



Evele Kelle Lemos Silva

Uma Abordagem para o Suporte ao Diagnóstico de Melanoma por Imagem via Comitês de Autoencoders

Recife

2021

Evele Kelle Lemos Silva

Uma Abordagem para o Suporte ao Diagnóstico de Melanoma por Imagem via Comitês de Autoencoders

Monografia apresentada ao Curso de Bacharelado em Sistemas de Informação da Universidade Federal Rural de Pernambuco, como requisito parcial para obtenção do título de Bacharel em Sistemas de Informação.

Universidade Federal Rural de Pernambuco – UFRPE

Departamento de Estatística e Informática

Curso de Bacharelado em Sistemas de Informação

Orientador: Prof. Dr. Rodrigo Soares

Recife

2021

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal Rural de Pernambuco
Sistema Integrado de Bibliotecas
Gerada automaticamente, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

- S586a Silva, Evele Kelle Lemos
Uma abordagem para o suporte ao diagnóstico de melanoma por imagem via comitês de autoencoders /
Evele Kelle Lemos Silva. - 2021.
49 f. : il.
- Orientador: Rodrigo Gabriel Ferreira Soares.
Inclui referências.
- Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação) - Universidade Federal Rural de Pernambuco,
Bacharelado em Sistemas da Informação, Recife, 2021.
1. Câncer de pele. 2. Melanoma. 3. Comitês de classificadores. 4. Autoencoders. 5. Aprendizado de
máquina. I. Soares, Rodrigo Gabriel Ferreira, orient. II. Título

CDD 004

Evele Kelle Lemos Silva

Uma Abordagem para o Suporte ao Diagnóstico de Melanoma por Imagem via Comitês de Autoencoders

Monografia apresentada ao Curso de Bacharelado em Sistemas de Informação da Universidade Federal Rural de Pernambuco, como requisito parcial para obtenção do título de Bacharel em Sistemas de Informação.

Aprovada em: 17 de Dezembro de 2021.

BANCA EXAMINADORA

Rodrigo Gabriel Ferreira Soares (Orientador)
Departamento de Estatística e Informática
Universidade Federal Rural de Pernambuco

Silvana Bocanegra
Departamento de Estatística e Informática
Universidade Federal Rural de Pernambuco

Agradecimentos

Agradeço primeiramente aos meus pais Edvania e Edirceu, por tanto que fizeram por mim e por todo suporte que me deram para que eu conseguisse alcançar os meus objetivos. Agradeço a minha avó Dapaz por ser minha segunda mãe e por todo carinho que sempre teve por mim. Ao meu avô Ednaldo por estar presente nas melhores lembranças que tenho da minha infância. E a minha irmã Emele, por tudo que compartilhamos juntas e por estar sempre ao meu lado, minha amiga e companheira da vida.

Agradeço aos meus professores da graduação, especialmente ao meu orientador Rodrigo Soares. Não somente pela orientação mas por todo o apoio e suporte que dedicou a mim para que eu conseguisse concluir este trabalho.

Agradeço ao meu namorado Antonio por ser uma inspiração pra mim, por acreditar em mim e no meu potencial. Obrigada por estar sempre ao meu lado, e por nunca ter me deixado desistir, até mesmo quando eu achei que não conseguiria.

Aos amigos que fiz na graduação, por todas as noites que passamos desenvolvendo projetos, pelas tardes estudando na biblioteca e indo pro estágio e também pelos momentos que vivemos fora da faculdade. Aos meus amigos Manoel, Jadiel, Antonio e Marta e Brunna: muito obrigada! A Pamella que foi minha dupla da graduação, muito obrigada por tudo e por todos os desafios que vencemos juntas. Deixo um agradecimento especial a minha amiga Bruna por uma conversa que tivemos que me fez decidir cursar a mesma graduação que ela, esse dia mudou demais a minha vida.

Agradeço também a todos que não foram citados, mas que em algum momento contribuíram com a minha formação e torceram por mim. Sou muito grata a todos vocês!

“Não deve haver limites para o esforço humano. Somos todos diferentes. Por pior do que a vida possa parecer, sempre há algo que podemos fazer em que podemos obter sucesso. Enquanto houver vida, haverá esperança.”
(Stephen Hawking)

Resumo

O câncer de pele é o tipo de câncer mais comum no Brasil, representando cerca de 33% dos casos de neoplasias malignas no país. O Melanoma é um tipo de câncer de pele que representa somente 3% dos casos de câncer no órgão, mas é considerado o mais ofensivo devido à sua alta possibilidade de metástase, que se trata da disseminação do câncer para outros órgãos. Embora o melanoma seja considerado a principal doença fatal da pele, a introdução de novos medicamentos juntamente com a detecção do tumor em seus estágios iniciais, têm contribuído para prognósticos positivos. Através da regra ABCDE, é possível perceber o melanoma por meio de características presentes na lesão, no entanto, a identificação do melanoma por meio da observação muitas vezes é falha, principalmente quando se trata de um médico ainda inexperiente. Diante disto, este trabalho tem como objetivo de selecionar e utilizar técnicas de Aprendizado de Máquina para propor um modelo que possa auxiliar médicos dermatologistas na identificação de lesões da pele através de imagens dermatoscópicas, servindo como uma segunda opinião sobre se tratar ou não de melanoma. O modelo proposto foi comparado com técnicas amplamente utilizadas na literatura para resolução de problemas complexos, com o objetivo de apresentar um desempenho superior. Utilizando a Precisão e Revocação o modelo proposto se mostrou equiparável aos demais, embora tenha tido acesso a somente 0,1% das dimensões da imagem, o que indica que o modelo trabalhou bem ao encontrar as características que discriminam as lesões da pele.

Palavras-chave: Câncer de Pele, Melanoma, Comitês de Classificadores, Autoencoders, Aprendizado de Máquina

Abstract

Skin cancer is the most common type of cancer in Brazil, representing about 33% of cases of malignant neoplasms in the country. Melanoma is a type of skin cancer that represents only 3% of cancer cases in the organ, but it is considered the most offensive due to high possibility of metastasis, which is the spread of cancer to other organs. Although melanoma is considered the main fatal skin disease, the introduction of new drugs combined with the detection of the tumor in early stages have contributed to positive prognosis. Through the ABCDEs rule of melanoma, it is possible to identify melanoma by watching some characteristics present in the lesion, however, the identification of melanoma through observation is often a failure, especially when it comes from an inexperienced doctor. Therefore, this work aims to select and use Machine Learning techniques to propose a model that can help dermatologists to identify skin lesions through dermoscopic images, serving as a second opinion to say if it is or it is not melanoma. The proposed model was compared with techniques widely used in the literature for solving complex problems, with the objective of presenting superior performance. Using Precision and Recall, the proposed model proved to be comparable to the others, although it had access to only 0,1% of the dimensions of the image, which indicates that the model worked well on finding the characteristics that discriminate skin lesions.

Keywords: Skin Cancer, Melanoma, Ensembles, Autoencoders, Machine Learning

Lista de ilustrações

Figura 1 – ABCDE do Melanoma.	11
Figura 2 – Visualização a “olho nu” (a) e visualização dermatoscópica (b). . . .	12
Figura 3 – Representação da imagem digital em matriz de pixel.	18
Figura 4 – Representação da imagem RGB.	19
Figura 5 – Esquematização dos Hiperplanos no plano da SVM.	21
Figura 6 – Esquematização do Hiperplano ótimo da SVM.	21
Figura 7 – Esquematização do Mapeamento do Hiperplano da SVM.	23
Figura 8 – Representação Simplificada do Neurônio Biológico.	24
Figura 9 – Representação de um Neurônio Artificial.	24
Figura 10 – Representação de uma Rede Neural Artificial.	25
Figura 11 – Esquematização do Autoencoder.	26
Figura 12 – Esquematização do Bagging.	27
Figura 13 – Esquematização do <i>Holdout</i>	28
Figura 14 – Esquematização do <i>K-Fold Cross-Validation</i>	29
Figura 15 – Esquematização da Matriz de Confusão.	30
Figura 16 – Representação da extração de características pelo <i>Autoencoder</i> . . .	32
Figura 17 – Esquematização do B-AESVM.	33
Figura 18 – Esquematização da arquitetura dos <i>Autoencoders</i> que compõem o B-AESVM.	35
Figura 19 – Demonstração da base de dados - ISIC 2018.	36
Figura 20 – Representação da imagem RGB antes e após o pré-processamento. .	39
Figura 21 – Matriz de Confusão - SVM.	41
Figura 22 – Matriz de Confusão - RNA.	41
Figura 23 – Matriz de Confusão - B-AESVM.	41

Lista de tabelas

Tabela 1 – Distribuição das imagens da base de dados ISIC - 2018.	37
Tabela 2 – Distribuição das imagens após redução da base de dados ISIC - 2018.	37
Tabela 3 – Distribuição dos Hiperparâmetros - SVM.	39
Tabela 4 – Distribuição dos Hiperparâmetros - RNA.	40
Tabela 5 – Distribuição dos Hiperparâmetros - B-AESVM.	40
Tabela 6 – Precisão e Revocação das abordagens.	42
Tabela 7 – Hiperparâmetros selecionados - SVM.	42
Tabela 8 – Hiperparâmetros selecionados - RNA.	42
Tabela 9 – Hiperparâmetros selecionados - B-AESVM.	43
Tabela 10 – Tempo de execução das abordagens.	44

Lista de abreviaturas e siglas

INCA	Instituto Nacional do Câncer
IA	Inteligência Artificial
AM	Aprendizado de Máquina
GLCM	<i>Gray Level Co-occurrence Matrix</i>
RGB	<i>Red-Green-Blue</i>
SVM	Máquina de Vetores de Suporte
RNA	Rede Neural Artificial
MLP	Perceptron Multicamadas
AE	Autoencoder
VP	Verdadeiro Positivo
FP	Falso Positivo
VN	Verdadeiro Negativo
FN	Falso Negativo
ISIC	<i>International Skin Imaging Collaboration</i>
ISDIS	<i>International Society for Digital Imaging of the Skin</i>

Sumário

	Lista de ilustrações	6
1	INTRODUÇÃO	10
1.1	Objetivos	13
1.1.1	Objetivos Específicos	13
1.2	Estrutura do Trabalho	13
2	TRABALHOS RELACIONADOS	15
3	FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	18
3.1	Fundamentos da Imagem Digital	18
3.2	Aprendizado de Máquina	19
3.2.1	Aprendizado Supervisionado	19
3.2.2	Aprendizado Não Supervisionado	20
3.2.3	Máquinas de Vetores de Suporte	20
3.2.4	Redes Neurais	23
3.2.5	<i>Autoencoders</i>	26
3.3	Comitês de Classificadores	27
3.4	Métodos de Amostragem e Avaliação de Desempenho	28
3.4.1	<i>Holdout</i>	28
3.4.2	<i>K-Fold Cross-Validation</i>	29
3.4.3	Medidas de Avaliação de Desempenho	29
4	UMA ABORDAGEM PARA O SUPORTE AO DIAGNÓSTICO DE MELANOMA POR IMAGEM VIA COMITÊS DE AUTOENCODERS	32
5	EXPERIMENTOS	36
5.1	Base de Dados	36
5.2	Ambiente Experimental	38
5.3	Pré-Processamento	38
5.4	Seleção de Modelos	39
5.5	Resultados	40
6	CONCLUSÕES	45
	REFERÊNCIAS	46

1 Introdução

Segundo o Instituto Nacional do Câncer ([INCA, 2021a](#)), o câncer de pele é responsável por cerca de 33% dos casos de câncer no país, somente por ano são registrados aproximadamente 185 mil novos casos. Ainda segundo o INCA, em dados de 2020, a estimativa de novos casos em território nacional era de cerca de 176.930 para câncer de pele do tipo não melanoma e 8.450 para câncer de pele do tipo melanoma.

Mais comum em pessoas com mais de 40 anos, o câncer de pele é raro em crianças e pretos, com exceção daqueles já portadores de doenças cutâneas ([INCA, 2021b](#)). No geral, o risco ao longo da vida de contrair melanoma é de cerca de 2,6% (1 em 38) para brancos e 0,1% (1 em 1.000) para pretos ([ACS, 2021](#)). Vale ressaltar que esse risco pode variar a depender da exposição de cada indivíduo aos fatores de risco, como histórico familiar da doença e exposição prolongada aos raios ultravioleta (UV). Pessoas de pele clara e que se queimam com facilidade quando se expõem ao sol, com fototipos I e II, têm mais risco de desenvolver a doença, que também pode manifestar-se em indivíduos pretos ou de fototipos mais altos, ainda que mais raramente ([SBD, 2021](#)). Dentre os tipos de câncer de pele, o carcinoma basocelular e carcinoma espinocelular além de serem os mais frequentes são também os menos agressivos. O melanoma representa apenas de 3% das neoplasias malignas no órgão ([INCA, 2021a](#)), é o tipo de câncer de pele menos frequente, mas é considerado o mais perigoso devido a sua alta possibilidade de metástase, que se refere ao processo em que o câncer se dissemina para outros órgãos, dando origem a tumores secundários.

