

Segmentação de gliomas em imagens de ressonância magnética usando U-Net modificada

Roney Nogueira de Sousa¹

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará (IFCE) — Campus Fortaleza
Av. Treze de Maio, 2081 — Benfica, Fortaleza–CE, 60040-531

nogueiraroney453@gmail.com

Abstract. *In this study, the performance of a modified U-Net was assessed for the segmentation of gliomas detected in magnetic resonance imaging (MRI) images. A public dataset was utilized, incorporating data augmentation techniques. After 60 training epochs, promising results were achieved, with an accuracy of 99.77%, IOU of 90.21%, and Dice coefficient of 98.59%.*

Resumo. *Neste estudo, foi verificado o desempenho de uma rede U-Net modificada para o processo de segmentação de gliomas detectados em imagens de ressonância magnética. Foi utilizado de uma base de dados pública, incorporando técnicas de aumento de dados. Após 60 épocas de treinamento, foram obtidos resultados promissores, com uma acurácia de 99,77%, IOU de 90,21%, e Dice de 98,59%.*

1. Introdução

O uso crescente da inteligência artificial no diagnóstico médico por imagens oferece eficiência, precisão e análises mais rápidas. Porém, essa abordagem visa apenas complementar a intervenção humana, utilizando a inteligência artificial como uma ferramenta para identificar padrões e anormalidades, especialmente em áreas onde a falibilidade humana é uma preocupação [Tang 2019, Oren et al. 2020].

Tendo em vista que o estudo de imagens de ressonância magnética é crucial para entender e detectar possíveis patologias em várias regiões do cérebro, porém a anotação manual dessas imagens por radiologistas é cara e muitas vezes ambígua [Despotović et al. 2015]. O presente estudo visa apresentar uma arquitetura de rede *U-Net* modificada para o processo de segmentação de gliomas detectados em imagens de ressonância magnética.

Foi utilizado de um base de dados pública da *The Cancer Imaging Archive* (TCIA)¹ com dados de 110 pacientes incluídos na coleção de gliomas de baixo grau do Atlas do Genoma do Câncer (TCGA).

2. Metodologia

A presente seção visa mostrar a metodologia adotada no presente estudo. O modelo foi treinado com 150 épocas e com uma *callback Early Stopping* para evitar *overfitting*, monitorando o *DICE*, e encerrando o treinamento após 30 épocas consecutivas sem melhoria.

¹"<https://wiki.cancerimagingarchive.net/pages/viewpage.action?pageId=5309188>"

2.1. Base de Dados

Os dados desta base consistem em imagens de ressonância magnética cerebral, especificamente da sequência de recuperação de inversão atenuada por fluido. Essas imagens foram obtidas do TCIA e correspondem a 110 pacientes incluídos na coleção de gliomas de baixo grau do TCGA.

Cada imagem possui uma máscara de segmentação para identificações de gliomas, aprovadas por um radiologista da *Duke University*. Essas máscaras são utilizadas para destacar e identificar áreas específicas de interesse ou anormalidades nas imagens de ressonância magnética, fornecendo dados para identificação de gliomas de baixo grau.

2.2. Preparação de Dados

Foi implementado um método de aumento de dados usando um gerador exclusivo para o treinamento, evitando duplicatas nos dados de teste. O gerador aplica técnicas como rotação, deslocamento, cisalhamento, *zoom* e inversão horizontal nas imagens e suas máscaras correspondentes. O processo é configurado para manter consistência nas transformações aplicadas a ambas as imagens e máscaras. Além disso, os valores de *pixel* nas imagens e máscaras são normalizados para o intervalo $[0,1]$. A máscara binariza os valores usando 0,5 como limiar, transformando valores acima desse limiar para 1 e valores iguais ou abaixo para 0.

No processo de avaliação do modelo, foram consideradas algumas métricas para mensurar o desempenho do modelo. Essas métricas utilizadas, foram o Índice de Jaccard (IOU), o Coeficiente de Similaridade de Sørensen (DICE), a acurácia e a perda (*loss*).

