

Segmentação automática de núcleos cervicais em imagens de Papanicolaou

Julia Beatriz A. Teixeira¹, Mariana T. Rezende², Débora N. Diniz¹,
Claudia M. Carneiro², Eduardo J. da S. Luz¹, Marccone J. F. Souza¹,
Daniela M. Ushizima³, Fátima N. S. de Medeiros⁴, Andrea G. C. Bianchi¹

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

²Departamento de Análises Clínicas, Universidade Federal de Ouro Preto (UFOP)
Ouro Preto, MG, Brazil

³Department of Energy, University of California - Berkeley (UC Berkeley)
Berkeley, CA, United States of America

⁴Departamento de Engenharia de Teleinformática, Universidade Federal do Ceará (UFC)
Fortaleza, CE, Brazil

juliabeatrizazt@gmail.com, {mariana.trevisan, debora.diniz}@aluno.ufop.edu.br,
{carneirocm, eduluz, marccone}@ufop.edu.br, dushizima@lbl.gov,
fsombra@ufc.com.br, andrea@ufop.edu.br

Abstract. *Analyzing cervical cells from conventional Pap smears is still a major challenge. Unlike the exam images in a liquid medium, conventional cytology has a lot of cellular overlap and several epithelial structures that make it difficult to implement computational methodologies that can support the automation of exams. This work compares the performance of two deep learning convolutional neural network architectures to segment cellular nuclei. Our assessment considered the use of a new segmentation database. The results showed that our proposal could segment cell nuclei from conventional cytology images with multiple cells and overlap.*

Resumo. *A análise de células cervicais a partir de exames de Papanicolaou convencionais ainda é um grande desafio. Diferentemente das imagens de exame em meio líquido, a citologia convencional possui muita sobreposição celular e diversas estruturas epiteliais que dificultam a implementação de metodologias computacionais que possam dar suporte à automação dos exames. Este trabalho compara o desempenho de duas arquiteturas de redes neurais convolucionais para segmentar núcleos celulares. A avaliação considerou o uso de um novo banco de dados de segmentação. Os resultados mostraram que nossa proposta consegue segmentar núcleos celulares a partir de imagens de citologia convencional com múltiplas células e sobreposição.*

1. Introdução

Segundo o Instituto Nacional de Câncer [INCA 2020], o câncer do colo do útero é responsável pela morte de 311 mil mulheres no Brasil por ano, sendo apontado como a

quarta causa mais frequente de morte por câncer em mulheres. O Ministério da Saúde preconiza o rastreamento a cada 3 anos após dois exames anuais consecutivos normais. Após a coleta, o material é encaminhado ao laboratório para uma inspeção visual. No microscópio óptico o profissional realiza a interpretação da imagem observada, que é feita manualmente através do reconhecimento e da identificação de estruturas celulares, seguindo os protocolos de avaliação de lesões celulares baseados em protocolos adotados mundialmente [Nayar and Wilbur 2017].

Apesar da constante atualização dos profissionais e dos protocolos de avaliação exigidos pelo Ministério da Saúde, o exame de Papanicolaou ainda apresenta limitações. Sabe-se que a interpretação visual de uma lâmina é extensa, subjetiva e necessita de muito conhecimento técnico por parte do profissional. Nesse contexto, visando melhorar a qualidade dos resultados gerados nos exames de Papanicolaou e apoiar o serviço do profissional é possível incluir metodologias que automatizem a triagem, categorizando as imagens citológicas nas diferentes lesões, para posterior avaliação do citopatologista.

Inspirando-se no processo manual de interpretação realizado pelo citopatologista, o primeiro passo para a identificação de alterações malignas nas células é a sua localização, seguido da classificação. Ao invés de usar modelos de redes neurais convolucionais que realizam a classificação da imagem independente da segmentação, neste artigo trataremos soluções que permitam isolar a região de maior probabilidade de lesão.

Baseada na hipótese de que o núcleo contém grande parte das informações responsáveis por determinar a lesão celular [Diniz et al. 2021, Silva et al. 2019], a proposta deste artigo é realizar a segmentação automática de células cervicais em imagens de Papanicolaou por meio de Redes Neurais Convolucionais (*Convolutional Neural Networks - CNNs*) usando a base de dados CRIC Cervix de segmentação, denominada **CRIC Cervix Seg**, ainda não utilizada em publicações anteriores. Destacamos ainda a comparação de duas arquiteturas de CNNs para analisar a segmentação de imagens reais de células cervicais obtidas a partir de exames de Papanicolaou convencionais.

As principais contribuições deste trabalho podem ser resumidas como: (i) uma proposta de segmentação automática de núcleos celulares utilizando rede neural convolucional em imagens reais análogas a do exame de Papanicolaou, citologia convencional, ao invés de imagens de meio líquido; (ii) utilização de imagens com grupos de células ao invés de células recortadas e isoladas; e, finalmente, (iii) a apresentação de um conjunto de dados representativo de segmentação para núcleos celulares.

