



**Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”
UNESP Botucatu
Instituto de Biociências**

João Rafael Almeida de Andrade

**Detecção de malignidade em nódulos tumorais através de imagens
médicas utilizando métodos computacionais**

**Botucatu - SP
2024**

João Rafael Almeida de Andrade

**Detecção de malignidade em nódulos tumorais através de imagens
médicas utilizando métodos computacionais**

**Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Instituto
de Biociências da Universidade Estadual Paulista "Júlio
de Mesquita Filho" - câmpus de Botucatu como requisito
parcial para obtenção do grau de Bacharel em Física
Médica.**

Orientador: Prof. Dr. Allan Felipe Fattori Alves

**Botucatu - SP
2024**

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA SEÇÃO TÊC. AQUIS. TRATAMENTO DA INFORM.
DIVISÃO TÉCNICA DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - CÂMPUS DE BOTUCATU - UNESP

BIBLIOTECÁRIA RESPONSÁVEL: ROSANGELA APARECIDA LOBO-CRB 8/7500

Andrade, João Rafael Almeida de.

Detecção de malignidade em nódulos tumorais através de
imagens médicas utilizando métodos computacionais / João
Rafael Almeida de Andrade. - Botucatu, 2024

Trabalho de conclusão de curso (bacharelado - Física
Médica) - Universidade Estadual Paulista (UNESP), Instituto
de Biociências, Botucatu

Orientador: Allan Felipe Fattori Alves

Capes: 10500006

1. Aprendizagem profunda (Aprendizado do computador).
2. Tomografia. 3. Nódulos pulmonares múltiplos. 4. Câncer.

Palavras-chave: Câncer; Deep learning; Nódulos pulmonares;
Tomografia computadorizada.

João Rafael Almeida de Andrade

Detecção de malignidade em nódulos tumorais através de imagens médicas utilizando métodos computacionais

Trabalho de Conclusão de Curso, apresentado à Universidade Estadual Paulista, como parte das exigências para a obtenção do título de Bacharel, do curso de Graduação em Física Médica.

Botucatu, 06 de dezembro de 2024.

(data da defesa)

BANCA EXAMINADORA



Documento assinado digitalmente

ALLAN FELIPE FATTORI ALVES

Data: 07/12/2024 19:14:03-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. Allan Felipe Fattori Alves

(Orientador)

Prof. Dr. Roberto Morato Fernandez

Prof. Dr. Guilherme Augusto Soares

Dedico este trabalho a todos aqueles que tornaram
minha jornada acadêmica possível, sejam colegas e
familiares.

Agradecimentos

Gostaria de expressar minha sincera gratidão a todos que conseguiram a realização deste trabalho de conclusão de curso.

Inicio agradecendo ao meu orientador, Prof. Allan FF Alves, pelo auxílio, paciência e apoio constante durante todo o processo. Suas contribuições foram fundamentais para o desenvolvimento e sucesso deste projeto.

Aos meus familiares, amigos e a todos que cruzaram meu caminho ao longo deste ciclo, minha profunda gratidão.

O desenvolvimento deste trabalho foi viabilizado pelo financiamento da bolsa PIBIC Reitoria. Gostaria de agradecer ao PIBIC por fornecer o suporte necessário para a realização desta pesquisa.

De forma geral, dedico este trabalho a todos que acreditaram em mim e me apoiaram ao longo desta jornada. Sua presença, direta ou indireta, foi essencial para que este projeto se tornasse realidade.

A todos, o meu muito obrigado!

“A alegria não chega apenas no encontro do achado,
mas faz parte do processo da busca. E ensinar e apren-
der não podem dar-se fora da procura, fora da boniteza
e da alegria.”

(Paulo Freire)

Detecção de malignidade em nódulos tumorais através de imagens médicas utilizando métodos computacionais

Resumo

Este trabalho propõe a aplicação de uso de métodos computacionais voltados para a utilização de aprendizado profundo (deep learning) com ênfase na técnica de redes neurais convolucionais (CNN) para o aprimoramento da classificação de nódulos pulmonares em imagens de tomografia computadorizada (CT) com base no banco de dados LIDC. Dentre as redes neurais pré treinadas, a arquitetura da ResNet 101 demonstrou os melhores resultados, com uma acurácia de 71%. Por outro lado, a DenseNet 121 teve o menor desempenho abaixo entre todas as redes estudadas, com uma acurácia de 59%. Apesar dos resultados obtidos pelo nosso algoritmo serem promissores, não são suficientes para a utilização clínica. Contudo ainda há margem para o seu aprimoramento, visando sua otimização no diagnóstico precoce da neoplasia pulmonar.

Palavras-chaves: Deep learning, tomografia computadorizada, nódulos pulmonares, câncer.

Detection of Malignancy in Tumor Nodules through Medical Imaging Using Computational Methods

Abstract

This work proposes applying computational methods focused on using deep learning, emphasizing convolutional neural network (CNN) techniques, to enhance the classification of pulmonary nodules in computed tomography (CT) images based on the LIDC database. Among the pre-trained neural networks, the ResNet 101 architecture demonstrated the best results, achieving an accuracy of 71%. On the other hand, DenseNet 121 showed the lowest performance among all the networks studied, with an accuracy of 59%. However, despite these promising results, more is needed for the clinical application of our algorithm. Nevertheless, there is still room for improvement, aiming at its optimization for the early diagnosis of pulmonary neoplasms.

Keywords: Deep learning, computed tomography, pulmonary nodules, cancer.

Sumário

1. Introdução	11
1.1 Redes neurais artificial	11
1.2 Nódulos pulmonares	14
2. Metodologia	15
3. Resultados	17
4. Discussão	26
5. Conclusão	26
6. Referências	27

1. Introdução

1.1 Redes neurais artificial

As novas tecnologias computacionais, como a inteligência artificial (do inglês artificial intelligence - AI), vêm sendo usadas cada vez mais em diversas áreas do conhecimento, assim se mostrando uma ferramenta versátil para o avanço da ciência de um modo geral (CHAKRABORTY et al., 2024). Podemos separar a AI em subgrupos, sendo que o aprendizado de máquinas (do inglês machine learning - ML) e o aprendizado profundo (do inglês deep learning - DL) vêm sendo os mais utilizados para a análise e utilização de padrões em conjuntos de dados (LI et al., 2019).

Podemos visualizar a estrutura básica de uma rede neural artificial na Figura 1, onde temos na primeira camada os neurônios de entrada, os quais receberam a informação, na segunda camada ficam os neurônios ocultos e por fim os neurônios de saída (O'SHEA; NASH, 2015).

