

UNIVERSIDADE FEDERAL DO AMAZONAS  
FACULDADE DE TECNOLOGIA  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ENGENHARIA ELÉTRICA

SEGMENTAÇÃO, CLASSIFICAÇÃO E QUANTIFICAÇÃO DE BACIOS DE  
TUBERCULOSE EM IMAGENS DE BACIOSCOPIA DE CAMPO CLARO ATRAVÉS  
DO EMPREGO DE UMA NOVA TÉCNICA DE CLASSIFICAÇÃO DE *PIXELS*  
UTILIZANDO MÁQUINAS DE VETORES DE SUPORTE

CLAHILDEK MATOS XAVIER

MANAUS

2012

UNIVERSIDADE FEDERAL DO AMAZONAS  
FACULDADE DE TECNOLOGIA  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ENGENHARIA ELÉTRICA

CLAHILDEK MATOS XAVIER

SEGMENTAÇÃO, CLASSIFICAÇÃO E QUANTIFICAÇÃO DE BACIOS DE  
TUBERCULOSE EM IMAGENS DE BACIOSCOPIA DE CAMPO CLARO ATRAVÉS  
DO EMPREGO DE UMA NOVA TÉCNICA DE CLASSIFICAÇÃO DE *PIXELS*  
UTILIZANDO MÁQUINAS DE VETORES DE SUPORTE

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação *Strictu Sensu* em Engenharia Elétrica da Universidade Federal do Amazonas, como requisito parcial para obtenção de título de Mestre em Engenharia Elétrica, área de concentração Controle e Automação de Sistemas.

Orientador: Prof. Dr. Cícero Ferreira Fernandes Costa Filho  
Co-Orientador(a): Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Marly Guimarães Fernandes Costa

MANAUS  
2012

Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da UFAM

X3s Xavier, Clahildek Matos  
Segmentação, classificação e quantificação de bacilos de tuberculose em imagens de baciloscopia de campo claro através do emprego de uma nova técnica de classificação de pixels utilizando máquinas de vetores de suporte / Clahildek Matos Xavier. - Manaus, AM : UFAM, 2012.  
108 f. : il. color. ; 30 cm

Inclui referências.  
Dissertação (Mestre em Engenharia Elétrica. Área de concentração: Controle e automação de sistemas). Universidade Federal do Amazonas. Orientador: Prof. Dr. Cícero Ferreira Fernandes Costa Filho. Co-orientadora: Profª Drª Marly Guimarães Fernandes Costa.

1. Microscópios – Diagnóstico por imagem 2. Instrumentos ópticos 3. Diagnóstico por imagem 4. Tuberculose – Diagnóstico por imagem 5. Engenharia biomédica  
I. Costa Filho, Cícero Ferreira Fernandes (Orient.) II. Costa, Marly Guimarães Fernandes (Co-orient.) III. Título

CDU (2007): 681.723(043.3)

CLAHILDEK MATOS XAVIER

SEGMENTAÇÃO, CLASSIFICAÇÃO E QUANTIFICAÇÃO DE BACIOS DE  
TUBERCULOSE EM IMAGENS DE BACIOSCOPIA DE CAMPO CLARO ATRAVÉS  
DO EMPREGO DE UMA NOVA TÉCNICA DE CLASSIFICAÇÃO DE *PIXELS*  
UTILIZANDO MÁQUINAS DE VETORES DE SUPORTE

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação *Strictu Sensu* em Engenharia Elétrica da Universidade Federal do Amazonas, como requisito parcial para obtenção de título de Mestre em Engenharia Elétrica, área de concentração Controle e Automação de Sistemas.

Aprovado em 02 de Julho de 2012.

BANCA EXAMINADORA

Prof. Dr. Cícero Ferreira Fernandes Costa Filho, Presidente  
Universidade Federal do Amazonas

Prof<sup>ª</sup>. Dr<sup>ª</sup>. Marly Guimarães Fernandes Costa, Membro  
Universidade Federal do Amazonas

Prof. Dr. José Raimundo Gomes Pereira, Membro  
Universidade Federal do Amazonas

Prof<sup>ª</sup>. Dr<sup>ª</sup>. Luciana Botinelly Mendonça Fujimoto, Membro  
Universidade Federal do Amazonas

MANAUS

2012

Aos meus pais, Francisco Xavier e Juracy  
Bandeira, pelo apoio e compreensão durante toda  
essa trajetória. Aos meus amigos e colegas de  
mestrado, e a todos que contribuíram para a  
realização deste trabalho.

## **AGRADECIMENTOS**

Ao meu orientador Prof. Dr. Cicero Fernandes da Costa agradeço pela dedicação, empenho, comprometimento com a qualidade dos trabalhos acadêmicos e por ser uma referência intelectual conceituada.

À minha co-orientadora Profa. Dra. Marly Guimarães por ser uma excelente professora e pelo conhecimento transmitido. Deixo aqui registrado o meu respeito e admiração por ambos.

À Dra. Luciana Fujimoto e Dra. Julia Salem pela disposição e atenção ao longo desse trabalho.

Ao Centro de Tecnologia Eletrônica e da Informação CETELI-UFAM e ao INPA, pela infraestrutura e suporte necessário para a realização do trabalho.

Aos meus amigos conhecidos ao longo do mestrado, Almir Kimura, Eliana Collins, Francisco Coelho, Hillermann Ferreira, Mitsuyoshi Nishi, Marlos Rodrigues, Nirvana da Silva, Rafael Padilla, Tânia Karine, Volnei Klehm, Wanderlan Carvalho, pela amizade e pelos grupos de estudos formados.

Agradecimento em especial à Pamela Campos Levy pela dedicação, apoio, espontaneidade, atenção e talento.

Agradeço ainda ao Carlos Mar e Fredson da Encarnação, diretores da empresa FabriQ Informática Ltda., pela liberação parcial para a realização do mestrado.

## RESUMO

A tuberculose (TB) é uma doença contagiosa causada pelo *Mycobacterium tuberculosis* que afeta, principalmente, os pulmões e atinge mais de 8,8 milhões de pessoas em todo o mundo. Embora o número de casos de doenças e mortes por TB tenham caído ao longo dos últimos anos, essa doença ainda continua sendo um grave problema de saúde nos países em desenvolvimento. Atualmente, como exames iniciais para o diagnóstico da TB são usados os métodos de baciloscopia de campo claro e baciloscopia de fluorescência. O primeiro é mais usado em países em desenvolvimento, devido ao baixo custo; o segundo é o método preferencial em países desenvolvidos por ser mais sensível. Entre os vários desafios para o controle dessa doença, está o desenvolvimento de um método rápido, eficiente e de baixo custo para o diagnóstico da TB. O processo de diagnóstico de baciloscopia de campo claro é demorado, manual e propenso a erros, fazendo com que haja uma alta taxa de falsos negativos. Várias técnicas de reconhecimento de padrão em imagens baciloscópicas de microscopia de campo claro têm sido desenvolvidas para o reconhecimento e contagem dos bacilos. Este trabalho descreve um novo método para segmentação de bacilos da tuberculose em baciloscopia de campo claro. O método proposto utiliza um classificador constituído por uma máquina de vetores de suporte. O diferencial do mesmo em relação a outros trabalhos está nas variáveis selecionadas para a entrada do classificador. Essas variáveis foram selecionadas a partir de quatro espaços de cor: RGB, HSI, YCbCr e Lab. Investigou-se tanto características individuais, como subtrações de características de um mesmo espaço de cor e de espaços de cores diferentes, num total de 30 características. As melhores características foram selecionadas utilizando-se a técnica de seleção escalar de características. Alcançou-se uma sensibilidade de 94%. No entanto, novas etapas para a redução de ruído são necessárias para minimizar os erros de classificação.

**Palavras-chave:** Segmentação de imagem. Microscopia convencional. Tuberculose. Seleção escalar de características. Classificador de pixels. Máquina de vetores de suporte.

## ABSTRACT

Tuberculosis (TB) is a contagious disease caused by *Mycobacterium tuberculosis* that primarily affects the lungs and reaches over 8.8 million people worldwide. Although the number of cases of TB disease and deaths has fallen over the past years, this disease still remains a serious health problem in developing countries. Currently, as initial tests for the diagnosis of TB are used methods of smear bright field and fluorescence. The first is used mostly in developing countries, due to low cost, the second is the preferred method in developed countries to be more sensitive. Among the many challenges for the control of this disease is the development of a rapid, efficient and low cost for the diagnosis of tuberculosis. The process of diagnosis of smear-field course is time consuming, manual and error-prone, so that there is a high rate of false negatives. Various techniques for pattern recognition in the image smear bright field microscopy have been designed to recognize and count of the rods. This paper describes a new method for segmentation of tubercle bacilli in sputum bright field. The method proposed in this dissertation uses a classifier consisting of a support vector machine. The differential method is proposed in the variables selected for the input of the classifier. They were selected from four color spaces: RGB, HSI, YCbCr and Lab used to both individual characteristics such as subtractions of characteristics of the same color space and different color spaces. We investigated a total of 30 features. The best features were selected using the selection technique scalar features. With the proposed method was reached a sensitivity of 94%. However, further steps for noise reduction are required to minimize the classification errors.