2. Estado da arte

Na proposta desenvolvida em [Long et al. 2015], as Redes Neurais Artificiais Totalmente Convolucionais (*Fully Convolutional Network - FCN*) utilizaram a segmentação semântica de imagens para produzir como saída uma máscara nas mesmas dimensões que a imagem de entrada. Sua principal vantagem é a ausência de camadas completamente conectadas, melhorando assim seu tempo de execução. As arquiteturas AlexNet, VGG-net [Simonyan and Zisserman 2014] e GoogLeNet [Szegedy et al. 2014] foram adaptadas para segmentação, substituindo suas camadas de saída densas por camadas de convolução. A abordagem superou o estado da arte dos bancos de dados tradicionais da literatura.

Os melhores resultados de segmentação em imagens biológicas utilizando CNN

foram obtidos pela arquitetura U-Net [Ronneberger et al. 2015]. A arquitetura U-Net consiste em 28 camadas de convolução, divididas em 9 blocos convolucionais para o *encoder* e o *decoder*. Os blocos convolucionais do *encoder* são seguidos de *MaxPooling*, na qual são selecionadas as informações mais importantes para captura de contexto. Já no *decoder* são seguidos de camadas de convolução transposta para restaurar a resolução da imagem e capturar informações de localização. As técnicas de aumento de dados promoveram uma melhoria no desempenho dos modelos para a base de dados ISBI [Lu et al. 2015].

Outro marco da segmentação, foi apresentado em 2015 pela arquitetura SegNet [Kendall et al. 2015]. O seu *encoder* foi composto por uma rede VGG16 pré-treinada (transferência de aprendizado), o que permitiu a redução significativa no número de parâmetros. A principal novidade do modelo é a reutilização dos índices de *pooling* na reestruturação espacial da imagem. A arquitetura obteve resultados competitivos em base de dados CamVid [Brostow et al. 2009] e menor consumo de memória, ultrapassando métodos estado da arte para segmentação de prédios, árvores, entre outras estruturas.

A proposta principal em [Araújo et al. 2019] foi construir uma ferramenta baseada em *deep learning* para a detecção de células cervicais com lesões. Dadas as imagens de entrada, a ferramenta computacional atribui a probabilidade dessa imagem conter células anormais. Este artigo foi a primeira abordagem utilizando imagens reais, as quais pertencem a um subconjunto da base de dados CRIC Cervix [Rezende et al. 2021]. Uma CNN de arquitetura LeNet pré-treinada aplicou uma classificação pixel a pixel da probabilidade de conter uma célula anormal. Com o objetivo final de atingir apenas células anormais, os resultados obtidos foram: 73 % de precisão e *mAP* (*Mean Average Precision*) de 0,936% para classificação de células anormais. Precisão está relacionado ao número de células identificadas corretamente entre as positivas, e o *mAP* é a média sobre o número de classes, após obtermos a precisão média para cada classe, mais detalhes na Seção 3.3

Em 2020, [Zou et al. 2020] apresentaram um modelo de rede neural convolucional para segmentação e posterior classificação das células. A abordagem consiste na segmentação do núcleo utilizando o modelo Mask R-CNN. Ainda, através de 15 arquiteturas de CNNs pré-treinadas com a base de dados ImageNet, foi obtida a classificação centrada ao núcleo da célula recém segmentada. Por fim, o autor conclui que todos os modelos atingiram bons resultados e a abordagem do núcleo como principal agente na classificação é promissora.

A partir do resultado do algoritmo de detecção YOLOv3, [Xiang et al. 2020] apresentaram resultados para a classificação de lesões através da arquitetura InceptionV3. A metodologia tornou-se possível pela reutilização da saída do método de detecção, caixas delimitadoras da região da célula, como entrada para o classificador. A detecção foi necessária pela utilização de uma base de dados própria de múltiplas células em meio aquoso. Por fim, obteve-se *mAP* de 60,2% para detecção, e 89,3% de acurácia, 97,5% de sensibilidade e 67,8% de especificidade para classificação.

Fundamentado na eficácia de FCNs, [Hussain et al. 2020] apresentaram uma abordagem para segmentação de núcleos cervicais. A metodologia consiste no modelo pré-treinado SRM (*Shape representation model*) para aprender as informações dos núcleos baseado na verdade-terrestre da segmentação dada como entrada. Em seguida, a saída do modelo é utilizada como entrada para a arquitetura proposta. Baseada no modelo U-net, a

arquitetura consiste na metodologia *encoder-decoder*, apenas com a adição de conexões residuais e blocos densamente conectados. O método proposto obteve os melhores resultados nas medidas Dice, precisão, revocação e acurácia comparados ao modelo U-net e Mask R-CNN para a base de dados utilizada.

3. Materiais e Métodos

Neste trabalho investiga-se o uso de redes neurais convolucionais para a segmentação de células cervicais em imagens análogas às de exame do Papanicolaou, imagens típicas observadas por um citopatologista. Esta seção apresenta a base de dados utilizada, as duas arquiteturas de CNNs usadas para a segmentação dos núcleos em células cervicais, as redes U-net [Ronneberger et al. 2015] e a SegNet [Kendall et al. 2015], e as medidas de avaliação.