O melanoma é a principal doença fatal originada na pele, relatos de várias partes do mundo vêm demonstrando aumento em suas taxas de incidência e mortalidade ([FIGUEIREDO et al., 2003](#)). É proveniente dos melanócitos, que são as células produtoras da melanina, proteína responsável por determinar a cor da pele, olhos e cabelos ([INCA, 2021a](#)), o melanoma ocorre devido ao crescimento desordenado dos melanócitos que se apresenta na forma de lesões na pele. No Brasil em 2019 o número de mortes em decorrência do câncer não melanoma foi de 2616, as mortes por melanoma foram 1978, embora as incidências de melanoma sejam muito inferiores, o número de óbitos é bastante aproximado ([INCA, 2021a](#); [INCA, 2021b](#)).

Segundo a ([SBD, 2021](#)), nos estágios mais avançados da doença a lesão é mais profunda e espessa, dessa forma as chances do câncer chegar até outros órgãos aumenta e a possibilidade de cura diminui, o que torna fundamental a detecção precoce. De acordo com o ([INCA, 2021a](#)), caso seja detectado em sua fase inicial, o prognóstico pode ser considerado bom pois houve uma grande melhora na sobrevida

dos pacientes devido a introdução de novos medicamentos imunoterápicos.

Segundo (BEZERRA, 2011), para a identificação do melanoma, é utilizado um esquema de exame chamado de ABCDE do Melanoma (Figura 1), onde a Assimetria, Borda, Cor, Diâmetro e Evolução das lesões são avaliadas. Os critérios básicos são:

- Assimetria: Ao dividir a lesão ao meio o melanoma apresenta forma assimétrica. Não melanoma apresenta forma simétrica.
- Borda: Melanoma apresenta borda irregular. Não melanoma apresenta bordas regulares.
- Cor: A cor pode variar de uma área para outra. Melanoma pode apresentar a cor bege, marrom ou preta, em alguns casos podendo ser branca, vermelha ou azul. Não melanoma possui um único tom.
- Diâmetro: Melanoma ao ser diagnosticado possui mais de 6mm. Não melanoma é menor que 6mm.
- Evolução: É necessário acompanhar a lesão para verificar se apresenta mudança de tamanho, forma ou cor.

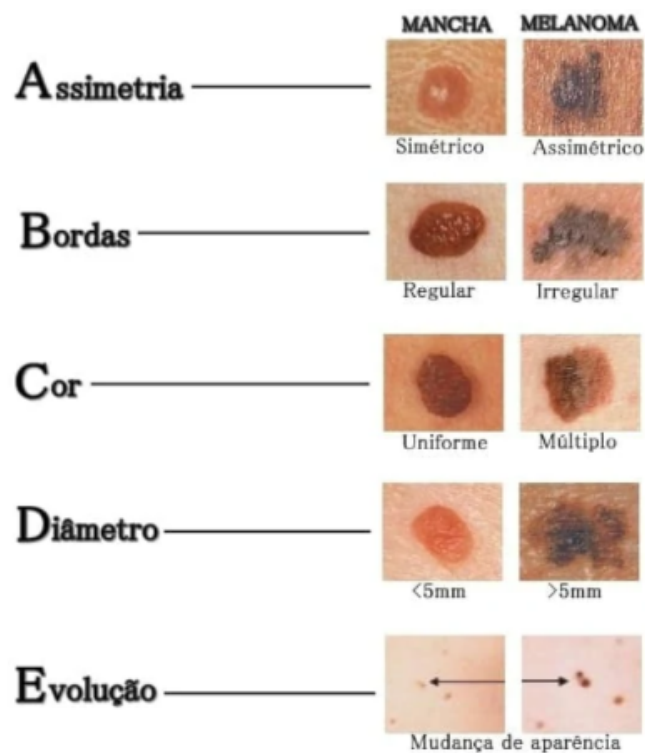


Figura 1 – ABCDE do Melanoma.

Fonte: (TOMA, 2021)

A dermatoscopia é uma técnica não invasiva *in vivo* que pode auxiliar no diagnóstico de tumores de pele (MALVEHY et al., 2007). É realizada por meio de um aparelho médico chamado dermatoscópio que permite visualizar a área da lesão com melhor qualidade e maior quantidade de detalhes que são impossíveis de serem vistos a “olho nu”. Segundo (KANZLER; MRAZ-GERNHARD, 2001), se a técnica for utilizada e interpretada corretamente, o médico pode se beneficiar, no entanto, em mãos inexperientes a dermatoscopia demonstrou diminuir a precisão no diagnóstico. Dessa forma, o médico pode confundir o melanoma com outras lesões, retardando o diagnóstico que é extremamente importante ser reconhecido ainda nos seus estágios iniciais. O dermatoscópio permite que fotos da lesão sejam tiradas, dessa maneira, a introdução do uso da dermatoscopia possibilitou que bases de dados de imagens dermatoscópicas fossem montadas, o que posteriormente proporcionou diversos estudos e abordagens que se baseiam na utilização dessas imagens para a classificação de lesões cutâneas normalmente utilizando técnicas de Inteligência Artificial. A Figura 2 mostra a comparação entre a visualização da lesão a “olho nu” e através de um dermatoscópio.



Figura 2 – Visualização a “olho nu” (a) e visualização dermatoscópica (b).
Fonte: (Pelle Digitale, 2021)

As tecnologias digitais e a Inteligência Artificial (IA), principalmente o Aprendizado de Máquina (AM), estão transformando a medicina, a pesquisa médica e a saúde pública (World Health Organization, 2021). Atualmente diversas abordagens baseadas no diagnóstico automatizado através de imagens vêm sendo utilizadas, como é o caso do estudo de (SHARMA; KAUR; GUJRAL, 2014) que, com o auxílio do AM, buscou identificar a presença de tumores cerebrais em imagens de ressonância magnética, (SOUSA, 2018) utilizou técnicas semelhantes para detectar a pneumonia e classificar de acordo com o tipo da doença. Ambas as abordagens são inspiradas pelo Diagnóstico Auxiliado por Computador (CAD), que são sistemas que apoiam a interpretação de imagens médicas.

No contexto da necessidade de um diagnóstico precoce para a possibilidade de um bom prognóstico para um paciente com melanoma, este trabalho busca utilizar técnicas de AM para auxiliar médicos dermatologistas na identificação da doença. O presente trabalho busca servir como uma segunda opinião sobre a lesão da pele se tratar ou não de melanoma, dessa forma, fazendo com que erros possam ser evitados e que o paciente possa receber o tratamento adequado mais rapidamente. Visto que de acordo com a regra ABCDE, o melanoma pode ser percebido por meio da presença de padrões presentes nas lesões, identificou-se a oportunidade de aplicar o AM para extrair conhecimento e reconhecer padrões em imagens dermatoscópicas de lesões da pele.

1.1 Objetivos

Dado o papel que a Inteligência Artificial pode desempenhar no auxílio ao diagnóstico de doenças da pele, esse trabalho tem como objetivo construir uma nova abordagem baseada em técnicas de Aprendizado de Máquina que seja capaz de classificar corretamente uma lesão da pele em melanoma e não melanoma através de imagens dermatoscópicas.

1.1.1 Objetivos Específicos

- Estudar e selecionar técnicas de pré-processamento de imagens.
- Coletar base de imagens dermatoscópicas.
- Estudar e selecionar técnicas de extração de características de imagens dermatoscópicas.
- Estudar e selecionar técnicas de AM para predição de melanoma em imagens dermatoscópicas.
- Executar experimentos com a abordagem proposta e com métodos existentes na literatura.
- Analisar e avaliar os experimentos através de medidas de avaliação de desempenho apropriadas.

1.2 Estrutura do Trabalho

Esse trabalho está organizado em seis capítulos. No Capítulo 2, é feita uma apresentação acerca dos trabalhos relacionados que utilizam o processamento digital

de imagens e técnicas de AM para classificação de doenças. No Capítulo 3, é apresentada a fundamentação teórica, onde detalhamos os conceitos importantes que foram utilizados para o desenvolvimento e que são essenciais para o entendimento do trabalho: processamento digital de imagens, algoritmos de AM e também as técnicas que foram utilizadas para avaliar o desempenho dos modelos desenvolvidos. No Capítulo 4 apresentamos o modelo proposto por este trabalho. No Capítulo 5, apresentamos detalhes sobre os experimentos e a base de dados utilizada, também é feita a análise e discussões sobre os resultados obtidos. E por fim, no Capítulo 6, apresentamos as conclusões finais e os possíveis trabalhos futuros.

2 Trabalhos Relacionados

Neste capítulo, discutimos sobre os trabalhos relacionados que foram utilizados como ideia para o estudo e modelo proposto. Esses trabalhos utilizam técnicas de Aprendizado de Máquina com o objetivo de oferecer suporte ao diagnóstico de doenças através de imagens.

Com o objetivo de detectar a presença de tumores cerebrais, ([SHARMA; KAUR; GUJJAL, 2014](#)) utilizaram técnicas de Aprendizado de Máquina para classificar imagens de ressonância magnética do cérebro em normal e anormal. O pré-processamento consistiu em converter as imagens em escala de cinza, em seguida aplicando o filtro mediano para a redução de ruídos. Um filtro de detecção de borda foi utilizado para detecção das bordas e em seguida foi feita a segmentação com o objetivo de encontrar a localização do tumor na imagem. Em seguida, o algoritmo *Gray Level Co-occurrence Matrix* (GLCM) foi aplicado para a extração de características. Utilizando 212 amostras de imagens de ressonância magnética do cérebro, 66% foram utilizadas para treino e o restante para testes. Os autores trabalharam com os algoritmos Perceptron Multicamadas e Naive Bayes para fazer a classificação e fizeram uma comparação entre os modelos, utilizando apenas a acurácia como medida de avaliação, os algoritmos atingiram 98,6% e 91,6%, respectivamente.

Sousa ([SOUSA, 2018](#)) propôs modelos de redes neurais convolucionais que realizam a detecção da pneumonia e classificação em bacteriana e viral através da radiografia do tórax. Para encontrar a arquitetura que apresentou o melhor desempenho, foi utilizada uma técnica onde um espaço de busca é criado, onde cada elemento no espaço de busca se trata de uma rede neural convolucional. É aplicado um algoritmo de otimização para detectar o valor máximo da acurácia dentro desse espaço, de forma que é possível identificar o melhor modelo. O autor afirma que para o modelo de detecção de pneumonia, a rede apresenta resultados satisfatórios, mas possui dificuldade de identificar uma radiografia saudável, ou seja, o número de falsos positivos se mostrou bastante superior ao de falsos negativos segundo a matriz de confusão. O modelo de classificação apresentou resultados inferiores, a rede não consegue perceber muito bem as características individuais da pneumonia bacteriana e viral.

No contexto da classificação de imagens dermatoscópicas, para os algoritmos pode ser difícil identificar a área da lesão, isso ocorre devido a presença de cabelos, reflexos e outros ruídos nas imagens, ([ARROYO; SERRANO; TORRES, 2020](#)). Eles se basearam na arquitetura U-net para criar um autoencoder convolucional que possui camadas morfológicas denominadas Morpho-U-Net, para segmentação de lesões

da pele, sua saída são máscaras binárias que podem ser usadas para separar as lesões do resto das imagens e podem servir como entrada para outros algoritmos para a classificação de lesões cutâneas. Para avaliar o desempenho do modelo proposto, foi utilizado o conjunto de teste fornecido pela ISIC 2017, dessa maneira, foi possível comparar essa arquitetura com várias arquiteturas clássicas da literatura que utilizaram o mesmo conjunto. O modelo se mostrou superior a todas as propostas que foram testadas utilizando o mesmo conjunto de dados. Ademais, o modelo apresentou segmentação excessiva, os autores afirmam que minimizá-la seria o principal objetivo para os trabalhos futuros.

Ainda em relação a segmentação de imagens, (JÚNIOR; BEZERRA; ANDRADE, 2020) compararam arquiteturas de redes neurais convolucionais para segmentação de imagens de melanoma. Os autores utilizaram a U-net modificada, foram realizadas combinações entre a U-net e as estruturas de redes neurais convolucionais DeseNet-121, Resnet-50 e VGG-19, totalizando três novas arquiteturas. Todos os modelos foram treinados e testados com a base de dados ISIC 2017 com e sem o uso de técnicas de aumento de dados, posteriormente, os modelos foram revalidados, também sendo testados com a base de dados PH2. Para todas as arquiteturas, o melhor resultado foi obtido através do uso da técnica de aumento de dados. Os autores compararam seus resultados com os de outras arquiteturas encontradas na literatura, seus resultados se mostraram superiores.

