



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO VALE DO SÃO FRANCISCO
CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS DA SAÚDE E BIOLÓGICAS**

JULIANA PIRES PEREIRA

**DETECÇÃO DA PNEUMONIA CAUSADA PELA COVID-19 POR MEIO DE
IMAGENS DE TOMOGRAFIA COMPUTADORIZADA UTILIZANDO INTELIGÊNCIA
ARTIFICIAL**

**PETROLINA – PE
2021**

JULIANA PIRES PEREIRA

**DETECÇÃO DA PNEUMONIA CAUSADA PELA COVID-19 POR MEIO DE
IMAGENS DE TOMOGRAFIA COMPUTADORIZADA UTILIZANDO INTELIGÊNCIA
ARTIFICIAL**

Trabalho apresentado à Universidade Federal do Vale do São Francisco – UNIVASF, Campus Petrolina, como requisito para obtenção do título de Mestre em Ciências com ênfase na Linha de Pesquisa: Biodiversidade, Tecnologia e Recursos Naturais.

Orientador: Prof. Dr. Rodrigo Pereira Ramos
Coorientador: Prof. Dr. Rodrigo Feliciano do Carmo

PETROLINA- PE

2021

P434d Pereira, Juliana Pires
 Detecção da pneumonia causada pela covid-19 por meio de imagens
 de tomografia computadorizada utilizando inteligência artificial/ Juliana Pires
 Pereira. - Petrolina - PE, 2021.

42 f.: il.;29 cm.

Dissertação (Pós-Graduação em Ciências da Saúde e Biológicas) -
Universidade Federal do Vale do São Francisco, Campus Ciências Agrárias,
Petrolina-PE, 2021

Orientador: Prof. Dr. Rodrigo Pereira Ramos.

1. SARS-CoV-2 – Coronavírus - Estudo. 2. Tomografia
Computadorizada – COVID 19. 3. Rede Neural Convolucional. I. Título. II.
Ramos, Rodrigo Pereira (Orient.) III. Universidade Federal do Vale do São
Francisco.

CDD 614.15

UNIVERSIDADE FEDERAL DO VALE DO SÃO FRANCISCO
PÓS-GRADUAÇÃO CIÊNCIAS DA SAÚDE E BIOLÓGICAS

FOLHA DE APROVAÇÃO

JULIANA PIRES PEREIRA

DETECÇÃO DA PNEUMONIA CAUSADA PELA COVID-19 POR MEIO DE
IMAGENS DE TOMOGRAFIA COMPUTADORIZADA UTILIZANDO INTELIGÊNCIA
ARTIFICIAL

Dissertação apresentada como requisito para obtenção do título de Mestre em Ciências com ênfase na linha de pesquisa: Biodiversidade, Tecnologia e Recursos Naturais, pela Universidade Federal do Vale do São Francisco.

Aprovada em: 13 de setembro de 2021

Banca Examinadora

Rodrigo P. Ramos

Rodrigo Pereira Ramos (13 de September de 2021 11:04 ADT)

Rodrigo Pereira Ramos, Doutor
Universidade Federal do Vale do São Francisco – Univasf

Marcelo Zanchetta do Nascimento

Marcelo Zanchetta do Nascimento (14 de September de 2021 13:25 ADT)

Marcelo Zanchetta do Nascimento, Doutor
Universidade Federal de Uberlândia – UFU

Daniel Tenório da Silva

Daniel Tenório da Silva, Doutor
Universidade Federal do Vale do São Francisco – Univasf

AGRADECIMENTOS

A Deus e Nossa Senhora por me conceder força e determinação para a realização desse trabalho.

Aos meus pais, Expedito Alves e Eva Pires, pelo amor incondicional e apoio.

Aos meus irmãos, Natanael Pires e Natália Pires, por me darem o incentivo necessário para alcançar meus objetivos.

Ao meu noivo, Igo Rafael Alves Silva, por estar sempre ao meu lado, motivando-me a chegar mais longe.

À minha avó, aos meus tios, primos e amigos pela confiança que sempre depositaram em mim e pelas orações.

Ao meu orientador, Rodrigo Pereira Ramos, por toda motivação, confiança, dedicação e auxílio dado ao longo desse trabalho.

Ao meu coorientador, Rodrigo Feliciano, por toda ajuda.

Ao Dr. Américo Mota, pelas contribuições para a realização desse trabalho.

Aos colegas do grupo de pesquisa SigProCV, em especial à Ana Beatriz Massaranduba e ao professor Ricardo Prates.

À Universidade Federal do Vale do São Francisco (UNIVASF), à CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) e ao Programa Ciências da Saúde e Biológicas, sem os quais nada disso seria possível.

Aos colegas e professores desse programa de pós-graduação.

RESUMO

A doença causada pelo novo coronavírus (COVID-19) se alastra de forma assustadora ao redor do mundo provocando um grande número de mortes. Achados importantes associados ao desenvolvimento dessa doença na sua forma grave são vistos nos exames de imagem, sendo a pneumonia a complicação mais comum nos pacientes infectados pelo novo coronavírus (SARS-CoV-2). Dessa forma, a tomografia computadorizada (TC) desempenha um importante papel no diagnóstico da pneumonia causada pela COVID-19 e na avaliação do prognóstico. Assim, o presente trabalho visa o desenvolvimento de um sistema automático de detecção da pneumonia causada pela COVID-19 partir de imagens de TC de tórax. Para isso, foi criada uma rotina computacional para a segmentação da região dos pulmões nas imagens. Além disso, foi implementada uma rede neural convolucional (CNN, do inglês *Convolutional Neural Network*) para classificação de fatias da TC do paciente e uma rede neural Perceptron Multicamadas (MLP, do inglês *Multilayer Perceptron*) para a classificação do paciente, correspondendo a um volume de TC. O sistema desenvolvido apresentou uma acurácia de 97,40% na classificação de fatias e de 88,10% na classificação de pacientes. Portanto, o modelo proposto mostrou ser eficiente na detecção da pneumonia causada pela COVID-19 e ter potencial para auxiliar hospitais e profissionais de saúde na pandemia.

Palavras-chave: SARS-CoV-2. Imagens de Diagnóstico Médico. Tomografia Computadorizada. Rede Neural Convolucional.

ABSTRACT

The new coronavirus disease (COVID-19) spreads frighteningly around the world causing a large number of deaths. Important findings associated with the development of this disease in its severe form are seen on imaging exams, with pneumonia being the most common complication in patients infected by the new coronavirus (SARS-CoV-2). Thus, computed tomography (CT) plays an important role in the diagnosis of pneumonia caused by COVID-19 and in assessing the prognosis. The present work aims to develop an automatic system for detecting pneumonia caused by COVID-19 from chest CT images. For this, a computational routine was created to select the lungs region in the images. Furthermore, a Convolutional Neural Network (CNN) was implemented for classification of CT slices of the patient and a Multilayer Perceptron Neural Network (MLP) for patient classification, corresponding to a volume of CT. The developed system showed an accuracy of 97.40% in the classification of slices and 88.10% in the classification of patients. Therefore, the proposed model proved to be efficient in detecting pneumonia caused by COVID-19 and to have the potential to help hospitals and health professionals in the pandemic.

Key-words: SARS-CoV-2. Medical Diagnosis Images. Computed tomography. Convolutional Neural Network.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – Primeiro modelo de neurônio artificial chamado MCP.....	15
Figura 2 – Funções de ativação: (a) degrau; (b) sigmoidal; (c) linear; (d) tangente hiperbólica.....	16
Figura 3 – Arquitetura de redes neurais (a) rede não recorrente; (b) rede recorrente.....	17
Figura 4 – Exemplo de Rede Neural Convolutacional com uma camada convolutacional.....	19
Figura 5 – Exemplos de filtros (kernels) que podem ser aplicados na camada de convolução.....	20
Figura 6 – Movimento de um filtro 3x3 para stride igual a um.....	21
Figura 7 – Exemplo de convolução em imagem 2D.....	21
Figura 8 – Exemplo de Max Pooling 2 x 2 com stride 2.....	23
Figura 9 – Fluxo de dados para o Classificador de Fatias.....	29
Figura 10 – Fluxo de dados para o Classificador de Fatias.....	29
Figura 11 – Arquitetura proposta.....	30
Figura 12 – Ajustes realizados nas imagens através do RadiAnt DICOM Viewer.....	31
Figura 13 – Etapas de segmentação da imagem.....	32
Figura 14 – Imagem durante o algoritmo de segmentação.....	32
Figura 15 – O Classificador de Fatias.....	33
Figura 16 – O Classificador de Pacientes.....	34
Figura 17 – Curva ROC para o classificador de fatias.....	37
Figura 18 – Curva ROC para o classificador de pacientes.....	38

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Conjunto de dados de treinamento e validação do SPGC-COVID.....	27
Tabela 2 – Divisão dos pacientes da base de dados utilizada.....	28
Tabela 3 – Valores de acurácia e perda na validação para diferentes valores de tamanho do lote e número de épocas.....	37

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

ADAM	Método da estimação do momento adaptativo
AUC	<i>Area under the ROC-curve</i>
BN	<i>Batch Normalization</i>
CNN	<i>Convolutional Neural Network</i>
COVID-19	<i>Coronavirus Disease 2019</i>
DICOM	<i>Digital Imaging and Communications in Medicine</i>
ECA2	Enzima Conversora da Angiotensina 2
GWO	<i>Grey Wolf Optimization</i>
IA	Inteligência Artificial
MLP	<i>Multilayer Perceptron</i>
OMS	Organização Mundial de Saúde
PAC	Pneumonia Adquirida na Comunidade
PNC	Pneumonia pelo Novo Coronavírus
ReLU	Unidade Linear Retificada
RNA	Ácido ribonucleico
ROC	<i>Receiver Operating Characteristic</i>
RT-PCR	<i>Reverse Transcription Polymerase Chain Reaction</i>
SARS-COV-2	<i>Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2</i>
SPGC	<i>Signal Processing Grand Challenge</i>
TC	Tomografia Computadorizada
UTI	Unidade de Terapia Intensiva

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	11
2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	13
2.1 A COVID-19	13
2.2 AS REDES NEURAIS	15
2.2.1 Rede <i>Perceptron</i> Multicamadas	17
2.2.2 Rede Neural Convolucional	19
2.2.2.1 Camada Convolucional e Função de Ativação	20
2.2.2.2 Camada de <i>Pooling</i>	22
2.2.2.3 Camada Totalmente Conectada	23
2.2.2.4 Treinamento, validação e teste da CNN	23
2.3 TRABALHOS CORRELATOS	24
3 MATERIAIS E MÉTODOS	26
3.1 BASE DE DADOS	26
3.2 ARQUITETURA PROPOSTA	29
3.2.1 Pré-processamento de imagem	30
3.2.2 Classificador de Fatias	33
3.2.3 Classificador de Pacientes	34
3.3 AVALIAÇÃO DOS MODELOS	35
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	36
5 CONCLUSÃO	39
REFERÊNCIAS	40

1 INTRODUÇÃO

Após o registro do primeiro caso, em dezembro de 2019, a doença do novo coronavírus (COVID-19) apresentou níveis alarmantes de disseminação. De forma que, no dia 30 de janeiro de 2020, a Organização Mundial de Saúde (OMS) declarou emergência em saúde pública de importância internacional, sendo posteriormente decretado o estado de pandemia (LI, L. *et al.*, 2020).

Como os sintomas da COVID-19 são inespecíficos, o diagnóstico nos hospitais é feito através de exames. Atualmente, o mais recomendado e utilizado, considerado padrão-ouro de detecção, é o RT-PCR (do inglês, *reverse transcription polymerase chain reaction*). Esse teste atua com base na detecção do RNA (ácido ribonucleico) do vírus a partir da amplificação do ácido nucleico pela reação em cadeia da polimerase de transcrição reversa (AREVALO-RODRIGUEZ *et al.*, 2020).

A princípio, o pulmão é o órgão mais atingido pela infecção provocada pelo SARS-COV-2 (sigla do inglês que significa coronavirus 2 da síndrome respiratória aguda grave), que é o agente etiológico da COVID-19. Sendo, assim, a pneumonia a complicação mais comum nos pacientes com COVID-19, com prevalência de 91% (LI, Y. *et al.*, 2020).

Achados típicos da pneumonia causada pela COVID-19 são visualizados em exames de imagem. Os mais comuns são opacidades em vidro fosco ou consolidação bilateral na porção inferior da periferia dos pulmões (MARIN *et al.*, 2020)

De acordo com recomendações feitas pela OMS, os exames de imagem de tórax auxiliam no diagnóstico da COVID-19 em lugares onde não há RT-PCR disponível ou quando os resultados são demorados ou ainda quando eles são negativos, mas há indícios fortes da presença da doença. Esses exames também são utilizados para complementar a avaliação clínica e os parâmetros laboratoriais nos pacientes já diagnosticados com COVID-19 (WHO, 2020).