3.1. Base de Dados de Segmentação

Vários autores abordaram segmentação de células envolvendo bases de dados contendo células únicas (recortadas) ou sintéticas [Araújo et al. 2019, Liu et al. 2018]. Células que não remetem a situações reais, pois estas apresentam um maior nível de complexidade quanto a sobreposição e artefatos na imagem. Temos ainda trabalhos envolvendo bases de dados com amostras coletadas em meio líquido [Zhang et al. 2017, Zhang et al. 2019, Allehaibi et al. 2019, Wan et al. 2019, Xiang et al. 2020, Zou et al. 2020]. Embora sejam imagens reais, o meio líquido não é um método acessível para a maioria das mulheres no Brasil pois é de alto custo quando comparado ao convencional, assim países de média e baixa renda ainda enfrentam grandes desafios para sua implementação.

Em contraste aos trabalhos anteriores, [Araújo et al. 2019] abordaram a classificação e a delimitação de regiões de interesse para núcleos em imagens convencionais, classificadas de acordo com o sistema Bethesda [Nayar and Wilbur 2017]. Outros dois trabalhos usaram bases reais convencionais [Win et al. 2020] e [Hussain et al. 2020], são elas, a SIPaKMeD [Plissiti et al. 2018] e uma base de dados privada [Hussain et al. 2020]. A SIPaKMeD ainda que apresente imagens reais não é classificada em função das lesões celulares, mas em tipos de células.

Neste artigo fizemos uso da plataforma web CRIC¹ para desenvolver uma coleção de dados de **segmentação** a partir das imagens da base de dados CRIC Cervix [Rezende et al. 2021], essa nova coleção com núcleos segmentados denominamos **CRIC Cervix-Seg**. A partir das imagens foram geradas *segmentações manuais* de 3.222 núcleos celulares. As segmentações foram realizadas por especialistas e seguiram critérios de diversidade e qualidade.

As células foram segmentadas e depois classificadas seguindo a nomenclatura Bethesda em seis (6) classes: negativo para lesão intraepitelial ou malignidade (NILM); células escamosas atípicas de significado indeterminado, possivelmente não neoplásicas (ASC-US); lesão intraepitelial escamosa de baixo grau (LSIL); células escamosas atípicas, não podendo excluir lesão de alto grau (ASC-H); lesão intraepitelial escamosa de alto grau (HSIL); e carcinoma em células escamosas (SCC).

¹<https://database.cric.com.br/>

A base é composta por imagens contendo um número variável de células segmentadas, ou seja, em uma imagem não são todas as células que foram segmentadas, como demonstrado na Figura 1(a). As imagens possuem *Ground Truth (GT)* para segmentação das regiões do núcleo e do citoplasma. Como a base CRIC Cervix Seg é composta por imagens parcialmente segmentadas por citopatologistas foi necessário um pré-processamento, apresentado em Figura 1(b).

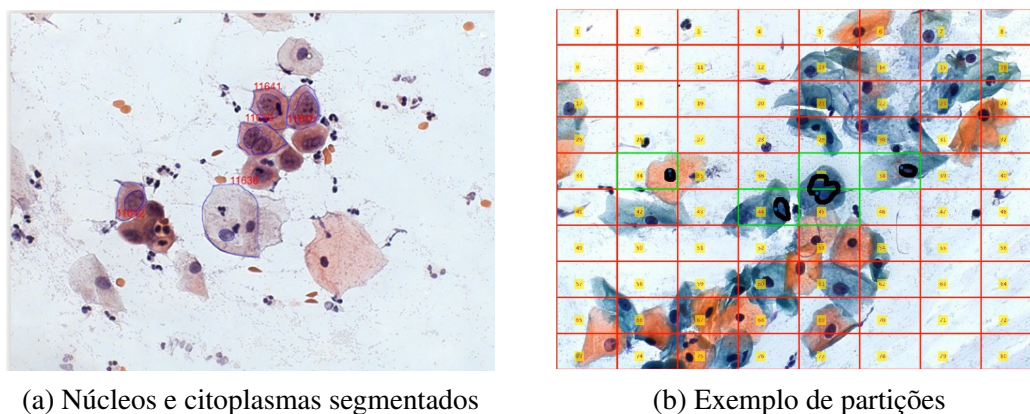


Figura 1. Imagens da base de dados de segmentação, CRIC Cervix Seg, imagem original e suas partições

As imagens foram submetidas a recortes (128 x 128) e posteriormente passaram por uma avaliação do citopatologista para aprovação via inspeção visual, Figura 1(b). A inspeção seguiu os seguintes passos: divisão das imagens em recortes, seleção visual e manual dos recortes por um especialista em citologia, armazenagem dos recortes que possuíam informações de todos os núcleos segmentados (do recorte) e respectivas segmentações. Dessa forma criamos uma base de dados com recortes da imagem original apenas em regiões que existiam núcleos segmentados. Em seguida, as imagens foram divididas aleatoriamente para treinamento (treino e validação) e teste; mais detalhes na Seção 4.