Tziomaka (TZIOMAKA, 2021), realizou um estudo que buscava identificar o melanoma através de imagens por meio de ensembles de redes neurais convolucionais, utilizando um modelo pré-treinado com o conjunto de dados da ImageNet. Foram utilizadas quatro arquiteturas de redes da família EfficientNet: EfficientNet B3, B4, B5 e B6, que têm a função de erro SiLU. Cada modelo foi treinado utilizando duas abordagens, na primeira, a camada final precisou ser substituída por uma camada de dois neurônios, para obter a saída para as classes melanoma e não melanoma. Na segunda, além da modificação feita na primeira abordagem, três camadas adicionais foram incluídas e a função de ativação foi modificada para a Mish. A base de dados utilizada foi a da ISIC 2019 e 2020, que contou com um conjunto de 53.351 imagens pertencentes a classe melanoma e 5.106 pertencentes a classe não melanoma. Para resolver o problema de desequilíbrio das classes duas técnicas foram utilizadas, a primeira consistia em aumentar o conjunto de treinamento através de técnicas de sobreamostragem e a segunda utilizou uma função de perda ponderada ao invés de reamostrar a classe minoritária. Utilizando a arquitetura EfficientNet B3 para testar o desempenho, a segunda abordagem apresentou melhores resultados. Utilizando a sensibilidade e especificidade, todos os modelos ensemble alcançaram melhores resultados que as redes individuais.

Em (GULARTT; ANTONIAZZI, 2020) foi proposto um estudo que buscava identificar o melanoma através de imagens, utilizando redes neurais convolucionais. O desenvolvimento do trabalho foi dividido em três partes: pré-processamento das imagens, criação da rede neural e treinamento e validação. Ao todo foram utilizadas 130 imagens, divididas entre três classes, o pré-processamento da imagem consistiu em remover as cores, ou seja, as imagens foram convertidas para uma escala de cinza e a luz foi corrigida, sendo posteriormente padronizadas para 100x100 *pixels*. A rede neural possui duas camadas convolucionais, com um *maxpooling* 2x2 após cada camada. Os autores comentam que os resultados da rede se mostraram desagradáveis, o principal problema identificado foi o surgimento do sobre-ajuste ocorrido na rede, que aconteceu devido ao número limitado de dados de entrada. Em busca de melhorar os resultados, foi modificados os parâmetros da imagem, como o tamanho, número de iterações e época e tamanho do filtro utilizado, ademais, o mesmo problema ocorreu. Destacam ainda que a rede neural convolucional aplicada a detecção de padrões em imagens se mostra útil quando os parâmetros para o treinamento da rede são corretamente informados e também quando possui uma grande quantidade de dados de entrada.

Diante dos trabalhos apresentados, o presente trabalho busca um diferencial ao propor uma abordagem que através de técnicas de Comitês, busca combinar a classificação de vários modelos diferentes, aumentando o desempenho preditivo. É utilizado um *Autoencoder* que tem como objetivo extrair características úteis dos dados, possuindo poucas camadas, o que possibilita um treinamento rápido. Essas características úteis da informação fornecida pelo *Autoencoder* será utilizada para o treinamento dos classificadores, que aprenderão a distinguir as classes com base nas suas características mais importantes.

3 Fundamentação Teórica

Neste capítulo abordamos conceitos importantes sobre os Fundamentos da Imagem Digital e Aprendizado de Máquina, apresentando os algoritmos e técnicas que foram utilizadas para os experimentos e avaliação dos resultados obtidos.

3.1 Fundamentos da Imagem Digital

O *pixel* é a menor unidade que representa uma imagem digital, o qual está associado a uma cor. Dessa maneira, uma imagem digital é composta por um conjunto finito de *pixels* que são organizados em forma de um arranjo bidimensional, como ilustra a Figura 3.

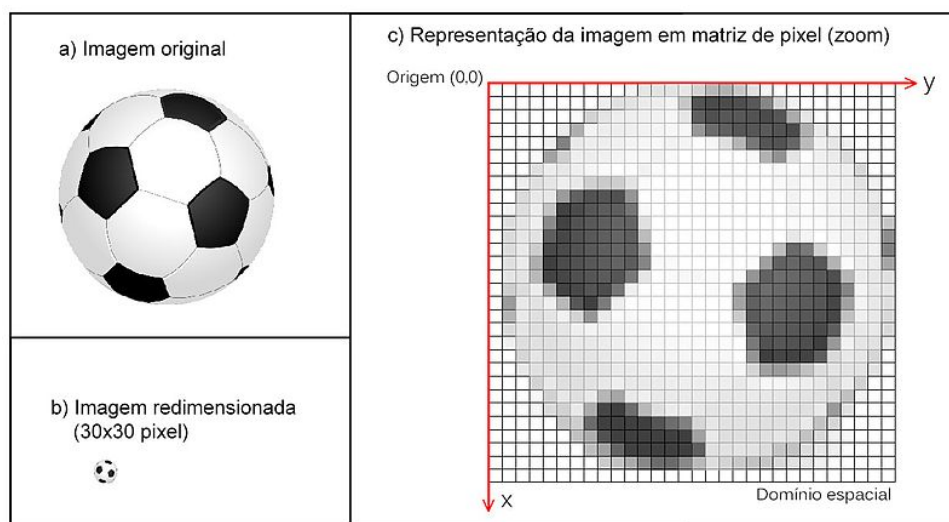


Figura 3 – Representação da imagem digital em matriz de pixel.

Fonte: (FRANÇA, 2006)

Em imagens em tom de cinza, o *pixel* carrega uma informação relacionada a intensidade da cor na posição da imagem ao qual o *pixel* está posicionado, para cada *pixel* é utilizado um valor entre 0 e 255, onde 0 indica a cor preta e 255, a cor branca. A imagem pode ser descrita matematicamente por uma função $f(x, y)$ da intensidade luminosa, sendo seu valor, em qualquer ponto de coordenadas espaciais (x, y) , proporcional ao brilho (ou nível de cinza) da imagem naquele ponto (FILHO; NETO, 1999).

As imagens coloridas do padrão RGB (*Red-Green-Blue*) possuem três canais de cores, cada um relacionado as cores primárias vermelho, verde e azul. Nesse tipo de imagem, o *pixel* carrega a informação que se refere a cor em cada um dos três canais, ou seja, cada *pixel* possui 3 bytes de valor entre 0 e 255. Dessa forma é necessário

uma função $f(x, y)$ para cada banda de cor. A Figura 4 representa a esquematização de uma imagem do tipo RGB.

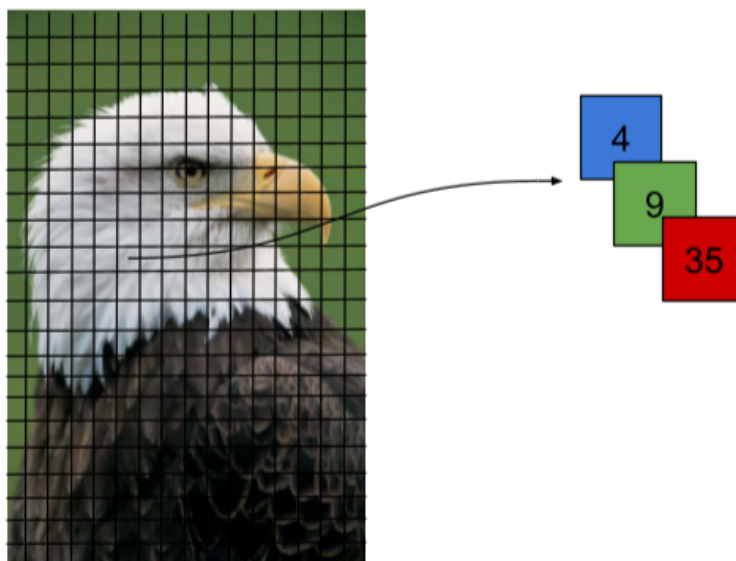


Figura 4 – Representação da imagem RGB.

O sistema visual humano possui uma notável capacidade de reconhecer padrões. Contudo, ele dificilmente é capaz de processar o enorme volume de informação presente numa imagem. Vários tipos de degradações e distorções, inerentes aos processos de aquisição, transmissão e visualização de imagens, contribuem para limitar ainda mais essa capacidade do olho humano. O objetivo principal do processamento de imagens é o de remover essas barreiras, inerentes ao sistema visual humano, facilitando a extração de informações a partir de imagens (CRÓSTA, 2002).

3.2 Aprendizado de Máquina

A Inteligência Artificial é o estudo de problemas complexos de processamento de informação que está ligado ao processamento biológico (MARR, 1976). A IA busca construir mecanismos que simulam a inteligência humana para atender objetivos específicos. O Aprendizado de Máquina é uma subárea da IA que tem como objetivo aprender a reconhecer padrões nos dados com base na experiência. O aprendizado pode ser supervisionado ou não supervisionado.

3.2.1 Aprendizado Supervisionado

Segundo (BISHOP, 2006), os problemas em que os dados de treinamento compreendem os exemplos dos vetores de entrada junto com seus vetores alvos correspondentes, são conhecidos como problemas de aprendizagem supervisionada. Dessa

forma, os algoritmos aprendem com dados que são rotulados, esses rótulos funcionam como um supervisor que indica o conhecimento do que está sendo estudado. Os métodos supervisionados realizam classificações ou regressões.

Supondo que temos um vetor de entrada x junto com um vetor correspondente t de rótulos e o objetivo é prever t dado um novo valor para x , para problemas de regressão, t compreenderá variáveis contínuas, enquanto que para problemas de classificação representará rótulos da classe (BISHOP, 2006).

Dado que o objetivo geral deste trabalho é o de propor uma abordagem que utilize o AM para identificar se uma lesão da pele se trata ou não de melanoma, se refere a um problema de classificação. Os algoritmos utilizados para os experimentos serão detalhados nas próximas seções.

3.2.2 Aprendizado Não Supervisionado

O aprendizado não supervisionado reconhece padrões desconhecidos nos dados. Os algoritmos abdicam de rótulos e buscam aprender semelhanças e características, sendo capazes de realizar agrupamentos. Dessa forma, a cada instância desconhecida o modelo irá reagir às características presentes ou não naquele dado.

3.2.3 Máquinas de Vetores de Suporte

A Máquina de Vetores de Suporte (SVM) é um algoritmo de Aprendizado de Máquina supervisionado, é utilizado tanto para problemas de classificação quanto para problemas de regressão. Considerando um problema binário, a SVM se baseia em encontrar o plano de separação, ou seja, a fronteira de decisão que melhor separa as duas classes, através dos vetores de suporte. As instâncias de treinamento que se encontram mais próximas do hiperplano são chamadas de vetores de suporte (BURGES, 1998). A Figura 5 apresenta uma esquematização dos hiperplanos no plano da SVM.

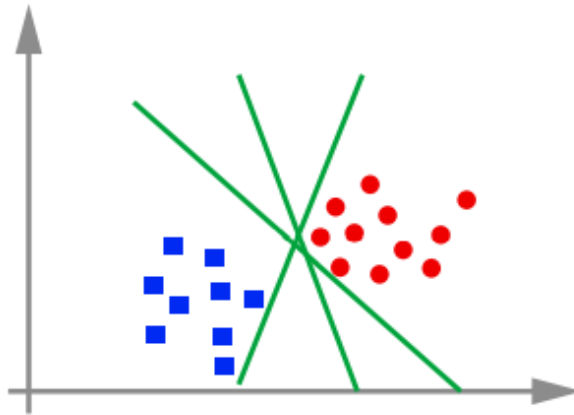


Figura 5 – Esquematização dos Hiperplanos no plano da SVM.
 Fonte: (SHOBHA; RANGASWAMY, 2018)

O hiperplano ótimo é o que possui a maior margem para as classes (Figura 6). É o que generaliza melhor com instâncias não utilizadas no treinamento, ele maximiza a margem entre as duas classes dos dados de treinamento, dessa forma, ao utilizar um dado desconhecido a ideia é que o modelo o classifique corretamente. Assim, o treinamento da SVM se resume em encontrar o hiperplano ótimo, o que melhor separa as classes. A equação que representa o plano ótimo H_0 é:

$$w \cdot x + b = 0. \quad (3.1)$$

Onde w é o vetor normal ao hiperplano, x é um ponto no hiperespaço e b é o coeficiente linear do hiperplano.

