidos;

- `avalia()`: essa função é constituída de duas partes de avaliação: (i) aplica em cada cromossomo a função de avaliação (ou função objetivo $F_C(x)$), onde cada cromossomo será avaliado conforme seus valores RGB e classificados como sendo PELE ou MANCHA, essa função é baseada no método de limiarização utilizando uma regra de detecção de pele [29]; (ii) aplica na população a função de pertinência, onde será calculado o grau de pertinência dessa população ao conjunto denominado MANCHA;
- `def pop sobrevivente()`: escolhe aleatoriamente $m\%$ dos cromossomos da população P_t que permanecerão na população P_{t+1} ;
- `gera nova pop(in, int, int, int)`: esse método utiliza dois tipo de operadores genéticos, cruzamento e mutação. No primeiro momento é realizado o cruzamento com uma probabilidade $Prob_C$, onde: (i) é utilizado o método de Torneio com sorteio aleatório dos indivíduos que irão participar do torneio; (ii) após escolhidos os indivíduos pais, é realizada a troca genética das coordenadas de cada pai, a Figura 8 ilustra o cruzamento; (iii) os filhos gerados são inseridos na próxima população P_{t+1} . No segundo momento é realizada a mutação com uma probabilidade $Prob_M$, esse operador acrescenta uma unidade (+1) ao valor de uma das coordenadas do indivíduo. Caso não seja alcançada nenhuma das duas probabilidades dos operadores, os indivíduos pais sorteador por torneio são imediatamente acrescentados na próxima população. Esta função recebe como parâmetros de entrada o envelope da área da imagem a ser processada nesse momento, a fim de sortear somente cromossomos válidos;

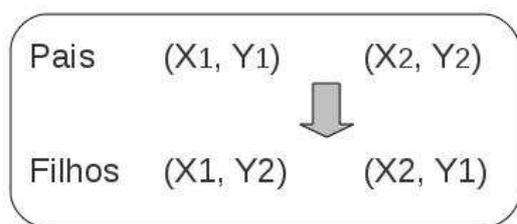


Figura 8. Cruzamento realizado pelo algoritmo evolutivo

- `avalia geracoes()`: analisa o grau de pertinência de cada população gerada e informa no seu retorno se a região processada pode ser classificada como PELE, MANCHA ou se deve ser subdividida para um novo processamento. Para cada perfil criado, esta função utiliza parâmetros distintos para esta análise;
- `avalia geracoes2()`: é um caso especial da função citada acima, quando a região já alcançou seu tamanho mínimo e não pode mais ser subdividida. Portanto a função informa no seu retorno se a região deve ser classificada como PELE ou MANCHA;

- `arquivoSaida()`: transforma em um arquivo de imagem a segmentação realizada com aquele perfil.

Etapa de Avaliação dos Resultados

Ao final da etapa de processamento, será obtida uma imagem segmentada para cada perfil executado, portanto, n imagens como resultado. Esta etapa tem o objetivo de analisar ponto a ponto dessas n imagens geradas e a partir delas, gerar uma única imagem com o resultado final da segmentação.

Esta etapa consiste de uma função principal que realiza a análise:

- `analise()`: para cada pixel da imagem, a função pega seu valor em todas as imagens geradas a partir de cada perfil. Para cada perfil é atribuído um peso que será multiplicado pelo valor do pixel atual da análise. O somatório de todos esses valores em cada pixel é o resultado final da segmentação naquele ponto. Gerando assim, uma imagem, em escala de cinza, com a segmentação final.

Etapa de Classificação

Esta etapa tem a finalidade de aplicar na imagem o método de classificação de melanomas escolhido pelo grupo, que foi a regra ABCD [26].

Como citado em [5], as características da lesão consideradas pela metodologia fundamentam-se em identificadores como: assimetria (A); irregularidade das bordas (B); variabilidade de cores (C) e estruturas diferenciais (D). Essa regra ajuda a quantificar com maior precisão o potencial melanômico da lesão. As possíveis pontuações para os identificadores são demonstrados na Tabela I.