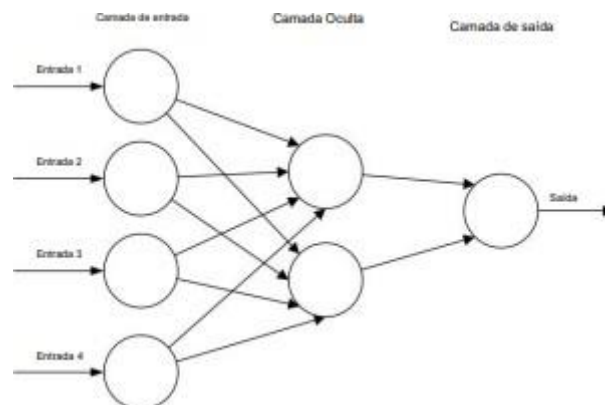


Figura 1: estrutura básica para redes neurais artificiais. **fonte:** O'SHEA; NASH

Cada neurônio receberá um sinal de entrada (x_i), terá um peso (w_i) e uma função de ativação. Cada entrada é multiplicada pelo seu peso e somada entre si, sendo que a resultante é acrescentada de um deslocamento linear (b) gerando um sinal de ativação (u). Ao passar u pela função de ativação gerará a saída y (EBERMAM; KROHLING, 2018). A saída y chegará na próxima camada de neurônios como a entrada e esse processo se repete. A Figura 2 ilustra como esse processo ocorre.

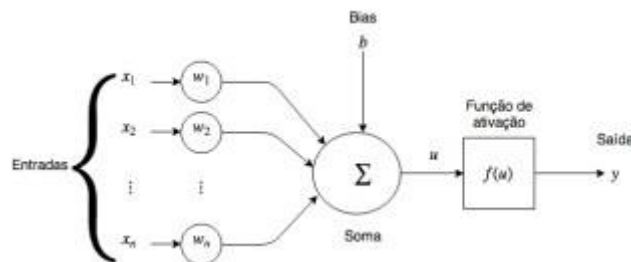


Figura 2: processo em um neurônio artificial. **fonte:** Ebermam; Krohling

O DL tem sofrido um rápido avanço desde o início do século XXI. Atualmente seu uso deixou de ser apenas teórico e se expandiu para diversas aplicações práticas, incluindo na área médica como a neurologia, para a localização de acidente vascular cerebral, imagens de tomografia por emissão de pósitrons (PET), imagens radiográficas e imagens que utilizam microscopia (ANGELUCCI et al., 2024; CHEN, 2024). O aprendizado profundo é considerado uma das melhores ferramentas para solucionar problemas de visão computacional e reconhecimento de padrões. As redes neurais convolucionais (do inglês, convolutional neural networks - CNNs), um tipo de DL, são amplamente aplicadas na detecção e classificação de objetos em imagens (TRAN et al., 2019).

Os modelos de DL precisam ser treinados. Um conjunto de dados iniciais deve ser dividido em treinamento e teste. No treinamento, os dados passam diversas vezes pela rede realizando várias iterações, que denominam-se épocas. A cada época, busca-se otimizar os parâmetros da rede a fim de melhorar os resultados. Após concluído o teste, utiliza-se um novo conjunto de dados diferente do grupo de treinamento, que passa pela rede com os parâmetros atualizados visando avaliar o desempenho final do modelo. Métodos de DL sempre necessitam de uma grande quantidade de informações para gerar confiabilidade em seus resultados (EBERMAM; KROHLING, 2018).

As CNNs foram construídas para receber imagens como entrada. Sua estrutura visa preservar as correlações entre pixels vizinhos, assim diminuindo a sensibilidade a distorções da imagem, como rotação por exemplo, o que outros tipos de redes não conseguem fazer (EBERMAM; KROHLING, 2018). Assim como redes neurais artificiais foram pensadas para reproduzir as redes neurais biológicas, com capacidade de processar informações e aprender com os dados, as redes neurais convolucionais são inspiradas no córtex visual dos animais (EBERMAM; KROHLING, 2018).

A estrutura das CNNs são semelhantes às redes neurais artificiais tradicionais. Cada neurônio recebe uma entrada (imagem) e executa uma operação. De maneira geral, as redes neurais convolucionais tem três tipos de camadas: camadas convolucionais, camadas de pooling e camadas totalmente conectadas (O'SHEA; NASH, 2015).

A camada convolucional aplica filtros, também chamados de kernels, sobre a entrada, normalmente os kernels são de pequena dimensão (3x3, 5x5 por exemplo) que percorrem a entrada a fim de extrair padrões como bordas e texturas (O'SHEA; NASH, 2015; EBERMAM; KROHLING, 2018). Os filtros são matrizes de pesos, assim diferentes configurações dos pesos no filtro resultam em um mapa de características distintas (O'SHEA; NASH, 2015; EBERMAM; KROHLING, 2018).

A camada de pooling visa reduzir a complexidade computacional do modelo, diminuindo gradualmente a dimensão dos mapas de características obtidos na camada convolucional, mas mantendo as informações mais importantes. No processo o mapa é dividido em regiões e os valores de cada região é reduzido a um único valor, há duas formas de determinar qual vai ser esse valor que irá representar a região: o max pooling e o average pooling. No max pooling o valor selecionado será o maior valor da região, já o average pooling calcula a média dos valores, representando a média local (O'SHEA; NASH, 2015; EBERMAM; KROHLING, 2018). A Figura 3 mostra uma entrada de dimensão 4x4 que é reduzida para 2x2 utilizando o max pooling.

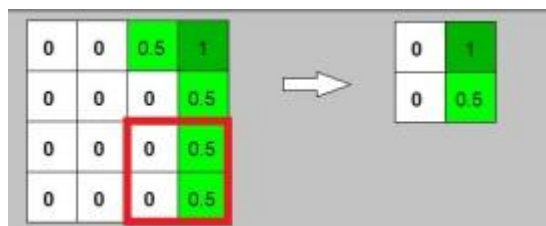


Figura 3: matriz de entrada 4x4 reduzida a uma matriz 2x2 através do uso a técnica de max pooling. **fonte:** Ebermam; Krohling

A camada totalmente conectada atua processando as características extraídas para gerar as saídas finais, e utiliza as informações extraídas e simplificadas das outras camadas, convolucional e de pooling, transformando em representação final para a classificação (O'SHEA; NASH, 2015; EBERMAM; KROHLING, 2018).

1.2 Nódulos pulmonares

Há diversos problemas oriundos do crescimento descontrolado de células com mutações no corpo de um indivíduo. Se não tratado de forma adequada, essas células podem invadir órgãos e tecidos adjacentes e se espalharem pelo corpo, o que é conhecido como câncer em fase de metástase.

No mundo, estima-se que o número de novos casos de câncer tenha sido de 19,3 milhões, e o número de vítimas tenha se aproximado de 10 milhões, apenas no ano de 2020. Apesar de não ser o tipo mais comum, ficando atrás apenas do câncer de mama feminino, que representa 11,7% do total de casos, o câncer de pulmão é o que mais causa mortes. Este tipo é responsável por 18% do total de mortes decorrentes de câncer (SUNG et al., 2021; CABRERA-SANCHEZ et al., 2022; TOUMAZIS et al., 2020).