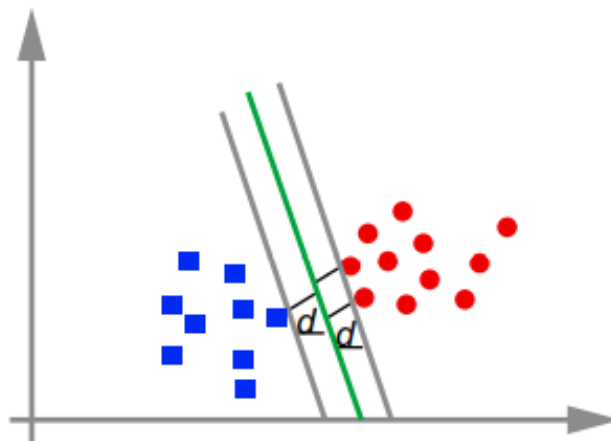


Figura 6 – Esquematização do Hiperplano ótimo da SVM.
 Fonte: (SHOBHA; RANGASWAMY, 2018)

Os hiperplanos H_1 e H_2 separam os dados e são equidistantes de H_0 , são defi-

nidos por:

$$w \cdot x + b = 1. \quad (3.2)$$

e

$$w \cdot x + b = -1. \quad (3.3)$$

Sendo 1 e -1 as classes positiva e negativa, respectivamente, para que não ocorram erros de treinamento e que não existam pontos entre os hiperplanos H_1 e H_2 , eles devem atender as seguintes restrições:

$$w \cdot x_i + b \geq 1 \text{ para } x_i \text{ tendo a classe } 1 \quad (3.4)$$

e

$$w \cdot x_i + b \leq -1 \text{ para } x_i \text{ tendo a classe } -1 \quad (3.5)$$

As equações 3.4 e 3.5 também podem ser escritas como:

$$y_i(w \cdot x_i + b) \geq 1 \text{ para } x_i \text{ tendo a classe } 1 \quad (3.6)$$

e

$$y_i(w \cdot x_i + b) \geq 1 \text{ para } x_i \text{ tendo a classe } -1 \quad (3.7)$$

Combinando 3.6 e 3.7:

$$y_i(w \cdot x_i + b) \geq 1 \quad \forall 1 \leq i \leq n. \quad (3.8)$$

Em (3.8) w é o vetor normal ao hiperplano, y_i são as classes e x_i são as instâncias.

O hiperplano ótimo é definido por um vetor w normal ao hiperplano e por um ponto x no hiperespaço, de maneira que pode ser obtido pela minimização de w . Dessa maneira, se define um problema de otimização dado por:

$$\min \frac{1}{2} \|w\|^2. \quad (3.9)$$

respeitando as restrições em (3.8).

Desta forma, dado que o treinamento da SVM consiste em encontrar o hiperplano ótimo, se depara com um problema de otimização convexa, a solução para este problema pode ser obtida através da programação quadrática (BISHOP, 2006).

Diferente da SVM de margens rígidas, a SVM de margens suaves permite algumas classificações erradas durante o treinamento pois para problemas não linearmente separáveis os dados não são separados pelo hiperplano. Dessa forma, é utilizada uma variável de folga, que suaviza a restrição, permitindo que dados sejam classificados incorretamente, assim é possível encontrar uma solução para o problema. No contexto da SVM de margens suaves, a SVM implementa a seguinte ideia: ela mapeia os vetores de entrada x em um espaço de características de alta dimensão Z por meio de algum mapeamento não linear escolhido a priori, nesse espaço, um hiperplano de separação ótimo é construído (VAPNIK, 1999), essa abordagem é chamada de truque do kernel e está representada pela Figura 7.

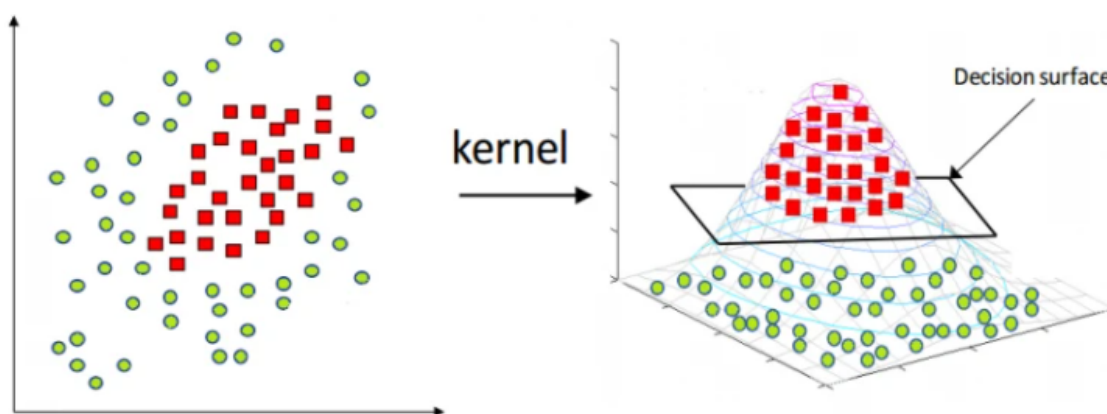


Figura 7 – Esquemática do Mapeamento do Hiperplano da SVM.
Fonte: (JAIN, 2011)

3.2.4 Redes Neurais

O cérebro humano é constituído por bilhões de neurônios e conexões entre eles, o que forma uma grande rede neural biológica. Baseado no poder de processamento de informações humano, foi desenvolvido um modelo matemático que modela as conexões neurais dentro do cérebro (BISHOP, 2006). Uma Rede Neural Artificial (RNA) é um processador paralelo maciçamente distribuído constituído de unidades de processamento simples, que têm a propensão natural para armazenar conhecimento experimental e torná-lo disponível para o uso (HAYKIN, 2001).

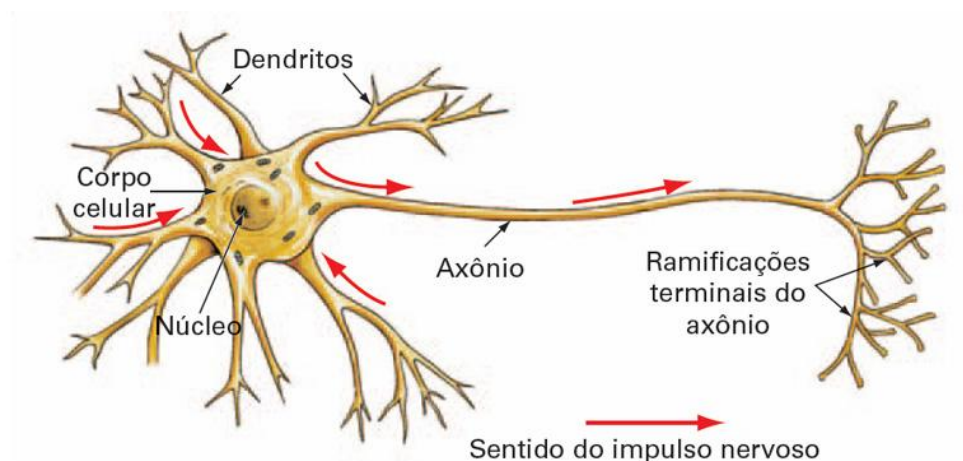


Figura 8 – Representação Simplificada do Neurônio Biológico.
Fonte: ([Data Science Academy, 2021](#))

Representado pela Figura 8, cada neurônio é constituído por dendritos, um axônio e o corpo celular. Os dendritos são capazes de receber sinais químicos de outros neurônios por meio das sinapses, levando a informação para o corpo celular onde é processada pelo núcleo, o axônio é responsável por enviar informações para outros neurônios.

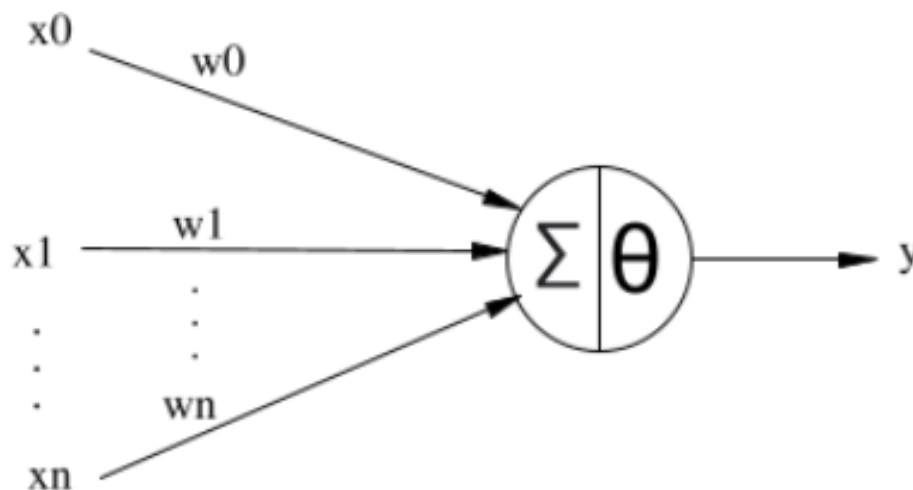


Figura 9 – Representação de um Neurônio Artificial.

Inspirado no funcionamento do neurônio biológico, foi criado o neurônio artificial (Figura 9), chamado Perceptron, que recebe as entradas $x_0, x_1, \dots, x_n$ e gera uma saída y , que é a representação do sinal elétrico propagado pelo neurônio biológico. Os pesos sinápticos $w_0, w_1, \dots, w_n$ são uma abstração das sinapses, cada um é associado a uma entrada. Os pesos são multiplicados por sua entrada associada, sendo feito um

somatório com esses valores, essa função *net* é representada por:

$$\sum_{i=0}^n x_i w_i. \quad (3.10)$$

Para que o neurônio seja ativado é necessário que o resultado da função *net* (equação 3.10) seja apresentado a uma função de ativação. A função de etapa binária se baseia em um limiar θ e é dada por:

$$y = \begin{cases} 0 & \text{se } \sum_{i=0}^n x_i w_i < \theta \\ 1 & \text{se } \sum_{i=0}^n x_i w_i \geq \theta. \end{cases} \quad (3.11)$$

Dessa forma, o neurônio será ativado se a saída binária y for 1.

O Perceptron é limitado, pois é incapaz de resolver problemas não linearmente separáveis, dessa maneira, com o objetivo de superar as suas limitações foi proposto o modelo Perceptron de Multicamadas (MLP). A arquitetura Perceptron de Multicamadas é uma RNA que possui neurônios organizados em camadas (Figura 10), é composta por camada de entrada, camadas escondidas e camada de saída. Cada neurônio recebe como entrada as informações dos neurônios da camada anterior e sua saída é passada para os neurônios da camada posterior. A capacidade da MLP de resolver problemas não linearmente separáveis vem da utilização de uma função de ativação não linear nos neurônios das camadas escondidas.

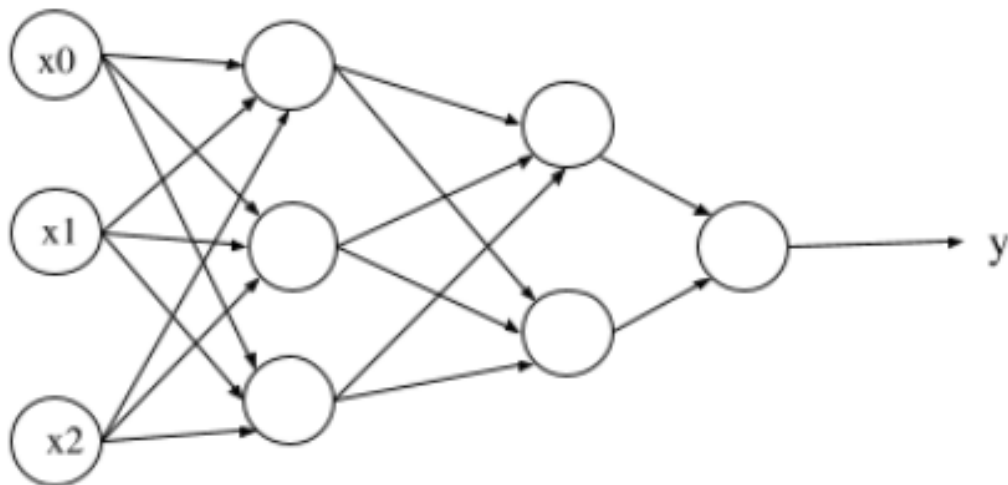


Figura 10 – Representação de uma Rede Neural Artificial.

Todo o conhecimento da RNA se concentra nos seus pesos, assim, o seu treinamento se baseia em encontrar o conjunto de pesos que melhor se ajusta ao problema. Para ajustar os pesos é utilizada a técnica *Backpropagation*, que atualiza os pesos

com base no erro com o objetivo de minimizar a função de erro. A função de erro mede diferença entre a saída desejada e a saída obtida, é definida por:

$$E(W) = \frac{1}{2} \sum (d - o)^2. \quad (3.12)$$

Em (3.12) d é a saída desejada e o é a saída obtida pela rede.

A atualização dos pesos é realizada através da Regra Delta que treina a rede por correção de erro, utilizando o gradiente descendente para encontrar o vetor de pesos que melhor se adequa a base de treinamento e minimiza a função de erro.