Entre esses exames, a tomografia computadorizada (TC) de tórax é bastante utilizada por apresentar altas taxas de sensibilidade e especificidade. Ela desempenha um importante papel complementar ao RT-PCR para o diagnóstico da pneumonia causada pela COVID-19 e na avaliação do prognóstico.

A TC apresenta uma sensibilidade no intervalo de 56% a 98% para diagnóstico da pneumonia causada pela COVID-19. Além, de ser de execução rápida, demorando

geralmente de 15 a 30 minutos, não invasiva e pode ser encontrada em muitos hospitais. Como desvantagem, além do alto custo envolvido e da exposição do paciente à radiação, existe a necessidade de um profissional bem treinado e disponível para avaliar as imagens, o que se torna escasso em tempos de pandemia, com hospitais cheios (DAN-SEBASTIAN *et al.*, 2020).

Dessa forma, soluções baseadas em Inteligência Artificial (IA) estão sendo propostas em uma abordagem colaborativa e interdisciplinar entre profissionais da área de saúde e da área de engenharia.

A detecção auxiliada por computador (do inglês, *computer-aided detection*, CADe) e o diagnóstico auxiliado por computador (do inglês, *computer-aided diagnosis*, CADx) foram utilizados recentemente de forma a auxiliar radiologistas na análise de lesões em imagens de mamografia. Nesse caso, o papel dos sistemas CADe foi de detectar e segmentar as lesões suspeitas, já o dos CADx foi de classificar as regiões suspeitas, podendo estimar a probabilidade da mesma de ser maligna (PEREIRA; RAMOS; DO NASCIMENTO, 2014).

Assim, o diagnóstico da pneumonia auxiliado por computador pode ser feito através da classificação de imagens de tomografia computadorizada a partir do reconhecimento de padrões típicos da COVID-19 nas imagens, como o vidro fosco ou as consolidações (QIAN *et al.*, 2020; ZHANG *et al.*, 2020).

O Perceptron Multicamadas (MLP) é um tipo de Rede Neural Artificial (RNA) e é uma importante ferramenta da IA. Esse pode ser utilizado em diversas aplicações de processamento de imagens, como a classificação de imagens (ZHANG *et al.*, 2019). Para isso, uma imagem do objeto a ser analisado passa por um processo de extração das características principais que são, posteriormente, enviadas à rede neural, cujo papel é atribuir a ele uma classe com padrões similares previamente aprendidos por experiência.

Com o avanço da IA, a extração de características foi incorporada ao classificador superando, assim, as dificuldades do método tradicional, fazendo surgir um novo tipo de RNA denominado Rede Neural Convolutiva (CNN) (GUO, *et al.*, 2017). Essas redes fornecem bons resultados para problemas gerais e altamente variáveis. Devido à sua alta acurácia, elas são amplamente utilizadas para análise de imagens médicas, como diagnóstico de tumor e classificação de lesão, entre outros (ZHANG *et al.*, 2019).

A arquitetura das redes neurais convolucionais foi inspirada no córtex visual dos mamíferos. O seu funcionamento se dá através da captação da imagem e atribuição de importância (traduzidos pelos pesos e vieses relacionados à rede) a vários aspectos da imagem, aprendendo a diferenciar uma da outra (DATA SCIENCE ACADEMY, 2021).

Portanto, diante dos fatores expostos anteriormente, o presente estudo propôs desenvolver um sistema CADe para a detecção de achados típicos de pneumonia pela COVID-19 em fatias de TC e um sistema CADx para o diagnóstico da pneumonia causada pela COVID-19 a partir de um volume de TC completo, como forma de auxiliar hospitais e profissionais de saúde na pandemia. Particularmente, o sistema pode distinguir casos de pneumonia típica de COVID-19 de casos sem pneumonia a partir de uma fatia de TC ou de um volume completo de TC do paciente.

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

2.1 A COVID-19

Os primeiros pacientes com sintomas de etiologia desconhecida apareceram em Wuhan, capital da província de Hubei, na China. Esse grupo apresentou características respiratórias comuns à pneumonia e à síndrome de desconforto respiratório agudo (KRIZ; IMAM; ZAIDI, 2020). Assim, no 31 de dezembro de 2019, as autoridades chinesas informaram à OMS a respeito desse surto de pneumonia. E, alguns dias depois, foi anunciado que um novo coronavírus havia sido identificado (MACHHI *et al.*, 2020).

O termo coronavírus foi atribuído após se observar as projeções pontiagudas que surgem da superfície do vírus como a ponta de uma coroa (“corona” em latim). O mais recente coronavírus é o SARS-COV-2. Ele é um vírus de ácido ribonucleico (RNA) de fita única, envolvido por uma membrana proteica, que contém a proteína *Spike* (proteína S) na sua superfície. Essas características fazem com que o vírus se replique de forma mais rápida e aceleram a sua propagação entre as células (KRIZ; IMAM; ZAIDI, 2020).

Dessa maneira, a proteína S do SARS-COV-2 interage com a enzima conversora da angiotensina 2 (ECA2) resultando em um processo inflamatório no corpo humano. Essa enzima é encontrada nos pulmões, intestino, cérebro, coração e

outros órgãos e é necessária para a entrada do vírus no corpo e para progressão da COVID-19 (LI, Y. *et al.*, 2020).

Nesse processo, o novo coronavírus se liga às células epiteliais do trato respiratório e inicia a sua replicação. Em seguida, desloca-se para as vias aéreas e ingressa nas células epiteliais alveolares do pulmão (HU *et al.*, 2021).

Na infecção grave por COVID-19, a sua rápida replicação no pulmão desencadeia uma resposta do sistema imunológico excessiva, provocando uma tempestade de citocinas. Esta é a causa da insuficiência respiratória e da síndrome do desconforto respiratório agudo. Quanto mais grave a infecção, maior a necessidade de oxigenação ou até intubação. Esses eventos são os maiores responsáveis pela mortalidade provocada pela COVID-19 (HU *et al.*, 2021).

A COVID-19 é uma doença infecciosa que pode se mover através do sangue podendo afetar diversos órgãos, como o rim, os pulmões, o fígado, músculos e o sistema nervoso. Seu principal meio de transmissão é por meio de gotículas de líquido infectadas que provêm da secreção do sistema respiratório de pessoas contaminadas. Essa secreção se dá por meio de espirros, tosse ou falar sem cobrir o nariz e a boca (MACHHI *et al.*, 2020).

Em média, os sintomas da COVID-19 aparecem por volta do terceiro ao quinto dia de contaminação. Esses incluem febre, tosse, falta de ar e mialgia, porém há uma parcela dos contaminados que não apresentam quaisquer sintomas. Em vista disso, a OMS relatou que 80% das infecções da COVID-19 são leves ou assintomáticas, 15% são graves, quando há a necessidade de suporte de oxigênio, e 5% são críticas, o que demanda ventilação mecânica (KRIZ; IMAM; ZAIDI, 2020).

A manifestação clínica da doença depende de fatores como a faixa etária e a existência de comorbidades. Enquanto homens de idade superior a sessenta anos com comorbidades apresentam uma maior probabilidade de desenvolver uma doença respiratória severa, levando-o a ser internado ou até mesmo a morrer, crianças e jovens geralmente exibem sintomas leves ou são, muitas vezes, assintomáticos (HU *et al.*, 2021).

Mais de quatro milhões de pessoas morreram devido a doença do novo coronavírus e foram registradas mais de 200 milhões de pessoas contaminadas em todo o mundo, de acordo com dados divulgados no mês agosto de 2021 pela OMS (WHO, 2021).

No Brasil, a primeira morte causada pela COVID-19 foi registrada em São Paulo em 17 de março de 2020 (SOUZA *et al.*, 2020). E, em agosto do ano seguinte, a OMS havia relatado a morte de mais de meio milhão de pessoas nesse país e mais de 20 milhões de pessoas que haviam contraído a doença.

Para reduzir o número de mortes, é imprescindível conhecer a história natural da doença. Por isso, Zayet, Gendrin e Klopfenstein (2020) realizaram um estudo com setenta pacientes com idade média de 56 anos, sendo 29 homens e 41 mulheres. Nele, foi apresentada a descrição da progressão da COVID-19 nesses pacientes desde o momento da contaminação até a sua recuperação ou morte.

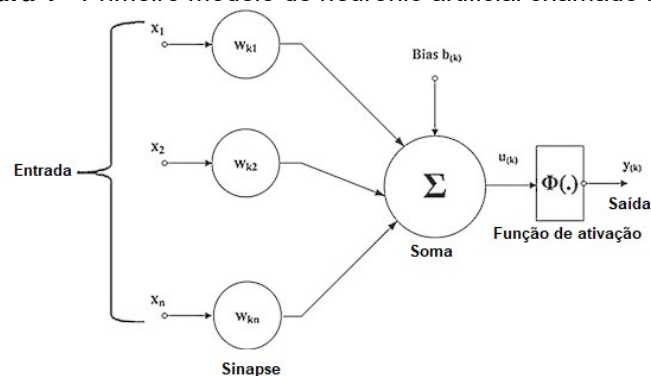
Esse estudo mostra que os primeiros sintomas da doença normalmente aparecem em 1,6 dias após a infecção. Eles são constituídos de uma associação de cefaleia, mialgia ou artralgia e podem ser seguidos de febre, tosse e diarreia. E, por último, pode aparecer a anosmia entre uma média de 2,8 a 6,6 dias.

Na segunda semana do estudo, houve a hospitalização e o agravamento clínico de pacientes. Do grupo analisado, 47% foi hospitalizado por volta do sétimo dia. Esses apresentavam saturação no intervalo de 85 a 98%. Oito desses pacientes, em torno do décimo dia, foram transferidos para uma unidade de terapia intensiva (UTI), onde permaneceram, em média, por 8 dias, todos com ventilação mecânica invasiva.

2.2 AS REDES NEURAIS

No ano de 1943, em uma associação entre um psicólogo e neurologista, Warren McCulloch, e um recém-formado matemático, Walter Pitts, surgiu um modelo artificial de neurônio chamado MCP (MccCulloch e Pitts), mostrado na Figura 1. Esse protótipo buscava simular a forma do neurônio biológico e reproduzir funções lógicas, como “OU” e “E” lógicos (CAMPOS; SAITO, 2004).

Figura 1 - Primeiro modelo de neurônio artificial chamado MCP



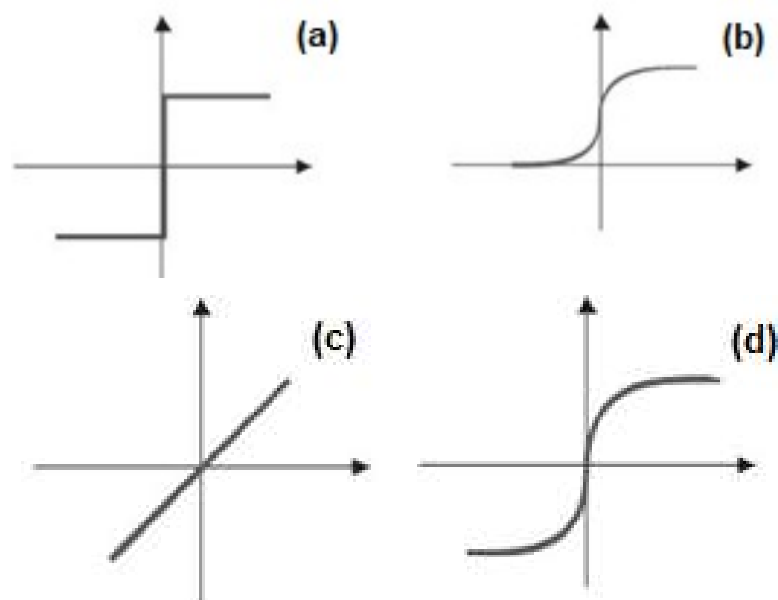
Fonte: Adaptado de Data Science Academy (2019)

Inicialmente, ele recebe um ou mais sinais de entrada (representados por “x”), que são ativações de neurônios anteriores. Estes são ponderados através dos pesos sinápticos (letra “w”) e são somados, resultando na variável “u”, que é a saída do combinador linear. Diferentemente das sinapses encontradas no cérebro, os pesos sinápticos podem ter valores tanto positivos quanto negativos (HAYKIN, 2001). À função “u” é adicionada o viés (mais conhecido pelo termo em inglês *bias*) de entrada, representado pela letra “b”, resultando no campo local induzido, também conhecido como potencial de ativação, mostrado na Equação (1).

$$v = \sum_{i=0}^n w_i \cdot x_i + b \quad (1)$$

O potencial de ativação é introduzido na função de ativação, $\phi(\cdot)$, que normalmente é binária (0 ou 1) e decide se o neurônio vai levar a informação adiante, “disparar”, ou não. Essa decisão ocorre através da comparação com o valor de limiar (*threshold*). Existem vários tipos de funções como essa, a exemplo das funções de ativação degrau, sigmoideal, linear e tangente hiperbólica, conforme mostrado na Figura 2. A função de ativação é empregada para evitar o acréscimo progressivo dos valores de saída, já que ela possui valores máximo e mínimo (PEREIRA, 2015).