**Key-words:** Image segmentation. Conventional sputum smear microscopy. Tuberculosis. Feature selection. Pixel classifier. Support vector machine.

## LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Taxa de incidência de TB por país em 2010.....	16
Figura 2 - Fluxograma do esquema de reconhecimento de padrões.....	27
Figura 3 – a) Modelo RGB e b) Cubo RGB de 24-bit.....	29
Figura 4 – Modelo HSI.....	31
Figura 5 - Verdadeiros e Falsos Positivos e Negativos. ....	34
Figura 6 - Exemplo de (a) sobreposição de duas funções de densidade de probabilidade de uma característica em duas classes (b) Curva ROC. ....	36
Figura 7 – Classes com (a) pequenas variância intra-classe e distância entre classes, (b) grande variância intra-classe e pequena distância entre classe, (c) Pequena variância intra-classe e grande distância entre classes. ....	39
Figura 8 - Um exemplo de um problema linear separável de duas classes. ....	43
Figura 9 - A margem para a direção 2 é maior que a 1. ....	44
Figura 10 - No caso de classes não separáveis, os pontos caem dentro da banda de separação. ....	46
Figura 11 – Vetores de suporte.....	49
Figura 12 - Imagem de baciloscopia de microscópio convencional onde um especialista identificou a presença de bacilo.....	62
Figura 13 - Imagens originais de lâmina de escarro: a) Imagem normal; b) Imagem de baixa qualidade; c) Imagem brilhante; d) Imagem difusa; c) Imagem sobreposta. ....	63
Figura 14 – Fluxograma mostrando as etapas de segmentação e classificação do método automático de identificação e rotulagem dos bacilos nas imagens digitais de esfregaços corados com ZN. ....	65
Figura 15 – Imagem binarizada a partir da imagem na Figura 3 com $L=0,5$ . ....	67
Figura 16 - Resultado da Imagem melhorada da Limiarização: a) Imagem normal; b) Imagem de baixa qualidade; c) Imagem brilhantes; d) Imagem difusa; c) Imagem sobreposta. ...	68
Figura 17 – Exemplo do algoritmo de segmentação proposto: a) Imagem Original; b) Imagem segmentada por Lab; c) Imagem segmentada por YCbCr; d) Resultado Final do AND entre b e c.....	70
Figura 18 - Resultados obtidos usando a mistura de classificador de <i>pixel</i> Gaussiana sobrepostos sobre duas imagens do conjunto de dados de teste.....	71

Figura 19 - Fluxograma para segmentação e classificação. ....	71
Figura 20 - Resultado para o método automático de rotulagem do bacilo de TB. ....	76
Figura 21 - Diagrama de blocos com as etapas de reconhecimento de padrões.....	80
Figura 22 – Grupos nos quais foram divididas as imagens de TB. ....	81
Figura 23 - (a) Imagem do grupo 1; (b) Imagem do grupo 2; (c) Imagem do grupo 3; (d) Imagem do grupo 4.....	82
Figura 24 - (a) Imagem com alta densidade de conteúdo de fundo; (b) Imagem com baixa densidade de conteúdo de fundo.....	83
Figura 25 – Gráfico de barras representando as percentagens para os grupos CFB e CFA.....	85
Figura 26 - Imagem validada por especialista. ....	86
Figura 27 – Etapas do método para segmentação do bacilo.....	87
Figura 28 – (a) Exemplo de matriz com <i>pixels</i> de bacilos (b) Exemplo de matriz com <i>pixels</i> de não bacilos. ....	88
Figura 29 – Exemplo de como os <i>pixels</i> foram intercalados para a formação dos conjuntos de treinamento e teste. ....	88
Figura 30 – Exemplo de imagem binarizada antes (a) e depois (b) da aplicação do algoritmo de rotulação e remoção de ruídos. ....	91
Figura 31 – (a) Exemplo de imagem do grupo CFB com os bacilos marcados e (b) Imagem com os bacilos segmentados.....	100
Figura 32 – (a) Exemplo de imagem do grupo CFA com os bacilos marcados e (b) Imagem segmentada com 32 bacilos marcados e 50 ruídos não marcados.....	101

## LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Casos de tuberculose (número e taxa de incidência bruta por cada grupo de 100 mil habitantes) notificados no Sinan, segundo a unidade federada e a região de residência, por ano-diagnóstico. Brasil, 2001 a 2011. ....	18
Tabela 2 - Óbitos por tuberculose (número e taxa de mortalidade bruta por grupo de 100 mil habitantes), segundo a unidade federada e a região de residência, por ano do óbito. Brasil, 2001 a 2010. ....	20
Tabela 3 – Exemplos de Kernels SVM. ....	55
Tabela 4 - Resumos dos artigos selecionados. ....	59
Tabela 5 – Concentração percentual de pixels (%) da Figura 13 correspondentes às dez regiões de nível de cinza. ....	66
Tabela 6 - Informação de RGB nos <i>pixels</i> da <i>Mycobacterium</i> . ....	74
Tabela 7 - Informação de RGB nos <i>pixels</i> do escarro. ....	74
Tabela 8 - Desempenho dos diferentes classificadores (Validação Cruzada). ....	79
Tabela 9 – Percentagem mínima e máxima para as faixas de H utilizadas. ....	84
Tabela 10 – Valores de FDR para o conjunto de variáveis. ....	93
Tabela 11 – Conjunto das características selecionadas. ....	94
Tabela 12 – Seleção por frequência do conjunto com 4 características. ....	94
Tabela 13 – Seleção por frequência do conjunto com 5 características. ....	94
Tabela 14 – Seleção por frequência do conjunto com 6 características. ....	95
Tabela 15 – Seleção por frequência do conjunto com 7 características. ....	95
Tabela 16 – Seleção por frequência do conjunto com 8 características. ....	95
Tabela 17 – Melhor desempenho dos kernels SVM. ....	96
Tabela 18 – Medidas de desempenho dos kernels SVM. ....	97
Tabela 19 – Acurácia, sensibilidade e especificidade para a melhor arquitetura do classificador SVM. ....	97
Tabela 20 – Desempenho do classificador SVM na segmentação do bacilo. ....	98
Tabela 21 – Desempenho do classificador SVM na segmentação do bacilo para os grupos CFAAD, CFABD, CFBAD e CFBBDD. ....	98

## LISTA DE QUADROS

Quadro 1 - Algoritmo de segmentação utilizado por Costa et al. (2008).....	66
Quadro 2 - Algoritmo de segmentação utilizado por Sotaquirá et al. (2009).....	69
Quadro 3 - Algoritmo de rotulação.....	89
Quadro 4 - Procedimento para remoção de ruídos. ....	90

## LISTA DE ABREVIATURAS

<i>B&amp;B</i>	<i>Branch and Bound</i>
BAAR	Bacilo Álcool Ácido Resistente
CFAAD	Imagens de baciloscopia de Tuberculose com campos que apresentam alta densidade de conteúdo de fundo e grande quantidade de bacilos
CFABD	Imagens de baciloscopia de Tuberculose com campos que apresentam alta densidade de conteúdo de fundo e pouca quantidade de bacilos
CFBAD	Imagens de baciloscopia de Tuberculose com campos que apresentam baixa densidade de conteúdo de fundo e alta quantidade de bacilos
CFBBD	Imagens de baciloscopia de Tuberculose com campos apresentam baixa densidade de conteúdo de fundo e pouca quantidade de bacilos
CFS	<i>Correlation based feature selection</i>
CI	Conjunto de Imagens
CIE	<i>International Commission on Illumination</i>
DOTS	<i>Directly Observed Treatment Strategy</i>
IBGE	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
<i>k</i> NN	<i>k</i> vizinhos mais próximos
ODM	Objetivos de Desenvolvimento do Milênio
PBIL	<i>Population based incremental learning</i>
PNN	Redes Neurais Probabilísticas
QP	<i>Quadratic Programming</i>
ROC	<i>Receiver Operating Characteristic</i>
SFFS	<i>Sequential Floating Forward or Backward Selection</i>
SIM	Sistema de Informações sobre Mortalidade do Ministério da Saúde
SINAN	Sistema de Informação de Agravos de Notificação
SMO	<i>Sequential Minimal Optimization</i>
SVM	Máquinas de Vetores de Suporte
SVS	Secretaria de Vigilância em Saúde
ZN	<i>Ziehl-Neelsen</i>

## SUMÁRIO

<b>CAPÍTULO I</b> .....	14
<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	14
1.1. OBJETIVO GERAL.....	23
1.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS .....	23
1.3. DESENVOLVIMENTO DA DISSERTAÇÃO .....	24
<b>CAPÍTULO II</b> .....	26
<b>2. FUNDAMENTOS TEÓRICOS</b> .....	26
2.1. INTRODUÇÃO.....	26
2.2. MODELO DE CORES.....	27
2.2.1. Fundamentos da cor.....	27
2.2.2. Modelo RGB .....	28
2.2.3. Modelo XYZ .....	29
2.2.4. Modelo HSI .....	30
2.2.5. Modelo YCbCr .....	31
2.2.6. Modelo Lab .....	32
2.3. DESCRITORES DE REGIÃO.....	32
2.3.1. Área .....	33
2.4. AVALIAÇÃO DE DESEMPENHO DE SISTEMAS .....	33
2.4.1. Especificidade e sensibilidade .....	33
2.4.2. Acurácia.....	34
2.4.3. Taxa de erro e taxa de acerto .....	35
2.4.4. Curva ROC .....	35
2.5. SELEÇÃO DE CARACTERÍSTICAS .....	36
2.5.1. Medidas de separabilidade de classes.....	36
2.5.2. Seleção de subconjunto de características .....	39
2.6. MÁQUINAS DE VETORES DE SUPORTE .....	42
2.6.1. Classes separáveis .....	42
2.6.2. Classes não separáveis.....	45
2.6.3. Vetores de suporte .....	48
2.6.4. Hiperplano ótimo de separação .....	51
2.6.5. Truques de kernel - Mapeamento para um espaço de alta dimensão .....	51