Apesar do alto número de casos, o câncer de pulmão continua sendo diagnosticado tardiamente, por ser assintomático nos estágios iniciais (TOUMAZIS et al., 2020). Dentre as manifestações mais comuns do câncer de pulmão, a presença de nódulos pode ser um dos sinais mais importantes. A forma mais eficiente para a detecção desses nódulos pulmonares é através de métodos de diagnóstico por imagem, destacando-se a modalidade de tomografia computadorizada (do inglês, computed tomography - CT). A CT possui alta resolução espacial e bom contraste entre os tecidos saudáveis e acometidos por alguma anormalidade. Tais características são oriundas da capacidade de reconstruir imagens seccionais da anatomia de um indivíduo, o que faz com que a CT de tórax seja o método mais confiável para a identificação precoce da doença, permitindo a distinção dos nódulos (TRAN et al., 2019).

Portanto a CT desempenha papel fundamental na detecção precoce dos nódulos pulmonares. Como já visto anteriormente o uso de métodos computacionais, como a DL, necessitam de uma base de dados robusta para seu treinamento.

O banco de dados de CT torácicas mais usado para treinamento de algoritmos é a Lung Image Database Consortium and Image Database Resource Initiative (LIDC-IDRI). Este banco tem o intuito de desenvolver a melhoria no diagnóstico médico. O banco consiste de uma coleção de 1018 casos anotados por radiologistas experientes. E é portanto, o maior banco de dados público, desde sua criação (PEHRSON; NIELSEN; AMMITZBØL LAURIDSEN, 2019; ARMATO III et al., 2015).

2. Metodologia

Neste projeto começamos com a pesquisa sobre bancos de dados que continham informações de nosso interesse, como a segmentação e rotulagem das classes dentro das imagens. Encontramos a LIDC que continha metadados com as informações sobre cada componente do banco de dados, como as anotações de nódulos, suas gravidades, os cortes tomográficos onde se encontravam entre outras informações morfológicas.

Após determinar o banco de dados escolhido, conduzimos pesquisas sobre utilização desse banco e possíveis algoritmos para que pudéssemos ter um norteamento de como obter e melhores estratégias para atingir nossos objetivos.

Para os nódulos pulmonares, utilizamos o banco de dados LIDC, para testar os modelos de redes neurais na classificação dos nódulos. Para isso, fizemos um pré-processamento dos dados a fim de diminuir o ruído e balancear as classes dos dados, deixando o mesmo número de informações tanto para a classe normal quanto para a classe de tumor, para melhorar os resultados na parte da aplicação das redes. Utilizamos seis redes neurais convolucionais pré treinadas: EfficientNetB7, DenseNet121, ResNet101, EfficientNetV2L, ConvNetXLarge e DenseNet201. Para cada rede utilizamos 100 épocas para o treinamento.

Em trabalhos prévios de nosso grupo de pesquisa, utilizamos algumas redes neurais pré treinadas, sendo elas a Xception, ResNet50V2 e InceptionResNetV2, em conjunto com o banco de dados de exames de CT de tórax denominado LNDdb (A Long Nodule Database on Computed Tomography), que inclui 768 nódulos pulmonares, e obtivemos bons resultados na diferenciação dos nódulos, entre sólidos, parcialmente sólidos e vidro-fosco como podemos observar na Figura 4, e em parâmetros como precisão, sensibilidade e F1-Score como apresentado na tabela 1.

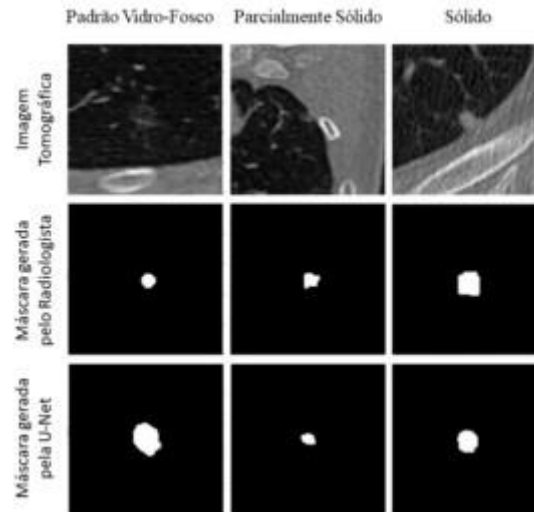


Figura 4: segmentação realizada utilizando 50 épocas

Modelo	Classe	Precisão	Sensibilidade	F1-Score	Imagens Validadas
Xception	Padrão Vidro-Fosco	0,96	0,90	0,92	162
	Parcialmente Sólido	0,85	0,93	0,89	120
	Sólido	0,96	0,94	0,95	181
ResNet50V2	Padrão Vidro-Fosco	0,97	0,80	0,88	162
	Parcialmente Sólido	0,77	0,67	0,72	120
	Sólido	0,81	0,98	0,88	181
InceptionResNetV2	Padrão Vidro-Fosco	0,94	0,84	0,89	162
	Parcialmente Sólido	0,80	0,78	0,79	120
	Sólido	0,86	0,93	0,89	181

Tabela 1: Métricas de avaliação das redes neurais

Assim, visando estudar outras redes pré treinadas em conjunto com o LIDC, que por ser o maior banco de dados público nos fornecerá mais informações para a realização do treinamento das CNNs, no intuito de obter novos resultados na e melhorando os resultados acima, aumentando a acurácia da rede.

O pré-processamento dos dados da LIDC gerou máscaras tanto dos nódulos pulmonares quanto dos pulmões propriamente ditos. Do metadado inicial, fizemos um novo, de forma a deixar informações mais cruciais, como o ID, caminho do diretório das imagens originais no formato DICOM e das máscaras binárias dos nódulos, o que facilita sua compreensão. Os metadados também trouxeram o grau de malignidade do câncer, numa escala de 1 a 5, sendo classificados como benignos, ambíguos e malignos. E por fim, os metadados indicavam se as máscaras estavam “limpas” ou seja sem a presença de nódulos e os números de nódulos para cada corte de CT identificado.

Posteriormente utilizamos as máscaras binárias sobre as imagens originais, a fim de isolar as regiões do pulmão onde se continha os nódulos e rotulamos com base no metadados do pré-processamento. Assim, utilizamos ao todo 4000 imagens, separadas em 2 grupos igualmente divididos, 2000 contendo o tumor e 2000 sem anormalidades.

3. Resultados

Ainda não temos resultados significativos, como serão apresentados, os valores obtidos dos treinamentos das redes, referentes a métricas como a acurácia e o erro, ficaram abaixo do que esperávamos. Contudo, na tarefa de classificar os nódulos pulmonares, conseguimos obter algumas respostas interessantes como podemos ver abaixo.