3.2.5 Autoencoders

O *Autoencoder* (AE) é um algoritmo de aprendizado não supervisionado que aplica o *Backpropagation*, onde os rótulos são as próprias entradas (NG, 2011). O AE consiste em duas partes: um codificador $h = f(x)$ que tem a função de reduzir a entrada, compactando-a em uma representação do espaço latente e um decodificador $r = g(h)$, que produz a reconstrução da entrada. A quantidade de neurônios utilizadas no espaço latente não pode ser pequena demais de forma que não consiga representar bem a entrada, e também não pode ser grande demais, de forma que não exista compressão, fazendo com que o espaço latente seja a própria entrada.

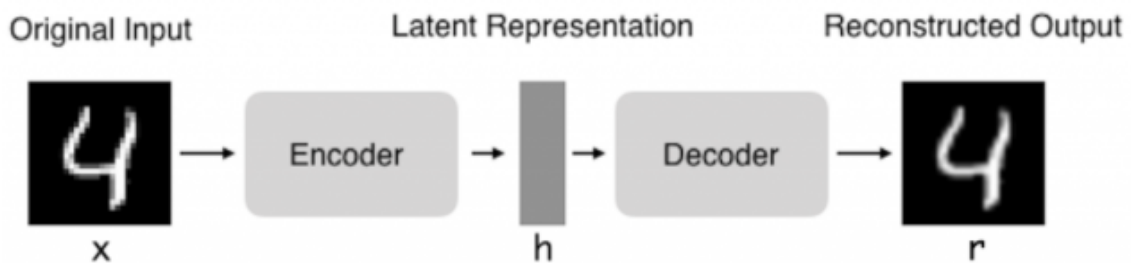


Figura 11 – Esquematisação do Autoencoder.

Fonte: (Data Science Academy, 2021)

Se um *Autoencoder* for bem sucedido em simplesmente definir $g(f(x)) = x$, então ele não é útil. Os AE são projetados para serem incapazes de reproduzir a entrada perfeitamente. Normalmente eles possuem restrições que permitem apenas uma cópia aproximada em dados que se assemelham aos dados utilizados no treinamento, porque o modelo é forçado a priorizar quais aspectos da entrada devem ser copiados. Os AE aprendem as propriedades úteis dos dados (GOODFELLOW; BENGIO; COURVILLE, 2016). Na Figura 11 o espaço latente h possui dimensões menores que a entrada x , é através dessa redução de dimensionalidade que o algoritmo é capaz de aprender as características mais importantes de x . Dessa maneira, o AE se baseia em aprender uma função $h_{W,b}(x) \approx x$, que se trata de uma aproximação da função

identidade, onde r é semelhante a x , ou seja, as entradas são reconstruídas de forma que suas características mais relevantes são levadas em consideração. Assim como no MLP, o *Autoencoder* também ajusta os seus pesos utilizando o *Backpropagation*, utilizando o mesmo algoritmo de treinamento.

Os *Autoencoders* possuem diversas aplicações como remoção de ruídos e redução de dimensionalidade, podendo também serem utilizados anteriormente ao processo de classificação de imagens por algoritmos de AM supervisionados.

3.3 Comitês de Classificadores

Quando se é necessário decidir sobre uma questão crítica de uma determinada área, é comum que vários especialistas no assunto se reúnam para discutir o problema, analogamente, no contexto do AM é possível combinar diversos algoritmos para desempenhar esse papel, pois em problemas muito complexos pode ser difícil para um único algoritmo conseguir generalizar. Essas técnicas são chamadas de Comitês, que combinam as decisões de vários modelos. Dessa forma, os Comitês têm a capacidade de melhorar o desempenho preditivo através da redução de variância dos classificadores-base.

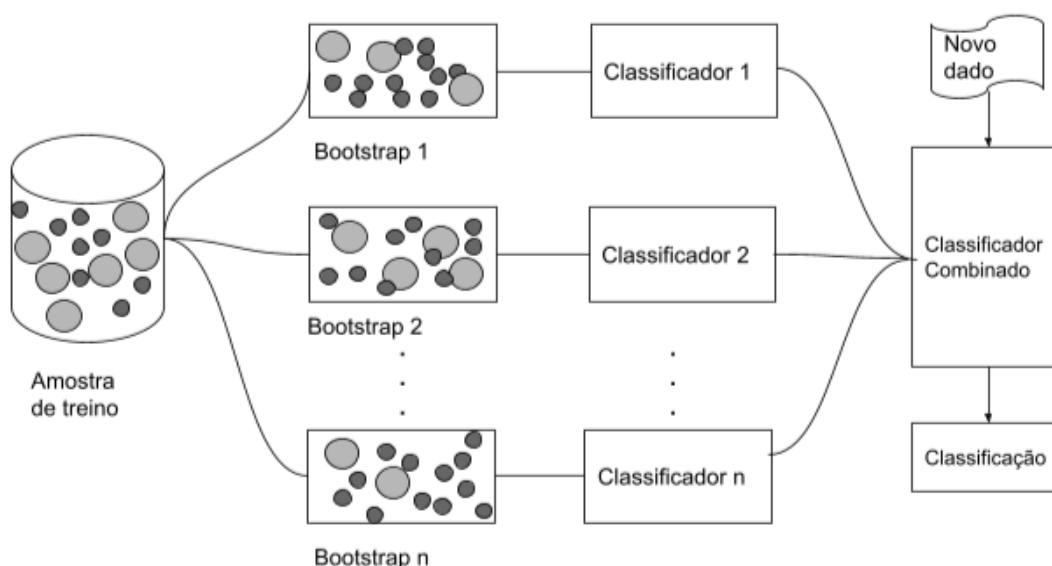


Figura 12 – Esquematização do Bagging.

O *Bagging* (*Bootstrap Aggregating*), introduzido por (BREIMAN, 1996), se trata de uma técnica de Comitê. Para que os classificadores não cometam os mesmos erros, é necessário que sejam treinados de maneira diferente, normalmente essa diversidade é obtida utilizando conjunto de treinamento diferentes ou hiperparâmetros diferentes. No caso da diversidade através dos dados, os hiperparâmetros dos algoritmos são fixados, porém cada modelo é treinado com um conjunto de dados diferente, obtido

da base de dados original por meio de amostras com reposição. Esse conjunto possui mesma cardinalidade da base de dados completa mas as instâncias são diferentes. Dessa forma, cada algoritmo é treinado de forma diferente e independente. No conjunto de testes, cada um dos modelos dá um voto sobre uma determinada instância e o resultado final se dá pelo voto majoritário ou pelo somatório de cada voto, no caso de o problema se tratar de uma regressão. A Figura 12 ilustra o *Bagging*.

3.4 Métodos de Amostragem e Avaliação de Desempenho

O objetivo de um algoritmo de Aprendizado de Máquina é ser treinado com dados para ser bom o suficiente, a ideia é que numa situação real possa responder corretamente a um exemplo nunca visto antes. Nesse contexto, antes de treinar um algoritmo é comum dividir a base de dados, isso permite que posteriormente o modelo possa ser validado com dados desconhecidos.

Nas próximas seções descrevemos o *Holdout*, *Cross-Validation* e as medidas de avaliação de desempenho que foram utilizadas para avaliação dos modelos.

3.4.1 *Holdout*

O *Holdout* é uma técnica de amostragem única, normalmente utilizada quando se tem uma base de dados suficientemente grande. Consiste em dividir o conjunto de dados de maneira que uma amostra seja utilizada para treinar o algoritmo e a outra amostra seja utilizada para testar o desempenho do modelo em dados não vistos, dessa forma não podem existir dados em comum entre as duas amostras, normalmente uma porcentagem maior é destinada ao treino.

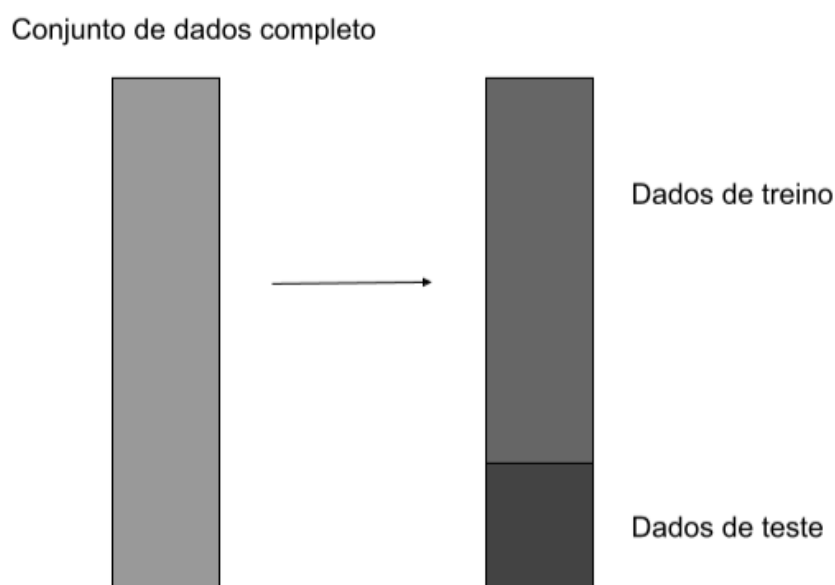


Figura 13 – Esquematização do *Holdout*.

A Figura 13 representa a esquematização do *Holdout*, onde o conjunto de dados completo é dividido em 80% para treinamento e 20% para teste.

3.4.2 *K-Fold Cross-Validation*

O *K-Fold Cross-Validation* é um método para seleção de modelos, normalmente utilizado quando se tem uma base de dados pequena e deseja-se extrair o máximo dos dados disponíveis.

Neste método, o conjunto de dados é dividido em k grupos, dessa forma, $k - 1$ grupos são utilizados para treinar o algoritmo, que posteriormente é testado com o grupo restante. O processo se repete até que cada grupo seja utilizado como conjunto de teste uma única vez, combinando diferentes conjuntos de hiperparâmetros a cada iteração. Após finalizar as execuções, é realizada a média com todas as k medidas de desempenho.

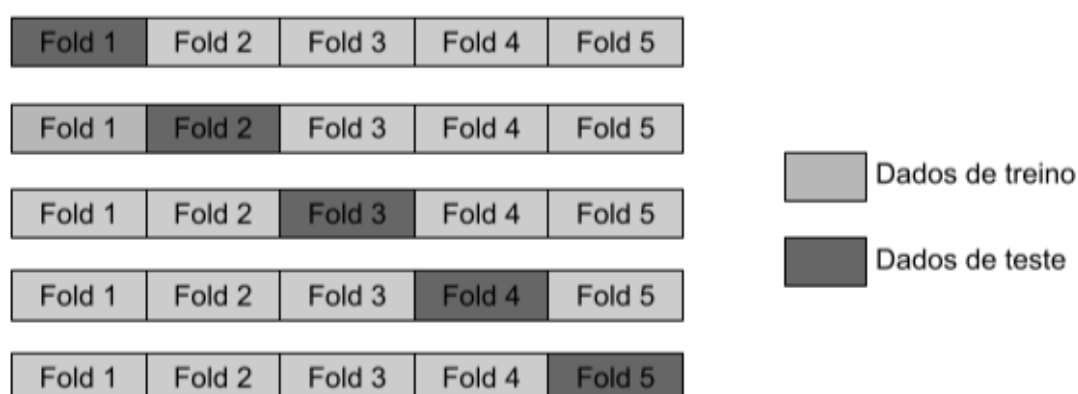


Figura 14 – Esquematização do *K-Fold Cross-Validation*.

A Figura 14 representa o método, onde $k = 5$.

De acordo com (BISHOP, 2006) uma grande desvantagem do *Cross-Validation* é que o número de execuções de treinamento é aumentada por um fator de k , isso pode ser problemático para modelos em que o treinamento é caro do ponto de vista computacional.

3.4.3 Medidas de Avaliação de Desempenho

A Matriz de Confusão se trata de uma tabela que exhibe detalhadamente todos os tipos de classificação possíveis e fornece as frequências que o modelo classificou para cada classe. Embora não seja exatamente uma métrica de avaliação, é uma maneira de se ter uma noção de como está a performance do classificador.

		Classe esperada	
		Classe Positiva	Classe Negativa
Classe prevista	Classe Positiva	VP	FP
	Classe Negativa	FN	VN

Figura 15 – Esquematização da Matriz de Confusão.

A Figura 15 representa uma esquematização da Matriz de Confusão no caso de uma classificação binária, onde:

- Verdadeiro Positivo (VP): Ocorre quando o modelo prevê a instância como sendo da classe positiva e no conjunto real a classe é positiva. No caso deste trabalho: quando a lesão é melanoma e o modelo acertou, classificando como melanoma.
- Falso Positivo (FP): Ocorre quando o modelo prevê a instância como sendo da classe positiva e no conjunto real a classe é negativa. No caso deste trabalho: quando a lesão é não melanoma e o modelo errou, classificando como melanoma.
- Verdadeiro Negativo (VN): Ocorre quando o modelo prevê a instância como sendo da classe negativa e no conjunto real a classe é negativa. No caso deste trabalho: quando a lesão não é melanoma e o modelo acertou, classificando como não melanoma.
- Falso Negativo (FN): Ocorre quando o modelo prevê a instância como sendo da classe negativa e no conjunto real a classe é positiva. No caso deste trabalho: quando a lesão é melanoma e o modelo errou, classificando como não melanoma.