2.6.6. Kernel .....	53
2.6.7. Critério de parada .....	55
<b>CAPÍTULO III .....</b>	<b>57</b>
<b>3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA .....</b>	<b>57</b>
3.1. TRABALHOS RELACIONADOS .....	57
3.2. MATERIAIS .....	62
3.3. SEGMENTAÇÃO .....	64
3.4. ESPAÇOS DE CORES UTILIZADOS .....	72
3.5. CONJUNTO DE VARIÁVEIS .....	72
3.6. CARACTERÍSTICAS E PROCEDIMENTOS PARA SEPARAÇÃO ENTRE BACIOS E RUÍDOS .....	73
3.7. CLASSIFICAÇÃO .....	75
<b>CAPÍTULO IV .....</b>	<b>80</b>
<b>4. MATERIAIS E MÉTODOS .....</b>	<b>80</b>
4.1. MATERIAIS .....	80
4.2. MÉTODOS .....	86
4.3. SELEÇÃO DE CARACTERÍSTICAS .....	87
4.4. CLASSIFICAÇÃO .....	88
4.5. PÓS-PROCESSAMENTO .....	89
<b>CAPÍTULO V .....</b>	<b>93</b>
<b>5. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>93</b>
<b>CAPÍTULO VI .....</b>	<b>103</b>
<b>6. CONCLUSÕES E TRABALHOS FUTUROS .....</b>	<b>103</b>
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....</b>	<b>105</b>
<b>APÊNDICE .....</b>	<b>108</b>

## 1. INTRODUÇÃO

A tuberculose (TB) é uma doença contagiosa causada mais frequentemente pelo bacilo álcool-ácido-resistente (BAAR) *Mycobacterium tuberculosis*. A TB geralmente afeta os pulmões (TB pulmonar), mas pode afetar outros órgãos (TB extrapulmonar). A doença é transmitida pelo ar quando as pessoas que estão doentes com TB pulmonar expõem bactérias, por exemplo, através da tosse. Em geral, uma proporção relativamente pequena de pessoas infectadas com o *Mycobacterium* irá desenvolver a doença. No entanto, a probabilidade de desenvolver TB é muito maior entre pessoas infectadas com o vírus da imunodeficiência adquirida (HIV). TB também é mais comum entre homens do que entre mulheres, e afeta principalmente grupos de adultos economicamente produtivos. Cerca de dois terços dos casos estimados para ocorrer, ocorrerão entre pessoas com idade entre 15-59 anos (OMS, 2011).

As estimativas preveem que sem tratamento adequado as taxas de mortalidade são altas. Em estudos da história natural da doença, entre os casos de TB pulmonar em pacientes com baciloscopia positiva e HIV-negativos, cerca de 70% morreram dentro de 10 anos; entre os casos com cultura positiva (mas com baciloscopia negativa), 20% morreram dentro de 10 anos. Tratamentos utilizando combinações de drogas anti TB podem reduzir drasticamente as taxas de mortalidade da TB. Em ensaios clínicos, taxas de cura acima de 90% têm sido documentadas. A taxa de sucesso de tratamento entre os casos de TB pulmonar com baciloscopia positiva reportada pela Organização Mundial da Saúde (OMS) chegou a 87% em nível global no ano de 2009 (OMS, 2011).

Apesar da disponibilidade de tratamento altamente eficaz ao longo de décadas, a tuberculose continua sendo um grave problema de saúde mundial. Em 1993, a OMS declarou a TB uma emergência global de saúde pública, em um momento em que a estimativa era de 7 a 8 milhões de casos com 1,3 a 1,6 milhões de mortes a cada ano. Em 2010, havia uma estimativa de 8,5 a 9,2 milhões de casos e 1,2 a 1,5 milhões de mortes (incluindo as mortes por tuberculose entre pessoas HIV positivas). TB é a segunda principal causa de morte por uma doença infecciosa em todo o mundo (depois de HIV, o que causou um número estimado de 1,8 milhões de mortes em 2008) (OMS, 2011).

A OMS publica um relatório global sobre a tuberculose a cada ano desde 1997. O principal objetivo do relatório é fornecer uma avaliação abrangente e atual da epidemia de TB e os progressos alcançados na prevenção, cuidados e controle da doença em níveis global, regional e nacional, no contexto das metas globais fixadas para 2015 e da estratégia da OMS recomendada para atingir essas metas (OMS, 2011).

As metas globais fixadas para 2015 tendo em vista a redução da carga da doença são de que a incidência da tuberculose deva cair e que as taxas de prevalência e morte devem ser reduzidas pela metade em comparação com os seus níveis de 1990. A estratégia recomendada pela OMS para alcançar essas metas é a Estratégia Stop TB, que foi lançada em 2006, como um aprimoramento da estratégia *Directly Observed Treatment Strategy* (DOTS). DOTS foi um pacote de cinco pontos que continua a ser o primeiro componente e fundamento da Estratégia Stop TB. Os outros componentes de destaque da Estratégia Stop TB são: a necessidade de abordar o desafio de tuberculose resistente a medicamentos e as co-epidemias de TB e HIV; a importância da participação de todos os prestadores de serviço em saúde no atendimento e controle da TB e a contribuição para o fortalecimento dos sistemas de saúde no que tange ao tratamento da TB; o papel das comunidades e pessoas com TB e o papel fundamental da pesquisa e desenvolvimento de novos diagnósticos, novos medicamentos e novas vacinas.

Em 2010 foram estimados 8,8 milhões de casos incidentes de TB (variação de 8,5 a 9,2 milhões) no mundo, equivalente a 128 casos por 100.000 habitantes. A maioria dos casos registrados em 2010 ocorreu na Ásia (59%) e África (26%); em menor proporção de casos na Região do Mediterrâneo Oriental (7%), na Região Europeia (5%) e na Região das Américas (3%).

Os cinco países com os maiores números de casos incidentes em 2010 foram: Índia (2,0-2,5 milhões); China (0,9-1,2 milhões); África do Sul (0,40-0,59 milhões); Indonésia (0,37-0,54 milhões); e Paquistão (0,33-0,48 milhões), conforme mostra a Figura 1. A Índia sozinha corresponde a 26% do total de casos de TB no mundo. Em conjunto com a China esse percentual aumenta para 38% do total de casos de TB em todo o mundo.

Dos 8,8 milhões de casos em 2010, entre 1,0 e 1,2 milhões (12-14%) foram entre pessoas HIV positivas, com a melhor estimativa de 1,1 milhão (13%). A proporção de casos de TB co-infectados com HIV é maior em países da África. De forma geral, a região africana contabiliza 82% dos casos de TB entre pessoas contaminadas pelo HIV (OMS, 2011).

Globalmente, a taxa de incidência caiu lentamente de 1990 a 1997, e depois aumentou até o ano 2001, devido ao aumento do número de casos de TB na África, impulsionado pela epidemia de HIV.

Desde 2002, a taxa de incidência tem caído em torno de 1,3% ao ano. Deve-se ressaltar que em relatórios anteriores desta série, as taxas de incidência foram estimadas para atingir seu pico máximo em 2004. Essas estimativas foram revistas para países africanos em Dezembro de 2010.

O número absoluto de casos vem caindo lentamente desde 2006, quando o declínio na taxa de incidência (por 100.000 habitantes) começou a exceder a taxa de crescimento da população mundial.

As Taxas de incidência estão diminuindo em todas as seis regiões. A taxa de declínio varia de menos de 1% por ano na região do Mediterrâneo oriental, de 1,8% na região africana e de 3,7% na região das Américas. As taxas de incidência atingiram o pico em meados dos anos 1990 na Região do Mediterrâneo Oriental, por volta de ano 2000 na Europa e Sudeste da Ásia e em 2004 na Região Africana. A taxa de incidência vem diminuindo desde 1990 nas Américas e Pacífico Ocidental.