A Figura 5 mostra exemplos de regiões de interesse extraídas das imagens, centralizadas nos nódulos pulmonares. Nestas imagens, a presença de nódulos têm suas cores diferentes do restante da imagem. Pode-se notar que os nódulos podem ter tamanhos e formas distintas, além do grau de solidez.

O grau de solidez de um nódulo pulmonar está relacionado à densidade do tecido, o que impacta sua aparência nas imagens de tomografia computadorizada (TC). Ele é classificado em três tipos: vidro fosco, semi sólido e sólido. O vidro fosco é o tipo de menor densidade, apresentando aspecto translúcido nas imagens, além de bordas um pouco definidas. O sólido refere-se a nódulos com maior densidade, que resultam em maior atenuação das fótons de radiação no exame de CT, tornando suas regiões bem delimitadas. O semissólido apresenta áreas mistas de densidade, variando entre sólido e vidro fosco. Essa classificação é importante porque os diferentes tipos de nódulos têm clareza com os tipos de tumores, além de influenciar a probabilidade de malignidade e as taxas de crescimento (CHOI et al., 2016; FRANCO, 2015).

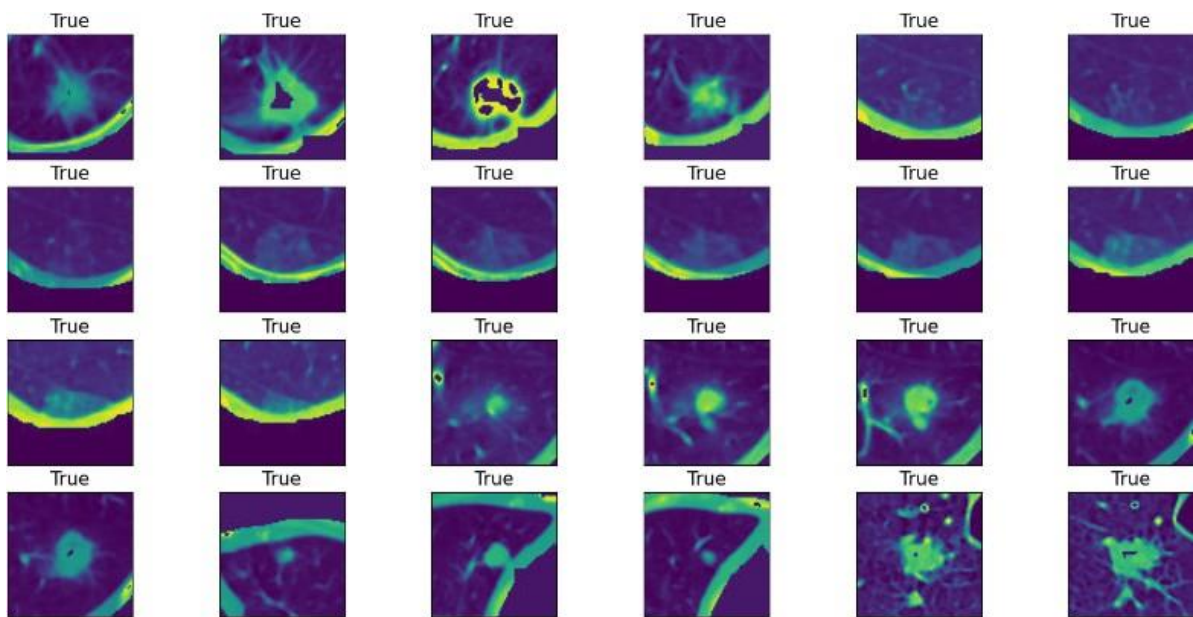


Figura 5: Regiões de interesse extraídas das imagens que foram utilizadas pelo algoritmo durante seu treinamento. **fonte:** próprio autor

As Figuras 6 e 7 mostram o desempenho de cada rede ao decorrer das épocas. Observam-se comportamentos similares, com exceção da DenseNet 121, cujo valor de erro permaneceu quase constante e elevado durante o treinamento. Assim como sua acurácia que oscilou bastante, e permaneceu bem baixa em comparação às outras CNNs. Por outro lado, a ResNet 101 foi a que obteve melhor desempenho em ambos os parâmetros.

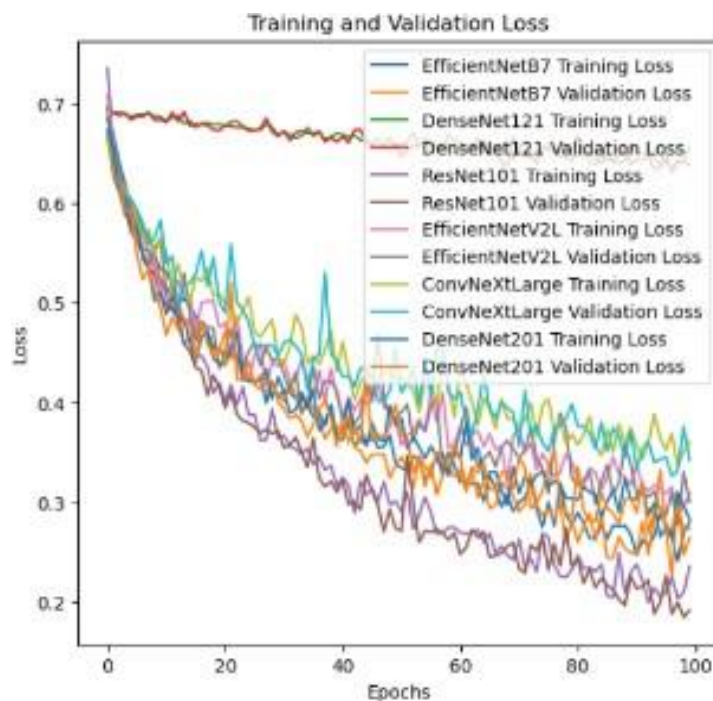


Figura 6: Relação entre as épocas e o erro de validação para os seis modelos de redes neurais utilizados. **fonte:** próprio autor.

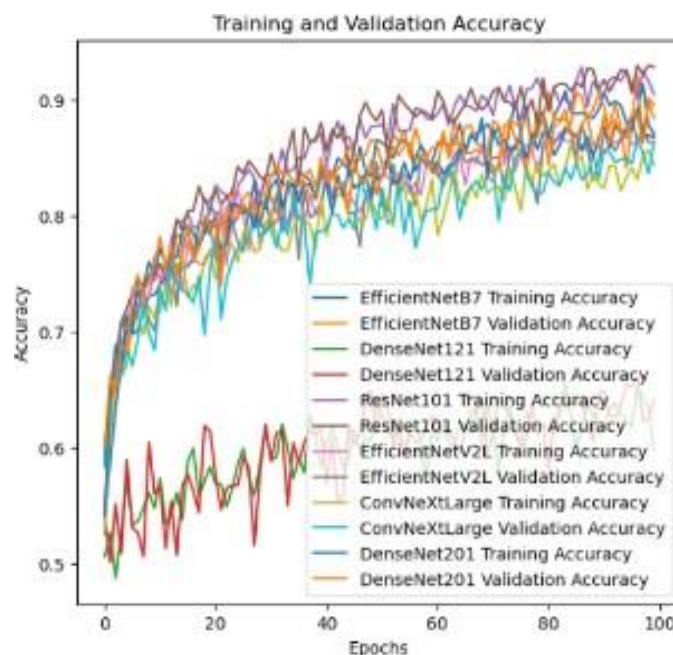


Figura 7: Relação entre as épocas e a acurácia para os seis modelos de redes neurais utilizados. **fonte:** próprio autor.