Através da Matriz de confusão é possível calcular as medidas de avaliação de desempenho. O objetivo dessas medidas é o de avaliar os modelos com base no conjunto de teste. Para esse trabalho utilizaremos as medidas Precisão e Revocação, que serão definidas a seguir:

A Precisão avalia a qualidade das predições positivas. Se refere a proporção de identificações da classe positiva que realmente são da classe positiva, isso indica a pureza do modelo. Sua fórmula é:

$$\frac{VP}{VP + FP} \quad (3.13)$$

A Revocação se refere a proporção de amostras positivas que foram classificadas corretamente. Indica o quão bom é o modelo para prever os casos positivos. Sua fórmula é:

$$\frac{VP}{VP + FN} \quad (3.14)$$

4 Uma Abordagem para o Suporte ao Diagnóstico de Melanoma por Imagem via Comitês de Autoencoders

No capítulo anterior, discutimos sobre conceitos e técnicas importantes que serão utilizadas para compor as abordagens e posteriormente avaliá-las. Neste capítulo, apresentamos o modelo proposto por este trabalho, o qual chamamos de B-AESVM. O objetivo é que o desempenho deste modelo proposto supere os das demais abordagens.

Como visto anteriormente, uma Rede Neural *Autoencoder* é um algoritmo de aprendizagem não supervisionado que define que os valores alvo são as próprias entradas (NG, 2011). No B-AESVM utilizamos o *Autoencoder* como extrator de características, anterior ao processo de classificação de imagens por meio de um algoritmo de AM supervisionado. A Figura 16 ilustra essa esquematização.

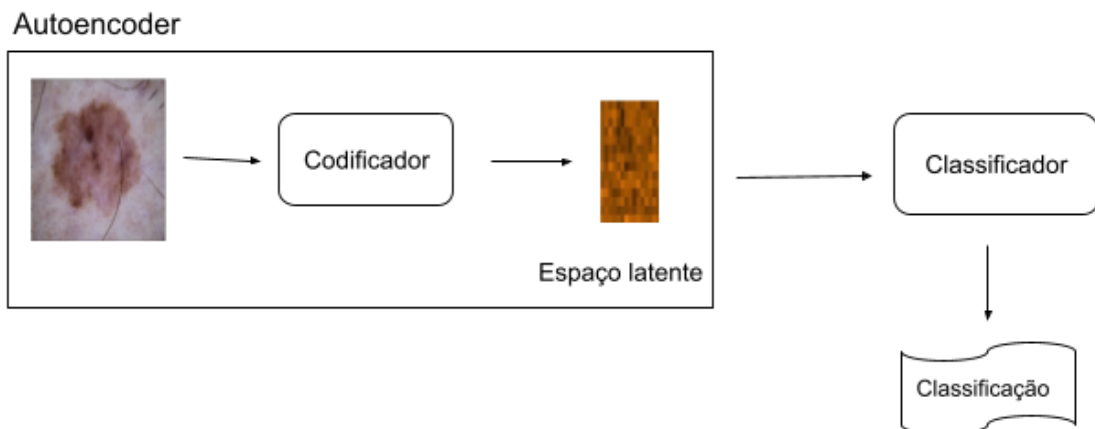


Figura 16 – Representação da extração de características pelo *Autoencoder*.

Na Figura 16, o AE recebe uma imagem como entrada, o seu codificador tem como finalidade comprimir a informação em um espaço latente, que se refere a representação da imagem em uma dimensão menor. Posteriormente, o espaço latente será a entrada para o classificador. Dado que a informação é comprimida, o algoritmo consegue encontrar as características informativas para discriminar as classes. Uma vez que classificação de imagens é um problema de alta dimensionalidade e de alta sobreposição entre classes, a ideia do B-AESVM é de facilitar o aprendizado do classificador, que aprenderá a discriminar as classes tendo como base as suas características mais importantes.

Visto que o uso de Comitês aprimoram o desempenho preditivo por meio da redução da variância dos seus classificadores, esta técnica será utilizada na abordagem B-AESVM, onde o Comitê *Bagging* será aplicado. Desta forma, utilizamos não apenas um *Autoencoder* e uma SVM e sim, “pares” destes algoritmos.

No capítulo anterior, apresentamos dois algoritmos de AM supervisionados: as Redes Neurais Artificiais e Máquinas de Vetores de Suporte, métodos utilizados para resolver problemas de classificação. Para escolha do classificador que irá compor o B-AESVM, realizamos experimentos preliminares com a RNA e SVM. De acordo com os resultados obtidos, a SVM se mostrou superior em identificar os casos em que o paciente possui melanoma, dessa forma, a SVM foi o algoritmo selecionado para compor o classificador aprendiz-base da abordagem B-AESVM.

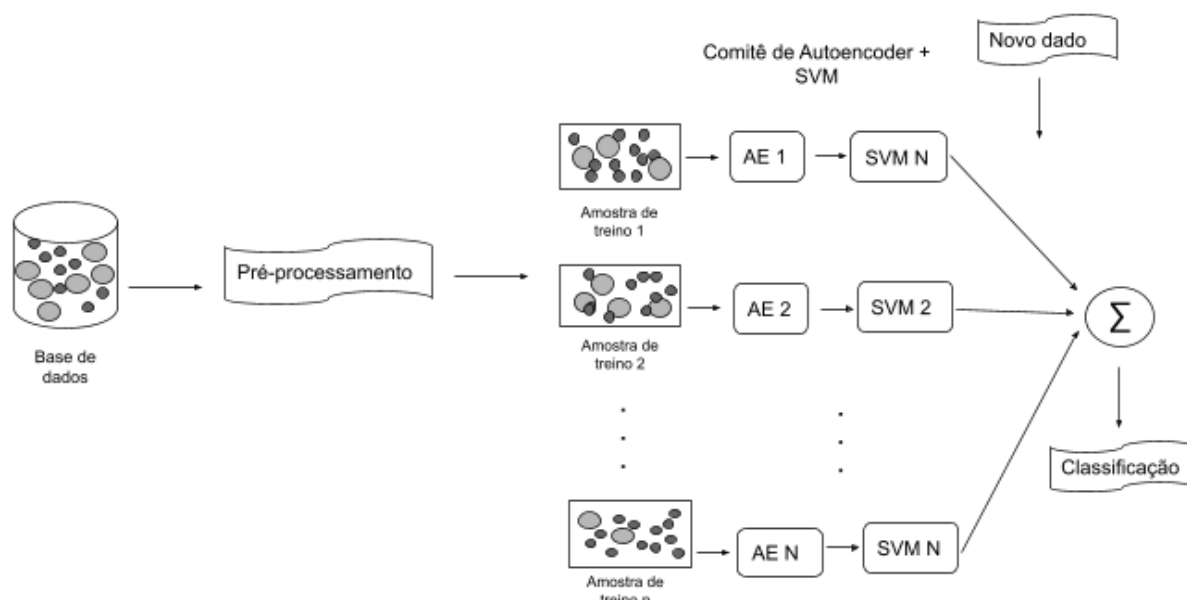


Figura 17 – Esquematização do B-AESVM.

A Figura 17 representa a esquematização do B-AESVM. No *Bagging*, para cada aprendiz-base é realizada uma amostragem dos dados de treino com reposição, cada amostra possui mesma cardinalidade dos dados de treino originais. Essa técnica permite que cada par seja um classificador diferente e independente, de modo que o Comitê seja diverso. Depois que um AE é treinado, a representação da imagem é direcionada ao SVM correspondente, como ilustra a Figura 16. Posteriormente, utilizando o conjunto de testes, a classificação final de cada instância se dá pelo voto majoritário de cada SVM. O Pseudocódigo 1 descreve o B-AESVM:

Algorithm 1 B-AESVM

```

1: função bootstrap
2:   para  $i = 1$  até  $T$  faça
3:     selecione aleatoriamente  $x$  em BT
4:     adicione os dados em  $X$ 
5:     adicione os rótulos em  $Y$ 
6:   fim para
7:   retorne  $X, Y$ 
8: fim função
9: função fit
10:  para  $i = 1$  até  $I$  faça
11:     $BT(i) = \text{bootstrap}()$ 
12:     $A(i) = \text{treinamento de AE utilizando } X \text{ em } BT(i)$ 
13:     $C(i) = \text{treinamento de SVM utilizando } A(i) \text{ e } Y$       ▷ SVM recebe saída do
    codificador de  $A$ 
14:  fim para
15: fim função
16: função predict
17:   $A = \text{predição de AE utilizando } Bt$ 
18:   $C = \text{predição de SVM utilizando } A$       ▷ SVM recebe saída do codificador de  $A$ 
19:  retorne  $\text{Maioria}(C)$ 
20: fim função

```

Onde:

- BT são os dados de treino $\{(x_1y_1), (x_2y_2), \dots, (x_ny_n)\}$.
- Bt são os dados de teste $\{(x_1y_1), (x_2y_2), \dots, (x_ny_n)\}$.
- T é a cardinalidade de BT.
- I é o número de iterações.
- Maioria é a função que retorna o voto majoritário entre os classificadores.

Cada *Autoencoder* terá duas camadas no codificador e mais duas no decodificador. Dessa forma, fazendo com que o treinamento do algoritmo seja rápido. Para o treinamento de cada AE foram definidas 100 épocas. A Figura 18, representa a arquitetura dos *Autoencoders* que compõem o B-AESVM.

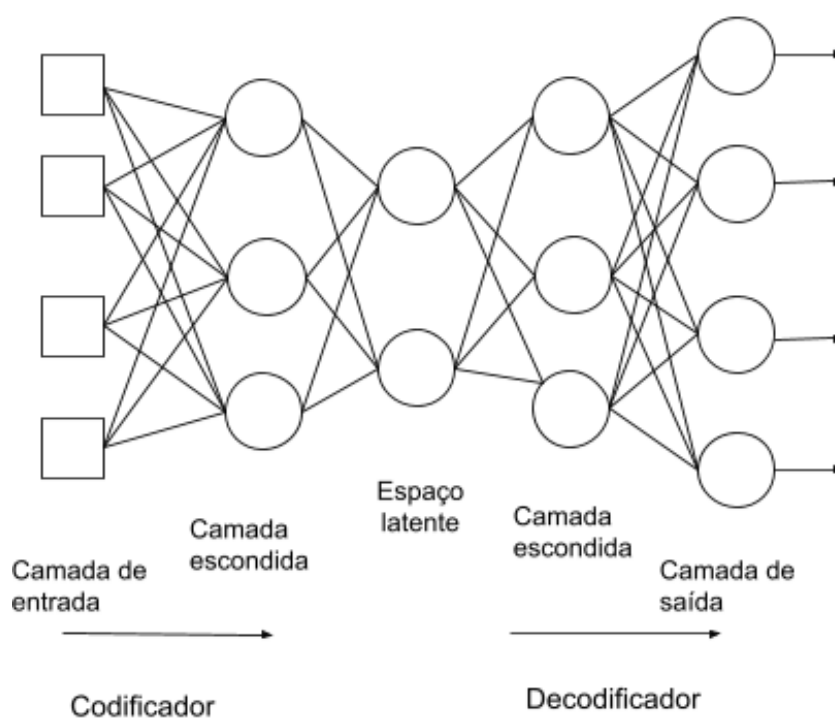


Figura 18 – Esquematisação da arquitetura dos *Autoencoders* que compõem o B-AESVM.

5 Experimentos

Neste capítulo, discorreremos sobre a base de dados e tudo que envolve os experimentos como o ambiente em que foi desenvolvido e pré-processamento das imagens, faremos uma discussão sobre os resultados obtidos.

5.1 Base de Dados

A base de dados utilizada neste estudo foi a do *International Skin Imaging Collaboration* (ISIC) disponibilizada pelo International Society for Digital Imaging of the Skin (ISDIS) (ISDIS, 2018), através do ISIC Challenge 2018 (Figura 19).