3.2. Arquiteturas de Redes Neurais Convolucionais

A U-net proposta para a segmentação de imagens biomédicas no Desafio de segmentação ISBI2015 [Ronneberger et al. 2015], se destacou pela abordagem de reaproveitamento dos mapas de características do *encoder* no *decoder* da rede. Sua arquitetura totalmente convolucional é apropriada à segmentação semântica. No *encoder*, as características são extraídas e a dimensão espacial toma proporções menores. Cada bloco de convolução consiste em 3 camadas de convolução cada uma seguida da função de ativação ReLU, e ao final do bloco a operação de *MaxPooling*. Para restaurar a resolução da imagem e capturar as informações de localização o *decoder* consiste em blocos de convolução seguidos de convoluções transpostas. A arquitetura é apresentada na Figura 2.

A abordagem *copy-and-crop* proposta pela U-Net consiste em recortar os mapas de características para a dimensão de entrada das camadas que reconstroem a proporção original da imagem. Desse modo, a U-net reutiliza as saídas das camadas do *encoder* como entrada para as camadas do *decoder*, haja vista que assim a arquitetura permite reaproveitar as características extraídas anteriormente.

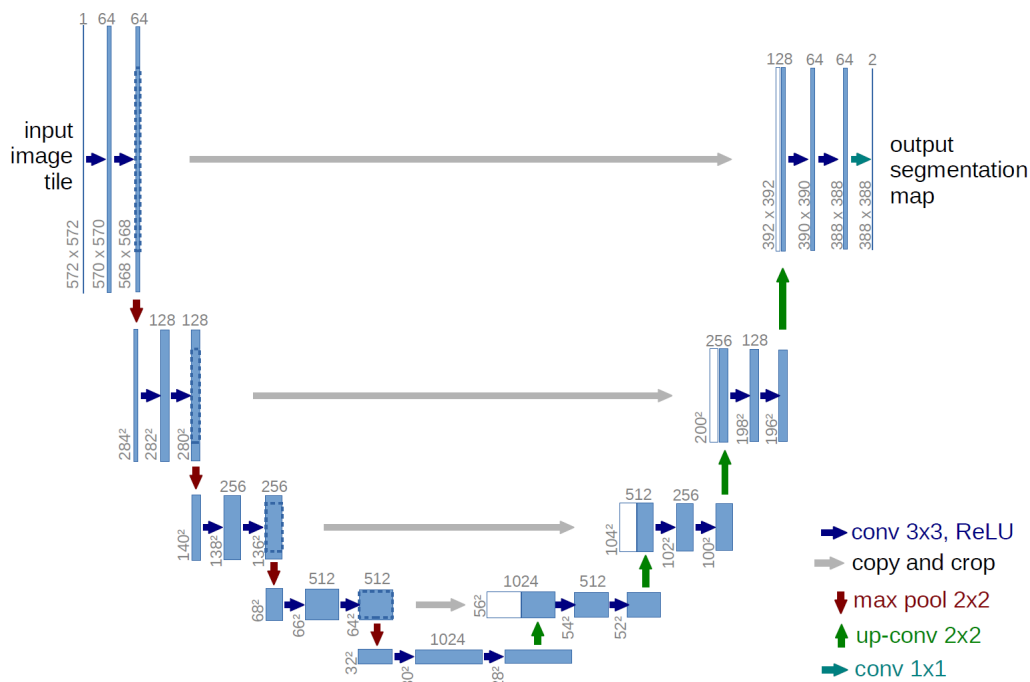


Figura 2. Representação da arquitetura U-net [Ronneberger et al. 2015].

Ainda que não existam trabalhos na literatura que envolvam a SegNet para segmentação de núcleos de citologia cervical, a arquitetura se destacou na retenção de detalhes através do conjunto de dados de imagens de ruas [Kendall et al. 2015]. Em distinção à U-net, a arquitetura SegNet trouxe a novidade da reconstrução dos mapas de características através dos índices de subamostragem armazenados e suas posições. Dessa forma, são mantidas as posições dos *pixels* mais significativos dos mapas de características para que a sobreamostragem possa reconstruir a resolução original da imagem. A técnica é demonstrada na Figura 3.

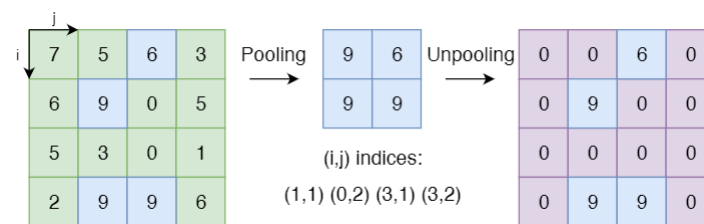


Figura 3. Demonstração da técnica de reconstrução da resolução inicial com os índices do *MaxPooling* [Paillassa et al. 2019]

O *encoder* da rede consiste em uma arquitetura VGG16 pré-treinada pela base de dados da ImageNet, usamos a técnica de transferência de aprendizagem. Através da remoção das camadas totalmente conectadas da arquitetura original, atingindo-se a diminuição de 134M para 14,7M em número de parâmetros. Além disso, cada bloco de convolução é seguido de uma normalização em lote, função de ativação (ReLU) e *Max-Pooling*, como mostra a Figura 4.