As Figuras 8 a 12 são as matrizes de confusão do nosso algoritmo, que nos mostram quantitativamente seu desempenho revelando o número de acertos, seja verdadeiro positivo ou verdadeiro negativo e falso positivo ou falso negativo. Notamos que a rede ResNet 101, assim como as figuras 5 e 6 já indicavam, obteve o melhor resultado para os verdadeiros positivos (1280), além de ter o menor número de falsos negativos (757). Já a EfficientNet B7 foi a que melhor acertou os negativos, sendo tanto os verdadeiros negativos (1725) quanto os falsos negativos (312).

- **Verdadeiro positivo:** quando a rede classifica corretamente a presença de tumor na imagem analisada.
- **Verdadeiro negativo:** quando a rede classifica corretamente, que a informação analisada se refere a uma imagem normal de um corte tomográfico do pulmão.
- **Falso positivo:** quando a rede prediz erroneamente a presença de anormalidade na imagem analisada.
- **Falso negativo:** quando a rede falha na detecção de tumor, resultando em uma classificação errônea de normalidade.

Matriz de confusão é uma representação sobre a precisão da classificação do algoritmo. Ela descreve a acurácia de cada categoria juntamente com os erros de inclusão e os erros de exclusão

presentes. Sua estrutura para classificação binária, como a desse projeto, tem o formato de 2 linhas por 2 colunas. As colunas são referentes ao real, sendo eles falso, sem tumor, e verdadeiro, com tumor. As linhas são o que o algoritmo prediz, novamente sendo uma para o falso e uma para o verdadeiro. Assim podemos relacionar as linhas com as colunas para observarmos de uma maneira clara e eficiente os resultados obtidos (EBERMAM; KROHLING, 2018).

Por fim temos as Tabelas de 2 a 6 nas quais podemos observar alguns parâmetros. São eles:

- **Precisão (precision):** mede a proporção de seleção correta positiva em relação ao total de seleção feita, valor alto significa menos falsos positivos
- **Revocação (recall):** indica a capacidade do modelo de encontrar todos os exemplos positivos. Um valor alto significa menos falsos negativos.
- **Pontuação F1:** a média harmônica entre precisão e revocação. Ele equilibra os dois quando há uma compensação entre eles.
- **Suporte (suporte):** número de ocorrências reais de cada época.
- **Acurácia (precisão):** proporção de correção correta entre todas as específicas.

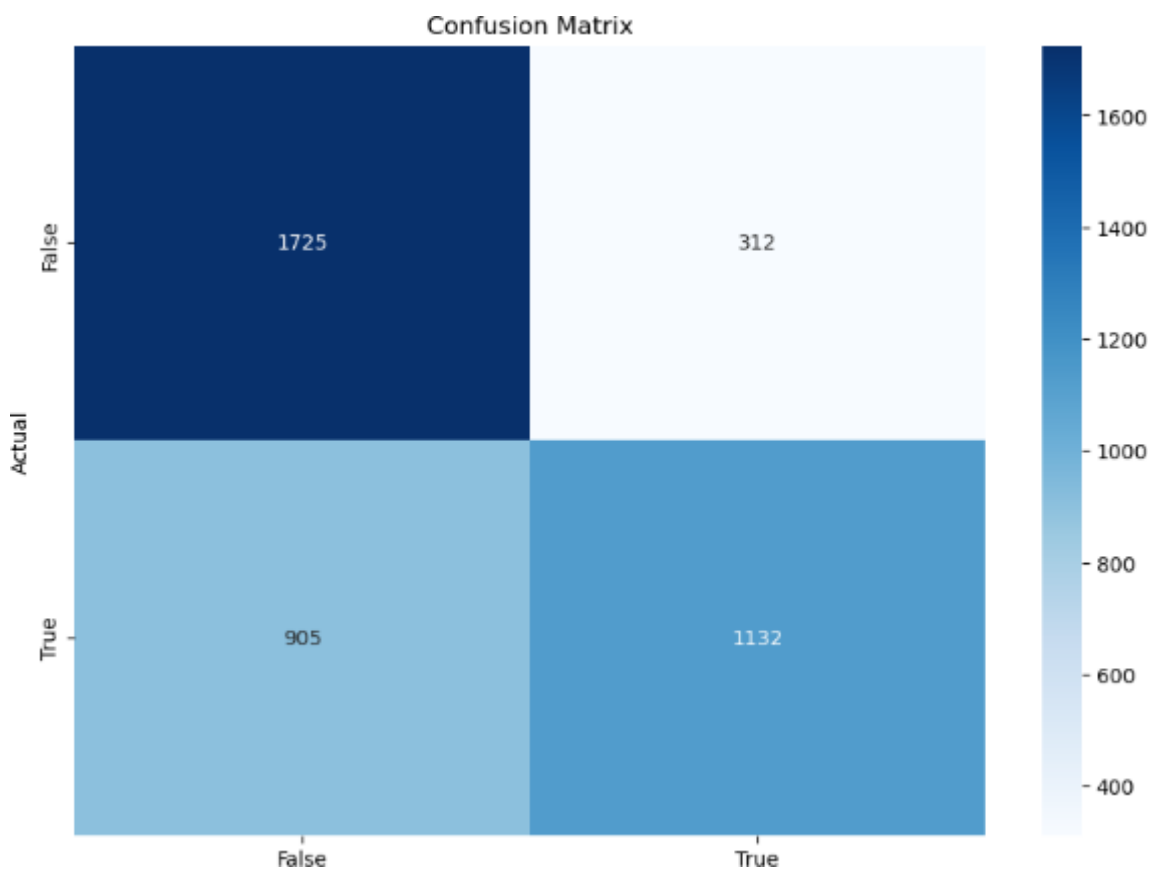


Figura 8: Matriz de confusão da EfficientNet B7 **fonte:** próprio autor.

	precisão	recall	F1 - score	suporte
Falso	0,66	0,85	0,74	2037
Verdadeiro	0,78	0,56	0,65	2037
Acurácia			0,70	4074
média macro	0,72	0,70	0,69	4074
média ponderada	0,72	0,70	0,69	4074

Tabela 2: Parâmetros da EfficientNet B7 **fonte:** próprio autor.