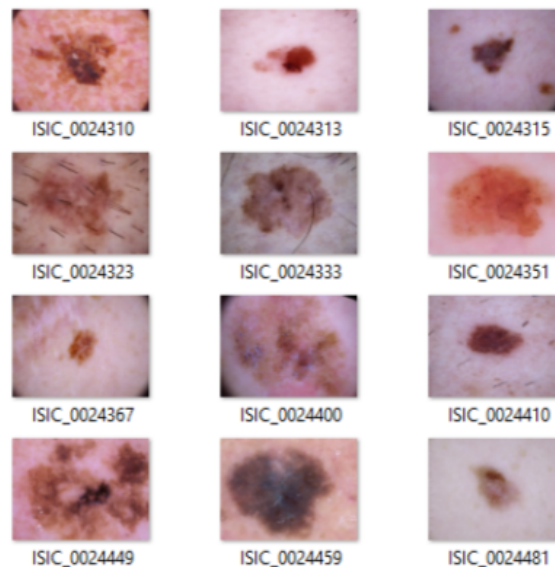


Figura 19 – Demonstração da base de dados - ISIC 2018.
Fonte: (ISIC, 2018)

O ISIC Challenge se trata de uma iniciativa que tem como objetivo envolver a comunidade da ciência da computação para propor soluções de melhoria no diagnóstico de melanoma com o auxílio da Inteligência Artificial (ISIC, 2018). Dentre as bases de dados disponíveis, a da ISIC foi selecionada por ser gratuita e amplamente utilizada na literatura, como foi nos trabalhos de (ARROYO; SERRANO; TORRES, 2020), (JÚNIOR; BEZERRA; ANDRADE, 2020) e (TZIOMAKA, 2021).

Doença da Pele	Quantidade de Imagens
Melanoma	1113
Ceratose actínica / Doença de bowen	327
Carcinoma basocelular	514
Ceratose benigna	1099
Dermatofibroma	115
Nevos melanócitos	6705
Lesões vasculares	142

Tabela 1 – Distribuição das imagens da base de dados ISIC - 2018.

Como mostra a Tabela 1, a base de dados possui 10.015 imagens que estão distribuídas em sete tipos de doenças da pele. É perceptível que a base de dados é desbalanceada, possuindo 8.902 imagens de lesões não melanoma e 1.113 imagens de melanomas. As dimensões das imagens são padronizadas com 600 *pixels* de largura x 450 *pixels* de altura e são do tipo RGB, como mostra a Figura 19.

Os recursos de *hardware* disponíveis levaram a necessidade de reduzir a base de dados para que fosse possível realizar os experimentos. Assim, a base de dados foi subamostrada para 1.000 imagens de lesões melanoma e 1.000 de não melanoma, de forma que tentou-se ao máximo balancear o novo conjunto de dados. Após a seleção das imagens, a base de dados ficou da seguinte forma:

Doença da Pele	Quantidade de Imagens
Melanoma	1000
Ceratose actínica / Doença de bowen	185
Carcinoma basocelular	186
Ceratose benigna	186
Dermatofibroma	115
Nevos melanócitos	186
Lesões vasculares	142

Tabela 2 – Distribuição das imagens após redução da base de dados ISIC - 2018.

As instâncias de lesões não melanoma foram unificadas, de forma que as classes foram organizadas em melanoma e não melanoma. Utilizando a técnica *Holdout* para divisão dos dados, 80% das imagens foram destinadas ao treinamento das abordagens e 20% foram utilizadas para testes. As instâncias de cada conjunto são independentes e identicamente distribuídas (i.i.d.), dessa forma, a amostra de treino obteve 804 lesões melanoma e 796 lesões não melanoma, totalizando 1.600 imagens, a amostra de teste ficou dividida em 196 lesões melanoma e 204 lesões não melanoma, totalizando 400 imagens.

5.2 Ambiente Experimental

A linguagem utilizada para o desenvolvimento foi *Python*. Para realizar a implementação dos experimentos e executar os algoritmos de Aprendizado de Máquina foram utilizadas as bibliotecas *Scikit-Learn* ([Scikit-Learn, 2021](#)), *Keras* ([Keras, 2021](#)) e *TensorFlow* ([TensorFlow, 2021](#)).

Os recursos de *hardware* foram fornecidos por meio do *Google Colab* ([Google Colab, 2021](#)), que é um serviço na nuvem voltado para o Aprendizado de Máquina, pois possui bibliotecas instaladas e o ambiente configurado. A princípio, os experimentos foram executados no *Colab* em sua versão gratuita, que disponibiliza 12GB de memória RAM e GPU no modelo K80. No entanto, suas limitações impediam a execução, sendo necessário utilizar o *Colab* na sua versão *Pro*, o qual fornece 25GB de memória RAM, com modelo da GPU T4 ou P100.

5.3 Pré-Processamento

A manipulação das imagens foi realizada através da *OpenCV* ([OpenCV, 2021](#)), que se trata de uma biblioteca escrita em *Python*, que tem como objetivo auxiliar em problemas de visão computacional e processamento de imagens. Como visto anteriormente, todas as imagens do conjunto de dados são RGB, possuindo três canais de cores, dessa forma, são lidas como uma matriz tridimensional de *pixels*. As imagens possuem 600 *pixels* de largura x 450 *pixels* de altura, o que totaliza 810.000 atributos, que são provenientes dos três canais.

Devido às limitações dos recursos de *hardware* disponíveis, para que o treinamento dos algoritmos fosse mais rápido, foi necessário reduzir as imagens em 150x150 *pixels*. As imagens continuaram do tipo RGB, o que resultou em 67.500 atributos para cada imagem. Foi necessário converter a matriz tridimensional em uma matriz de uma única dimensão e por convenção cada *pixel* da imagem teve o seu valor dividido por 255, o que resulta em um valor entre 0 e 1.

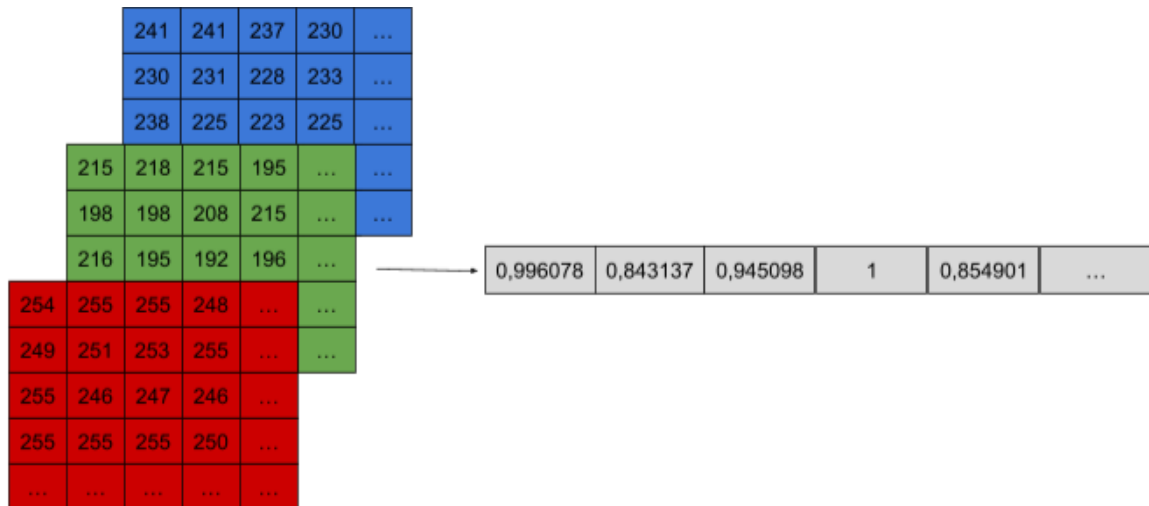


Figura 20 – Representação da imagem RGB antes e após o pré-processamento.

A Figura 20 representa cada instância antes e após o pré-processamento.

5.4 Seleção de Modelos

As três abordagens apresentadas possuem hiperparâmetros que influenciam no comportamento e desempenho do algoritmo, no entanto, não existe nenhuma convenção na literatura que forneça o melhor conjunto de hiperparâmetros, pois varia a depender do problema. Com o objetivo de encontrar o conjunto de hiperparâmetros que fornece o melhor modelo, foi utilizada a técnica de Busca Aleatória.

De acordo com (BERGSTRA; BENGIO, 2012), os conjuntos de hiperparâmetros escolhidos aleatoriamente são mais eficientes para otimização de hiperparâmetro do que a Busca em Grade. A Busca Aleatória utiliza uma combinação de hiperparâmetros aleatória para treinar os algoritmos n vezes, onde cada uma dessas combinações são avaliadas por meio do *Cross-Validation*, com o número de k -folds definido. Para cada combinação, o resultado final será a média das iterações. No caso desse trabalho, para todas as abordagens, foi utilizado $n = 20$ e $k = 5$, isso significa que cada abordagem será ajustada 100 vezes. O número de aprendiz-base do B-AESVM não foi otimizado, possuindo tamanho fixo em 10.

Hiperparâmetro	Distribuição de Probabilidade
C	uniforme em $[10^{-3}; 10^3]$
Kernel	uniforme em {Linear, Polinomial, Sigmoid}
Grau do polinômio	uniforme em {2, 3, 4, 5}
γ	uniforme em $[10^{-6}; 10^6]$

Tabela 3 – Distribuição dos Hiperparâmetros - SVM.

Hiperparâmetro	Distribuição de Probabilidade
Número de neurônios na camada escondida	uniforme em $[1; 100]$
Função de ativação	uniforme em {Identidade, Logística, Tanh, Relu}
Taxa de Aprendizado	uniforme em $[0; 1]$
Número de épocas	uniforme em $[1; 1000]$
Taxa de Momento	uniforme em $[0; 1]$

Tabela 4 – Distribuição dos Hiperparâmetros - RNA.

Hiperparâmetro	Distribuição de Probabilidade
Neurônios na 1° camada escondida	uniforme em $[150; 200]$
Neurônios na 2° camada escondida	uniforme em $[50; 100]$
Taxa de Aprendizado	uniforme em $[0; 1]$
C	uniforme em $[10^{-3}; 10^3]$
Kernel	uniforme em {Linear, Polinomial, Sigmoid}
Grau do polinômio	uniforme em $\{2, 3, 4, 5\}$
γ	uniforme em $[10^{-6}; 10^6]$

Tabela 5 – Distribuição dos Hiperparâmetros - B-AESVM.

As Tabelas 3, 4 e 5 apresentam as distribuições dos hiperparâmetros que foram utilizadas para a Busca Randomizada.

5.5 Resultados

Há poucos trabalhos na literatura sobre o uso de Comitês de classificadores, para a identificação de melanoma como propõe o B-AESVM. Dessa forma, é interessante compará-lo com outros métodos mais amplamente utilizados.

Como visto anteriormente, o diagnóstico precoce do melanoma é fundamental para as chances de cura do paciente. Devido a importância de priorizar a identificação das instâncias da classe positiva, que se trata de um paciente com melanoma, as medidas de avaliação de desempenho utilizadas serão a Precisão e a Revocação. Visto que a Precisão avalia a qualidade das predições positivas e a Revocação indica proporção de amostras positivas classificadas corretamente, encontramos nessas medidas uma maneira de avaliar bem o problema.

Para calcular essas medidas, é necessário anteriormente gerar a matriz de confusão, que nos fornece as frequências das classificações dos modelos para as instân-

cias de teste. As Figuras 21, 22 e 23 representam a matriz de confusão das abordagens.

		Classe esperada	
		Melanoma	Não Melanoma
Classe prevista	Melanoma	VP 159	FP 49
	Não Melanoma	FN 37	VN 155

Figura 21 – Matriz de Confusão - SVM.

		Classe esperada	
		Melanoma	Não Melanoma
Classe prevista	Melanoma	VP 138	FP 34
	Não Melanoma	FN 58	VN 170

Figura 22 – Matriz de Confusão - RNA.

		Classe esperada	
		Melanoma	Não Melanoma
Classe prevista	Melanoma	VP 147	FP 40
	Não Melanoma	FN 49	VN 164

Figura 23 – Matriz de Confusão - B-AESVM.

Os dados de testes foram subamostrados em 196 instâncias de lesões melanoma, representada pela primeira coluna da matriz de confusão e 204 instâncias de

lesões não melanoma, representadas pela segunda coluna. Através da matriz de confusão de cada abordagem, é perceptível que todos os modelos tiveram a quantidade de acertos bastante superior à quantidade de erros. No entanto, a quantidade de erros foi bem acentuada, das 400 instâncias os modelos SVM, RNA e B-AESVM erraram 86, 92 e 89, respectivamente. Neste contexto, um Falso Negativo (FN) indica quando um paciente possui melanoma mas foi previsto que o paciente não possui a doença, no caso de um Falso Positivo (FP), indica que o paciente não possui melanoma mas foi previsto que o paciente possui a doença, as duas situações causam grande impacto na saúde, fazendo com que o paciente demore a receber o tratamento adequado e no outro caso, que seja tratado indevidamente.

	SVM	RNA	B-AESVM
Precisão	76%	80%	79%
Revocação	81%	70%	75%

Tabela 6 – Precisão e Revocação das abordagens.