Tabela I
IDENTIFICADORES DA REGRA ABCD E SUA RESPECTIVA PONTUAÇÃO E PESOS [25]

Identificadores	Pontuação	Pesos
(A) Assimetria	0 – simetria em 2 eixos; 1 – assimetria em 1 eixo; 2 – assimetria em 2 eixos.	1,3
(B) Borda	1 a 8 – conforme o número de variações abruptas.	0,1
(C) Cor	1 a 6 – conforme o nível de heterogeneidade.	0,5
(D) Estruturas Diferenciais	1 a 5 – conforme quantidade de estruturas diferenciais encontradas.	0,5

Para esse trabalho a metodologia foi dividida em duas partes. A primeira, de análise dos identificadores, contida nesta etapa de classificação. E a segunda, o cálculo do quantificador DPV, contido na etapa seguinte, do resultado final.

A análise da assimetria tem o objetivo de dividir a imagem em regiões e realizar uma comparação por forma dessas regiões. O que é feito da seguinte maneira: (i) é calculado o centro de massa da mancha; (ii) é usado o algoritmo de Bresenhan para traçar duas retas, que se cruzem no centro

de massa, uma dividindo a imagem na horizontal e a outra na vertical; (iii) pegando como base, uma das retas, é preciso saber se um lado é simétrico ao outro, para isso é calculado o espelhamento de um dos lados e após sobreposto ao outro lado para verificar se são exatamente iguais. (iv) é repetido o item (iii) pegando como base a outra reta; (v) é analisada a pontuação do identificador.

Para a regra B, variações abruptas de borda sugerem situações melanômicas. A técnica utilizada para efetuar a verificação de irregularidade de borda das lesões é o algoritmo de Graham [30] para calcular o fecho convexo. Seguindo os seguintes passos: (i) são capturados n pontos pré-definidos da imagem; (ii) é aplicado o algoritmo de Graham nesses pontos para obter o fecho convexo; (iii) é realizada uma subtração da imagem da mancha com a imagem do fecho convexo claculado; (iv) a imagem é dividida em 8 eixos; (v) para cada eixo é analisada a quantidades de pontos que estão dentro do fecho porém não pertencem a mancha; (vi) se houver um número significativo de pontos na situação anterior, então naquele eixo há uma irregularidade de borda; (vii) os itens v e vi, são realizados para todos os eixos e a pontuação do identificador é calculada.

A identificação da variabilidade de cor é obtida a partir da entropia de cor do canal H, resultado de uma transformação de cor do espaço RGB para HSI. O canal H representa o matiz no espaço de cores HSI, correspondente à cor em sua máxima intensidade. Lesões que apresentam coloração no matiz de forma homogênea e com baixa intensidade indicam consequentemente baixa variabilidade de cor, quantificando a lesão como possivelmente benigna. Lesões melanômicas geralmente apresentam a variabilidade de cores em regiões não homogêneas de modo diversificado, indicando maior potencial melanômico. Para isso é realizado o seguinte processo: (i) transforma o espaço de cor RGB em HSI; (ii) com os valores de H é aplicada uma clusterização com a finalidade de separar os níveis de H em grupos distintos; (iii) com os grupos definidos, é identificada a variabilidade de cor e atribuído a pontuação do identificador.

Para a análise da regra D, de modo preliminar consideramos a verificação do diâmetro da lesão. Estudos realizados por Horsh [31] demonstraram que lesões acima de 6mm podem ser um forte indicador para o potencial melanômico.

Etapa de Resultado Final

Com as pontuações dos identificadores, obtidos pela etapa anterior é calculado o DPV e assim é concluída a aplicação da regra ABCD.

O DPV é obtido a partir da soma da multiplicação da pontuação dos identificadores com seus respectivos pesos. É a partir do valor obtido com o DPV que o algoritmo irá classificar a lesão para ajudar no diagnóstico médico, como mostra a Tabela II.