Figura 2 - Funções de ativação: (a) degrau; (b) sigmoideal; (c) linear; (d) tangente hiperbólica

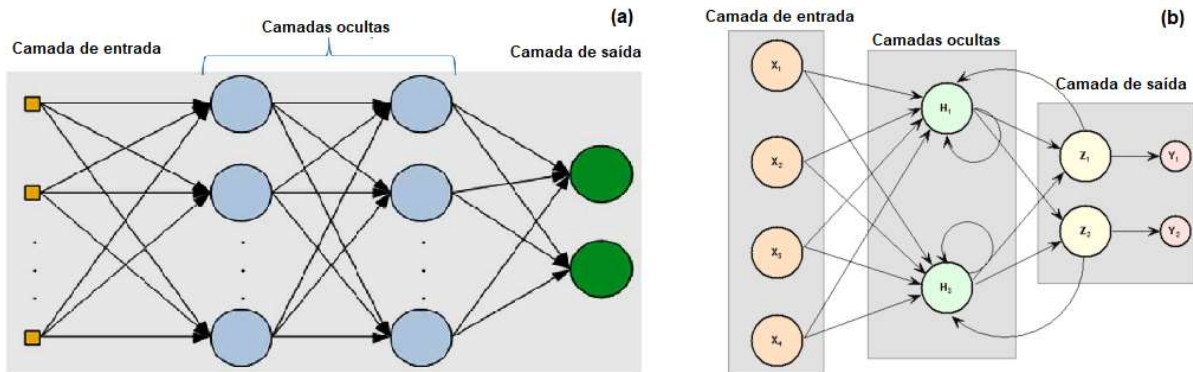


Fonte: Adaptado de Pereira (2015)

A fim de aumentar a capacidade computacional, os neurônios são dispostos em conjunto, conectados por meio de sinapses, formando, desse modo, a rede neural artificial.

A forma como eles são colocados na rede é definida pela sua arquitetura, que pode ser estática (também chamada de rede não recorrente), em que não há realimentação na sua estrutura, ou seja, as saídas em um momento só dependem das suas entradas nesse instante, como mostrado Figura 3(a), ou dinâmica (chamada de rede recorrente), como mostra a Figura 3(b), com sua operação ocorrendo em função da dinâmica de mudança de estados dos neurônios.

Figura 3 - Arquitetura de redes neurais (a) rede não recorrente; (b) rede recorrente



Fonte: Adaptado de Data Science Academy (2019)

2.2.1 Rede *Perceptron* Multicamadas

Um arquitetura de rede neural não recorrente é o perceptron de múltiplas camadas (MLP, do inglês *multilayer perceptron*), que possui três características marcantes. A primeira é que cada neurônio possui uma função de ativação não-linear, como, por exemplo, a sigmóide. É importante destacar que essa função deve ser derivável em todo intervalo de tempo, não ocorrendo mudança abruptas, como no perceptron de uma só camada. Outra característica importante é que ela possui uma ou mais camadas intermediárias, o que aumenta o potencial da rede na realização de atividade mais complexas. Além disso, a rede é altamente conectada, possuindo, assim, muitas regiões sinápticas. Com a união dessas características ao seu aprendizado, o MLP se destaca por possuir um alto potencial computacional (PEREIRA, 2015).

Inicialmente, os sinais de entrada (estímulos) passam pela camada de entrada que não é formada por neurônios e sua única função é representar a distribuição dos dados de entrada para a próxima camada. Em seguida, pode haver uma ou mais camadas ocultas (camadas intermediárias), formadas por neurônios ocultos, tendo

como função principal capacitar a rede a extrair estatísticas de elevada ordem. E, por fim, uma camada de saída que dá a resposta da rede ao vetor de entrada. Com o ajuste dos pesos sinápticos e níveis de *bias*, a rede neural realiza a tarefa de aprendizado.

De acordo com Braga, Ludemir e Carvalho (2011, p. 12) o aprendizado consiste em “[...] um processo iterativo de ajuste de parâmetros da rede, os pesos das conexões, que guardam, ao final do processo, o conhecimento que a rede adquiriu do ambiente externo.”

O processo de aprendizado de uma rede neural pode ser supervisionado ou não-supervisionado. No primeiro, também conhecido como “aprendizado com professor”, são apresentadas à rede neural as saídas desejadas para as respectivas entradas. O treinamento é feito até a taxa de acerto atingir um patamar pré-determinado. No processo não supervisionado, a rede recebe apenas os valores de entrada e os classifica em grupos.

A rede neural recebe um treinamento de modo que seus pesos sinápticos e níveis de *bias* sejam ajustados. Para isso, utilizam-se algoritmos de aprendizagem, por exemplo, aprendizagem por correção de erros, aprendizagem competitiva, aprendizagem hebbiana, entre outros.

As redes são utilizadas em áreas de classificação, aproximação, otimização, categorização e previsão. Na classificação, o objetivo é colocar um padrão desconhecido em uma das classes pré-definidas. Nela, utiliza-se o aprendizado supervisionado, ou seja, são dadas entradas (dados do objeto) e saídas (classes) para o treinamento da rede.

Um algoritmo largamente utilizado é o de retropropagação de erro (*back-propagation*) para redes multicamadas. A sua popularização se deu pelo fato de ser um algoritmo relativamente poderoso, mas ao mesmo tempo muito simples, sendo implementado em poucas linhas de códigos computacionais (CHAUVIN; RUMELHART, 1995).

O algoritmo *back-propagation* possui um treinamento supervisionado e realiza seu aprendizado através da correção de erros. Ele é dividido em duas etapas, uma de propagação e outra de retropropagação. Na primeira, a entrada é aplicada à rede e seu efeito é propagado, resultando na obtenção de uma saída. Na segunda etapa, essa saída adquirida é comparada à saída ideal (já que se trata de um aprendizado

supervisionado) gerando um sinal de erro, o qual é retropropagado pela rede, fazendo ajuste nos pesos sinápticos, de modo a corrigir o erro obtido na saída, gerando uma resposta mais próxima da ideal (HAYKIN, 2001).

Este método consiste em obter uma saída de um neurônio a partir de um vetor de entradas e compará-la à saída desejada, já que este se trata de um aprendizado supervisionado. Assim, obtém-se um valor de erro e , com ele, percorre-se o sentido inverso, ajustando os pesos sinápticos de modo a minimizar esse erro e obter a resposta mais próxima possível da ideal.

O objetivo desse algoritmo é alcançado quando o índice de desempenho, conhecido também como função de custo e representado por $E(n)$, é minimizado. A função de custo representa o valor instantâneo da energia do erro e é mostrada na Equação (2).

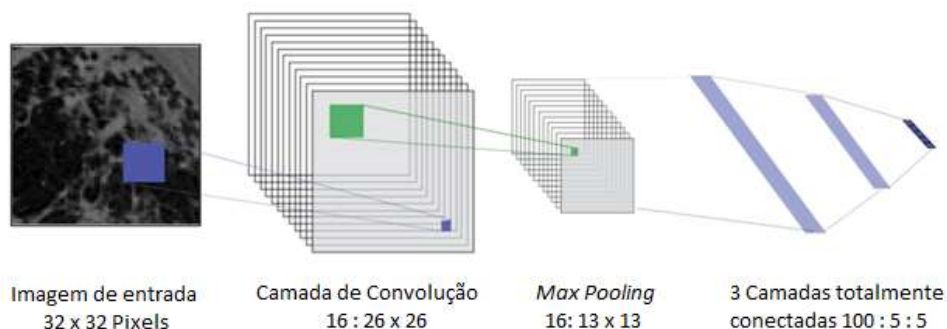
$$E(n) = \frac{1}{2} \sum_{j \in C} e_j^2(n) \quad (2)$$

onde $e_j(n) = d_j(n) - y_j(n)$ representa o erro entre o valor desejado e o obtido para a saída para o neurônio “j” da camada de saída.

2.2.2 Rede Neural Convolutacional

A Rede Neural Convolutacional (CNN, do inglês *Convolutional Neural Network*) é constituída por uma camada de entrada, uma de saída e camadas escondidas. Estas, por sua vez, são compostas por camadas convolucionais, funções de ativação, camadas de *pooling* e camadas totalmente conectadas (MARQUES; AGARWAL; DÍEZ, 2020). Na Figura 4 apresentada a seguir, pode-se ver o modelo de uma CNN.

Figura 4 - Exemplo de Rede Neural Convolutacional com uma camada convolutacional



Fonte: Adaptado de Li (2014)

Nesta rede, a entrada é uma imagem de dimensões 32 x 32 pixels que passa por uma rede convolucional, onde são aplicados 16 filtros de dimensão 7 x 7. Dessa forma, a rede detecta 16 tipos diferentes de características da imagem original e gera, assim, 16 saídas com tamanho 26x26 pixels. As saídas passam pela camada de *pooling*, onde se optou por utilizar um modelo *Max Pooling* de dimensão 2 x 2. Nela, há a redução da dimensão das imagens, transformando-as em imagens de dimensões 13 x 13. Por fim, elas são levadas para as três camadas totalmente conectadas, formadas por 100, 50 e 5 neurônios (LI *et al.*, 2014). Os detalhes mais importantes de cada uma dessas camadas serão descritos a seguir.

2.2.2.1 Camada Convolucional e Função de Ativação

A camada convolucional é composta por diversos mapas de ativação. Ela tem como objetivo adquirir conhecimentos a partir das representações das características da camada de entrada (GUO, *et al.*, 2017). Em outras palavras, o alvo dessa camada é encontrar filtros que extraíam características peculiares para serem aproveitadas na classificação da imagem (LI, L. *et al.*, 2020). Exemplos desses filtros são apresentados na Figura 5. Nela, são apresentados filtros de dimensão 3 x 3 que têm funções de detecção de borda, aumento de nitidez e desfoque, respectivamente. Cada elemento do filtro é denominado de peso da rede.

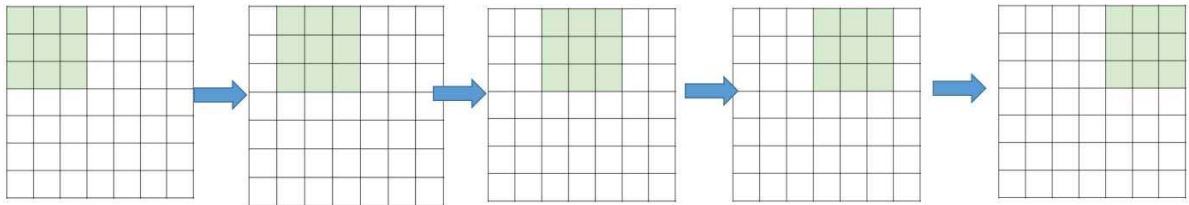
Figura 5 - Exemplos de filtros (*kernels*) que podem ser aplicados na camada de convolução

Operação	Kernel w	Resultado de imagem $g(x, y)$
Detecção de borda	$\begin{bmatrix} 1 & 0 & -1 \\ 0 & 0 & 0 \\ -1 & 0 & 1 \end{bmatrix}$	
	$\begin{bmatrix} 0 & -1 & 0 \\ -1 & 4 & -1 \\ 0 & -1 & 0 \end{bmatrix}$	
	$\begin{bmatrix} -1 & -1 & -1 \\ -1 & 8 & -1 \\ -1 & -1 & -1 \end{bmatrix}$	
Afiado	$\begin{bmatrix} 0 & -1 & 0 \\ -1 & 5 & -1 \\ 0 & -1 & 0 \end{bmatrix}$	
Desfoque de caixa (normalizado)	$\frac{1}{9} \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \end{bmatrix}$	

Fonte: Adaptado de Albawi, Mohammed e Al-Zawi (2017)

Durante a aplicação da convolução em uma imagem, o filtro (também chamado de *kernel*) vai se deslocando ao longo dela, conforme um número de passos (em inglês, *stride*) definido, multiplicando os pesos pelos pixels correspondentes da imagem e somando os valores sobrepostos. Esses passos se comportam como apresentado na Figura 6, que ilustra um *kernel* de dimensão 3 x 3 deslocando-se a passos de 1 pixel.