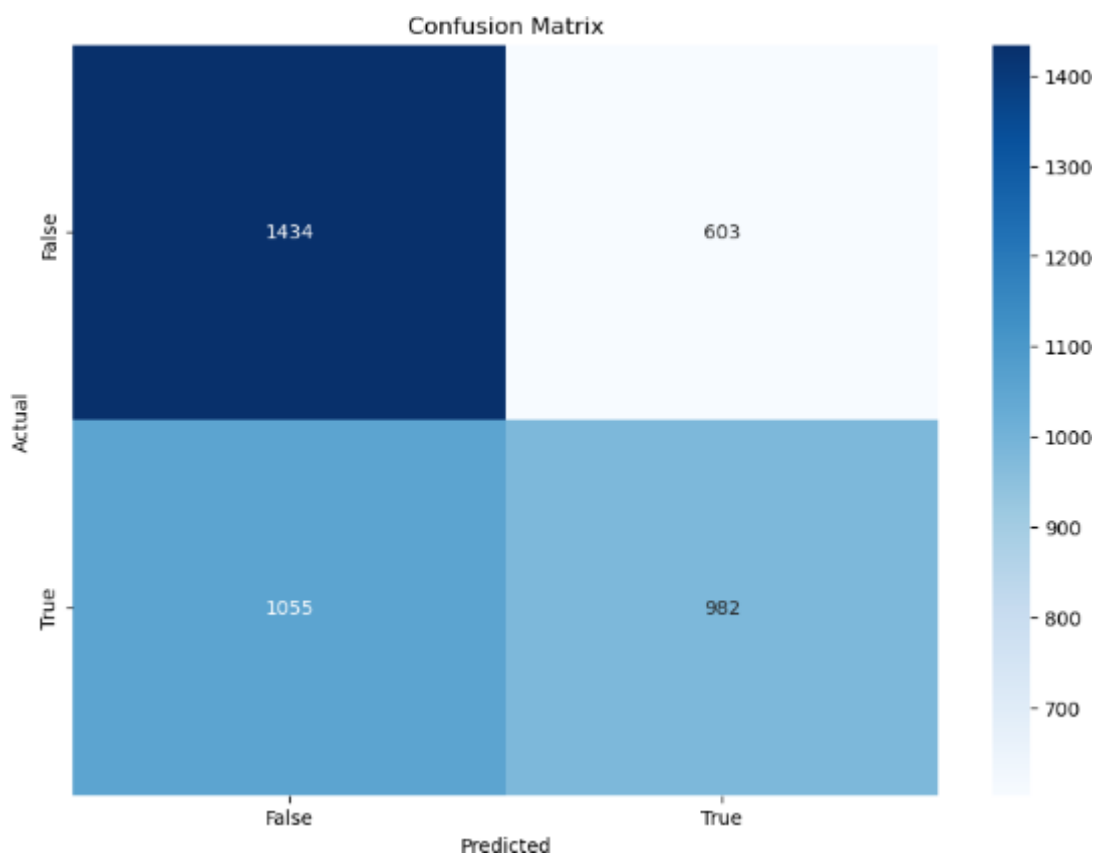


Figura 9: Matriz de confusão da DenseNet 121 **fonte:** próprio autor.

	precisão	recall	F1 - score	suporte
Falso	0,58	0,70	0,63	2037
Verdadeiro	0,62	0,48	0,54	2037
Acurácia			0,59	4074
média macro	0,60	0,59	0,59	4074
média ponderada	0,60	0,59	0,59	4074

Tabela 3: Parâmetros da DenseNet121 **fonte:** próprio autor.

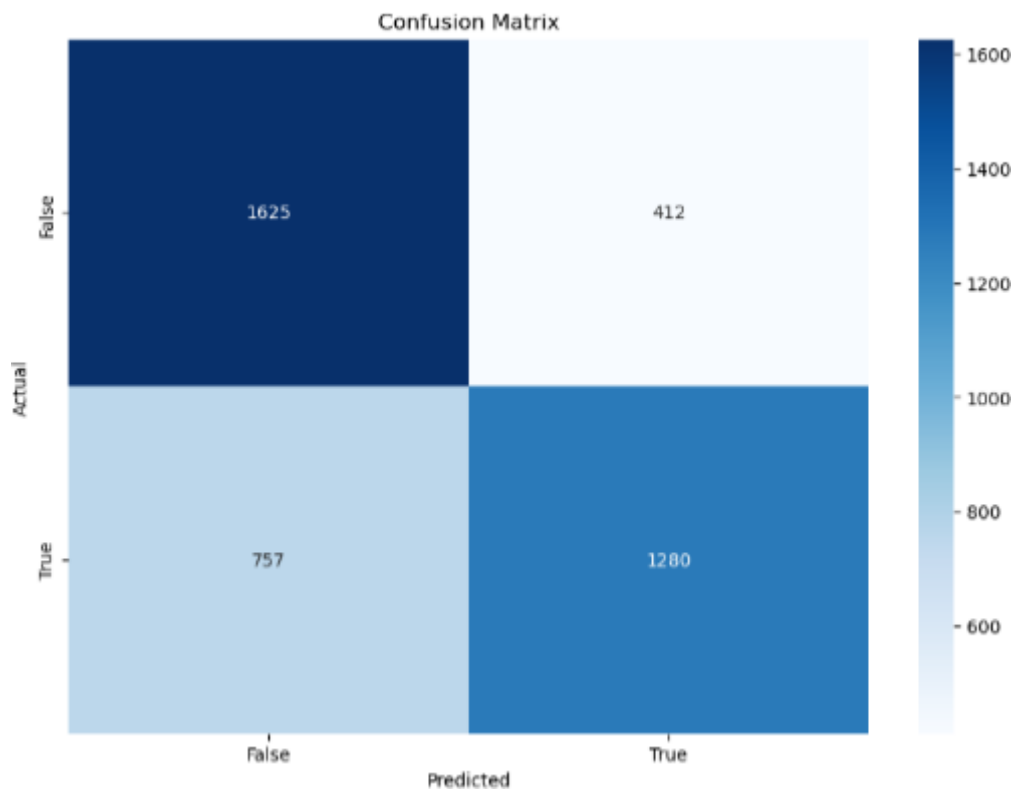


Figura 10: Matriz de confusão da ResNet 101 **fonte:** próprio autor.

	precisão	recall	F1 - score	suporte
Falso	0,68	0,80	0,74	2037
Verdadeiro	0,76	0,63	0,69	2037
Acurácia			0,71	4074
média macro	0,72	0,71	0,71	4074
média ponderada	0,72	0,71	0,71	4074

Tabela 4: Parâmetros da ResNet 101 **fonte:** próprio autor.