O treinamento de ambas as redes foi dividido em ciclos de treinamento. Após o

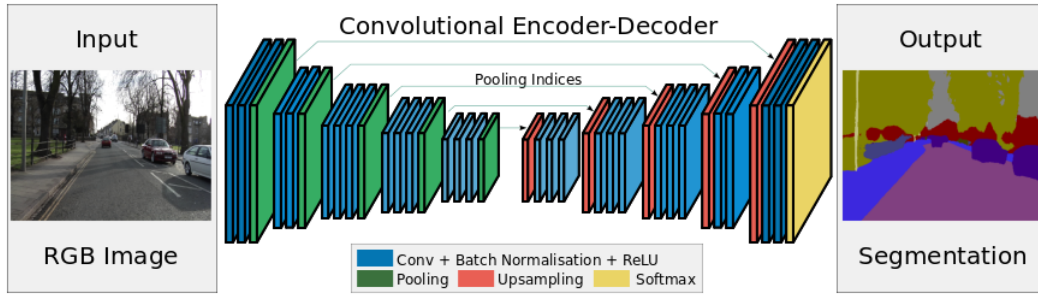


Figura 4. Arquitetura SegNet [Kendall et al. 2015]

modelo completar uma época de treinamento, é verificado se houve ou não melhora em relação ao resultado da época anterior. Se a perda da validação apresentar diminuição, os pesos da rede são salvos. Nesse aspecto, isso garante que os valores dos parâmetros treináveis sejam os melhores encontrados durante o treinamento. Ainda, a aplicação da técnica de parada antecipada determina que aquele ciclo de treinamento seja interrompido após um número π_{pa} de épocas sem melhora.

3.3. Medidas de Avaliação

De acordo com [Amorim et al. 2020], entre as medidas mais recorrentes para segmentação de esfregaços de Papanicolaou no período 2016-2020 estão a acurácia e o coeficiente de Dice [Gençtav et al. 2012], seguidos da revocação e precisão.

O coeficiente Dice visa comparar *pixels* comuns de dois conjuntos de regiões de interesse (ROIs). O cálculo de similaridade é dado pela comparação das regiões segmentadas pela proposta e pelo GT. A fórmula é igual ao dobro do número de elementos comuns às duas imagens (classificadas corretamente) dividido pela soma do número total de *pixels* em cada uma. O desempenho da segmentação de núcleos individuais é avaliado usando o valor médio do coeficiente de Dice, como mostra a Eq. (1).

$$DSC = \frac{2TP}{2TP + FP + FN}. \quad (1)$$

O número de verdadeiros positivos (TP) indica os *pixels* corretamente classificados como pertencentes a uma região. Os falsos positivos (FP) referem-se a *pixels* no fundo classificados erroneamente como parte da região e os falsos negativos (FN), *pixels* pertencentes aos núcleos erroneamente classificados como pertencentes ao fundo. Os verdadeiros negativos (TN) denotam os *pixels* que não pertencem aos núcleos corretamente classificados como fundo.

A acurácia indica o desempenho geral do modelo, a porcentagem de verdadeiros negativos (TN) e verdadeiros positivos (TP) de toda a classificação no conjunto de dados segundo exhibe a Eq. (2).

$$Acc = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN}. \quad (2)$$

A revocação é a porcentagem de dados positivos que foram corretamente classificados como positivos como mostra a Eq. (3).

$$Rev = \frac{TP}{TP + FN}. \quad (3)$$

A precisão, Eq. (4), expõe as avaliações positivas e quantas estão corretas.

$$Prec = \frac{TP}{TP + FP}. \quad (4)$$

4. Resultados e Discussões

Realizamos a implementação das redes U-net e SegNet e os experimentos foram executados para a base de dados *CRIC Cervix Seg*. Os experimentos foram executados através da máquina virtual do *Google Colaboratory*². A construção das CNNs foi feita em *Python* através da utilização da biblioteca *Tensorflow/Keras*³.

Os parâmetros das redes variados foram: **tamanho de lote**, **função de ativação** e **normalização em lote**. O tamanho de lote foi variado de acordo com as limitações do *hardware* e variaram de 16, 32 e 64. A aplicação da normalização em lote visa avaliar a capacidade de generalização da técnica, pode ser usada ou não. Por fim, as funções de ativação tem o intuito de evitar a morte dos neurônios ocasionada pela aplicação da função de ReLU, empregada nas arquiteturas originais. A Tabela 1 apresenta a variação de parâmetros para o treinamento.

Tabela 1. Variação de parâmetros das redes durante o treinamento.