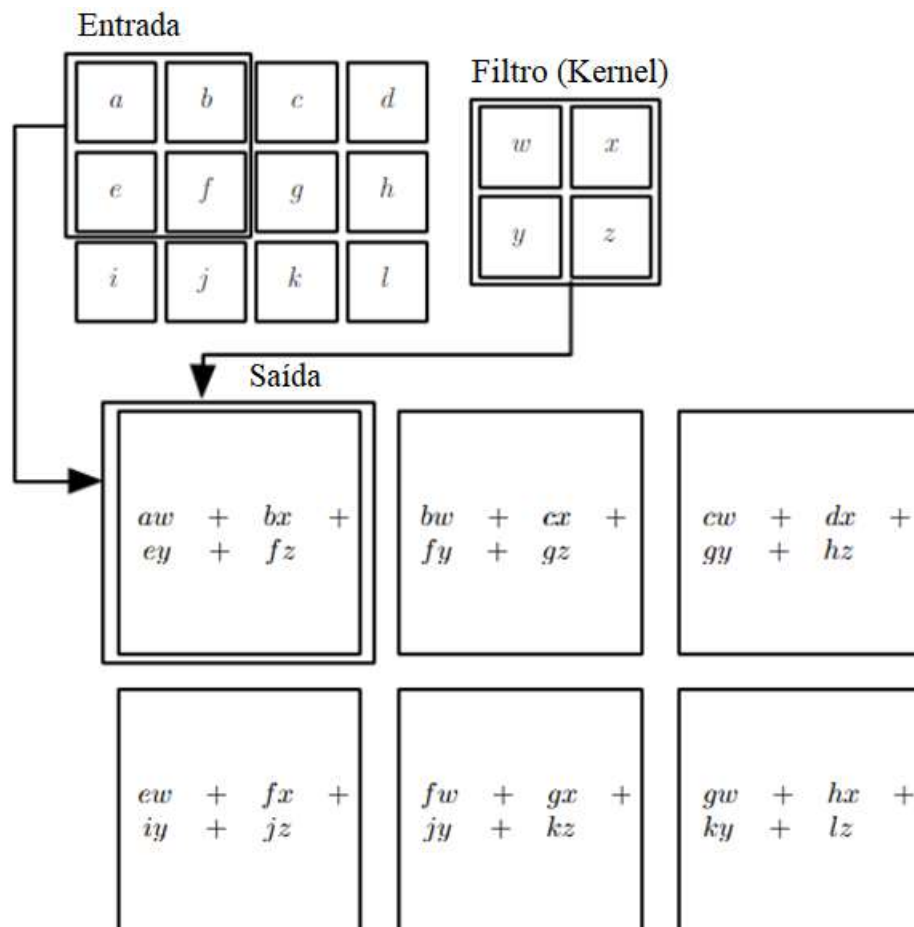
Figura 6 - Movimento de um filtro 3x3 para stride igual a um



Fonte: Albawi, Mohammed e Al-Zawi (2017)

Na Figura 7, é exibido um exemplo de uma imagem 3 x 4 convoluída com um filtro 2 x 2, com número de passos igual a um, resultando em um mapa de características de dimensões 2 x 3. Os pesos do filtro estão nomeados por *w*, *x*, *y* e *z*.

Figura 7 - Exemplo de convolução em imagem 2D



Fonte: Adaptado de Goodfellow, Bengio e Courville (2016)

Dessa forma, uma ou mais matrizes de entrada são convoluídas com filtros aprendidos e o resultado é passado para a função de ativação não-linear (LI, L. *et al.*, 2020). Essa função tem como objetivo saturar ou limitar a saída gerada nessa camada (ALBAWI; MOHAMMED; AL-ZAWI, 2017; LI *et al.*, 2014). As funções de ativação mais utilizadas são a sigmóide, a tanh e a ReLU.

A função de ativação ReLU é dada pela equação $f(x)=\max(0,x)$, onde x representa a entrada. Ela é a mais utilizada dentre as apresentadas, pois possui vantagens em relação às demais, as quais causam problemas no algoritmo de retropropagação. Este algoritmo de retropropagação é utilizado no processo de otimização dos pesos da rede, sempre apresentando um gradiente diferente de zero, ativando, assim, todos os neurônios ao mesmo tempo (ALBAWI; MOHAMMED; AL-ZAWI, 2017; LI *et al.*, 2014). Além disso, estudos recentes afirmam que funções como a ReLU proporcionam uma maior velocidade de aprendizado e um melhor desempenho na classificação (LI *et al.*, 2014).

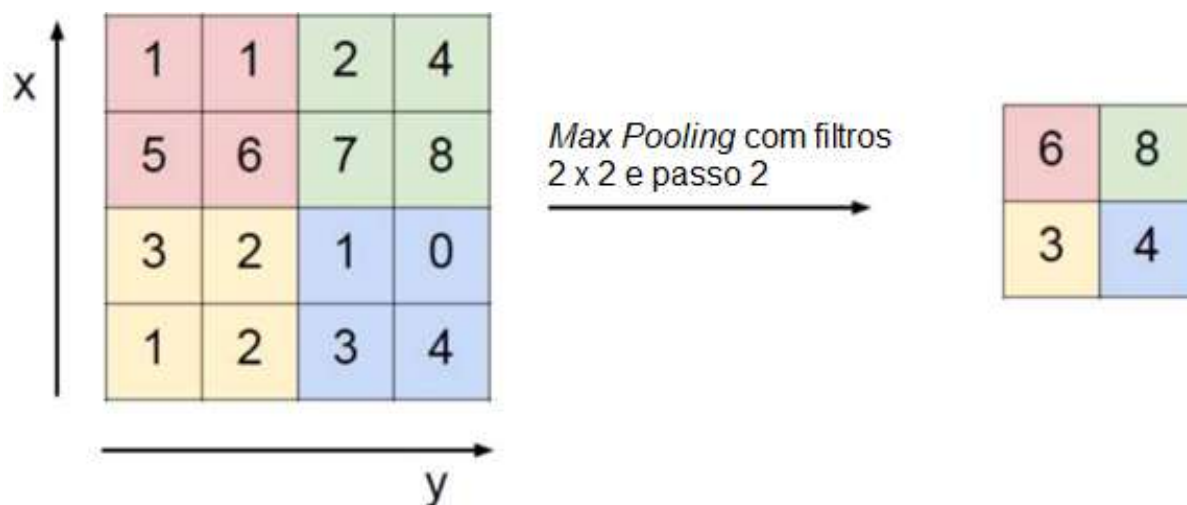
Entre a camada de convolução e a função de ativação ReLU, pode ser utilizada a camada de normalização em lote (BN, do inglês *Batch Normalization*), que tem como função normalizar os gradientes e ativações ao longo da rede (GOEL *et al.*, 2021).

2.2.2.2 Camada de *Pooling*

A camada de *pooling* tem um importante papel na redução de dimensão da matriz de saída da camada convolucional, conservando sua relevância. Dessa forma, há uma diminuição na quantidade de parâmetros, o que deixa a arquitetura computacionalmente mais eficiente e evita o *overfitting*. O *overfitting* diz respeito à falta de capacidade de generalização da rede, fazendo com que o modelo não consiga classificar de forma correta novas entradas a ela apresentadas.

Normalmente são utilizadas as camadas *Max Pooling*, em que um conjunto de mapas de ativação é substituído pelo maior valor no conjunto, ou *Average Pooling*, em que o conjunto é substituído pela média dos valores (LI *et al.*, 2014; MUKHERJEE *et al.*, 2020). A Figura 8 mostra um exemplo de uma aplicação de *Max Pooling* 2 x 2 com comprimento de passo 2.

Figura 8 - Exemplo de Max Pooling 2 x 2 com *stride* 2



Fonte: Adaptado de Albawi, Mohammed e Al-Zawi (2017)

A quantidade de camadas convolucionais e de *pooling* deve ser escolhida de acordo com o problema (MUKHERJEE *et al.*, 2020). É possível se extrair um grande número de características da imagem de entrada de uma rede ao colocar diversas camadas convolucionais e de *pooling*. Porém, quanto maior essa quantidade, maior o tempo necessário para o treinamento da rede (ALBAWI; MOHAMMED; AL-ZAWI, 2017; GUO *et al.*, 2017). Além disso, uma arquitetura mais simples reduz também o número de parâmetros na rede, o que ajuda a evitar o problema do *overfitting* (LI *et al.*, 2014).

2.2.2.3 Camada Totalmente Conectada

Esta camada tem como objetivo a classificação final da imagem de entrada da rede e, para isso, podem ser utilizadas uma ou mais camadas desse tipo. Assim, cada unidade da camada anterior é conectada a todos os neurônios desta camada. Após a última camada totalmente conectada, está a camada de saída, de mesma dimensão. A função *SoftMax* é geralmente utilizada nesta etapa (GUO *et al.*, 2017).

2.2.2.4 Treinamento, validação e teste da CNN

Com a definição da arquitetura da CNN, o próximo passo é o treinamento da rede. O treinamento consiste na apresentação de exemplos à rede para que o aprendizado aconteça. Para isso, são definidos os hiperparâmetros (número de

épocas, tamanho do lote, entre outros), o tempo de treinamento da mesma e qual modelo será salvo (DATA SCIENCE ACADEMY, 2021).

Assim, na validação, que ocorre durante o treinamento, são apresentados uma parte dos dados que não são utilizados no treinamento, e tem como objetivo avaliar o modelo.

Para se medir se o objetivo está sendo atingindo, ou seja, se a saída da rede neural corresponde à saída real, é utilizada uma função de custo. Para que ela seja minimizada, é necessário que os parâmetros sejam ajustados. Para isso, faz-se uso de um algoritmo de otimização.

Por fim, o modelo salvo é utilizado para fazer as classificações das novas imagens do conjunto de teste, ou seja, são apresentados ao modelo imagens que ele não viu durante o processo de treinamento, para que se observe se ele é capaz de fazer previsões corretas.

2.3 TRABALHOS CORRELATOS

Muitos estudos voltados ao desenvolvimento de sistemas automáticos para o diagnóstico da pneumonia provocada pela COVID-19 estão sendo propostos. Em dezembro de 2020, Mukherjee *et al.* (2020) utilizaram imagens de tomografias computadorizadas e de radiografias de tórax em um único sistema para detecção de anormalidades causadas pela COVID-19. Para isso, foi implementada uma rede neural convolucional com três camadas de convolução e de *pooling* alternadas. A Unidade Linear Retificada (ReLU) foi utilizada como função de ativação pelas camadas convolucionais. Posteriormente, foram colocadas três camadas totalmente conectadas com dimensões de 256, 50 e 2, respectivamente, sendo na última utilizada a função *SoftMax*. Nesse experimento, obteve-se uma acurácia de 96,28% na detecção de casos positivos de pneumonia decorrente da COVID-19.

Já em um trabalho apresentado por Zhang *et al.* (2020), foram utilizadas apenas imagens de TC para diagnóstico da pneumonia causada pela COVID-19, sendo diferenciada de casos de pacientes com outras pneumonias e sem pneumonia. Nesse sistema, foi realizada, para cada fatia da TC, a segmentação das partes do pulmão com lesões, partes normais e plano de fundo da imagem. Assim, 4.695

imagens foram segmentadas manualmente e a elas atribuídos até 7 rótulos. Entre eles, o plano de fundo da imagem, o campo do pulmão e cinco achados radiológicos de pneumonia. Essas imagens pertencem a pacientes com pneumonia causada pela COVID e com pneumonias comuns e elas foram utilizadas para o treinamento da rede. Por fim, o classificador teve como entrada o resultado da segmentação da imagem do pulmão e atribuiu a ela uma das três classes (COVID-19, pneumonia comum e casos normais). Esse projeto alcançou 92,49% de acurácia na diferenciação de casos de pacientes com pneumonia causada pela COVID-19 das outras duas classes.