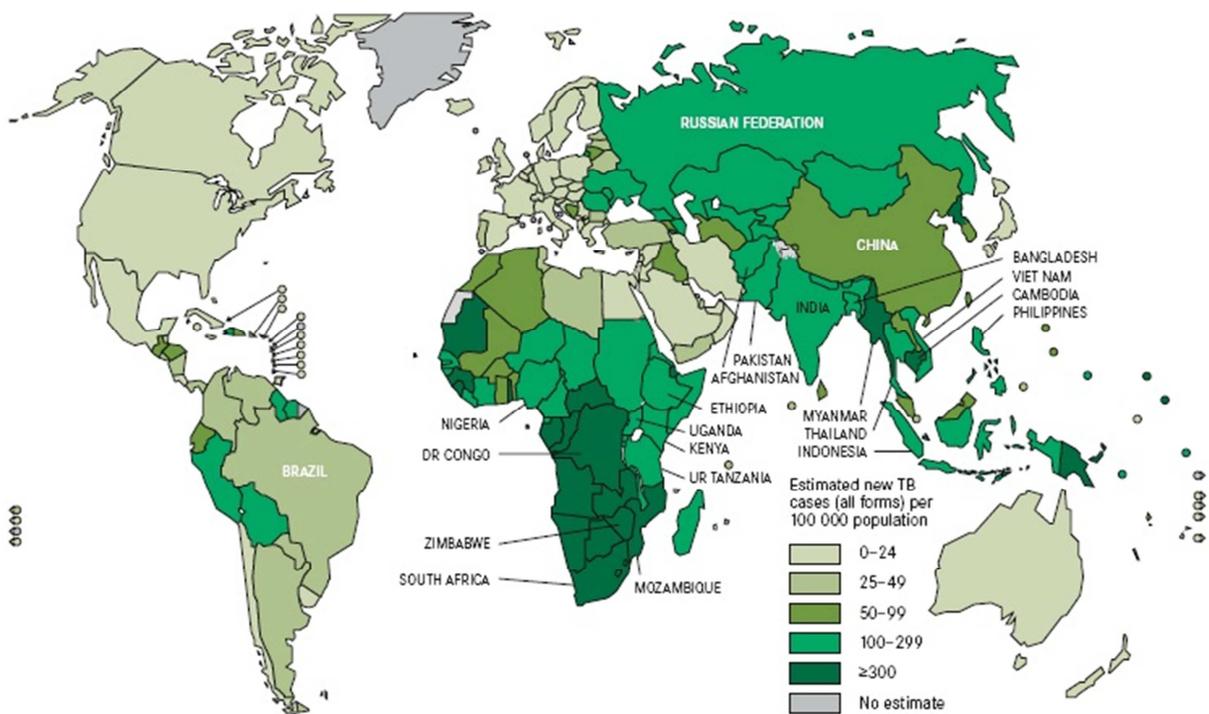


Figura 1 - Taxa de incidência de TB por país em 2010.

Fonte: OMS.

No Brasil são registrados mais de 68 mil novos casos de Tuberculose a cada ano. Esse número também é a quantidade de baciloscopias a serem realizadas por ano. Somente em 2008, 2009 e 2010 foram registrados no país, respectivamente, 73.531, 73.082 e 71.790 casos de Tuberculose com 4,7 mil mortes anualmente, conforme dados do Ministério da Saúde/SVS - Sistema de Informação de Agravos de Notificação (BRASIL, 2012).

Segundo o Boletim Epidemiológico da SVS (2012), a taxa de incidência no Brasil, em 2001, foi de 42,8 casos para cada grupo de 100 mil habitantes e caiu para 36,0 no ano de 2011, ou seja, houve uma diminuição de 15,9% da taxa de incidência na última década. Apesar de a região Sudeste concentrar o maior número de casos de tuberculose, a região Norte apresentou as maiores taxas de incidência em todos os anos analisados. Em 2011, os estados do Amazonas (62,6) e Rio de Janeiro (57,6) apresentaram as maiores taxas de incidência do país, enquanto Goiás (13,6) e Distrito Federal (11,1) apresentaram as menores. A Tabela 1 ilustra o número e taxas de incidência bruta de Tuberculose em todos os estados do Brasil entre 2001 e 2011.

A taxa de mortalidade no Brasil, em 2001, foi de 3,1 óbitos para cada grupo de 100 mil habitantes e foi reduzida para 2,4 em 2010, uma queda de 22,6% nos últimos 10 anos. Embora a região Sudeste concentre o maior número de óbitos por tuberculose, a região Nordeste apresentou as maiores taxas de mortalidade em todos os anos analisados. Em 2010, os estados do Rio de Janeiro (5,6) e de Pernambuco (4,0) apresentaram as maiores taxa de mortalidade do país, enquanto Goiás (0,8) e Distrito Federal (0,5) apresentaram as menores (BRASIL, 2012).

Como pode ser observado, ainda permanece como desafio para o Brasil alcançar a meta de redução da incidência da tuberculose. Porém, em 2010, segundo dados divulgados pela OMS, o país alcançou a meta proposta pelos Objetivos de Desenvolvimento do Milênio (ODM) para a taxa de mortalidade por tuberculose (BRASIL, 2012). A Tabela 2 mostra os óbitos por tuberculose (número e taxa de mortalidade bruta por grupo de 100 mil habitantes), segundo a unidade federada e a região de residência, por ano do óbito no Brasil ocorrido entre 2001 e 2010.

**Tabela 1 - Casos de tuberculose (número e taxa de incidência bruta por cada grupo de 100 mil habitantes) notificados no Sinan, segundo a unidade federada e a região de residência, por ano-diagnóstico. Brasil, 2001 a 2011.**

Região e UF	2001		2002		2003		2004		2005		2006		2007		2008		2009		2010		2011	
	Nº	taxa																				
<b>Norte</b>	<b>6.776</b>	<b>51,2</b>	<b>6.890</b>	<b>51,0</b>	<b>6.888</b>	<b>50,0</b>	<b>7.117</b>	<b>50,6</b>	<b>6.942</b>	<b>47,2</b>	<b>6.893</b>	<b>45,9</b>	<b>6.953</b>	<b>45,3</b>	<b>7.014</b>	<b>46,3</b>	<b>7.311</b>	<b>47,6</b>	<b>7.214</b>	<b>45,5</b>	<b>7.282</b>	<b>45,2</b>
RO	561	39,8	536	37,4	548	37,6	532	35,9	541	35,3	448	28,7	473	29,7	481	32,2	571	38,0	469	30,0	531	33,7
AC	325	56,6	305	52,0	305	50,8	278	45,3	267	39,9	352	51,3	282	40,1	274	40,3	321	46,4	308	42,0	333	44,6
AM	2.273	78,4	2.105	71,1	2.035	67,1	2.135	68,9	2.085	64,5	2.164	65,4	2.274	67,1	2.378	71,2	2.271	66,9	2.339	67,1	2.216	62,6
RR	131	38,8	145	41,8	161	45,1	185	50,3	130	33,2	122	30,2	121	29,1	136	32,9	132	31,3	130	28,9	151	32,8
PA	3.024	47,7	3.278	50,8	3.410	51,9	3.544	52,9	3.477	49,9	3.343	47,0	3.351	46,2	3.340	45,6	3.596	48,4	3.589	47,3	3.634	47,3
AP	194	38,9	252	48,8	211	39,5	224	40,5	230	38,7	230	37,4	244	38,3	233	38,0	219	35,0	193	28,8	220	32,1
TO	268	22,6	269	22,3	218	17,7	219	17,5	212	16,2	234	17,6	208	15,3	172	13,4	201	15,6	186	13,4	197	14,1
<b>Nordeste</b>	<b>22.228</b>	<b>46,0</b>	<b>21.561</b>	<b>44,1</b>	<b>22.775</b>	<b>46,1</b>	<b>22.877</b>	<b>45,9</b>	<b>23.157</b>	<b>45,4</b>	<b>20.980</b>	<b>40,7</b>	<b>20.250</b>	<b>38,8</b>	<b>20.504</b>	<b>38,6</b>	<b>20.601</b>	<b>38,4</b>	<b>19.589</b>	<b>36,9</b>	<b>19.235</b>	<b>35,9</b>
MA	2.637	46,0	2.725	47,0	2.623	44,7	2.668	44,9	2.760	45,2	2.544	41,1	2.478	39,6	2.212	35,1	2.160	33,9	2.113	32,1	2.071	31,2
PI	1.168	40,7	1.103	38,1	1.035	35,4	1.102	37,4	1.088	36,2	992	32,7	848	27,7	804	25,8	851	27,1	813	26,1	790	25,2
CE	3.545	47,0	3.593	46,9	3.915	50,5	3.855	49,0	3.997	49,4	3.525	42,9	3.497	42,0	3.825	45,3	3.858	45,1	3.610	42,7	3.508	41,1
RN	1.041	37,0	1.080	37,9	1.128	39,1	1.169	40,0	1.083	36,1	997	32,8	926	30,0	1.023	32,9	972	31,0	907	28,6	982	30,7
PB	1.137	32,8	1.150	32,9	1.186	33,7	1.219	34,4	1.214	33,8	991	27,4	1.009	27,6	1.073	28,7	1.064	28,2	1.060	28,1	1.076	28,4
PE	3.810	47,6	4.043	50,0	4.309	52,8	4.465	54,2	4.433	52,7	4.067	47,8	4.081	47,5	4.202	48,1	4.168	47,3	4.169	47,4	4.096	46,2
AL	1.141	39,9	1.146	39,7	1.196	41,0	1.183	40,1	1.258	41,7	1.141	37,4	1.177	38,2	1.203	38,5	1.185	37,5	1.152	36,9	1.085	34,5
SE	434	23,9	457	24,8	527	28,1	491	25,8	676	34,4	594	29,7	504	24,8	589	29,5	571	28,3	520	25,1	566	27,1
BA	7.315	55,4	6.264	47,0	6.856	51,0	6.725	49,6	6.648	48,1	6.129	43,9	5.730	40,7	5.573	38,4	5.772	39,4	5.245	37,4	5.061	35,9
<b>Sudeste</b>	<b>32.638</b>	<b>44,4</b>	<b>36.269</b>	<b>48,7</b>	<b>35.645</b>	<b>47,3</b>	<b>34.742</b>	<b>45,5</b>	<b>33.514</b>	<b>42,7</b>	<b>32.820</b>	<b>41,3</b>	<b>32.714</b>	<b>40,6</b>	<b>33.773</b>	<b>42,1</b>	<b>32.912</b>	<b>40,7</b>	<b>32.665</b>	<b>40,6</b>	<b>30.462</b>	<b>37,6</b>
MG	1.187	6,5	5.029	27,4	5.152	27,8	5.189	27,7	5.044	26,2	4.691	24,1	4.686	23,8	4.544	22,9	4.252	21,2	3.875	19,8	3.919	19,9
ES	1.335	42,3	1.333	41,6	1.321	40,6	1.276	38,7	1.270	37,3	1.201	34,7	1.259	35,8	1.377	39,9	1.273	36,5	1.305	37,1	1.254	35,4
RJ	13.670	93,9	13.584	92,3	13.279	89,2	12.943	86,1	12.329	80,1	11.582	74,4	11.554	73,4	11.847	74,6	11.628	72,6	11.244	70,3	9.273	57,6
SP	16.446	43,7	16.323	42,8	15.893	41,1	15.334	39,1	14.871	36,8	15.346	37,4	15.215	36,5	16.005	39,0	15.759	38,1	16.241	39,4	16.016	38,5

