

Explorando DCGANs na geração de imagens citológicas para diagnóstico assistido por computador

Vitória Maria S. Bispo¹, Natália Fernanda de C. Meira¹,
Ricardo. A. R. Oliveira¹ Andrea G. Campos Bianchi¹

¹Departamento de Computação (DECOM)
Universidade Federal de Ouro Preto (UFOP) – Ouro Preto – MG – Brazil

vitmariasb@yahoo.com, nataliaf.meira@gmail.com,

rrabelo, andrea@ufop.edu.br

Abstract. *In cytology, the accuracy of computer-assisted diagnoses depends on training the artificial intelligence model with an extensive set of labeled data. This work proposes using Deep Convolutional Generative Adversarial Networks (DCGANs) to generate artificial images, aiming to increase the quantity and diversity of cytological samples available for training. Two models were developed: a conventional DCGAN and one pre-trained based on the parameters of the first. Qualitative results suggest that the synthetic images represent cervical cells of different classes, while preliminary results from the classifiers demonstrated an accuracy above 70%*

Resumo. *Na área de citologia, a precisão dos diagnósticos assistidos por computador depende do treinamento do modelo de inteligência artificial com um extenso conjunto de dados rotulados. Este trabalho propõe a utilização de Redes Generativas Adversárias Convolucionais Profundas (DCGANs) para gerar imagens artificiais para ampliar a quantidade e a diversidade das amostras citológicas para treinamento. Foram desenvolvidos dois modelos: uma DCGAN convencional e uma pré-treinada a partir dos parâmetros da primeira. Os resultados qualitativos sugerem que as imagens sintéticas produzidas são representativas de células cervicais de diferentes classes, enquanto os resultados preliminares dos classificadores demonstraram uma acurácia acima de 70%.*

1. Introdução

O exame citopatológico ou Papanicolau está entre os métodos para diagnóstico precoce do câncer cervical mais utilizados por ser uma abordagem de baixo custo, segura e indolor, além de comprovadamente ser uma técnica eficaz para o rastreamento de lesões citológicas. O rastreamento é realizado periodicamente por meio de inspeções visuais via microscopia ótica. Mesmo seguindo procedimentos rigorosos, ainda é suscetível a erros devido principalmente a subjetividade da interpretação das lesões [Rezende et al. 2021a].

O diagnóstico assistido por computador tem se tornado uma importante ferramenta para o apoio ao profissional da saúde [Lange and Ferris 2005]. Entretanto, os modelos computacionais de classificação requerem uma grande quantidade de dados para treinamento das tarefas [Yu et al. 2021]. Desse modo, um problema frequentemente enfrentado por métodos de aprendizado de máquina é o desbalanceamento dos dados reais e

a qualidade das informações. Uma abordagem eficiente é a aplicação de modelos generativos para a geração de dados sintéticos [Yu et al. 2021]. O objetivo geral deste trabalho consiste em implementar uma DCGAN capaz de gerar imagens sintéticas de citologia cervical de qualidade para diferentes classes de lesões celulares.

2. Metodologia

O processo de geração de imagens sintéticas é delineado pelas etapas de delimitação da base de dados, construção dos modelos generativos e avaliação qualitativa.

2.1. Base de dados reais

Os modelos implementados neste trabalho utilizam os seguintes bancos de dados de imagens de células cervicais reais para o treinamento: a base de dados *SIPaKMeD* [Plissiti et al. 2018] e o *CRIC-Cervix* [Rezende et al. 2021b].

O banco de dados *SIPaKMeD* é composto por 4.031 células cervicais reais manualmente recortadas e classificadas, originárias de 966 imagens de lâminas do exame de Papanicolau em meio líquido (menor sobreposição e artefatos). As células recortadas estão separadas em três classes: células normais (*Superficial-Intermediate e Parabasal*), células anormais (*Koilocytotic e Dyskeratotic*) e células benignas (*Metaplastic*). As classificações seguem o tipo celular e foram realizada por citopatologistas profissionais de acordo com a aparência e morfologia celular [Plissiti et al. 2018].