Qian *et al.* (2020) também utilizou imagens de TC, porém para diferenciar casos de pneumonia pela COVID dos de H1N1, PAC e casos de pacientes saudáveis. O sistema foi dividido em duas partes: uma CNN para classificação a nível de fatias e outra a nível de pacientes. Além disso, o modelo é capaz de localizar as áreas com lesões importantes. Para isso, foram utilizadas TCs de 734 pacientes, entre eles, 245 pacientes com pneumonia pela COVID-19, 105 com pneumonia por H1N1, 133 com pneumonia por PAC e 251 pacientes sem pneumonia. O sistema para classificação a nível do paciente apresentou 98,40%, 98,99%, 100,00% e 94,58% em AUC para as categorias saudável, com pneumonia pela COVID-19, pelo H1N1 e por PAC, respectivamente. Já o sistema para classificação a nível de paciente teve 95.21% de acurácia.

Marques, Agarwal e Díez (2020) apresentaram um sistema para diagnóstico da COVID-19 a partir de uma rede neural convolucional desenvolvida utilizando a arquitetura EfficientNet. A maior vantagem dessa arquitetura é o aprendizado por transferência, que poupa tempo e poder computacional, pois utiliza um dimensionamento em profundidade, largura e resolução. Esse trabalho foi dividido em dois experimentos. O primeiro separou pacientes infectados pelo SARS-CoV-2 dos normais, utilizando uma classificação binária. Já para o segundo, foi adicionada uma nova classe, a dos pacientes com outros tipos de pneumonia. O sistema apresentou acurácia de 99.62% e 96.70% para os dois experimentos, respectivamente.

Li *et al.* (2020) desenvolveram um modelo com o propósito de extrair características de tomografias volumétricas de tórax para detectar a COVID-19. Além disso, o sistema consegue distinguir esses pacientes daqueles com pneumonia adquirida na comunidade (PAC) e pacientes com outras anormalidades distintas. Para este propósito, é utilizada uma rede neural convolucional com a arquitetura ResNet50.

Dessa forma, o sistema recebe uma tomografia computadorizada, que é pré-processada, e dela são extraídas regiões de interesse do pulmão a partir do método de segmentação U-Net. Posteriormente, essas imagens são repassadas para o classificador. Como resultado, o sistema apresentou sensibilidade para detecção da pneumonia causada pela COVID-19 de 90% e de 87% para PAC.

Outros estudos, por sua vez, utilizaram somente imagens de radiografia para a detecção da pneumonia provocada pela COVID-19. Entre eles, pode-se citar o sistema proposto por Goel *et al.* (2020). Nesse trabalho, foi apresentada uma arquitetura de rede neural convolucional otimizada. Para isso, foi utilizado o algoritmo *Grey Wolf Optimization* (GWO) que tem como objetivo estabelecer os melhores valores para os hiperparâmetros. Estes controlam o treinamento da CNN e refletem diretamente no desempenho do classificador. Por isso, otimizar os hiperparâmetros proporciona um treinamento apropriado e resultados de desempenho ideais. Esse trabalho apresentou uma acurácia de 97,78% na diferenciação dos casos de pacientes com pneumonia decorrente do COVID-19, com outras pneumonias e normais.

3 MATERIAIS E MÉTODOS

Nesta seção, serão detalhados os procedimentos adotados para a execução do presente trabalho.

3.1 BASE DE DADOS

O conjunto de dados de treinamento e validação do SPGC-COVID (IEEE ICASSP, 2021) foi a base utilizada neste trabalho. Ele foi disponibilizado gratuitamente pelo *IEEE ICASSP 2021 Signal Processing Grand Challenge (SPGC) on COVID-19* em dezembro de 2020. Essa coleção é formada por imagens de TC de tórax com diagnóstico de 307 pacientes adquiridas do mesmo centro médico. Desse conjunto, 183 pacientes são homens e 124 mulheres, com faixa etária média de 50 ± 16 anos. Deles, 171 possuem pneumonia pelo novo coronavírus (PNC), 60 foram diagnosticados com PAC (pneumonia adquirida na comunidade) e 76 são pacientes

sem pneumonia (normais), conforme apresentado na Tabela 1. Os dados dos pacientes foram referidos pela numeração correspondente à sua posição no banco.

Tabela 1 - Conjunto de dados de treinamento e validação do SPGC-COVID

Diagnóstico	Número de pacientes	Quantidade de imagens
PNC	171	25.221
PAC	60	9.401
Normal	76	11.406
Total	307	46.028

Fonte: O autor (2021)

As fatias de TC de pacientes com PAC foram excluídas do conjunto utilizado pela pequena quantidade de amostras.

As imagens da base foram adquiridas por meio do equipamento de tomografia computadorizada SOMATOM Scope da marca Siemens com dose de radiação normal e a espessura de corte de 2 mm. A sua coleta para pacientes com pneumonia causada pela COVID-19 foi feita entre fevereiro e abril de 2020. Já para os casos normais teve início em janeiro de 2019 e perdurou até maio de 2020.

Para cada paciente, existe uma pasta contendo todas as fatias da sua tomografia computadorizada. Estas se encontram no formato *Digital Imaging and Communications in Medicine* (DICOM), com tamanho 512x512 pixels, cada.

Os pacientes dessa base com indicação de resultado positivo para pneumonia causada pela COVID-19 foram diagnosticados com base no teste RT-PCR em tempo real positivo, em manifestações clínicas e em manifestações nas tomografias computadorizadas identificadas por três radiologistas torácicos experientes (com concordância acima de 90%). Já os diagnósticos para os casos normais foram feitos por meio das imagens de TC e de parâmetros clínicos.

Um radiologista analisou um subconjunto formado pelos primeiros 55 pacientes com pneumonia causada pela COVID-19 e 25 com PAC. O profissional identificou as fatias dos exames de tomografia computadorizada que continham evidências de infecção indicativa de pneumonia, rotulando-as pelo número 1, e designou com o rótulo 0 as que não continham evidências. Desse modo, foram rotuladas 4.993 imagens que apresentavam características de infecção (indicadas pelo rótulo 1) e 18.416 que não apresentavam (indicada pelo rótulo 0). Ao final, esses rótulos das

fatias, na sequência em que é realizada a tomografia, foram colocados no arquivo “Slice_level_labels.cvc”.

Com o objetivo de validar de forma adequada o desempenho do modelo, foi balanceada a quantidade de amostras para cada classe nas etapas de treinamento e teste (MARQUES; AGARWAL; DÍEZ, 2020). Além disso, o subconjunto que será utilizado na etapa de treinamento e validação será excluído do grupo de dados de teste, de modo a minimizar a possibilidade de ocorrência de *overfitting*.

Dessa forma, foram excluídos mais 95 pacientes (de número 77 a 171) com pneumonia provocada pela COVID-19 que não estavam rotulados, sendo utilizado, assim, 76 pacientes com pneumonia da COVID-19 e 76 pacientes normais. Portanto, a divisão dos grupos de treinamento, validação e teste dos Classificadores de Fatia e de Paciente foi realizada da forma apresentada na Tabela 2.

Tabela 2 – Divisão dos pacientes da base de dados utilizada

Diagnóstico do paciente	Classificador de Fatias			
	Numeração do Paciente	Quantidade de fatias	Treinamento (70%) e Validação (15%)	Teste (15%)
PNC	1 a 55	3.815	2.671/572 fatias	572 fatias
Normal	1 a 26	3.885	2.719/583 fatias	583 fatias

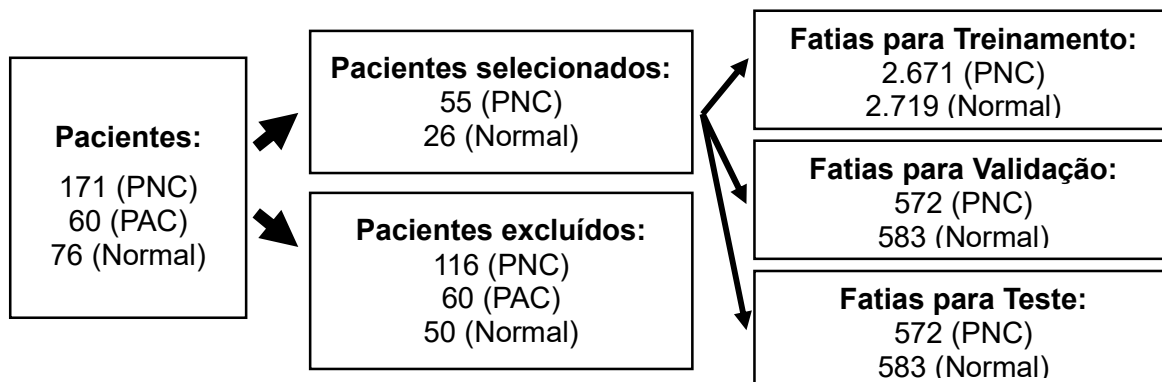
Diagnóstico do paciente	Classificador de Pacientes			
	Numeração do Paciente	Quantidade de fatias	Treinamento e validação	Teste
PNC	1 a 76	11.258	Pacientes de número 1 a 55 (8.193 fatias)	Pacientes de número 56 a 76 (3.065 fatias)
Normal	1 a 76	11.405	Pacientes de número 1 a 55 (8.224 fatias)	Pacientes de número 56 a 76 (3.181 fatias)

Fonte: O autor (2021)

Portanto, para o Classificador de Fatias, os dados foram utilizados da forma mostrada na Figura 9. Assim, o grupo de dados é composto pelas 3.815 fatias rotuladas com infecção provocada pela pneumonia por COVID-19, sendo excluídas as fatias sem infecção desses pacientes, e de 3.885 fatias de pacientes sem

pneumonia. Desse conjunto, 70% foi utilizado para treinamento, 15% para validação e 15% para teste, selecionados de forma aleatória.

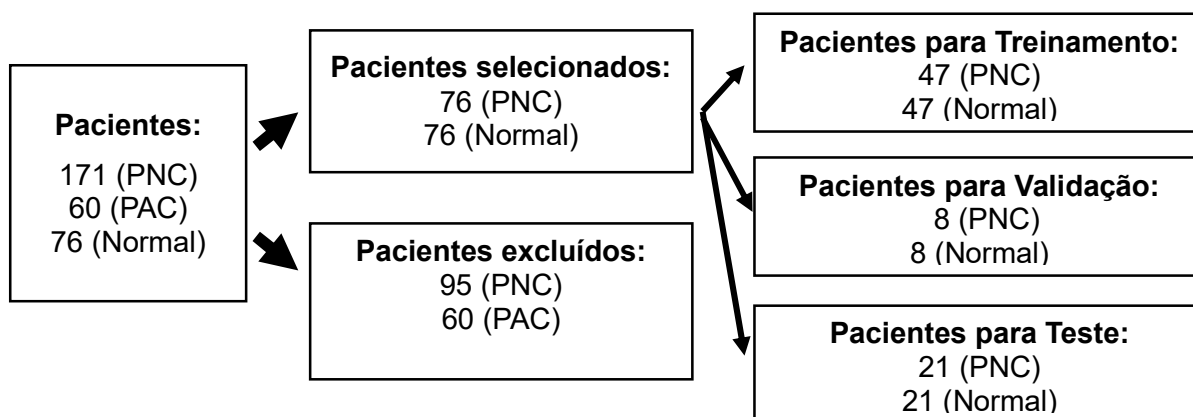
Figura 9 – Fluxo de dados para o Classificador de Fatias



Fonte: O autor (2021)

Para o Classificador de Pacientes, foram selecionados os 55 pacientes rotulados com pneumonia provocada pela COVID-19 e 55 pacientes normais para treinamento (85%) e validação (15%) e 21 pacientes restantes de cada grupo para Teste, como apresentado na Figura 10.