Parâmetros	Valores atribuídos
Tamanho do lote	[16,32,64]
Normalização em lote	[Verdadeiro, Falso]
Função de ativação	[ReLU, Mish, Swish, Elu, LeakyRelu]

Todos os experimentos foram executados em 4 vezes de 300 épocas (ou ciclos de treinamento). A taxa de aprendizado inicial foi obtida através da observação do treinamento das arquiteturas em um intervalo de $[10^{-7}, 10^{-2}]$ em 300 épocas. Assim, a taxa de aprendizado foi definida como 10^{-3} e dividida por 10 quando necessário, até atingir o limite inferior de $\pi_{lr} = 10^{-6}$. Por fim, definimos uma *parada antecipada* que ocorria no ciclo de treinamento quando o modelo atinja $\pi_{pa} = 25$ épocas sem melhora.

Por fim, as predições das arquiteturas são feitas através da função de ativação *sigmoid* em um intervalo de probabilidade de 0 a 1. Para a execução dos experimentos foram geradas k bases de dados, com $k = 5$. O conjunto de dados de segmentação foi dividido aleatoriamente em 80% para treinamento e 20% para teste. Em seguida, a base de treino é dividida em treino e validação. Por fim, o resultado apresentado é uma média dos resultados de cada experimento, para cada experimento. Cada conjunto de treinamento foi incrementado com o auxílio de técnicas de aumento de dados.

²colab.research.google.com

³www.tensorflow.org

Tabela 2. Resultados da metodologia proposta usando CRIC Cervix Seg.

Método	Precisão	Revocação	Dice	Acurácia
U-net com Normalização em lote	0,9418	0,9307	0,9352	0,9582
U-net sem Normalização em lote	0,9524	0,9336	0,9429	0,9560
SegNet com Normalização em lote	0,9027	0,9166	0,9096	0,9552
SegNet sem Normalização em lote	0,8026	0,6544	0,7130	0,9042

A Tabela 2 apresenta os melhores resultados das medidas para as arquiteturas consideradas. Nota-se que a **U-net sem normalização em lote** obteve os melhores resultados de precisão, revocação e coeficiente de Dice. O melhor valor de acurácia também foi para uma U-net, mas com normalização em lote. No geral a U-net mostrou-se ligeiramente superior à Segnet, mostrando-se capaz de segmentar núcleos celulares cervicais com qualidade.

Nos resultados de predições as variações de cores indicam a possibilidade do *pixel* pertencer à região do núcleo, variando de amarelo a roxo (passando pelo azul), onde amarelo indica mais provável e roxo menos provável. As Figuras 5 apresentam as imagens originais em (a), (d) (g) e (i), os GTs em (b), (e), (h) e (k) e suas predições em (c), (f), (i) e (l) para cada arquitetura.

Por fim, utilizamos o treinamento e os melhores resultados de parâmetros da rede U-net para a predição em uma imagem real e inteira (com várias células, núcleos e outras estruturas). A Figura 6 apresenta a imagem real em (a), o resultado da predição em função das probabilidades do *pixel* em (b) e seu GT em (c). Na predição, é possível observar que os núcleos que estão próximos ou atrás de neutrófilos foram parcialmente ou não segmentados. Outro ponto importante, é a capacidade do modelo treinado com recortes de núcleos gerar recortes sem informação, ou seja, o desempenho do modelo gerou resultados com alto número de verdadeiros negativos. Em suma, o modelo conseguiu segmentar grande parte dos núcleos com qualidade, diferenciando de forma satisfatória núcleos, fundo e outras estruturas.

5. Conclusões

Esse trabalho propôs uma metodologia para a segmentação automática de imagens de células cervicais reais usando redes neurais convolucionais, assim como o seu treinamento utilizando uma base de dados inédita. A segmentação de núcleos cervicais é um passo importante para a classificação, visto que o núcleo apresenta informações essenciais ao diagnóstico, e pode ser considerado um pré-processamento para a classificação automática. Nesse aspecto, o principal objetivo desse trabalho foi verificar o desempenho de arquiteturas de CNNs quando aplicadas à segmentação de núcleos reais de citologia cervical convencional. Foram investigados os modelos U-net e SegNet por meio das medidas acurácia, coeficiente Dice, revocação e precisão.

Por fim, os resultados indicaram altos valores de precisão, revocação e coeficiente de Dice; logo, a metodologia proposta se mostrou capaz de segmentar núcleos cervicais reais, mesmo em situações de sobreposição e diferentes artefatos biológicos. Uma vez definidas novas abordagens e um modelo de segmentação para as imagens reais, os trabalhos futuros evoluirão para uma ferramenta de segmentação seguida da classificação dos núcleos cervicais, assim como submeter esses resultados a avaliação de especialistas da