O banco de dados *CRIC Cervix* possui uma coleção de imagens obtidas através do Papanicolau convencional (maior nível de sobreposição e artefatos). A base de dados contém 400 imagens com 11.534 células identificadas e classificadas manualmente de acordo com o tipo de lesão celular. A rotulação foi realizada por três citopatologistas, seguindo o protocolo de classificação de lesões celulares definidos pelo Sistema *Bethesda*, sistema mundialmente aceito para classificação de lesões celulares. Apesar do conjunto de dados ser originalmente dividido em seis classes, a metodologia adotada neste trabalho seguiu a proposta de [Diniz et al. 2021] de 3 classes, não lesionadas (NILM), lesão de baixo grau (ASC-US e LSIL) e lesão de alto grau (ASC-H, HSIL e SCC) [Rezende et al. 2021b].

2.2. Arquitetura do modelo

As Redes Generativas Adversárias (GANs) consistem em modelos de aprendizagem de máquina baseados *game theory*, ou seja, dois jogadores adversários são criados com o mesmo objetivo: derrotar o outro participante. O primeiro deles, o gerador, é responsável por aprender a gerar amostras falsas através de ruídos; e o segundo, o discriminador, examina as amostras produzidas e retorna uma estimativa de quão real ou falsa ela é [Goodfellow et al. 2020].

As DCGANs foram introduzidas por [Radford et al. 2016], são uma estrutura de GANs convolucionais e profundas, cuja arquitetura foi modificada incluindo a eliminação das camadas totalmente conectadas e a incorporação de normalização em lote tanto no gerador quanto no discriminador. No gerador, a função de ativação *ReLU* foi usada em todas as camadas, exceto na camada de saída, que emprega a função de tangente hiperbólica. Quanto ao discriminador, a ativação *LeakyReLU* foi aplicada em todas as camadas [Radford et al. 2016], Figura 1.

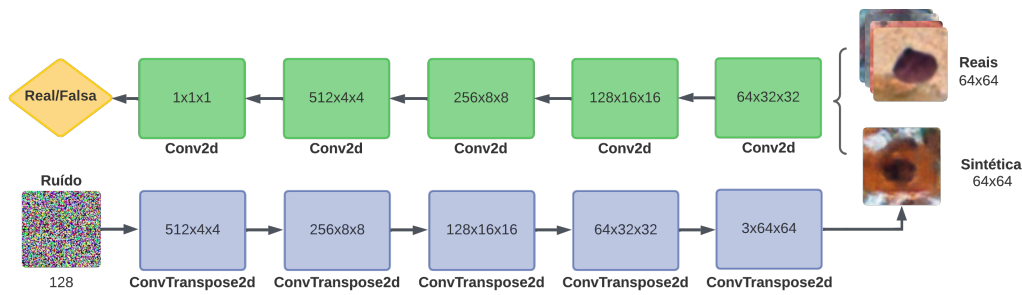


Figura 1: Arquitetura das DCGANs utilizada.

3. Resultados

O experimento consistiu na utilização de duas DCGANs semelhantes. A primeira DCGAN foi configurada de acordo com os parâmetros descritos por [Radford et al. 2016] e foi treinada com os dados da base SIPaKMeD, visando aprender a representar estruturas celulares básicas. O modelo foi treinado ao longo de 250 épocas e, ao final deste processo, os pesos mais recentes foram armazenados para realizar o aprendizado por transferência no treinamento da segunda DCGAN (pré-treinada). A Figura 2 exibe as células sintéticas geradas pela primeira DCGAN.

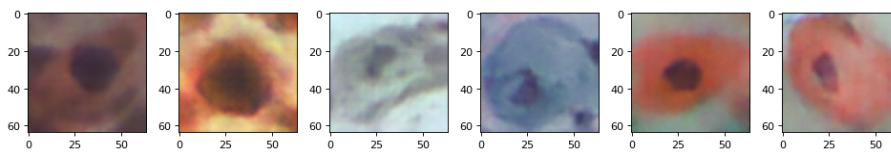


Figura 2: Células sintéticas geradas pela DCGAN padrão a partir da SIPaKMeD.

O segundo treinamento foi conduzido utilizando a base de dados CRIC-Cervix. Foram implementados três modelos separados de DCGAN, cada um correspondendo a uma classe específica: sem lesão, lesão de baixo grau e lesão de alto grau, representados respectivamente nas Figuras 3 (a), (b) e (c). Cada modelo foi treinado ao longo de 350 épocas.