IV. RESULTADOS

De modo preliminar, aqui apresentamos os resultados obtidos com a ferramenta desenvolvida, que tem como objetivo a

Tabela II
CLASSIFICAÇÃO DA LESÃO DE ACORDO COM O FATOR DPV [25]

DPV	Indicação de Diagnóstico	Ação
< 4,75	Lesão benigna	Acompanhamento clínico.
4,75 a 5,45	Lesão suspeita	Retirada cirúrgica ou o acompanhamento clínico.
> 5,45	Lesão maligna	Retirada através de cirurgia e encaminhar para exame anátomo-patológico para confirmação.

rápida classificação de melanomas para apoiar os especialistas em dermatologia na detecção e diagnóstico dessa doença. O que nos viabilizou esta rapidez na classificação foi a utilização de AG's juntamente com o processamento paralelo. E para se obter uma classificação mais coerente foi utilizada a regra ABCD para identificação de melanomas.

A. Eficácia do Algoritmo

Para avaliar o comportamento estocástico do modelo, foram realizadas baterias de testes (conforme apresentado na Tabela III) com diferentes parametrizações, imagens e dimensões. Todas as imagens utilizadas estavam presentes no trabalho [6]. De acordo com a Tabela, pode-se observar que os melhores resultados foram atingidos com imagens de maior resolução, como as de 1200x1200.

Tabela III
RESULTADOS DA BATERIA DE TESTES

Imagem	Tamanho	Tempo Exec.	Identificadores			
			A	B	C	D
IMG001	350x350	5 seg	1	0	4	1
IMG001	800x800	45 seg	1	1	3	1
IMG001	1200x1200	5 min	1	1	3	1
IMG003	350x350	5 seg	1	4	2	1
IMG003	1200x1200	7 min	2	6	2	1
IMG004	350x350	5 seg	2	3	2	1
IMG004	1200x1200	5 min	2	4	2	1

Como pode ser visto na Tabela III as imagens com dimensões menores, obtiveram um tempo de execução inferior das demais. Em contra partida, as imagens com dimensões maiores levaram mais tempo para a execução, porém obtendo melhores resultados com uma segmentação mais detalhada e pontuação dos identificadores com melhor precisão. Levando em conta que o objetivo é proporcionar ao médico uma classificação rápida o suficiente para dar um diagnóstico com o paciente ainda no consultório, o tempo de execução das imagens com dimensões maiores satisfaz esse critério.

Quanto ao que diz respeito à primeira parte do algoritmo desenvolvido (até a etapa de Avaliação dos Resultados), que diz respeito à segmentação e identificação da área de interesse na imagem, foram obtidos bons resultados. Resultados esses, referentes à segmentação e ao tempo de processamento. Quanto a segmentação, a área detectada realmente faz parte da área da mancha e o contorno encontrado é muito próximo do real. E também foi obtido um tempo de processamento baixo, o que reflete o paralelismo do processamento.

Contudo, na parte final do algoritmo que corresponde à classificação (até a etapa de Resultado Final), também foram obtidos bons resultados finais de classificação. Os critérios observados da regra computacional ABCD obtiveram resultados quantitativos satisfatórios em relação à avaliação visual.

Na Figura 9 é ilustrado um dos resultados obtidos com a aplicação da ferramenta em uma imagem. A Figura 9(a) ilustra a imagem original a ser classificada. Os resultados das segmentações realizadas são apresentados em: Figura 9(b), precisão máxima; Figura 9(c), precisão média; e Figura 9(d) precisão mínima. A Figura 9(e) é o resultado obtido ao final da etapa de Avaliação dos Resultados. Já a Figura 9(f) é gerada para realizar a análise de simetria da imagem, onde é traçado os eixos da imagem a partir do centro de massa. Com o processamento desta imagem pela nossa ferramenta, foram obtidos os seguintes resultados para os identificadores: A=2; B=5; C=2; D=2; DPV=5,1.