Figura 10 – Fluxo de dados para o Classificador de Pacientes



Fonte: O autor (2021)

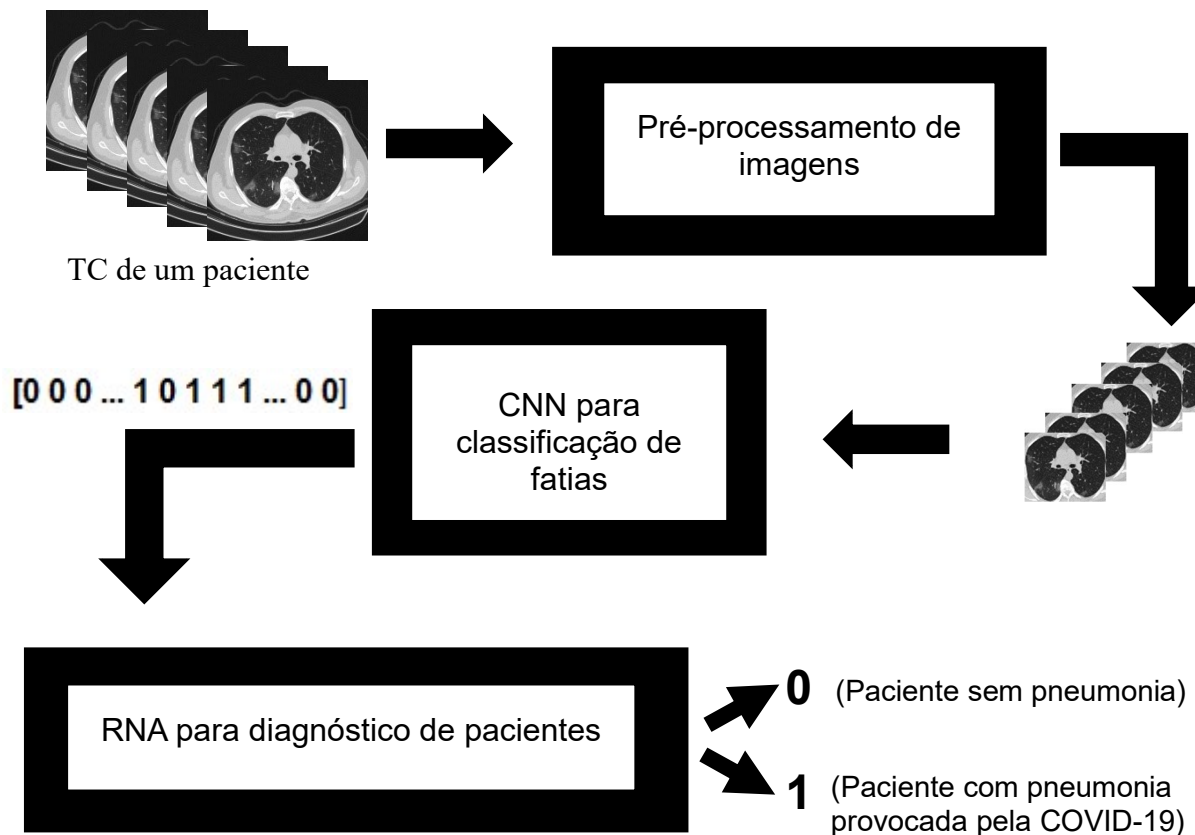
3.2 ARQUITETURA PROPOSTA

Na Figura 11, é apresentado o sistema proposto nesse trabalho, que se divide em três partes: o pré-processamento das fatias de TC, a rede neural convolucional para classificação das fatias e a rede neural artificial para o classificador de pacientes.

As fatias da TC do paciente passam primeiramente pelo pré-processamento de imagens, onde é aplicada uma máscara para uma melhor visualização dos padrões

indicativos de pneumonia. Nessa etapa, também é feita a segmentação da região de interesse da classificação. Em seguida, a imagem é enviada para uma rede neural convolucional, onde é classificada como sendo uma imagem normal ou com pneumonia típica da COVID-19. E, por fim, todos os resultados da classificação das fatias da TC do paciente são enviados para o classificador de pacientes, que é formado por uma rede neural artificial e faz o diagnóstico do paciente, com base nas fatias específicas daquele paciente.

Figura 11 – Arquitetura proposta



Fonte: O autor (2021)

3.2.1 Pré-processamento de imagem

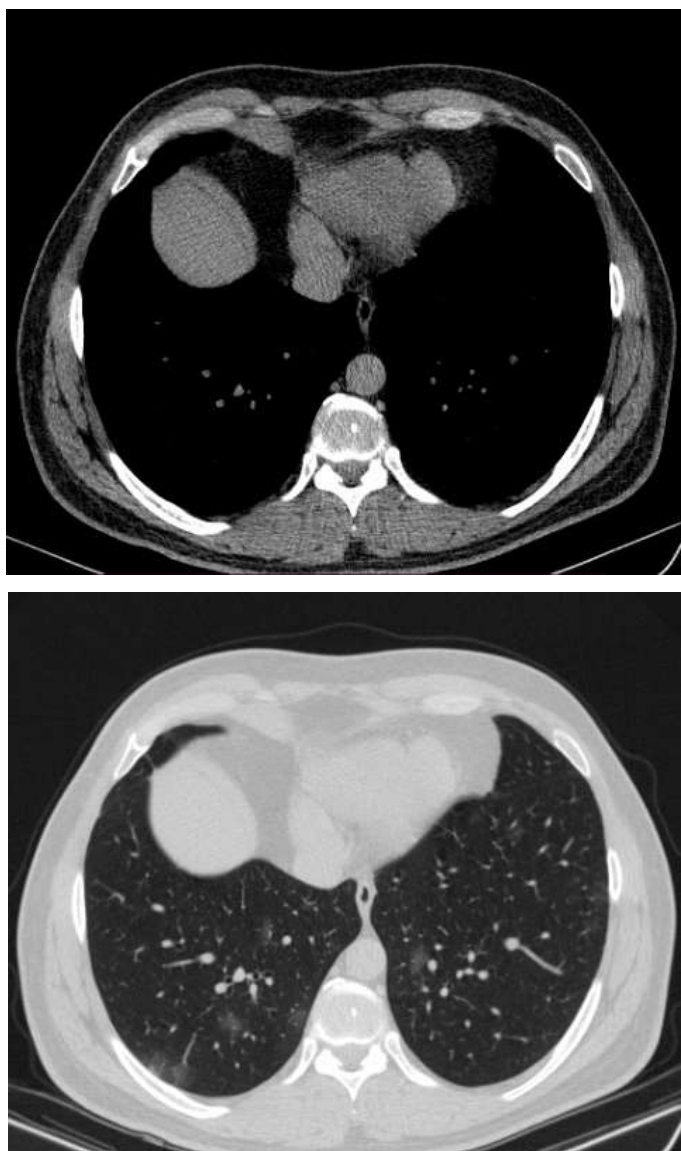
Para transformar as imagens brutas em um formato mais adequado para se obter um melhor resultado na classificação, as fatias de TC passaram por um pré-processamento, onde foi extraída a zona dos pulmões como a região de interesse.

As fatias de TC para cada paciente na base de dados utilizada não estavam em sequência e se encontravam em formato DICOM com tamanho de 512x512 pixels.

Assim, todas as imagens do banco foram manipuladas usando o *software* RadiAnt DICOM Viewer, colocando-se na sequência correta as fatias de TCs de cada paciente.

Posteriormente, foi realizado o ajuste de brilho e contraste das imagens com a utilização de uma predefinição do *software* chamada *CT Lungs*. Nela, a imagem sofria uma mudança nos valores de brilho em -400 e de contraste em +1500, como mostrado na Figura 12. Em seguida, as imagens foram salvas no formato JPEG.

Figura 12 – Ajustes realizados nas imagens através do RadiAnt DICOM Viewer

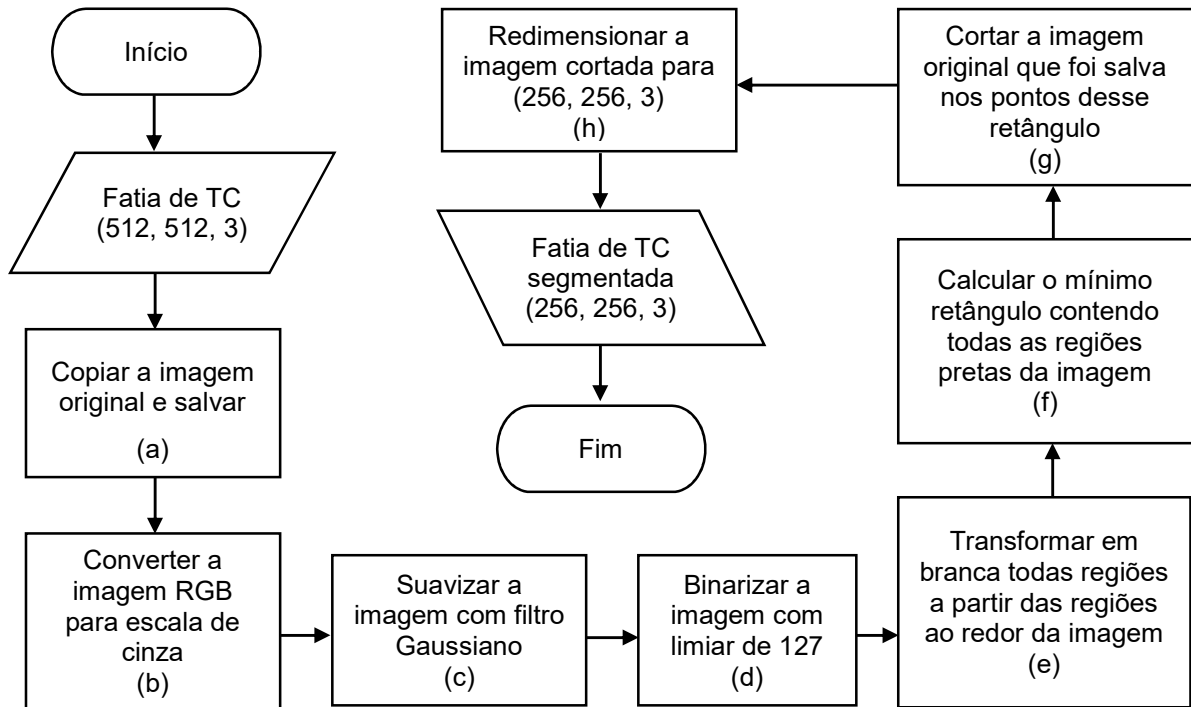


Fonte: O autor (2021)

Em seguida, essas imagens passaram por uma segmentação, cujo algoritmo foi desenvolvido pela autora, onde a imagem era dividida de forma automática em duas zonas: a região dos pulmões e o plano de fundo.

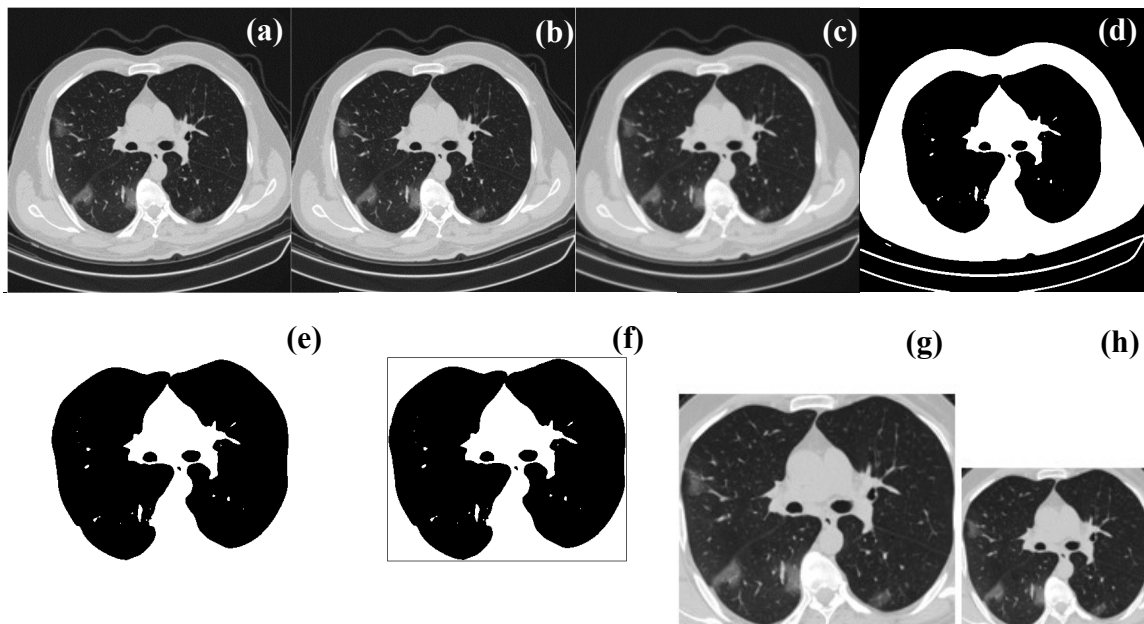
O algoritmo implementado segue o fluxograma apresentado na Figura 13 e, na Figura 14, estão as imagens de saída de cada etapa.

Figura 13 – Etapas de segmentação da imagem



Fonte: O autor (2021)

Figura 14 – Imagem durante o algoritmo de segmentação



Fonte: O autor (2021)

No algoritmo de segmentação, inicialmente, a imagem original, apresentada na Figura 14(a), é convertida de uma imagem colorida, mais especificadamente RGB (*red, green, blue*), para uma na escala de cinza, mostrada na Figura 14(b). É, então, aplicado um filtro Gaussiano para suavização da mesma, Figura 14(c). Em seguida, a imagem passa por uma binarização com limiar de 127, como mostrado na Figura 14(d).