2.3. Modelo U-Net

A arquitetura *U-Net* foi alterada com a adição de blocos residuais e *dropout*, combinando a eficácia dos blocos residuais para treinamento mais profundo com a regularização do *dropout*. Os blocos residuais ajudam a superar desafios como o desaparecimento de gradientes, permitindo que o gradiente flua mais facilmente durante o treinamento. A Figura 1 mostra a arquitetura da rede utilizada no presente estudo.

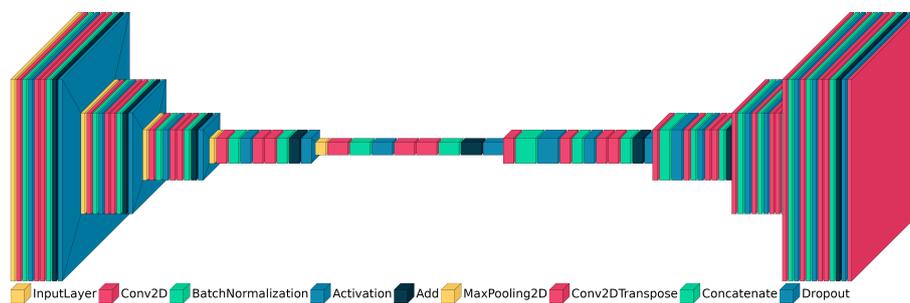


Figura 1. Arquitetura da Rede Neural Convolutacional

O modelo começa com blocos residuais que aplicam convoluções, normalização e ativação *ReLU* na imagem de entrada. Após cada bloco, ocorre *MaxPooling* para reduzir as dimensões da imagem. O *decoder* utiliza convoluções transpostas para aumentar as dimensões, concatenando com as camadas correspondentes do *encoder*. Os blocos residuais no *decoder* preservam informações durante o *upsampling*. A última camada usa

sigmoid para gerar uma máscara de segmentação binária, destacando as áreas relacionadas ao objeto de interesse.

A RNC foi implementada em *Python* [Van Rossum and Drake 2009] usando *Keras* [Chollet et al. 2015], com visualização facilitada pela *Visualkeras* [Gavrikov 2020] e os gráficos foram feitos com *Matplotlib* [Hunter 2007].

3. Resultados

Os resultados do treinamento e validação do modelo são apresentados na Figura 2. O gráfico apresenta as métricas utilizadas para avaliação. A arquitetura convergiu rapidamente durante o treinamento, alcançando estabilidade com 60 épocas.

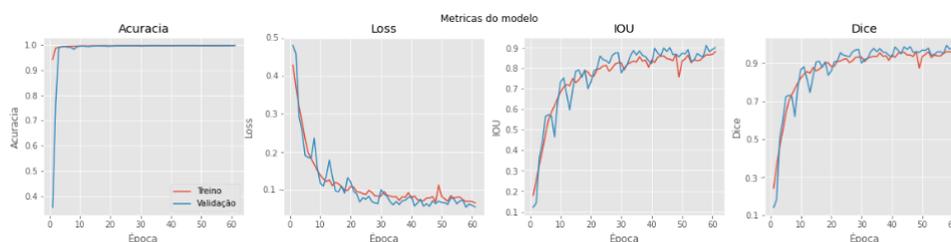


Figura 2. Resultados obtidos no conjunto de treinamento

As métricas que a rede alcançou no conjunto de testes constam na Tabela 1.

Tabela 1. Resultados Obtidos no Conjunto de Testes

Métrica	U-Net Modificada
Acurácia	99,77
IOU	90,21
Dice	98,59

A acurácia de 99,77% é um bom indicativo do desempenho do modelo na classificação dos *pixels* em gliomas e tecido normal. Por sua vez, o Índice de Jaccard (IOU) apresentou um valor 90,21%, sugerindo uma concordância entre as áreas segmentadas pelo modelo e as áreas verdadeiras dos gliomas. Por fim, o Coeficiente de Dice atingiu um valor de 98,59%, confirmando a habilidade do modelo em produzir máscaras de segmentação que são similares às áreas reais dos gliomas.