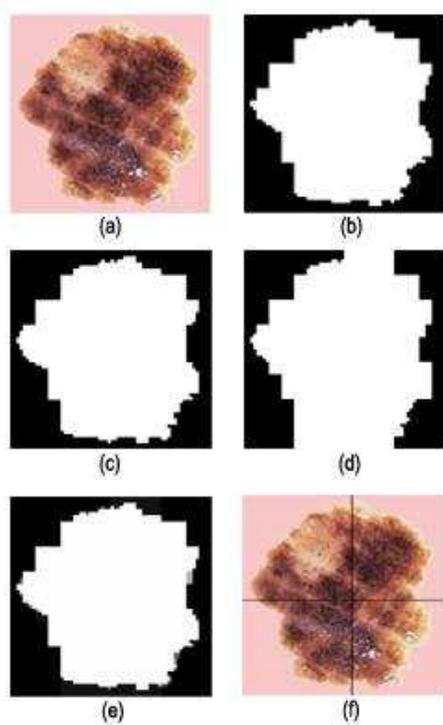


Figura 9. Resultados obtidos com a aplicação da ferramenta

B. Desempenho do Algoritmo

Para fim de análise de desempenho do algoritmo ACIM desenvolvido até o momento, foram realizados testes com medição dos tempos praticados pelo mesmo. Foi utilizado um cluster de computadores, onde cada nodo tem a seguinte configuração: (i) processador Intel Pentium4 CPU 1.60GHz; (ii) 256 kB de cache; (iii) 256 MB de memória; (iv) rede Ethernet 10/100.

Como primeiro teste foi realizada a segmentação sequencial de 10 imagens. Cada imagem é segmentada 3 vezes, cada um

com uma precisão diferente do algoritmo. Este teste obteve uma média de 6,4 minutos de processamento para cada imagem. A segmentação das 10 imagens durou aproximadamente 64 minutos, como mostrado na Tabela IV e na Figura 10 que representa estes tempos graficamente.

Tabela IV
TEMPO DE EXECUÇÃO SEQUENCIAL (EM MINUTOS)

Imagem	Precisão do algoritmo			Classificação	Total
	Máx	Méd	Mín		
1	1,5	1,2	1	1,3	5
2	2,9	2,8	1,3	2	9
3	1,9	1,8	1	1,3	6
4	1,5	1,5	1	1	5
5	1,5	1,5	1	1	5
6	1,5	1,5	1	1	5
7	1,9	1,8	1	1,3	6
8	1,9	1,8	1	1,3	6
9	3,5	3,25	3,25	2	12
10	1,5	1,5	1	1	5

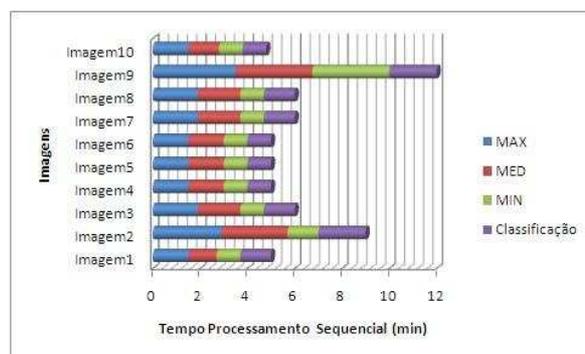


Figura 10. Gráfico do tempo de processamento sequencial de cada imagem

O ACIM foi implementado em Java e para sua execução paralela foi utilizado o middleware EXEHDA [32].

O segundo teste realizado foi de execução paralela em cluster de computadores, utilizando-se de 4 nodos, cada um com um processador. Um processador realizou as segmentações das 10 imagens com a precisão máxima, o segundo com precisão média, o terceiro com precisão mínima e o quarto executava, após o termino da segmentação, a etapa de classificação, diminuindo assim o tempo total de processamento das imagens. Baixando o tempo médio de processamento de cada imagem para aproximadamente 3,35 minutos, e o tempo total de segmentação das 10 imagens para 34 minutos. A Figura 11 mostra o tempo de processamento das 10 imagens, separando o processamento da segmentação, realizado em paralelo, do tempo da classificação realizada após. Como tempo total de execução da imagem é considerado o pior tempo de execução dos perfis, ou seja, o perfil que levou mais tempo, mais o tempo gasto na classificação.