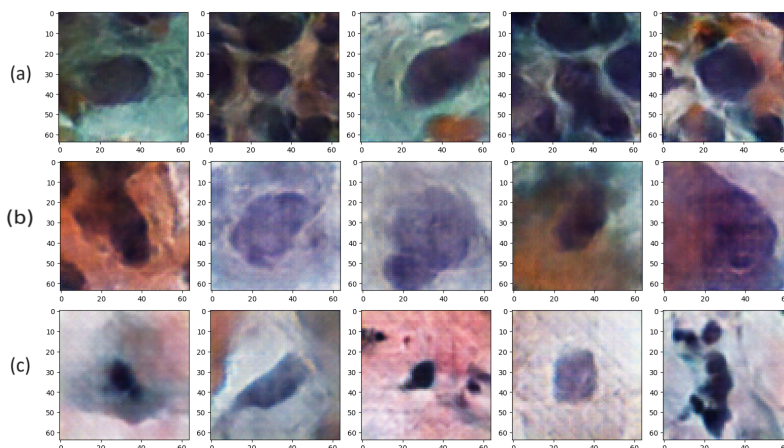


Figura 3: Células sintéticas geradas por DCGANs treinadas com a CRIC-Cervix. Em (a) células com lesões de alto grau, (b) de baixo grau, e (c) e normais.

4. Considerações Finais

Este artigo utilizou DCGANs para gerar imagens sintéticas de citologia cervical, com o objetivo de aumentar a quantidade e a diversidade de dados de conjuntos de citologia cervical. A investigação buscou avaliar a viabilidade do uso de GANs na geração de imagens sintéticas como uma alternativa eficaz para o aumento de conjuntos de dados biológicos.

Observa-se que, a aplicação da técnica de aprendizado por transferência, possibilitou a geração de imagens sintéticas com uma ampla diversidade morfológica das estruturas celulares. As avaliações qualitativas por inspeção visual permitiram identificar diferentes tipos celulares. Resultados preliminares obtidos por meio de uma rede neural convolucional para classificação das imagens sintéticas resultaram em precisões superiores a 70% para os três níveis de lesões.

5. Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio do CNPq, UFOP, FAPEMIG e da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

Referências

- Diniz, D. N., Rezende, M. T., Bianchi, A. G., Carneiro, C. M., Ushizima, D. M., de Medeiros, F. N., and Souza, M. J. (2021). A hierarchical feature-based methodology to perform cervical cancer classification. *Applied Sciences*, 11(9):4091.
- Goodfellow, I., Pouget-Abadie, J., Mirza, M., Xu, B., Warde-Farley, D., Ozair, S., Courville, A., and Bengio, Y. (2020). Generative adversarial networks. *Commun. ACM*, 63(11):139–144.
- Lange, H. and Ferris, D. G. (2005). Computer-aided-diagnosis (cad) for colposcopy. In *Medical Imaging 2005: Image Processing*, volume 5747, pages 71–84. SPIE.
- Plissiti, M. E., Dimitrakopoulos, P., Sfikas, G., Nikou, C., Krikoni, O., and Charchanti, A. V. (2018). Sipakmed: A new dataset for feature and image based classification of normal and pathological cervical cells in pap smear images. *2018 25th IEEE Int. Conf. on Image Proc. (ICIP)*, pages 3144–3148.
- Radford, A., Metz, L., and Chintala, S. (2016). Unsupervised representation learning with deep convolutional generative adversarial networks. In *4th Int. Conf. on Learn. Rep., ICLR 2016*.
- Rezende, M. T., Bianchi, A. G. C., and Carneiro, C. M. (2021a). Cervical cancer: Automation of pap test screening. *Diag. Cyto.*, 49(4):559–574.
- Rezende, M. T., Silva, R., Bernardo, F. d. O., Tobias, A. H., Oliveira, P. H., Machado, T. M., Costa, C. S., Medeiros, F. N., Ushizima, D. M., Carneiro, C. M., et al. (2021b). Cric searchable image database as a public platform for conventional pap smear cytology data. *Scientific Data*, 8(1):1–8.
- Yu, S., Zhang, S., Wang, B., Dun, H., Xu, L., Huang, X., Shi, E., and Feng, X. (2021). Generative adversarial network based data augmentation to improve cervical cell classification model. *Math. Bio. and Eng.*, 18:1740–1753.