A Tabela 6 representa a Precisão e Revocação das três abordagens, é perceptível que os três modelos apresentaram valores bastante aproximados. Sendo a SVM o melhor modelo considerando a Revocação e a RNA considerando a precisão. Seguindo essas duas medidas, o B-AESVM fica em segundo lugar considerando as duas métricas.

Dado a importância de considerar a classificação de instâncias positivas, de acordo com a matriz de confusão a SVM mostrou um desempenho superior, classificando corretamente 159 instâncias das 196 relacionadas a melanoma.

Hiperparâmetro	Hiperparâmetro Selecionado
C	0.025
Kernel	Polinomial
Grau do polinômio	4
γ	0.0005

Tabela 7 – Hiperparâmetros selecionados - SVM.

Hiperparâmetro	Hiperparâmetro Selecionado
Neurônios na camada escondida	29
Função de ativação	Identidade
Taxa de Aprendizado	0.043
Épocas	449
Momento	0.897

Tabela 8 – Hiperparâmetros selecionados - RNA.

Hiperparâmetro	Hiperparâmetro Selecionado
Neurônios na 1° camada escondida	189
Neurônios na 2° camada escondida	78
Taxa de Aprendizado	0.011
C	77.864
Kernel	Polinomial
Grau do polinômio	2
γ	8099.813

Tabela 9 – Hiperparâmetros selecionados - B-AESVM.

As Tabelas 7, 8 e 9 representam os conjuntos de hiperparâmetros relacionados ao melhor modelo de cada abordagem, que foram selecionados através da seleção de modelos.

Dado que na SVM o hiperparâmetro C é menor que o do B-AESVM, isso indica que as margens da SVM são maiores. Visto que o C tem o papel de monitorar a penalidade para os pontos classificados incorretamente, se C for muito grande, devido a esta penalidade, o modelo tende a minimizar o número de pontos classificados incorretamente, que como consequência fornece uma margem menor, é o caso do B-AESVM. Dessa maneira, a SVM consegue generalizar melhor os dados.

Visto que a RNA apresentou o pior desempenho, é importante considerar a quantidade de dados utilizadas para o treinamento das abordagens, já que foi necessário reduzir a base. Considerando que uma Rede Neural ajusta os seus pesos para se adequar ao problema, é necessária uma grande base de dados, como foi visto no trabalho de (TZIOMAKA, 2021), que contou com uma base de dados que possui 58.457 imagens, o autor afirma que o desempenho dos Comitês de Redes Neurais se mostraram superiores aos das Redes Neurais individuais.

Enfatizando que os *Autoencoders* se tratam de Redes Neurais, também precisando de uma grande base de dados para ajustar bem os seus pesos, vale relacionar este fato ao desempenho do B-AESVM. Segundo a Tabela 9, no *Autoencoder*, o modelo possui 78 neurônios na camada representativa da imagem. Visto que as dimensões originais são de 67.500 *pixels*, é possível que as dimensões tenham sido reduzidas demais a ponto de não conseguir representar bem a entrada. No entanto, comparando com os outros modelos, é necessário considerar que o B-AESVM apresentou um bom desempenho visto que o modelo teve acesso a cerca de 0,1% das dimensões originais da imagem.

Durante a etapa de desenvolvimento e treinamento dos modelos, foram identificadas limitações relacionadas aos recursos de *hardware* disponíveis. O modelo pro-

posto inicial se mostrou caro computacionalmente e por vezes teve que ser ajustado para se adaptar aos recursos disponíveis, assim como a base de dados precisou ser subamostrada e as instâncias precisaram ter suas dimensões reduzidas. A tabela 10 exibe o tempo de execução de cada abordagem.

Abordagem	Tempo de Execução
SVM	8 horas
RNA	7 horas
B-AESVM	14 horas

Tabela 10 – Tempo de execução das abordagens.

6 Conclusões

É de grande importância a detecção precoce do melanoma, o tratamento adequado ainda nos estágios iniciais da doença possibilitam um bom prognóstico, aumentando as chances de recuperação do paciente. Dito isto, este trabalho teve o objetivo utilizar técnicas de Aprendizado de Máquina para propor uma abordagem que tenha a capacidade de classificar corretamente uma imagem dermatoscópica de lesão da pele em melanoma ou não melanoma, dando suporte aos médicos dermatologistas. O modelo proposto, chamado de B-AESVM foi comparado a outras técnicas de AM comumente utilizadas na literatura para a resolução de problemas complexos. Comparando as abordagens por meio de métricas de avaliação de desempenho, o modelo proposto se mostrou equiparável, apresentando resultados similares. De acordo com os resultados do B-AESVM, o modelo ainda não se encontra pronto para cumprir o seu objetivo. No entanto, por se tratar de um protótipo inicial, a abordagem está suscetível a aprimoramentos e mudanças futuras.

Como visto no capítulo anterior, o B-AESVM apresentou resultados satisfatórios dado que teve acesso a somente 0,1% das dimensões da imagem, isso indica que o *Autoencoder* trabalhou bem no sentido de encontrar características que descrevem as classes devidamente. Dessa forma o modelo proposto possui grande potencial discriminativo.

Como trabalhos futuros, pretendemos explorar outras bases de dados e utilizar a base de dados completa do ISIC *Challenge* 2018, que possui 10.015 imagens, visto que o conjunto de dados é desbalanceado, é de considerar utilizar técnicas de *Data Augmentation* e identificar outros métodos que possam suprir a falta de balanceamento na base. Tendo isto, os *Autoencoders* adaptariam mais os seus pesos, fornecendo melhores resultados. Consideramos também utilizar todas as classes de doenças, as lesões que não são melanoma poderão ser identificadas, não se tratando mais de uma classificação binária. É importante o acesso a recursos de *hardware* mais robustos, dessa maneira seria possível estender a seleção de modelos, assim como o número de “pares” de AE e SVM da abordagem.

Referências

- ACS. *Key Statistics for Melanoma Skin Cancer*. 2021. Disponível em: <<https://www.cancer.org/cancer/melanoma-skin-cancer/about/key-statistics.html/>>. Acessado em: 28/11/2021. Citado na página 10.
- ARROYO, A. M. C.; SERRANO, S. R.; TORRES, G. S. A Morphological Convolutional Autoencoder for Segmenting Pigmented Skin Lesions. 2020. Citado 2 vezes nas páginas 15 e 36.
- BERGSTRA, J.; BENGIO, Y. Random search for hyper-parameter optimization, the journal of machine learning research. 2012. Citado na página 39.
- BEZERRA, F. *ABCDE do Melanoma*. 2011. Disponível em: <<https://clinicafb.blogspot.com/2011/07/abcde-do-melanoma.html/>>. Acessado em: 30/11/2021. Citado na página 11.
- BISHOP, C. M. *Pattern Recognition and Machine Learning*. [S.l.]: Springer, 2006. ISBN 978-0387-31073-2. Citado 4 vezes nas páginas 19, 20, 23 e 29.
- BREIMAN, L. Bagging Predictors. *Machine Learning*. v. 24, p. 123–140, 1996. Citado na página 27.
- BURGES, C. J. C. A Tutorial on Support Vector Machines for Pattern Recognition. 1998. Citado na página 20.
- CRÓSTA, A. P. *Processamento Digital de Imagens de Sensoriamento Remoto*. [S.l.: s.n.], 2002. ISBN 85-85369-02-7. Citado na página 19.
- Data Science Academy. *Deep Learning Book*. 2021. Disponível em: <<https://www.deeplearningbook.com.br/>>. Acessado em: 24/11/2021. Citado 2 vezes nas páginas 24 e 26.
- FIGUEIREDO, L. C. et al. Câncer de pele: estudo dos principais marcadores moleculares do melanoma cutâneo. 2003. Citado na página 10.
- FILHO, O. M.; NETO, H. V. *Processamento Digital de Imagens*. [S.l.]: Brasport, 1999. ISBN 85-74520-09-8. Citado na página 18.
- FRANÇA, R. N. Representação de uma imagem digital - Matriz de pixel. 2006. Citado na página 18.
- GOODFELLOW, I.; BENGIO, Y.; COURVILLE, A. *Deep Learning*. [S.l.]: MIT Press, 2016. ISBN 9780262035613. Citado na página 26.
- Google Colab. *Google Colab*. 2021. Disponível em: <<https://colab.research.google.com/>>. Acessado em: 12/12/2021. Citado na página 38.
- GULARTT, V. A.; ANTONIAZZI, R. L. Utilização de Redes Neurais Artificiais Aplicadas na Detecção de Melanoma Cutâneo. 2020. Citado na página 17.

HAYKIN, S. *Redes Neurais: Princípios e Prática*. [S.l.]: Bookman, 2001. ISBN 978-85-7307-718-6. Citado na página 23.

INCA. *Câncer de pele melanoma*. 2021. Disponível em: <<https://www.inca.gov.br/tipos-de-cancer/cancer-de-pele-melanoma/>>. Acessado em: 28/11/2021. Citado na página 10.

INCA. *Câncer de pele não melanoma*. 2021. Disponível em: <<https://www.inca.gov.br/tipos-de-cancer/cancer-de-pele-nao-melanoma/>>. Acessado em: 28/11/2021. Citado na página 10.

ISDIS. *ISDIS*. 2018. Disponível em: <<https://isdis.net/>>. Acessado em: 05/12/2021. Citado na página 36.

ISIC. *ISIC Challenge*. 2018. Disponível em: <<https://challenge.isic-archive.com/>>. Acessado em: 05/12/2021. Citado na página 36.

JAIN, R. *Simple Tutorial on SVM and Parameter Tuning in Python and R*. 2011. Disponível em: <<https://www.hackerearth.com/blog/developers/simple-tutorial-svm-parameter-tuning-python-r/>>. Acessado em: 02/12/2021. Citado na página 23.

JÚNIOR, A. P. da S.; BEZERRA, D. G. de S.; ANDRADE, Y. S. Comparação de Arquiteturas de Deep Learning para Segmentação de Imagens Dermatoscópicas de Melanoma. 2020. Citado 2 vezes nas páginas 16 e 36.

KANZLER, M. H.; MRAZ-GERNHARD, S. Primary cutaneous malignant melanoma and its precursor lesions: Diagnostic and therapeutic overview. 2001. Citado na página 12.

Keras. *Keras*. 2021. Disponível em: <<https://keras.io/>>. Acessado em: 12/12/2021. Citado na página 38.

MALVEHY, J. et al. Dermoscopy report: Proposal for standardization. Results of a consensus meeting of the International Dermoscopy Society. 2007. Citado na página 12.

MARR, D. Artificial Intelligence: A Personal View. 1976. Citado na página 19.

NG, A. Sparse Autoencoder. 2011. Citado 2 vezes nas páginas 26 e 32.

OpenCV. *OpenCV*. 2021. Disponível em: <<https://opencv.org/>>. Acessado em: 12/12/2021. Citado na página 38.

Pelle Digitalle. *Mapeamento Corporal: Dermatoscopia Digital*. 2021. Disponível em: <<http://pelledigitale.com.br/dermatoscopia/>>. Acessado em: 03/12/2021. Citado na página 12.

SBD. *Câncer da pele*. 2021. Disponível em: <<https://www.sbd.org.br/dermatologia/pele/doencas-e-problemas/cancer-da-pele/64/>>. Acessado em: 29/11/2021. Citado na página 10.

Scikit-Learn. *Scikit-Learn*. 2021. Disponível em: <<https://scikit-learn.org/>>. Acessado em: 12/12/2021. Citado na página 38.

SHARMA, K.; KAUR, A.; GUJRAL, S. Brain Tumor Detection based on Machine Learning Algorithms. 2014. Citado 2 vezes nas páginas 12 e 15.

SHOBHA, G.; RANGASWAMY, S. *Machine Learning*. [S.l.]: Elsevier, 2018. Citado na página 21.

SOUSA, G. Deep Learning para a Detecção e Classificação de Pneumonia por Radiografias do Tórax. 2018. Citado 2 vezes nas páginas 12 e 15.

TensorFlow. *TensorFlow*. 2021. Disponível em: <<https://tensorflow.org/>>. Acessado em: 12/12/2021. Citado na página 38.

TOMA, J. *Aprenda mais sobre o Melanoma*. 2021. Disponível em: <<https://www.julianatoma.com.br/aprenda-mais-sobre-o-melanoma/>>. Acessado em: 30/11/2021. Citado na página 11.

TZIOMAKA, M. Classifying Melanoma Images with Ensembles of Deep Convolutional Neural Networks. 2021. Citado 3 vezes nas páginas 16, 36 e 43.

VAPNIK, V. *The Nature of Statical Learning Theory*. [S.l.]: Springer Science and Business Media, 1999. ISBN 0-387-98780-0. Citado na página 23.

World Health Organization. *Ethics and Governance of Artificial Intelligence for Health: WHO guidance*. [S.l.: s.n.], 2021. ISBN 978-92-4-002920-0. Citado na página 12.