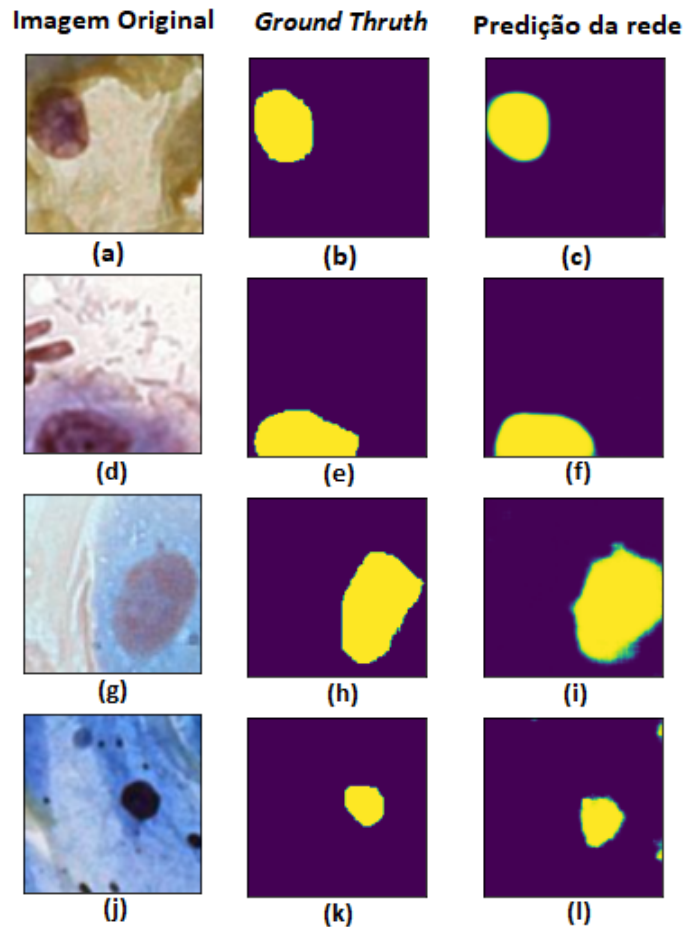


Figura 5. Predição usando (a) U-net com normalização em lote e (d) sem normalização em lote; (g) SegNet com normalização em lote e (j) sem normalização em lote. Imagens originais, *Ground Truth* e Predições das redes.

área de saúde e mensurar o impacto dessa tecnologia na rotina e apoio nos laboratórios.

6. Agradecimentos

Este trabalho foi financiado pelo CNPq, Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001, FAPEMIG, PPSUS-FAPEMIG, PROPPI/UFOP, Moore-Sloan Foundation, and Office of Science, of the US Department of Energy under Contract No.DE-AC02-05CH11231. Agradecimento ao Laboratório Multiusuários de Microscopia Avançada e Microanálise do Núcleo de Pesquisas em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Ouro Preto, MG.

Referências

- Allehaibi, K. H. S., Nugroho, L. E., Lazuardi, L., Prabuwo, A. S., Mantoro, T., et al. (2019). Segmentation and classification of cervical cells using deep learning. *IEEE Access*, 7:116925–116941.
- Amorim, J. G., Cerentini, A., Macarini, L. A. B., Matias, A. V., and von Wangenheim, A. (2020). Systematic literature review of computer vision-aided cytology.

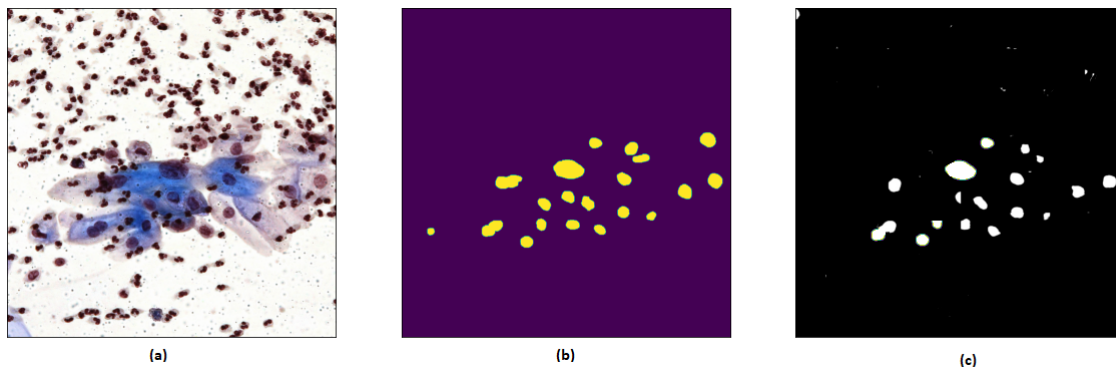


Figura 6. Predição com os pesos do melhor resultado da base de dados *CRIC Cervix Seg* para uma imagem real.