Com os resultados destes testes foi possível se obter um speedup de 1,91.

$$speedup = \frac{TempoSequencial}{TempoParalelo} \tag{1}$$

$$speedup = \frac{64}{33,5} \simeq 1,91 \tag{2}$$

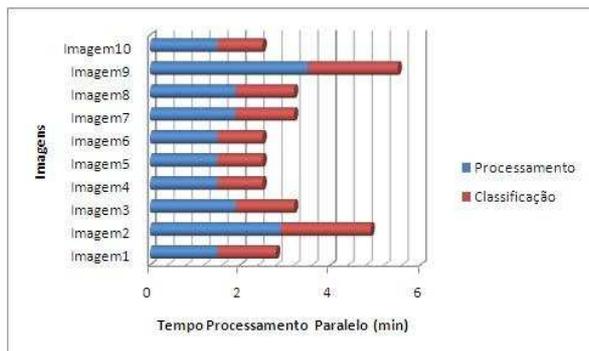


Figura 11. Gráfico do tempo de processamento paralelo

A Figura 12 apresenta a diferença de tempo entre os dois testes realizados.

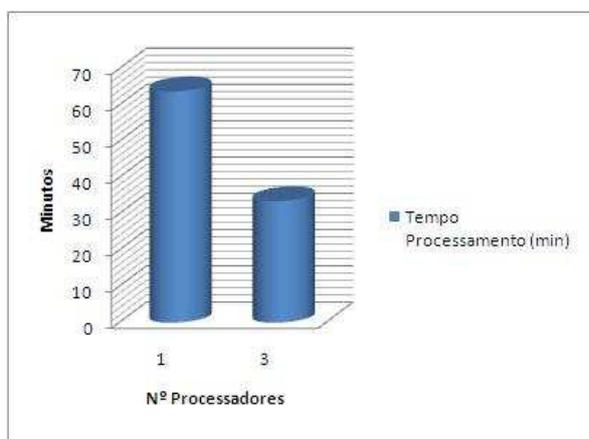


Figura 12. Gráfico de tempo comparativo entre os testes

Estes resultados parciais, apontam para continuidade do trabalho, o qual irá contemplar também a criação de um banco de casos e aperfeiçoamento do método.

V. CONCLUSÃO

A lógica fuzzy trabalha de forma mais acessível, aproximando uma função por associações linguísticas de entrada e saída dos dados e aplicando regras da teoria dos conjuntos fuzzy para resolver problemas onde uma teoria mais rígida teria dificuldade para modelar. Devido a esta propriedade e a possibilidade de instruir inferências, a lógica fuzzy tem encontrado grandes aplicações nas seguintes áreas: computação com palavras, raciocínio aproximado, controle de processos, robótica, rede neurais, processamento de imagens, reconhecimento de padrões, sistemas operacionais, ecologia, sistemas de controle e processos de tomada de decisão, medicina e epidemiologia [33] e [34].

Percebe-se então que os AG's são métodos que simulam, através de algoritmos, os processos de evolução natural e genética buscando resolver problemas de otimização onde o espaço de busca é muito grande e os métodos convencionais não se demonstram eficientes. O algoritmo básico foi estruturado de forma que as informações referentes a um determinado

sistema pudessem ser codificadas de maneira análoga aos cromossomos biológicos [7].

Levando em conta a dificuldade da população para ter acesso à um especialistas, neste caso o dermatologista, e as dificuldades de se diagnosticar um melanoma, os métodos computacionais veem como um auxílio para facilitar. Eles têm o objetivo de facilitar o acesso de todos a esse tipo de exame, disponibilizando um meio fácil e simples de acesso, no caso desse projeto de graduação, por meio de dispositivos móveis como telefones celulares com câmera fotográfica. Além de analisar as imagens e ajudar no diagnóstico médico.