Continuação da Tabela 1.

Região e UF	2001		2002		2003		2004		2005		2006		2007		2008		2009		2010		2011	
	Nº	taxa																				
Sul	8.203	32,2	8.913	34,6	9.214	35,4	8.975	34,1	8.741	32,4	8.308	30,4	8.748	31,6	8.996	32,7	9.144	33,0	9.088	33,2	9.085	33,0
PR	2.635	27,2	2.800	28,6	2.872	29,0	2.616	26,1	2.676	26,1	2.437	23,5	2.592	24,7	2.538	24,0	2.406	22,5	2.381	22,8	2.350	22,4
SC	1.352	24,8	1.526	27,6	1.576	28,1	1.516	26,7	1.485	25,3	1.540	25,8	1.579	26,1	1.670	27,6	1.644	26,9	1.733	27,7	1.788	28,3
RS	4.216	40,9	4.587	44,1	4.766	45,3	4.843	45,6	4.580	42,2	4.331	39,5	4.577	41,3	4.788	44,1	5.094	46,7	4.974	46,5	4.947	46,1
<b>Centro-Oeste</b>	<b>3.412</b>	<b>28,7</b>	<b>3.181</b>	<b>26,3</b>	<b>3.336</b>	<b>27,1</b>	<b>3.096</b>	<b>24,7</b>	<b>3.293</b>	<b>25,3</b>	<b>3.181</b>	<b>24,0</b>	<b>3.110</b>	<b>23,0</b>	<b>3.185</b>	<b>23,3</b>	<b>3.057</b>	<b>22,0</b>	<b>3.175</b>	<b>22,6</b>	<b>3.122</b>	<b>22,0</b>
MS	838	39,7	767	35,8	880	40,6	863	39,3	895	39,5	778	33,9	825	35,4	888	38,0	901	38,2	822	33,6	890	35,9
MT	1.217	47,5	1.055	40,5	1.049	39,6	955	35,4	1.119	39,9	1.152	40,3	1.017	34,9	1.099	37,2	986	32,8	1.182	38,9	1.117	36,3
GO	1.012	19,8	1.014	19,5	1.034	19,5	935	17,3	921	16,4	873	15,2	860	14,7	844	14,4	885	14,9	884	14,7	826	13,6
DF	345	16,4	345	16,1	373	17,0	343	15,4	358	15,3	378	15,9	408	16,8	354	13,8	285	10,9	287	11,2	289	11,1
<b>Brasil</b>	<b>73.797</b>	<b>42,8</b>	<b>77.496</b>	<b>44,4</b>	<b>78.606</b>	<b>44,4</b>	<b>77.694</b>	<b>43,4</b>	<b>76.468</b>	<b>41,5</b>	<b>72.213</b>	<b>38,7</b>	<b>71.825</b>	<b>37,9</b>	<b>73.531</b>	<b>38,8</b>	<b>73.082</b>	<b>38,2</b>	<b>71.790</b>	<b>37,6</b>	<b>69.245</b>	<b>36,0</b>

Fonte: Sinan e IBGE (consulta realizada em 16/2/2012). Dados sujeitos a alteração.

Tabela 2 - Óbitos por tuberculose (número e taxa de mortalidade bruta por grupo de 100 mil habitantes), segundo a unidade federada e a região de residência, por ano do óbito. Brasil, 2001 a 2010.

Região e UF	2001		2002		2003		2004		2005		2006		2007		2008		2009		2010	
	Nº	taxa																		
<b>Norte</b>	<b>387</b>	<b>2,9</b>	<b>314</b>	<b>2,3</b>	<b>341</b>	<b>2,5</b>	<b>333</b>	<b>2,4</b>	<b>344</b>	<b>2,3</b>	<b>345</b>	<b>2,3</b>	<b>348</b>	<b>2,3</b>	<b>363</b>	<b>2,4</b>	<b>374</b>	<b>2,4</b>	<b>350</b>	<b>2,2</b>
RO	35	2,5	37	2,6	46	3,2	32	2,2	30	2,0	28	1,8	25	1,6	34	2,3	20	1,3	27	1,7
AC	26	4,5	19	3,2	21	3,5	18	2,9	27	4,0	23	3,3	28	4,0	16	2,4	16	2,3	15	2,0
AM	117	4,0	106	3,6	102	3,4	88	2,8	104	3,2	107	3,2	96	2,8	113	3,4	133	3,9	110	3,2
RR	10	3,0	6	1,7	7	2,0	5	1,4	7	1,8	6	1,5	-	-	3	0,7	2	0,5	4	0,9
PA	175	2,8	129	2,0	152	2,3	170	2,5	152	2,2	155	2,2	169	2,3	179	2,4	180	2,4	169	2,2
AP	11	2,2	10	1,9	6	1,1	6	1,1	11	1,9	11	1,8	11	1,7	7	1,1	9	1,4	13	1,9
TO	13	1,1	7	0,6	7	0,6	14	1,1	13	1,0	15	1,1	19	1,4	11	0,9	14	1,1	12	0,9
<b>Nordeste</b>	<b>1.517</b>	<b>3,1</b>	<b>1.556</b>	<b>3,2</b>	<b>1.501</b>	<b>3,0</b>	<b>1.520</b>	<b>3,0</b>	<b>1.570</b>	<b>3,1</b>	<b>1.611</b>	<b>3,1</b>	<b>1.602</b>	<b>3,1</b>	<b>1.662</b>	<b>3,1</b>	<b>1.629</b>	<b>3,0</b>	<b>1.506</b>	<b>2,8</b>
MA	121	2,1	125	2,2	116	2,0	159	2,7	181	3,0	179	2,9	168	2,7	196	3,1	192	3,0	186	2,8
PI	56	1,9	79	2,7	71	2,4	64	2,2	73	2,4	72	2,4	78	2,5	84	2,7	81	2,6	71	2,3
RN	67	2,4	48	1,7	46	1,6	47	1,6	52	1,7	42	1,4	70	2,3	71	2,3	53	1,7	63	2,0
PB	53	1,5	86	2,5	113	3,2	79	2,2	142	3,9	109	3,0	67	1,8	75	2,0	80	2,1	86	2,3
PE	422	5,3	401	5,0	427	5,2	436	5,3	398	4,7	379	4,5	418	4,9	403	4,6	397	4,5	354	4,0
AL	79	2,8	89	3,1	89	3,1	70	2,4	76	2,5	83	2,7	85	2,8	95	3,0	99	3,1	91	2,9
SE	34	1,9	26	1,4	30	1,6	39	2,0	41	2,1	43	2,1	35	1,7	35	1,8	45	2,2	39	1,9
BA	429	3,2	470	3,5	418	3,1	412	3,0	375	2,7	440	3,2	428	3,0	434	3,0	406	2,8	377	2,7
<b>Sudeste</b>	<b>2.710</b>	<b>3,7</b>	<b>2.495</b>	<b>3,4</b>	<b>2.388</b>	<b>3,2</b>	<b>2.366</b>	<b>3,1</b>	<b>2.087</b>	<b>2,7</b>	<b>2.183</b>	<b>2,7</b>	<b>2.111</b>	<b>2,6</b>	<b>2.159</b>	<b>2,7</b>	<b>2.122</b>	<b>2,6</b>	<b>2.086</b>	<b>2,6</b>
MG	293	1,6	312	1,7	308	1,7	333	1,8	319	1,7	298	1,5	298	1,5	306	1,5	315	1,6	285	1,5
ES	68	2,2	64	2,0	71	2,2	70	2,1	51	1,5	67	1,9	67	1,9	73	2,1	70	2,0	61	1,7
RJ	1.030	7,1	961	6,5	889	6,0	910	6,1	789	5,1	848	5,4	825	5,2	870	5,5	815	5,1	889	5,6
SP	1.319	3,5	1.158	3,0	1.120	2,9	1.053	2,7	928	2,3	970	2,4	921	2,2	910	2,2	922	2,2	851	2,1
Sul	577	2,3	563	2,2	538	2,1	528	2,0	497	1,8	472	1,7	462	1,7	501	1,8	460	1,7	437	1,6

Continuação da Tabela 2.