- Araújo, F. H., Silva, R. R., Ushizima, D. M., Rezende, M. T., Carneiro, C. M., Bianchi, A. G. C., and Medeiros, F. N. (2019). Deep learning for cell image segmentation and ranking. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 72:13–21.
- Brostow, G. J., Fauqueur, J., and Cipolla, R. (2009). Semantic object classes in video: A high-definition ground truth database. *Pattern Recognition Letters*, 30(2):88–97.
- Diniz, D. N., Rezende, M. T., Bianchi, A. G. C., Carneiro, C. M., Ushizima, D. M., de Medeiros, F. N. S., and Souza, M. J. F. (2021). A hierarchical feature-based methodology to perform cervical cancer classification. *Applied Sciences*, 11(9).
- Gençtav, A., Aksoy, S., and Önder, S. (2012). Unsupervised segmentation and classification of cervical cell images. *Pattern Recognition*, 45(12):4151–4168.
- Hussain, E., Mahanta, L. B., Das, C. R., Choudhury, M., and Chowdhury, M. (2020). A shape context fully convolutional neural network for segmentation and classification of cervical nuclei in pap smear images. *Artificial Intelligence in Medicine*, page 101897.
- INCA (2020). *Câncer no Brasil: dados dos registros de base populacional*, volume 4. Instituto Nacional do Câncer.
- Kendall, A., Badrinarayanan, V., and Cipolla, R. (2015). Bayesian segnet: Model uncertainty in deep convolutional encoder-decoder architectures for scene understanding. *arXiv preprint arXiv:1511.02680*.
- Liu, Y., Zhang, P., Song, Q., Li, A., Zhang, P., and Gui, Z. (2018). Automatic segmentation of cervical nuclei based on deep learning and a conditional random field. *IEEE Access*, 6:53709–53721.
- Long, J., Shelhamer, E., and Darrell, T. (2015). Fully convolutional networks for semantic segmentation. In *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*, pages 3431–3440.
- Lu, Z., Carneiro, G., and Bradley, A. P. (2015). An improved joint optimization of multiple level set functions for the segmentation of overlapping cervical cells. *IEEE Transactions on Image Processing*, 24(4):1261–1272.
- Nayar, R. and Wilbur, D. C. (2017). The bethesda system for reporting cervical cytology: a historical perspective. *Acta cytologica*, 61(4-5):359–372.

- Paillassa, M., Bertin, E., and Bouy, H. (2019). Maximask and maxitrack: Two new tools for identifying contaminants in astronomical images using convolutional neural networks. *Astronomy & Astrophysics*, 634.
- Plissiti, M. E., Dimitrakopoulos, P., Sfikas, G., Nikou, C., Krikoni, O., and Charchanti, A. (2018). Sipakmed: A new dataset for feature and image based classification of normal and pathological cervical cells in pap smear images. In *2018 25th IEEE International Conference on Image Processing (ICIP)*, pages 3144–3148. IEEE.
- Rezende, M. T., Ranieri, S., Machado, T. M., Costa, C. S., Ushizima, D. M., Carneiro, C. M., and Bianchi, A. G. C. (2021). Cric searchable image database as a public platform for conventional pap smear cytology data. *Scientific Data*, 8(1).
- Ronneberger, O., Fischer, P., and Brox, T. (2015). U-net: Convolutional networks for biomedical image segmentation. In *International Conference on Medical image computing and computer-assisted intervention*, pages 234–241. Springer.
- Silva, R. R., Araujo, F. H., Ushizima, D. M., Bianchi, A. G., Carneiro, C. M., and Medeiros, F. N. (2019). Radial feature descriptors for cell classification and recommendation. *Journal of Visual Communication and Image Representation*, 62:105–116.
- Simonyan, K. and Zisserman, A. (2014). Very deep convolutional networks for large-scale image recognition. *arXiv preprint arXiv:1409.1556*.
- Szegedy, C., Liu, W., Jia, Y., Sermanet, P., Reed, S. E., Anguelov, D., Erhan, D., Vanhoucke, V., and Rabinovich, A. (2014). Going deeper with convolutions. *CoRR*, abs/1409.4842.
- Wan, T., Xu, S., Sang, C., Jin, Y., and Qin, Z. (2019). Accurate segmentation of overlapping cells in cervical cytology with deep convolutional neural networks. *Neurocomputing*, 365:157–170.
- Win, K. P., Kitjaidure, Y., Hamamoto, K., and Myo Aung, T. (2020). Computer-assisted screening for cervical cancer using digital image processing of pap smear images. *Applied Sciences*, 10(5):1800.
- Xiang, Y., Sun, W., Pan, C., Yan, M., Yin, Z., and Liang, Y. (2020). A novel automation-assisted cervical cancer reading method based on convolutional neural network. *Bio-cybernetics and Biomedical Engineering*, 40(2):611–623.
- Zhang, J., Liu, Z., Du, B., He, J., Li, G., and Chen, D. (2019). Binary tree-like network with two-path fusion attention feature for cervical cell nucleus segmentation. *Computers in biology and medicine*, 108:223–233.
- Zhang, L., Lu, L., Nogues, I., Summers, R. M., Liu, S., and Yao, J. (2017). Deeppap: deep convolutional networks for cervical cell classification. *IEEE journal of biomedical and health informatics*, 21(6):1633–1643.
- Zou, J., Xue, Z., Brown, G., Long, R., and Antani, S. (2020). Deep learning for nuclei segmentation and cell classification in cervical liquid based cytology. In *Medical Imaging 2020: Imaging Informatics for Healthcare, Research, and Applications*, volume 11318, page 1131811. International Society for Optics and Photonics.