A metodologia aqui apresentada ainda se encontra em desenvolvimento e aprimoramento. No momento o principal desafio é a mensuração da regra D, onde uma série de características é analisada e são altamente dependentes do conhecimento especialista em dermatologia. Para o momento, consideramos apenas que manchas com diâmetro acima de 6 mm possivelmente são potenciais melanômicos. Porém, o principal desafio superado foi o tempo total de classificação do melanoma, que dura em média aproximadamente 3 minutos. Tempo esse, suficiente para que o médico possa submeter uma imagem para classificação e ter seu resultado com o paciente ainda presente. Esta integração da computação móvel com o processamento de alto desempenho, potencializa os aspectos de ubiquidade da solução proposta, agilizando o diagnóstico e o tratamento da doença nas diferentes localidades em que pode acontecer a interação médico-paciente.

Para continuidade do trabalho apresentado poderiam ser desenvolvidos os seguintes aperfeiçoamentos:

- análise do identificador D da regra de classificação;
- criação de um banco de casos para validação;
- validação dos resultados de classificação obtidos pela ferramenta com especialista da área;
- portabilidade da aplicação para dispositivos móveis;
- criação de uma interface intuitiva entre os médicos e o servidor de análise de imagens.

AGRADECIMENTO

Os autores gostariam de agradecer ao CNPq e à UCPel pelo auxílio na forma de bolsa PIBIC e BIC.

REFERÊNCIAS

- [1] INCA, "Instituto nacional do câncer – guidelines and recommendations," *Revista Nacional de Cancerologia*, vol. 49, no. 5, 2003.
- [2] W. Stolz, O. Braun-falco, P. Bilek, M. Landthaler, and W. H. Burgdor, *Atlas Colorido de Dermatoscopia*, 2nd ed. Di Livros, 2002.
- [3] M. Grinblat, "Prevenção do câncer de pele," Hospital Israelita Albert Einstein, Tech. Rep., 2003.
- [4] R. DS, C. CW, and B. C., "An orderly progression of melanoma nodal metastases." *Ann Sur*, vol. 220, pp. 759 – 767, 1994.
- [5] A. C. Sobieranski, L. Coser, E. Comunelo, and A. V. Wangenheim, "Metodologia computacional para aplicação da regra abcd na avaliação de lesões pigmentadas," in *X Congresso Brasileiro de Informática em Saúde*. Florianópolis: Sociedade Brasileira de Informática em Saúde, 2006.
- [6] C. R. Lucas, L. L. Sanders, J. C. Murray, S. A. Myers, R. P. Hall, and J. M. Grichnik, "Early melanoma detection: Nonuniform dermoscopic features and growth," *Journal of the American Academy of Dermatology*, vol. 48, no. 5, pp. 663–671, 2003. [Online]. Available: <http://www.sciencedirect.com/science/article/B6WM8-48JJSJRY-W/2/c334f7e36cb983b972c68fbc23135b79>