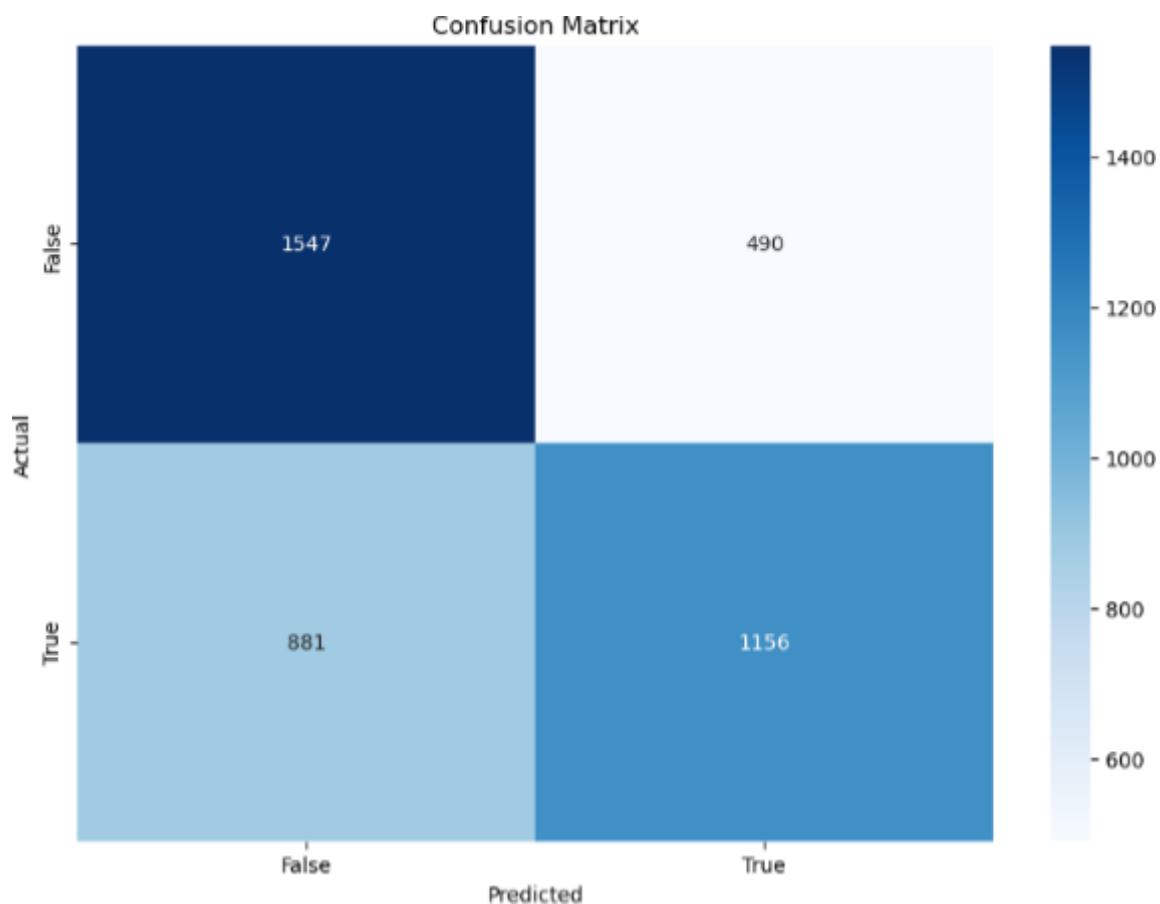


Figura 11: Matriz de confusão da InceptionV2L **fonte:** próprio autor

	precisão	recall	F1 - score	suporte
Falso	0,64	0,76	0,69	2037
Verdadeiro	0,70	0,57	0,63	2037
Acurácia			0,66	4074
média macro	0,67	0,66	0,66	4074
média ponderada	0,67	0,66	0,66	4074

Tabela 5: Parâmetros da InceptionV2L **fonte:** próprio autor.

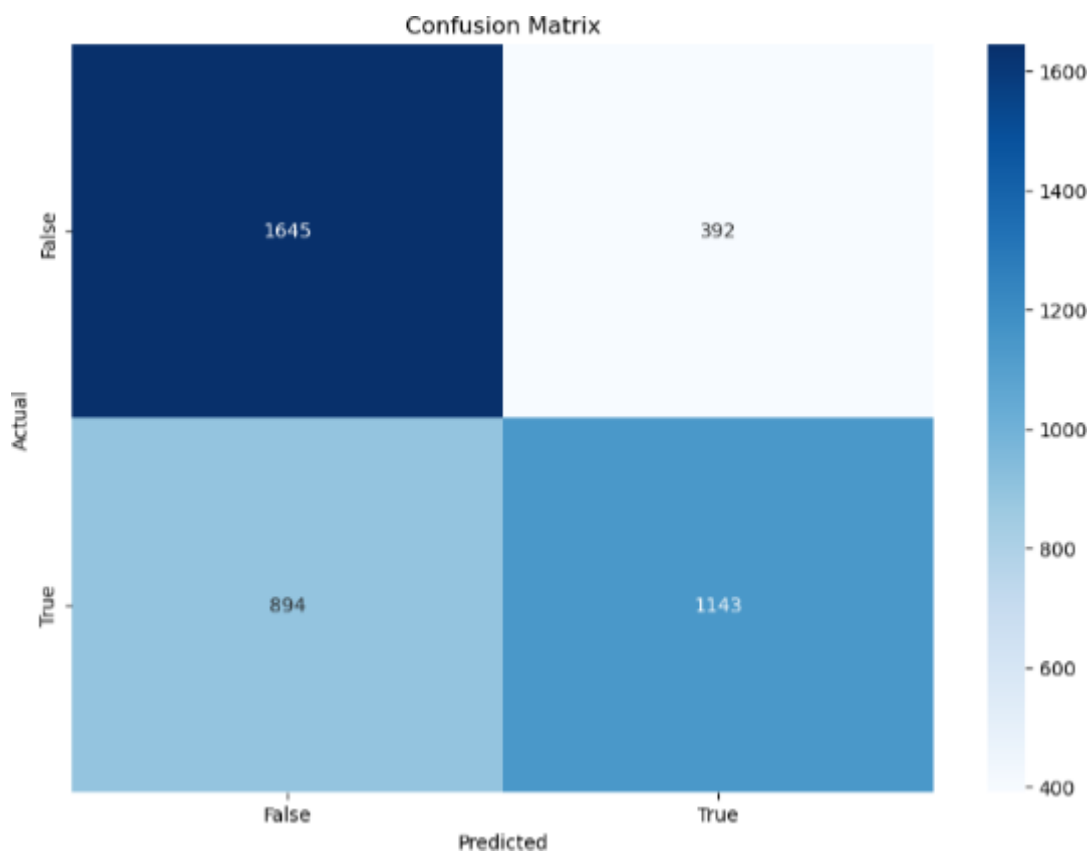


Figura 12: Matriz de confusão da ConvNextLarge **fonte:** próprio autor

	precisão	recall	F1 - score	suporte
Falso	0,65	0,81	0,72	2037
Verdadeiro	0,74	0,56	0,64	2037
Acurácia			0,68	4074
média macro	0,70	0,68	0,68	4074
média ponderada	0,70	0,68	0,68	4074

Tabela 6: Parâmetros da ConvNextLarge **fonte:** próprio autor.