A Figura 3 exibe exemplos de segmentação provenientes de imagens apresentadas ao modelo durante os testes. Nela, pode ser verificado a precisão do modelo na identificação e delimitação dessas estruturas, evidenciando sua confiabilidade no processo de segmentação.

4. Conclusão

Este estudo propõe uma U-Net modificada com blocos residuais para auxiliar no processo de segmentação automática de gliomas, reconhecendo a rapidez de um diagnóstico como melhoria para a eficácia do tratamento. A metodologia envolveu o treinamento e análise do desempenho do modelo em um conjunto de dados público.

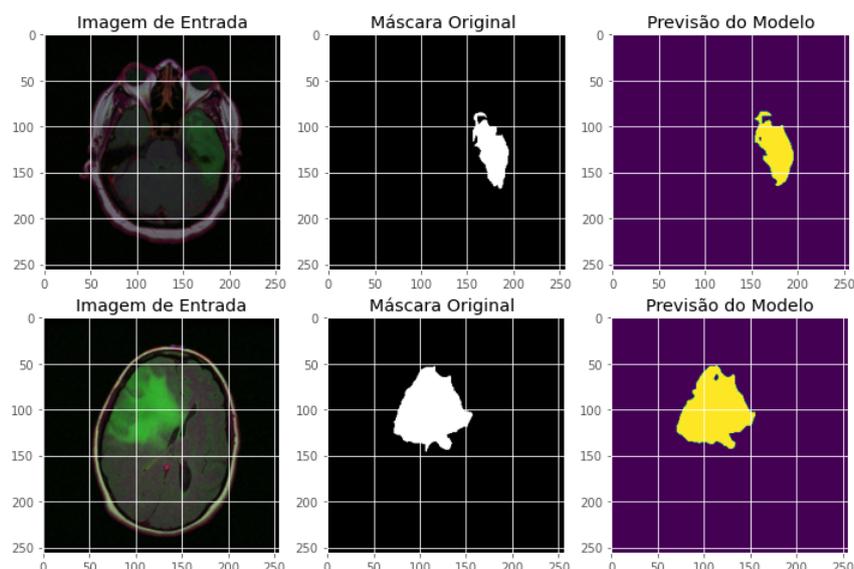


Figura 3. Exemplos de segmentação obtidos durante o processo de teste

Os resultados obtidos indicam que a arquitetura de rede é eficaz na tarefa de segmentação de gliomas em imagens de ressonância magnética. A combinação de alta acurácia e valores substanciais de IOU e Dice sugere que o modelo possui um desempenho preciso, podendo ser considerado uma ferramenta no contexto da detecção e delimitação de gliomas.

Referências

- Chollet, F. et al. (2015). Keras. <https://github.com/fchollet/keras>.
- Despotović, I. et al. (2015). Mri segmentation of the human brain: challenges, methods, and applications. *Computational and mathematical methods in medicine*, 2015.
- Gavrikov, P. (2020). Visualkeras. <https://github.com/paulgavrikov/visualkeras>.
- Hunter, J. D. (2007). Matplotlib: A 2d graphics environment. *Computing in Science & Engineering*, 9(3):90–95.
- Oren, O. et al. (2020). Artificial intelligence in medical imaging: switching from radiographic pathological data to clinically meaningful endpoints. *The Lancet Digital Health*, 2(9):e486–e488.
- Tang, X. (2019). The role of artificial intelligence in medical imaging research. *BJR—Open*, 2(1):20190031.
- Van Rossum, G. and Drake, F. L. (2009). *Python 3 Reference Manual*. CreateSpace, Scotts Valley, CA.