Região e UF	2001		2002		2003		2004		2005		2006		2007		2008		2009		2010	
	Nº	taxa																		
PR	212	2,2	192	2,0	203	2,0	191	1,9	169	1,6	176	1,7	141	1,3	152	1,4	122	1,1	118	1,1
SC	57	1,0	57	1,0	59	1,1	56	1,0	51	0,9	54	0,9	46	0,8	59	1,0	65	1,1	61	1,0
RS	308	3,0	314	3,0	276	2,6	281	2,6	277	2,6	242	2,2	275	2,5	290	2,7	273	2,5	258	2,4
<b>Centro-Oeste</b>	<b>234</b>	<b>2,0</b>	<b>234</b>	<b>1,9</b>	<b>219</b>	<b>1,8</b>	<b>234</b>	<b>1,9</b>	<b>237</b>	<b>1,8</b>	<b>212</b>	<b>1,6</b>	<b>212</b>	<b>1,6</b>	<b>196</b>	<b>1,4</b>	<b>212</b>	<b>1,5</b>	<b>224</b>	<b>1,6</b>
MS	58	2,7	63	2,9	62	2,9	68	3,1	66	2,9	57	2,5	48	2,1	59	2,5	67	2,8	66	2,7
MT	94	3,7	95	3,6	70	2,6	76	2,8	86	3,1	80	2,8	87	3,0	78	2,6	82	2,7	98	3,2
GO	59	1,2	57	1,1	68	1,3	68	1,3	70	1,2	65	1,1	59	1,0	50	0,9	57	1,0	47	0,8
DF	23	1,1	19	0,9	19	0,9	22	1,0	15	0,6	10	0,4	18	0,7	9	0,4	6	0,2	13	0,5
<b>Brasil</b>	<b>5.425</b>	<b>3,1</b>	<b>5.162</b>	<b>3,0</b>	<b>4.987</b>	<b>2,8</b>	<b>4.981</b>	<b>2,8</b>	<b>4.735</b>	<b>2,6</b>	<b>4.823</b>	<b>2,6</b>	<b>4.735</b>	<b>2,5</b>	<b>4.881</b>	<b>2,6</b>	<b>4.797</b>	<b>2,5</b>	<b>4.603</b>	<b>2,4</b>

Fonte: SIM e IBGE (consulta realizada em 16/2/2012). Dados sujeitos a alteração.

O diagnóstico da tuberculose não é uma tarefa simples, exigindo o uso de diversas técnicas. O método mais comum de diagnóstico e indicado pela OMS como primeiro exame laboratorial é a análise microscópica do escarro de pacientes com sintomas da TB. Nesse processo, o escarro é posto em lâmina microscópica e corada com corantes, que permitem, por meio de microscópio ótico convencional, a visualização dos bacilos em cor vermelha sobre um fundo azulado. O diagnóstico é realizado a partir da ausência ou presença de bacilos, quantificados conforme o Manual de Diagnóstico Laboratorial da Tuberculose escrito por Campelo et al. (2001), onde se define a metodologia de contagem de bacilos em 100 campos microscópicos de uma única lâmina. Esse processo como um todo é manual, demorado e sujeito a erros, fazendo com que haja uma alta taxa de falsos negativos e variações intra e inter-observador, o que pode ser melhorado com a automatização do diagnóstico, contribuindo para a obtenção de dados mais confiáveis.

A identificação e contagem dos bacilos de forma automatizada podem ser feitas a partir do desenvolvimento de um sistema de imageamento. Tipicamente um sistema dessa natureza envolve as seguintes etapas: a) avaliação do foco das imagens de campos da lâmina contendo a secreção pulmonar do paciente; b) Pré-processamento das imagens; c) extração das características; d) classificação e e) pós-processamento.

Neste trabalho, são utilizadas as imagens em foco adquiridas e pré-processadas a partir do procedimento de avaliação de autofoco realizado por Kimura et al. (2010). A partir dessas imagens selecionaram-se características que permitissem diferenciar os bacilos do fundo. As melhores características foram selecionadas através da técnica de seleção escalar de características. As melhores características selecionadas foram utilizadas como entrada para um classificador de pixel. Na saída desse classificador, um pixel é classificado como pertencente a um bacilo ou como pertencente ao fundo.

Alguns trabalhos na literatura conseguiram segmentar e classificar bacilos por canais de cor RGB, como por exemplo, o trabalho de Costa et al. (2008) que reporta um método para automatização do processo de detecção dos BAAR em microscopia convencional.

Diferentemente da baciloscopia convencional, a microscopia por fluorescência distingue de forma bem clara os bacilos do fundo, o que facilita o trabalho de identificação dos mesmos. Contudo, a microscopia convencional é a mais adequada em países em desenvolvimento devido ao fato do aparato tecnológico ter menor custo em comparação à fluorescência de acordo com Makkapati et al. (2009).

Este trabalho de dissertação desenvolveu uma nova técnica para reconhecimento de bacilos a partir da classificação de pixels dos bacilos de tuberculose. Em relação ao trabalho de dissertação anterior que tratava do reconhecimento de bacilos desenvolvido pelo mesmo grupo de pesquisa, no âmbito do Programa de Pós-graduação em Engenharia Elétrica da Universidade Federal do Amazonas, Sena (2007), o trabalho atual diferencia-se nos seguintes aspectos: analisou o potencial de uma série de características referentes às variáveis de cor que possam diferenciar o bacilo do fundo; utilizou a técnica FDR para seleção de um conjunto ótimo de características quanto ao seu poder de discriminação entre classes; utilizou classificadores de pixel baseados em máquinas de vetores de suporte. Além disso, foram utilizadas imagens em foco obtidas a partir das especificações de autofoco no trabalho realizado por Kimura et al. (2010).

### 1.1. OBJETIVO GERAL

Pesquisar e desenvolver uma nova técnica de reconhecimento de padrões para segmentação e quantificação de bacilos da tuberculose em imagens de baciloscopia de campo claro, através do emprego de uma nova técnica de classificação de pixels, utilizando lâminas preparadas segundo o método de coloração *Kinyoun*.

### 1.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Propor um conjunto de características de cor a partir dos espaços RGB, HSI, YCbCr e Lab, que possam ser utilizadas para segmentação dos bacilos em imagens de baciloscopia de campo claro, com lâminas preparadas segundo o método de coloração de Kinyoun;
- Selecionar um conjunto de características ótimo para o processo de reconhecimento de bacilos da tuberculose utilizando a técnica de seleção escalar de características;
- Estudar e propor a técnica de Máquinas de Vetores de Suporte como método de classificação de pixels provenientes de imagens de baciloscopia de campo claro, visando à classificação de pixels em duas classes: pixels pertencentes a bacilos ou ao fundo;

- Construir uma base de dados de imagens de TB, com bacilos identificados e validados por um especialista;

### 1.3. DESENVOLVIMENTO DA DISSERTAÇÃO

Esta dissertação está organizada nos seguintes capítulos:

- i. Introdução (Capítulo I);
- ii. Fundamentos Teóricos (Capítulo II);
- iii. Revisão Bibliográfica (Capítulo III)
- iv. Materiais e Métodos (Capítulo IV);
- v. Resultados e Discussão (Capítulo V);
- vi. Conclusão (Capítulo VI);
- vii. Referências Bibliográficas.

No Capítulo II são abordados os seguintes tópicos: modelos de cores RGB, XYZ, HSI, YCbCr, LAB; descritores de região; especificidade, sensibilidade e acurácia; medidas de separabilidade de classes; seleção escalar de características; máquinas de vetores de suporte; hiperplano ótimo de separação; truques de kernel - mapeamento para um espaço de alta dimensão; kernel; critério de parada. Esses tópicos são necessários para descrever as técnicas utilizadas nesta dissertação.

No Capítulo III são mostrados os principais trabalhos relacionados na literatura no que tange à segmentação e classificação de bacilos de Tuberculose, procurando destacar as peculiaridades de cada um desses trabalhos. Nesse capítulo são destacadas as seguintes seções de cada artigo: materiais; segmentação; espaços de cores utilizados; espaços de cores; extração de características e classificação.

No Capítulo IV, são detalhados a natureza das imagens utilizadas e o processo de separação dessas imagens com base no conteúdo de fundo. São descritos ainda os processos e as etapas da metodologia para a seleção das variáveis utilizadas na classificação dos bacilos de TB.

No Capítulo V são apresentados os resultados da segmentação dos bacilos e medidas de desempenho como acurácia, sensibilidade e especificidade referentes ao treinamento e teste das arquiteturas utilizadas na etapa de classificação. Além disso, são apresentados,

discutidos e analisados os resultados obtidos a partir desse processo, Por fim são feitas comparações com os resultados obtidos na literatura.