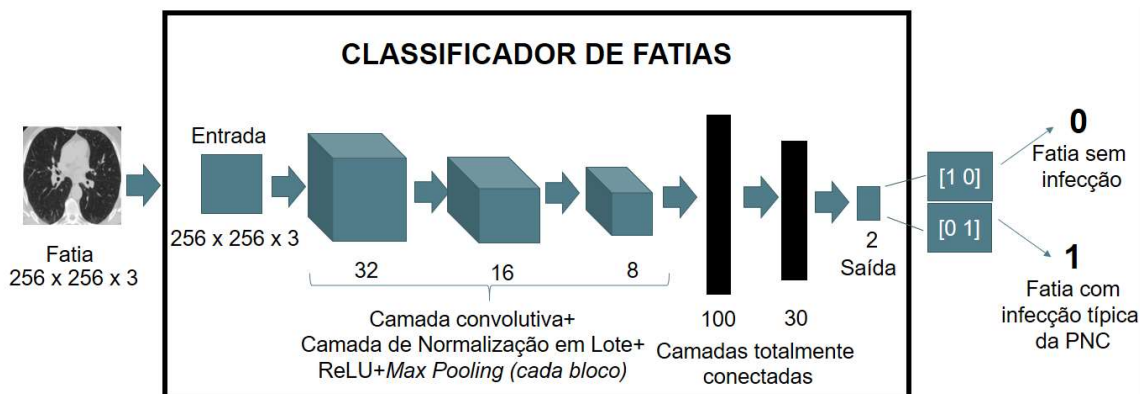
As próximas etapas, representadas pela Figura 14(e), têm como objetivo deixar a parte relativa ao pulmão na cor preta com o fundo na cor branca. Para isso, é utilizada uma rotina computacional para preenchimento de regiões limitadas por uma determinada cor a partir de um ponto predefinido pelo usuário. Desse modo, é feita uma varredura nas quatro bordas da imagem procurando regiões com cor preta, já que os pulmões ficam no centro da mesma. Ao achar essas regiões, utiliza-se a referida rotina para transformá-las na cor branca.

Posteriormente, é realizado o cálculo do retângulo mínimo que engloba toda parte de cor preta na imagem, como mostra a Figura 14(f). Dessa forma, é feito um corte sob esse retângulo na imagem de entrada, apresentada na Figura 14(g). Por fim, imagem é redimensionada para as dimensões 256 x 256 pixels, conforme Figura 9(h).

3.2.2 Classificador de Fatias

Após o pré-processamento das imagens, elas são, então, enviadas primeiramente para o Classificador de Fatias apresentado na Figura 15. Para esse sistema, optou-se por utilizar uma Rede Neural Convolutiva (CNN) para essa finalidade ao invés da clássica Rede Neural Artificial, pois aquela permite abordar modelos mais robustos voltados à solução de problemas mais complexos, possuindo uma performance superior na classificação de imagens (ALBAWI; MOHAMMED; AL-ZAWI, 2017; LI *et al.*, 2014).

Figura 15 – O Classificador de Fatias



Fonte: O autor (2021)

Nesse trabalho, a quantidade de camadas e outros parâmetros da rede foram ajustados de forma experimental através da realização de diversos testes, visando uma melhor acurácia e um menor tempo computacional de execução do modelo implementado.

A rede proposta possui, ao todo, 12 camadas, sendo 3 camadas alternadas de convolução, *batch normalization* e *pooling*. As camadas convolutivas possuem 32, 16 e 8 filtros de dimensão 3 x 3. A função de ativação utilizada nestas camadas foi a ReLU, que foi inserida após a camada de normalização em lote (*Batch Normalization*).

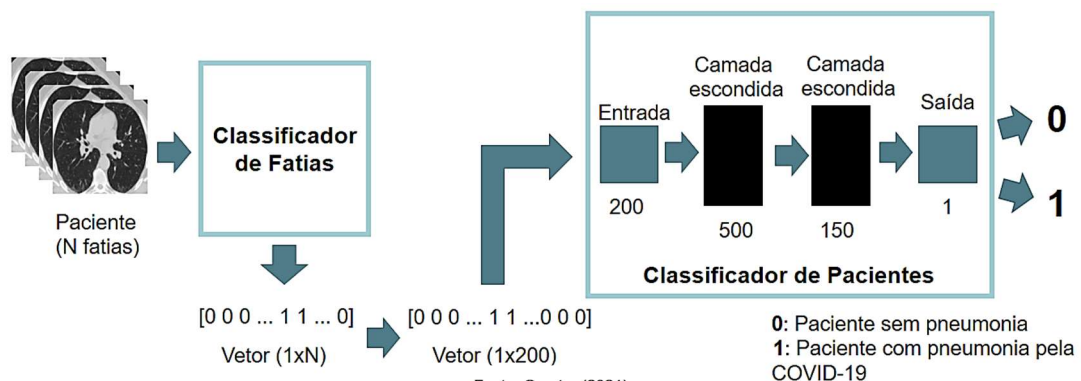
A camada de normalização em lote foi incorporada à rede pois ela melhora o desempenho da mesma, já que estabiliza o processo de aprendizagem, reduz o erro de generalização e o número de épocas para o treinamento de redes profundas.

Estas camadas foram seguidas de duas camadas densas de dimensões 100 e 30 com função de ativação ReLU. Posteriormente, inseriu-se uma camada de saída de dimensão 2 com função de ativação *softmax*. As camadas de *pooling* utilizaram filtros 2 x 2 e a abordagem *Max Pooling*. E *stride* utilizado foi de 1 tanto nas comadas de convolução quanto de *pooling*.

3.2.3 Classificador de Pacientes

O Classificador de Fatias apresenta em sua saída um vetor de rótulos composto de zeros e uns, em que um zero corresponde a uma fatia classificada como normal (sem infecção indicativa de pneumonia) e um rótulo 1 quando classificada como contendo infecção típica de COVID-19. Assim, esses dados para cada paciente são repassados para um sistema de diagnóstico que faz a análise desse resultado, denominado Classificador de Pacientes, apresentado na Figura 16.

Figura 16 – O Classificador de Pacientes



Fonte: O autor (2021)

O vetor de saída do Classificador de Fatias possui diferentes tamanhos, dependendo da quantidade de imagens da TC do paciente. Como forma de padronização do comprimento deste vetor, usou-se a dimensão 200. Assim, quando

necessário, o vetor é preenchido com zeros de modo a se obter o tamanho padrão de 200 saídas.

O Classificador de Pacientes é composto de uma Rede Neural Perceptron Multicamadas com quatro camadas. A primeira camada, de entrada, é composta de 200 neurônios correspondente à quantidade de fatias padronizada de um exame de tomografia computadorizada. Em seguida, existem duas camadas escondidas com 500 e 150 neurônios cada. Por último, tem-se a camada de saída com quantidade de neurônios correspondente ao número de classes, que nesse caso, são duas: paciente sem pneumonia (chamado de normal) e com pneumonia típica de COVID-19.

3.3 AVALIAÇÃO DOS MODELOS

Os critérios de avaliação dos modelos propostos são fundamentados na proximidade entre a resposta dada pelo classificador e a prevista para cada situação (fatia ou paciente, de acordo com o classificador considerado). Desse modo, serão utilizadas algumas métricas de avaliação, sendo elas, a acurácia, a precisão ou VPP (Valor Predito Positivo), a sensibilidade (taxa de verdadeiro positivo), a especificidade (taxa de verdadeiro negativo), VPN (Valor Predito Negativo) e o F1-score, definidos nas Equações de (3) a (8) (MUKHERJEE *et al.*, 2020).

$$Acurácia = \frac{T_P + T_N}{T_P + T_N + F_P + F_N} \quad (3)$$

$$Precisão \text{ ou } VPP = \frac{T_P}{T_P + F_P} \quad (4)$$

$$Sensibilidade \text{ (Revocção)} = \frac{T_P}{T_P + F_N} \quad (5)$$

$$Especificidade = \frac{T_N}{T_N + F_P} \quad (6)$$

$$VPN = \frac{T_N}{T_N + F_N} \quad (7)$$

$$F1 - score = 2 \times \frac{Precisão \times Sensibilidade}{Precisão + Sensibilidade} \quad (8)$$

Nestas equações, T_P , T_N , F_P e F_N se referem, nesta ordem, aos valores de verdadeiros positivos, verdadeiros negativos, falsos positivos e falsos negativos.

A acurácia mede a taxa de acerto do classificador e a precisão (ou VPN) a proporção de pacientes classificados corretamente com a doença em relação a todos que foram preditos como doentes segundo o padrão ouro (rótulo especificado pelo

especialista). A sensibilidade indica a porcentagem de pacientes com a doença diagnosticados de forma correta. Já a especificidade apresenta os pacientes sem a doença que são classificados corretamente. E, por fim, o VPN indica a proporção de indivíduos que são classificados como normais e os que realmente não têm a doença segundo o padrão ouro.

Além das métricas indicadas anteriormente, serão também apresentadas as curvas ROC (do inglês, *receiver operating characteristic*) assim como a área sob essa curva (AUC, do inglês *area under the ROC-curve*), que mostram o desempenho do classificador.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Neste trabalho, foi proposto um sistema inteligente que fizesse a diferenciação de pacientes com pneumonia provocada pela COVID-19 de pacientes sem pneumonia a partir de imagens de TC. Assim, o sistema foi dividido em três estágios: um para pré-processamento das imagens, outro para classificação das fatias e outro para classificação de pacientes.

Todos esses estágios, testes e experimentos foram implementados na linguagem de programação Python e foram elaborados no notebook do Google Colaboratory utilizando o tipo de ambiente de execução da GPU.

Todas as imagens passaram inicialmente pelo pré-processamento antes das etapas de treinamento, validação e teste. O algoritmo de segmentação apresentou um bom desempenho para a extração da região do pulmão de forma geral, porém mostrou alguns erros quando no início e no final da TC, onde não havia região pulmonar, mas apareciam regiões com tons de cinza similares às do pulmão, que eram selecionadas. Contudo o sistema mostrou ser eficiente, pois nenhuma região do pulmão foi retirada das imagens utilizadas.

No Classificador de Fatias, para a definição dos hiperparâmetros para o treinamento da CNN, foram feitos testes para diferentes valores de comprimento de lote (em inglês, *batch size*) e de épocas, como apresentado na Tabela 3. O objetivo foi encontrar os valores que otimizaram os critérios de desempenho na etapa de validação. Os parâmetros que apresentaram a melhor acurácia na validação foram de tamanho de lote 64 e número de épocas 50, obtendo um valor de perda de 0,2402 e de acurácia na validação de 97,79%.

Tabela 3 – Valores de acurácia e perda na validação para diferentes valores de tamanho do lote e número de épocas

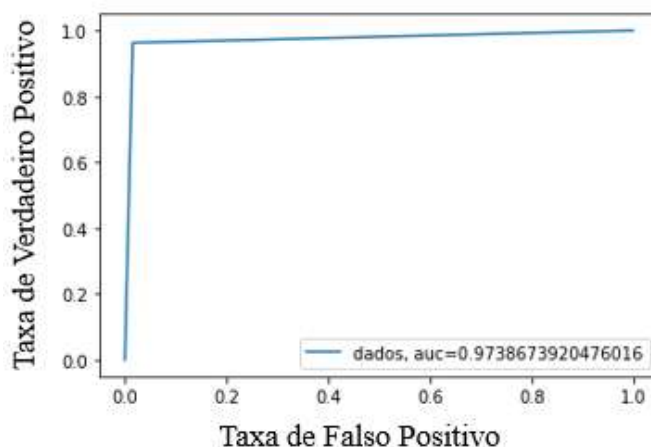
Tamanho do lote (batch size)	Número de épocas		
	30	40	50
32	Perda: 0.8599 Acurácia: 0.9504	Perda: 0.8973 Acurácia: 0.9537	Perda: 0.4792 Acurácia: 0.9603
64	Perda: 0.5497 Acurácia: 0.9680	Perda: 0.5882 Acurácia: 0.9698	Perda: 0.2402 Acurácia: 0.9779
128	Perda: 0.6830 Acurácia: 0.9635	Perda: 0.7587 Acurácia: 0.9586	Perda: 0.6570 Acurácia: 0.9657

Fonte: O autor (2021)

Os dois classificadores foram treinados separadamente utilizando o otimizador ADAM (Método da estimação do momento adaptativo) e o erro de entropia cruzada binária foi utilizada como função de custo. Os valores de tamanho do lote (em inglês, *batch size*), épocas e tamanho da imagem foram 64, 50 e 256 x 256 x 3, respectivamente, para o primeiro classificador e 10, 50 e 256 x 256 x 3, para o segundo. O tempo para treinamento foi de 11,41 min para o Classificador de Fatias e de 2,1 s para o Classificador de Pacientes. No treinamento, o modelo que apresentou a melhor acurácia de validação foi salvo.