- [7] M. I. G. Moreira, "Um sistema classificador para imagens de sensoriamento remoto baseado em algoritmos genéticos." Master's thesis, UCPel/Pelotas-RS, 2004.
- [8] M. C. Cooper, "The tractability of segmentation and scene analysis," *International Journal of Computer Vision*, vol. 30, no. 1, pp. 27–42, oct 1998. [Online]. Available: <http://dx.doi.org/10.1023/A:1008013412628>
- [9] K. S. Fu and J. K. Mui, "A survey on image segmentation," *Pattern Recognition*, vol. 13, pp. 3–16, 1981, earliest survey of segmentation, mainly thresholding.
- [10] J. L. Lisani, L. Moisan, P. Monasse, and J. M. Morel, "On the theory of planar shape," *Multiscale Modeling & Simulation*, vol. 1, no. 1, pp. 1–24, 2003. [Online]. Available: <http://epubs.siam.org/sam-bin/dbq/article/41084>
- [11] S. E. Umbaugh, *Computer Vision and Image Processing: A Practical Approach Using CVIPtools*. Prentice Hall, 1998.
- [12] D. Coblenz, V. Kreinovich, B. Penn, and S. Tarks, "Towards reliable subdivision of geological areas: Interval approach," in *Soft Computing In Measurements and Information Acquisition*, L. Resnik and V. Kreinovich, Eds. Springer, 2003, pp. 223–233.
- [13] V. Kreinovich, H. T. Nguyen, G. P. Dimuro, A. C. da R. Costa, and B. Bedregal, "A new differential formalism for interval-valued functions its potential use in detecting 1-d landscape features," in *Proceedings of the International Conference on Information Technology*. Chiang Mai: Chiang Mai University, 2003, pp. 491–498.
- [14] K. Villaverde and V. Kreinovich, "A linear-time algorithm that locates local extrema of a function of one variable from interval measurement results," *Interval Computations*, no. 4, pp. 176–194, 1993.
- [15] L. A. Zadeh, "Fuzzy sets," *Information and Control*, vol. 8, no. 3, pp. 338–353, 1965.
- [16] —, "A Theory of Approximate Reasoning," in *Machine Intelligence 9*, D. Michie, J. E. Hayes, and L. I. Mikulich, Eds. Chichester, England: Ellis Horwood Limited, 1979.
- [17] —, "Fuzzy sets as a basis for a theory of possibility," *Fuzzy Sets and Systems*, vol. 100, pp. 9–34, 1999.
- [18] I. Bloch and H. Maitre, "Fuzzy mathematical morphology," *Ann. Math. Artif. Intell.*, vol. 10, no. 1-2, pp. 55–84, 1993.
- [19] A. V. Santos, "Avaliação fuzzy de trocas sociais entre agentes com personalidades." Master's thesis, Universidade Católica de Pelotas, 2008.
- [20] A. Wagner, "Extração de conhecimento a partir de redes neurais aplicada ao problema da cinemática inversa na robótica," Master's thesis, PPGA da UNISINOS, 2003, (Dissertação de Mestrado).
- [21] M. S. Aguiar, "Análise formal da complexidade de algoritmos genéticos." Master's thesis, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, UFRGS, Brasil, 1998.
- [22] J. C. H. Barcellos, "Algoritmos genéticos adaptativos: Um estudo comparativo." Master's thesis, Universidade de São Paulo, 2000.
- [23] M. S. Aguiar, "Tratamento de problemas np-completo," PGCC da UFRGS, Tech. Rep., 1996, (TI-570).
- [24] R. GONZALEZ and R. WOODS, *Processamento de Imagens Digitais*, 2000.
- [25] H. B. Soares, "Análise e classificação de imagens de lesões da pele por atributos de cor, forma e textura utilizando máquina de vetor de suporte," Ph.D. dissertation, Universidade Federal do Rio Grande do Norte, Feb. 2008.
- [26] W. Stolz, "The abcd rule of dermatoscopy. high prospective value in the diagnosis of doubtful melanocytic skin lesions," *Journal American Academy Dermatology*, vol. 30, no. 4, pp. 1–9, 1994.
- [27] F. C. da Silva and M. S. Aguiar, "Processamento de imagens baseado em algoritmos genéticos fuzzy intervalares," Master's thesis, Dissertação de mestrado apresentada ao centro politécnico da universidade Católica de Pelotas, Agosto 2009.
- [28] D. Lea, *Concurrent Programming in Java(TM): Design Principles and Patterns*, 3rd ed. Addison-Wesley Professional, May 2006.
- [29] J. Kovac, P. Peer, and F. Solina, "Human skin colour clustering for face detection," *University of Ljubljana*, 2003.
- [30] A. Hausner, "Graham's scan," 1996, disponível em: <http://www.cs.princeton.edu/courses/archive/fall08/cos226/demo/ah/GrahamScan.html>. Acesso em 10/2010.
- [31] A. Horsch, "Computer assisted skin cancer diagnosis," Master's thesis, Technical University of Munich, 1998.
- [32] A. C. Yamin, I. Augustin, J. Barbosa, and C. Geyer, "Exehda-adaptative middleware for building a pervasive grid environment," *Frontiers in Artificial Intelligence and Applications*, vol. 135, pp. 203–219, 2005.
- [33] G. KLIR and T. FOLGER, "Fuzzy sets: uncertainty, and information," *Anais*, 1988.
- [34] E. COX, "The fuzzy systems handbook," *AP Professional*, 1998.