No Capítulo VI são apresentadas a principais conclusões deste trabalho, os objetivos alcançados, bem como sugestões para a continuação e aprimoramentos.

---

## 2. FUNDAMENTOS TEÓRICOS

### 2.1. INTRODUÇÃO

Diversas técnicas de processamento digital de imagens e de reconhecimento de padrões vêm sendo estudadas e aplicadas na identificação de bacilos da TB em imagens coradas com método de coloração amplamente utilizado na microscopia de campo claro *Ziehl-Neelsen* (ZN). De forma geral, os componentes das imagens no formato RGB ou convertidas para outros espaços de cores como HSV, YCbCr, Lab, entre outros, fornecem valores de pixels que formam dois conjuntos denominados de treinamento, que é utilizado para ensinar o classificador a separar pixels de bacilo e fundo, e teste, que é a validação realizada para conferir o grau de aprendizado do classificador. Esses conjuntos são passados como entrada para os classificadores que têm a finalidade de classificar os pixels como sendo de bacilo ou de fundo, como, por exemplo, o classificador máquina de vetores de suporte. Outras entradas para os classificadores são as características como área, excentricidade, compacidade, etc. Cada classificador ou técnica de classificação utilizada é avaliada conforme medidas de desempenho tais como: especificidade, sensibilidade, acurácia e taxas de erro e acerto.

Este capítulo aborda as técnicas utilizadas nesse trabalho, detalhando e definindo os espaços de cores utilizados tais como o RGB, HSI, YCbCr e Lab, além de mostrar os conceitos relativos ao processo de seleção escalar de características, definição do classificador máquina de vetores de suporte, descritor de região área usado na remoção de ruídos e aglomerados e medidas de desempenho de sistemas de reconhecimento de padrões.

A Figura 2 ilustra um fluxograma básico com as etapas de um processo de reconhecimento de padrões aplicado a imagens.

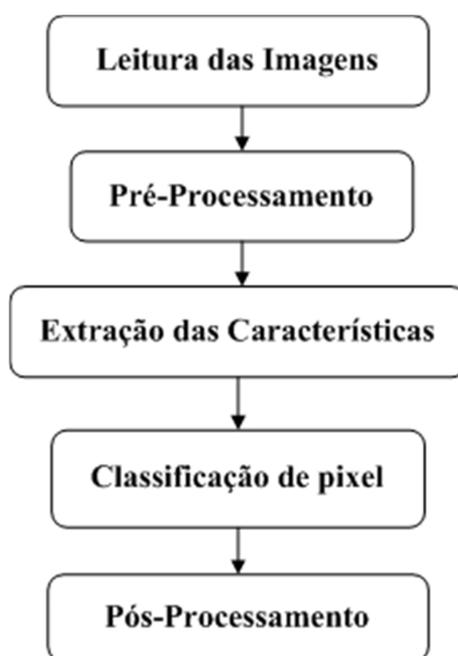


Figura 2 - Fluxograma do esquema de reconhecimento de padrões.

## 2.2. MODELO DE CORES

### 2.2.1. Fundamentos da cor

Segundo Pedrini e Schwartz (2008), a compreensão da natureza da luz é essencial no estudo das cores. A cor é uma manifestação perceptual da luz, um sinal magnético. Um raio luminoso é constituído de partículas chamadas fótons, cuja frequência e velocidade determinam o comprimento de onda da radiação.

Na formação das cores, dois processos principais podem ser destacados, o processo aditivo e o subtrativo. O processo aditivo ocorre quando incide sobre a retina fótons com diferentes comprimentos de onda, ficando o sistema nervoso responsável por integrar esses comprimentos de onda numa única informação de cor. O processo subtrativo ocorre quando a luz que os olhos recebem é proveniente de material transparente (filtro), corantes ou pigmentos, em que parte da energia luminosa incidente é absorvida e parte é transmitida.

O brilho, o matiz e a saturação são algumas características normalmente usadas para distinguir uma cor de outra. O brilho ou luminância representa a noção de intensidade luminosa da radiação. O matiz é uma propriedade associada ao comprimento de onda predominante na combinação de ondas de luz. A saturação expressa a pureza do matiz ou, de

modo similar, o grau de mistura do matriz original com a luz branca. As cores puras são completamente saturadas. O matiz e a saturação podem ser tomados juntos, no que se denomina croma, de forma que uma cor pode ser caracterizada pelo seu brilho e croma.

Segundo Ohta e Roberston (2005), a luz que causa a sensação de cor nos olhos é chamada estímulo de cor. A correspondência de cores para um estímulo de cor arbitrário pode ser obtida pela mistura de três luzes coloridas, de tal maneira que a mesma resposta é obtida nos três tipos de cone. Assim, o estímulo de cor pode ser especificado indiretamente pelas quantidades das três luzes coloridas misturadas em vez de diretamente pela resposta desses três tipos. Tal sistema não especifica a aparência de um estímulo, mas simplesmente especifica, em termos físicos, a natureza de um estímulo definido que produz uma aparência idêntica sob condições idênticas.

Sistemas de mistura de cores são baseados nessas características básicas de um estímulo de cor através do qual pode ser combinado por uma mistura de três estímulos de referência, normalmente vermelho, verde e azul. O estímulo de cor é especificado pelas quantidades dos três estímulos de referência na mistura e o sistema é, portanto, conhecido como um sistema tricromático. As três quantidades são conhecidas como valores de triestímulos. A distribuição espectral do estímulo de cor é conhecida como função de estímulo de cor. Pelo fato de que a função de estímulo de cor, que é uma quantidade física, ser combinada com uma resposta espectral psicológica do olho, os valores de triestímulos são conhecidos como valores psicofísicos. Em geral, quaisquer três valores, tais como os valores de triestímulo, que expressam o estímulo de cor, são chamados valores colorimétricos. O atributo de um estímulo de cor que é expresso por valores colorimétricos é chamado de cor psicofísica.

### 2.2.2. Modelo RGB

Esse Modelo é baseado em um sistema de coordenadas cartesianas, no qual o espaço de cores é um cubo, como mostra a Figura 3. As cores primárias vermelho (R, *red*), verde (G, *green*) e azul (B, *blue*) estão em três vértices do cubo. As cores secundárias, ciano, magenta e amarelo estão em outros três vértices. O vértice junto à origem é o preto e o mais afastado da origem corresponde à cor branca.

No modelo RGB, a escala de cinza se estende através da diagonal do cubo, ou seja, o segmento de reta que une origem (preto) até o vértice mais distante (branco). Por conveniência, geralmente assume-se que os valores R, G e B estão normalizados entre 0 e 1.

Os pixels de uma imagem no modelo de cor RGB são representados por três coordenadas, uma para cada cor primária.

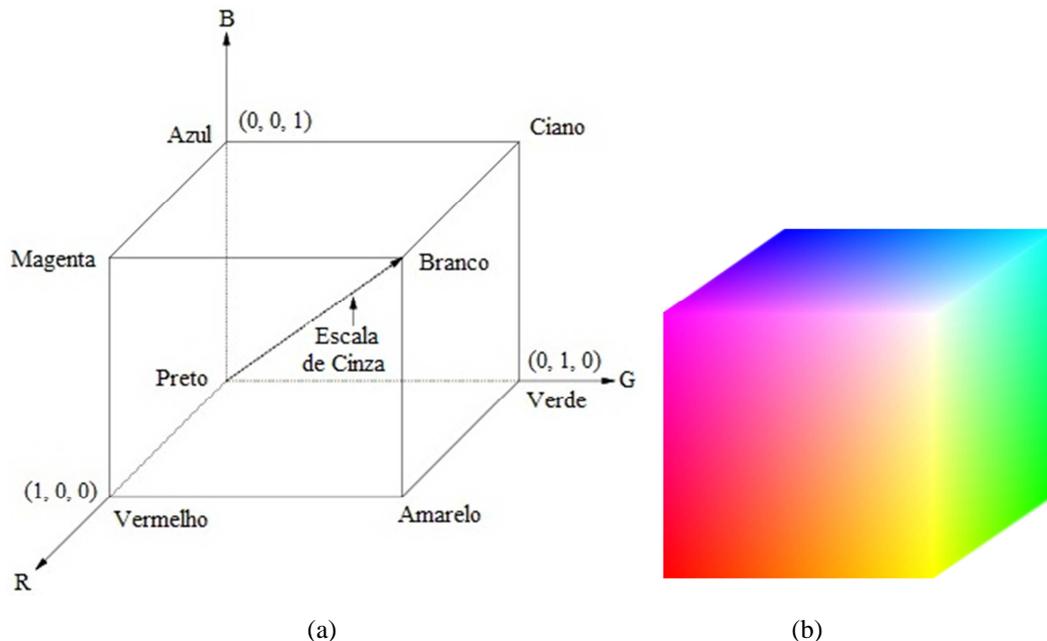


Figura 3 – a) Modelo RGB e b) Cubo RGB de 24-bit.  
Fonte: Gonzalez & Woods (2008).

O número de bits usados para representar cada pixel no espaço de cor RGB é chamado de profundidade de pixel. Considere uma imagem na qual para representar cada uma das componentes R, G e B sejam utilizadas uma palavra de 8-bits. Sob essas condições, cada pixel RGB, composto pelas coordenadas R, G e B, tem uma profundidade de 24 bits (três planos de imagem vezes o número de bits por plano). O número total de cores em uma imagem RGB de 24-bits é  $(2^8)^3 = 16.777.216$ .