4. Discussão

Nossos resultados demonstraram que, embora as redes neurais apresentem desempenhos semelhantes, o ResNet 101 se destacou, tanto em termos de acurácia quanto de erro, além de apresentar o menor número de falsificações negativas, um fator crucial no cenário clínico. Em contrapartida, a DenseNet 121, apesar de apresentar um número significativo de verdadeiros positivos, teve um desempenho inferior em relação às demais redes, com acurácia abaixo da média e erro mais elevado, o que resultou em um maior número de falsos negativos. Acreditamos que o DenseNet 121 tenha enfrentado dificuldades devido à limitação no número de dados disponíveis para treinamento. Esperamos que, com um pré-processamento mais eficaz, que extraia mais informações do LIDC, o desempenho dessa rede seja melhorado. Outra hipótese é que a dimensão das imagens usadas no treinamento não tenha sido ideal para essa rede, impactando diretamente seus resultados.

Outro aspecto importante que temos que considerar é a redução significativa dos resultados obtidos nesse trabalho em comparação com ao trabalho anterior, nos quais obtivemos resultados de acurácia acima de 80% e atualmente ficamos em torno de 60 a 70%. O uso de outras redes pré treinadas pode ser uma das razões para essa diminuição, é possível então que o uso das redes Xception, ResNet50V2 e InceptionResNetV2 nos retornem resultados mais expressivos.

Outro fator que pode ter influenciado é o uso da LIDC, que por ser um banco de dados maior e portanto mais diversificado, tem uma maior complexidade de informações, o que dificultou no pré-processamento. Podemos observar essa consequência no número de dados analisados, 4000 imagens no total foi um número que ficou abaixo de nossas expectativas. Assim um novo pré-processamento mais robusto que consiga extrair mais informações do banco de dados poderá resultar em melhores resultados do nosso modelo.

5. Conclusão

O objetivo deste trabalho foi possibilitar o aprendizado e a exploração de métodos computacionais, principalmente a técnica de visão computacional, no ambiente Python. Além das redes neurais convolucionais, foram utilizadas técnicas de pré-processamento de imagens, manipulação de metadados e métricas de avaliação de performance. De modo mais geral, neste projeto utilizamos algoritmos com diferentes arquiteturas de CNNs para auxiliar na identificação de objetos de interesse em imagens médicas e biomédicas.

Os resultados para a classificação de nódulos pulmonares mostram que, apesar da similaridade das redes testadas, a ResNet 101 se destacou por ter um desempenho geral superior. Entretanto a DenseNet, apesar de ter alcançado um número significativo de verdadeiro positivo, teve dificuldade em reduzir os falsos negativos, o que se traduz em um grande problema para sua implementação na área clínica.

Apesar de usarmos um banco de dados mais completo que o utilizado nos trabalhos anteriores, nosso resultado atual obteve uma redução significativa nos valores de suas métricas, a precisão que previamente ficava em torno de 80% e em alguns caso passava de 90%, atualmente fica na média de 60 a 70%.

Entretanto, esses resultados ainda são preliminares e fornecem uma base sólida para futuras explorações e aprimoramentos. O grupo de pesquisa continuará a trabalhar no refinamento dos modelos, incluindo a implementação de redes neurais em conjunto com nanopartículas, que ainda está na fase inicial de busca por bancos de dados e algoritmos adequados. As próximas etapas envolvem o uso de um número maior de dados para o treinamento, além de um pré-processamento mais robusto e a implementação de um método de ensemble, que combina múltiplas redes para melhorar a performance de classificação. Espera-se que esses ajustes resultem em um aumento significativo na acurácia e eficiência do modelo.

6. Referências

CHAKRABORTY, C. et al. The changing scenario of drug discovery using AI to deep learning: Recent advancement, success stories, collaborations, and challenges. **Molecular Therapy - Nucleic Acids**, v. 35, n. 3, p. 102295, set. 2024.

LI, D. et al. The Performance of Deep Learning Algorithms on Automatic Pulmonary Nodule Detection and Classification Tested on Different Datasets That Are Not Derived from LIDC-IDRI: A Systematic Review. **Diagnostics**, v. 9, n. 4, p. 207, 29 nov. 2019.

ANGELUCCI, F. et al. Integrating AI in fighting advancing Alzheimer: diagnosis, prevention, treatment, monitoring, mechanisms, and clinical trials. **Current Opinion in Structural Biology**, v. 87, p. 102857, ago. 2024.

CHEN, G. Prospects, Challenges and Guidelines for Practical Deep Learning in Geoengineering. **Intelligent Geoengineering**, p. S3050619024000016, nov. 2024.

TRAN, G. S. et al. Improving Accuracy of Lung Nodule Classification Using Deep Learning with Focal Loss. **Journal of Healthcare Engineering**, v. 2019, p. 1–9, 4 fev. 2019.

EBERMAM, Elivelto; KROHLING, Renato A. Uma introdução compreensiva às redes neurais convolucionais: um estudo de caso para reconhecimento de caracteres alfabéticos. *Revista de Sistemas de Informação da FSMA*, n. 22, p. 49-59, 2018.

O'SHEA, K.; NASH, R. **An Introduction to Convolutional Neural Networks**. arXiv, 2015.

SUNG, H. et al. Global Cancer Statistics 2020: GLOBOCAN Estimates of Incidence and Mortality Worldwide for 36 Cancers in 185 Countries. **CA: A Cancer Journal for Clinicians**, v. 71, n. 3, p. 209–249, maio 2021.

CABRERA-SANCHEZ, J. et al. Lung cancer occurrence after an episode of tuberculosis: a systematic review and meta-analysis. **European Respiratory Review**, v. 31, n. 165, p. 220025, 30 set. 2022.

TOUMAZIS, I. et al. Risk-Based lung cancer screening: A systematic review. **Lung Cancer**, v. 147, p. 154–186, set. 2020.

PEHRSON, L. M.; NIELSEN, M. B.; AMMITZBØL LAURIDSEN, C. Automatic Pulmonary Nodule Detection Applying Deep Learning or Machine Learning Algorithms to the LIDC-IDRI Database: A Systematic Review. **Diagnostics**, v. 9, n. 1, p. 29, 7 mar. 2019.

ARMATO III, S. G. et al. **Data From LIDC-IDRI**. The Cancer Imaging Archive, , 2015.

CHOI, S. M. et al. Characteristics of benign solitary pulmonary nodules confirmed by diagnostic video-assisted thoracoscopic surgery. **The Clinical Respiratory Journal**, v. 10, n. 2, p. 181–188, mar. 2016.

FRANCO, Marcelo Lemos Nunes. **Classificação de nódulos pulmonares em imagens tomográficas utilizando redes neurais artificiais em cascata** . 2015. 178f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Biomédica) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2015.