Assim, foi avaliado primeiramente o Classificador de Fatias, utilizando 15% dos dados rotulados para esse propósito, o equivalente a 1.155 fatias. O sistema atingiu valores de acurácia, precisão, sensibilidade, especificidade, VPN e F1-Score de 97,40%, 98,38%, 96,30%, 98,46%, 96,48% e 97,33%, respectivamente. A curva ROC é apresentada na Figura 17 e com AUC de 97,38%. Os resultados foram compatíveis com os apresentados por QIAN *et al.* (2020), com menos de 3% da quantidade de dados utilizada por este e com uma CNN com 4 vezes menos camadas, o que representa uma menor complexidade computacional.

Figura 17 – Curva ROC para o classificador de fatias

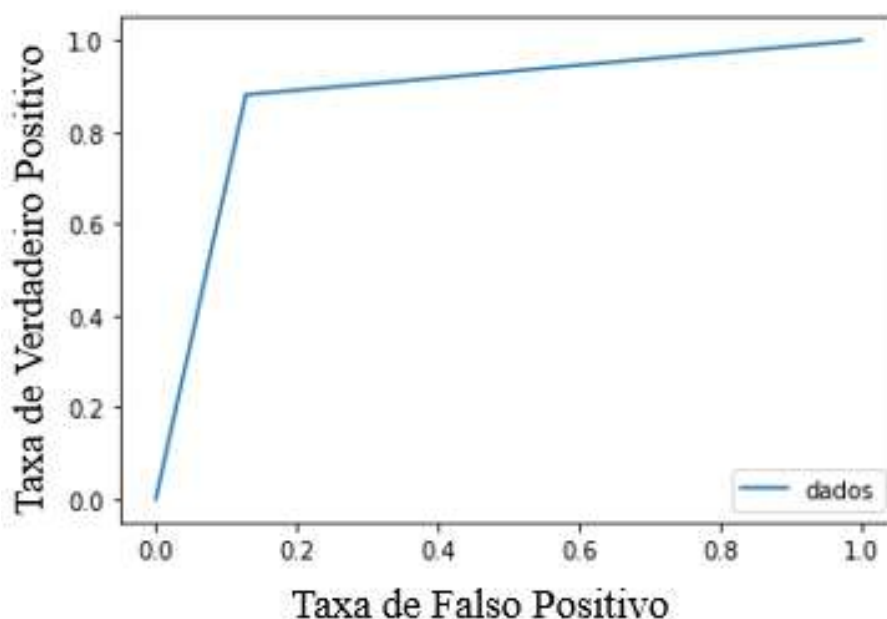


Fonte: O autor (2021)

Segundo os resultados obtidos, a probabilidade de uma fatia de TC ser classificada como normal nesse sistema e realmente não haver infecção indicativa de pneumonia é de 96,48%. Além disso, a probabilidade de uma fatia ser classificada como contendo infecção típica de pneumonia provocada pela COVID-19 e ter de fato a doença é de 98,38%. Esses dados são muito significativos, especialmente quando os hospitais estão operando acima da capacidade normal, como em tempos de pandemia, e quando há riscos de o paciente sem infecção ser contaminado.

Considerando o Classificador de Pacientes, foram utilizados 110 pacientes, sendo 55 com pneumonia pela COVID-19 e 55 sem pneumonia. Nesse caso, o classificador obteve valores de acurácia, precisão, sensibilidade, especificidade, VPN e F1-Score de 88,10%, 88,88%, 88,09%, 87,20%, 88,10% e 88,03%, respectivamente. A curva ROC é apresentada na Figura 18, com AUC de 88,07%. Os resultados foram próximos aos alcançados por Li *et al.* (2020), que obtiveram sensibilidade de 90%, e Zhang *et al.* (2020), que alcançaram 92,49% de acurácia.

Figura 18 – Curva ROC para o classificador de pacientes



Fonte: O autor (2021)

Com o valor de AUC próximo a um, que nesse caso foi 0,8807, mostra-se o quanto o modelo consegue distinguir pacientes com pneumonia causada pela COVID-19 de pacientes sem pneumonia. Também foi apresentada uma precisão de 88,88% para a detecção de pacientes com pneumonia pela COVID-19 e um VPN de 88,10%. Este é um parâmetro importante, pois o erro no diagnóstico de um paciente que estaria com a pneumonia ser diagnosticado como normal poderia provocar a liberação

hospitalar desse paciente, o que poderia trazer maiores complicações decorrentes da pneumonia, além de elevar a possibilidade de transmissão da doença para outras pessoas.

Os sistemas propostos apresentaram um bom desempenho com menos recursos computacionais e de dados, com possibilidades promissoras para seu uso no auxílio de diagnósticos em hospitais. Outra vantagem é que ele tanto pode ser utilizado de forma totalmente conectada, onde a saída do Classificador de Fatias é a entrada do Classificador de Pacientes, como pode ser utilizado apenas para a classificação de fatias.

5 CONCLUSÃO

O sistema implementado foi capaz de classificar tanto a fatia da tomografia computadorizada e quanto o volume completo da TC referente a um paciente específico em com pneumonia provocada pela COVID-19 e sem pneumonia. Para isso, foi desenvolvida uma rotina computacional que segmenta a fatia da TC, selecionando a parte dos pulmões, que é a região de interesse para a detecção da pneumonia provocada pela COVID-19. Além disso, foram implementadas duas redes neurais, uma para a classificação de fatias e outra para a classificação de pacientes, com baixo custo computacional, quando comparado aos algoritmos normalmente utilizados com aprendizado por transferência, e uma boa acurácia tanto na classificação de fatias como no diagnóstico do paciente.

Com o aumento do número de casos da COVID-19, bancos de dados maiores e contendo imagens com maior qualidade estão sendo construídos. Assim, esse sistema poderá ser treinado e testado com uma maior quantidade de dados para uma maior generalização do modelo.

Uma das limitações do sistema é não diferenciar casos de pneumonia por COVID-19 de outras pneumonias. Dessa forma, uma sugestão para trabalhos futuros é utilizar as imagens no formato DICOM para treinamento, já que apresentam maior qualidade e, assim, maiores informações sobre as infecções. Além disso, utilizar bancos de dados maiores e totalmente rotulados, com outros tipos de pneumonias, para que a rede possa diferenciá-las. Outra inovação, seria adicionar ao sistema a quantificação das lesões pulmonares em porcentagem de volume.

REFERÊNCIAS

- AI, T. *et al.* Correlation of chest CT and RT-PCR testing in Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) in China: a report of 1014 cases. **Radiology**, v. 296, n. 2, p. 32–40, ago. 2020.
- ALBAWI, S.; MOHAMMED, T. A.; AL-ZAWI, S. Understanding of a convolutional neural network. **2017 International Conference on Engineering and Technology (ICET)**, Antalya, 2017, p. 1-6.
- AREVALO-RODRIGUEZ, I. *et al.* False-negative results of initial RT-PCR assays for COVID-19: A systematic review. **PLoS ONE**, v. 15, n. 12, dez. 2020.
- BRAGA, A. P.; LUDEMIR, T. B.; CARVALHO, A. P. L. F. **Redes neurais artificiais: Teoria e aplicações**. 2ª ed. Rio de Janeiro: LTC, 2011.
- CAMPOS, M. M., SAITO, K. **Sistemas Inteligentes em Controle e Automação de Processos**. Ed. Ciência Moderna, 2004.
- CHAUVIN, Y.; RUMELHART, David E. **Backpropagation: Theory, Architectures, and Applications**. Lawrence Erlbaum, NJ, 1995.
- DAN-SEBASTIAN, B. *et al.* Adversarial Graph Learning and Deep Learning Techniques for improving diagnosis within CT and Ultrasound images. **2020 IEEE 16th International Conference on Intelligent Computer Communication and Processing (ICCP)**, Cluj-Napoca, 2020, p. 449-456.
- DATA SCIENCE ACADEMY. **Deep Learning Book**. 2019. Disponível em: <http://www.deeplearningbook.com.br>. Acesso em: 10 jan. 2021.
- FERRETTI, L. *et al.* Quantifying SARS-CoV-2 transmission suggests epidemic control with digital contact tracing. **Science**, v. 368, n.6491, maio 2020.
- GOEL, T. *et al.* OptCoNet: an optimized convolutional neural network for an automatic diagnosis of COVID-19. **Applied Intelligence**, set. 2020.
- GOODFELLOW, I.; BENGIO, Y.; COURVILLE, A. **Deep Learning**. MIT Press, 2016.
- GUO, T. *et al.* Simple convolutional neural network on image classification. **2017 IEEE 2nd International Conference on Big Data Analysis (ICBDA)**, Pequim, 2017, p. 721-724.
- HAYKIN, S. **Redes Neurais: Princípios e prática**. 2.ed. Porto Alegre: Bookman, 2001.
- IEEE ICASSP 2021 Signal Processing Grand Challenge (SPGC) on COVID-19: banco de dados. Disponível em: <http://i-sip.encs.concordia.ca/2021SPGC-COVID19/data.html>. Acesso em: 19 jan. 2021.

KRIZ, C.; IMAM, N.; ZAIDI, S. **Breaking Down COVID-19: a Living Textbook**. Publication of First Medicine and Global Clinical Partners. 1. ed. 2020

LI, Q. *et al.* Medical image classification with convolutional neural network. **2014 13th International Conference on Control Automation Robotics & Vision (ICARCV)**, Cingapura, 2014, p. 844-848.

LI, L. *et al.* Using Artificial Intelligence to Detect COVID-19 and Community-acquired Pneumonia Based on Pulmonary CT: Evaluation of the Diagnostic Accuracy. **Radiology**, v. 296, n. 2, p. 65-71, ago. 2020.

LI, Y. *et al.* Physiological and pathological regulation of ACE2, the SARS-CoV-2 receptor. **Pharmacological Research**, v. 157, jul. 2020.

MACHHI, J. *et al.* The Natural History, Pathobiology, and Clinical Manifestations of SARS-CoV-2 Infections. **Journal of Neuroimmune Pharmacology**, v. 15, n. 3, p. 359–386, set. 2020.

MARQUES, G.; AGARWAL, D.; DÍEZ, I.T. Automated medical diagnosis of COVID-19 through Efficientnet convolutional neural network. **Applied soft computing**, v. 96, nov. 2020.

Medixant. RadiAnt DICOM Viewer. 2015.

MUKHERJEE, H. *et al.* Deep neural network to detect COVID-19: one architecture for both CT Scans and Chest X-rays. **Applied Intelligence**, nov. 2020.

PEREIRA, D.; RAMOS, R; DO NASCIMENTO, M. Segmentation and detection of breast cancer in mammograms combining wavelet analysis and genetic algorithm. **Comput Methods Programs Biomed**, v. 114, n.1, p. 88-101, jan. 2014

PEREIRA, J. **Desenvolvimento de uma mesa automática para seleção de resistores via redes neurais**. 2015. 62 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Engenharia Elétrica) - Universidade Federal do Vale do São Francisco, Campus Juazeiro, Juazeiro, BA, 2015.

QIAN, X. *et al.* M³Lung-Sys: A Deep Learning System for Multi-Class Lung Pneumonia Screening from CT Imaging. **IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics**, v. 24, n. 12, p. 3539-3550, dez. 2020.

RUECKEL, J. *et al.* COVID-19 Pandemic and Upcoming Influenza Season-Does an Expert's Computed Tomography Assessment Differentially Identify COVID-19, Influenza and Pneumonias of Other Origin? **Journal of Clinical Medicine**, v. 10, n. 1, 2021.

ZEILER, M. D.; FERGUS, R. Visualizing and Understanding Convolutional Neural Networks. **ECCV**, 2014.

ZHANG, K. *et al.* Clinically applicable AI system for accurate diagnosis, quantitative measurements and prognosis of COVID-19 pneumonia using computed tomography. **Cell**, v. 181, n. 6, p. 1423-1433, jun. 2020.

ZHANG, N. *et al.* Skin Cancer Diagnosis Based on Optimized Convolutional Neural Network. **Artificial Intelligence In Medicine**, v. 102, nov. 2019.

World Health Organization. **Use of chest imaging in COVID-19: a rapid advice guide**, jun. 2020.