### 2.2.3. Modelo XYZ

O modelo de cores X, Y, Z foi proposto pela CIE (*Commission Internationale de l'éclairage*) é baseado nas cores primárias X, Y, Z. Segundo Ohta e Roberston (2005), os sistemas RGB e XYZ podem ser mutuamente convertidos. Os valores triestímulos R, G e B podem ser convertidos para os valores triestímulos X, Y, Z pela equação 1:

$$\begin{bmatrix} X \\ Y \\ Z \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 2,7689 & 1,7517 & 1,1302 \\ 1,0000 & 4,5907 & 0,06010 \\ 0,0000 & 0,0565 & 5,5943 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} R \\ G \\ B \end{bmatrix} \quad (1)$$

Inversamente, os valores triestímulos X, Y e Z podem ser convertidos em R, G e B , respectivamente, por:

$$\begin{bmatrix} R \\ G \\ B \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 2,7689 & 1,7517 & 1,1302 \\ 1,0000 & 4,5907 & 0,06010 \\ 0,0000 & 0,0565 & 5,5943 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X \\ Y \\ Z \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0,4185 & -0,1587 & -0,0828 \\ -0,0912 & 0,2524 & 0,0157 \\ 0,0009 & 0,0025 & 0,1786 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} X \\ Y \\ Z \end{bmatrix} \quad (2)$$

#### 2.2.4. Modelo HSI

O modelo HSI representa uma cor em termos do matiz (H, *hue*), saturação (S, *saturation*) e intensidade (I, *intensity*). A combinação desses parâmetros em um espaço de cores tridimensionais resulta em uma estrutura piramidal de três lados, mostrada na Figura 5.

Qualquer ponto da superfície dessa estrutura representa uma cor puramente saturada. Os vértices do triângulo da base comum às duas pirâmides correspondem às cores primárias vermelho, verde e azul (Figura 4). A partir da Figura 5, pode-se observar que o matiz H é determinado pelo ângulo do vetor correspondente a cor, com respeito ao eixo da cor vermelha. Assim, quando  $H = 0^0$ , a cor é vermelha, quando  $H=60^0$ , a cor é amarela, e assim por diante. A saturação de uma cor está associada à pureza do matiz. A saturação é definida pelo módulo do vetor da cor. Quanto maior esse módulo maior o valor da saturação.

A componente de intensidade no modelo HSI é medida com respeito a um eixo perpendicular ao triângulo, passando através de seu centro. As intensidades ao longo dessa linha que ficam abaixo do triângulo são mais escuras, enquanto as intensidades acima do triângulo são mais claras.

As equações 3, 4 e 5 são as expressões do matiz, saturação e intensidade, respectivamente:

$$H = \left( \frac{(R - G) + (R - B)}{2\sqrt{(R - G)^2 + (R - B)(G - B)}} \right) \quad (3)$$

$$S = 1 - \frac{3 \min(R, G, B)}{R + G + B} \quad (4)$$

$$I = \frac{R + G + B}{3} \quad (5)$$

Caso  $B > G$ , então  $H = 360 - H$ . Assume-se que os componentes  $R$ ,  $G$  e  $B$  estão normalizados no intervalo entre 0 e 1. A intensidade  $I$  e a saturação  $S$  estão normalizadas entre 0 e 1. O matiz  $H$  varia entre 0 e 360 graus. Pode-se observar a partir da equação 4 que, se  $S$  for igual a 0,  $H$  será indefinido. O valor de  $S$  será igual a 0 se  $\min(R, G, B) = 1/3$ . O valor de  $S$  será igual a 1 se  $\min(R, G, B) = 0$ , ou seja, se o ponto estiver em uma das arestas do triângulo da Figura 4, (Pedrini e Schwartz, 2008).

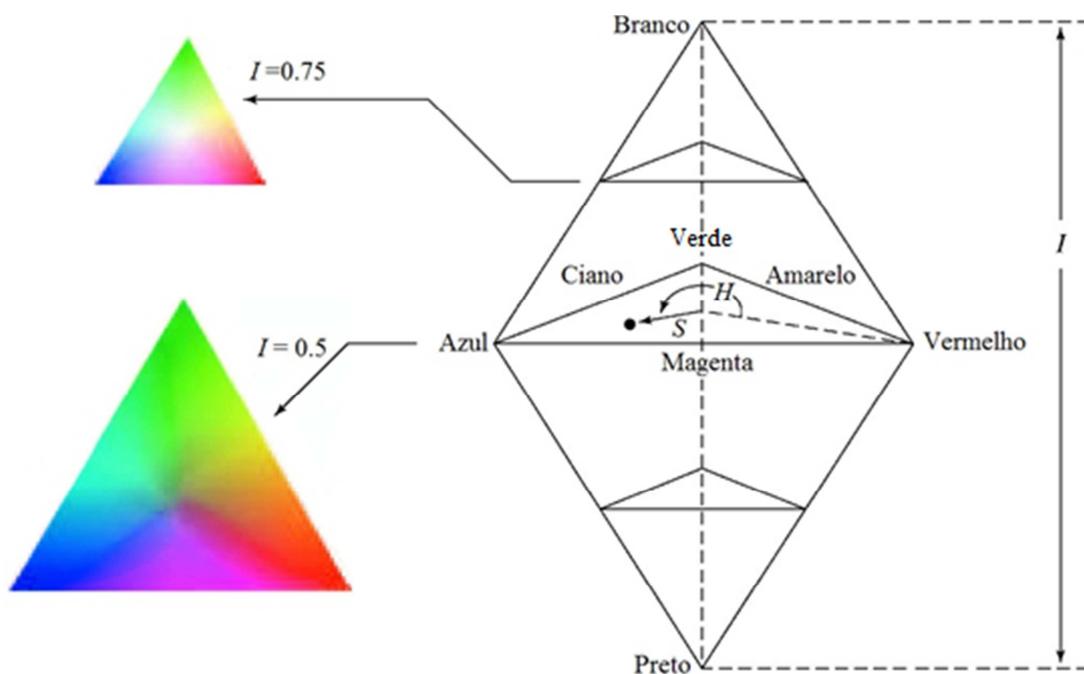


Figura 4 – Modelo HSI.  
Fonte: Gonzalez e Woods (2008).

### 2.2.5. Modelo YCbCr

No modelo YCbCr,  $Y$  representa a informação de luminância, enquanto a informação de cor é armazenada nas componentes  $Cb$  e  $Cr$ . A componente  $Cb$  é a diferença entre a cor azul e um valor de referência, o componente  $Cr$  é a diferença entre a cor vermelha e um valor de referência. A conversão do sistema RGB para YCbCr é dada por, (veja Pedrini e Schwartz, 2008):

$$\begin{bmatrix} Y \\ Cb \\ Cr \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0,299 & 0,587 & 0,114 \\ -0,169 & -0,331 & 0,5 \\ 0,5 & -0,419 & -0,081 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} R \\ G \\ B \end{bmatrix} \quad (6)$$

### 2.2.6. Modelo Lab

O modelo Lab é derivado do modelo XYZ da CIE. O componente L corresponde à iluminação, enquanto os componentes a e b correspondem à informação de cromaticidade, dados por (veja Pedrini e Schwartz, 2008):

$$L = \begin{cases} 116 \left(\frac{Y}{Y_n}\right)^{1/3} - 16, & \text{se } \frac{Y}{Y_n} > 0,008856 \\ 903,3 \left(\frac{Y}{Y_n}\right), & \text{se } \frac{Y}{Y_n} \leq 0,008856 \end{cases} \quad (7)$$

$$a = 500 \left[ f\left(\frac{X}{X_n}\right) - f\left(\frac{Y}{Y_n}\right) \right] \quad (8)$$

$$b = 200 \left[ f\left(\frac{Y}{Y_n}\right) - f\left(\frac{Z}{Z_n}\right) \right] \quad (9)$$

Em que  $f(t)=t^{1/3}$  se  $t > 0,008856$  ou caso contrário,  $f(t)=7,787t + 16/116$ .

### 2.3. DESCRITORES DE REGIÃO

Segundo Pedrini e Schwartz (2008), um dos problemas básicos em análise de imagens é a seleção do conjunto e características extraídas desse objeto para o propósito de classificação. Após a imagem ter sido segmentada em regiões ou objetos, os agrupamentos resultantes de pixels são organizados e descritos em formato apropriado para o processo subsequente.

Um objeto pode ser representado em termos de suas características externas (bordas) ou características internas (*pixels* que compõem o objeto). A descrição depende da representação adotada e deve permitir a caracterização de sua forma com um número reduzido de características ou medidas extraídas do objeto.

A forma do objeto é uma informação visual importante e tem sido utilizada como uma das características básicas para descrever o conteúdo das imagens. Entretanto, em muitos problemas práticos, a forma dos objetos pode sofrer distorções devido à presença de ruído, oclusão com outros objetos e outros tipos de degradações.

Nos descritores baseados em região, os pixels localizados no interior da região ou objeto são considerados no cálculo do descritor, em vez de utilizar apenas os pixels que formam a borda da região.

### 2.3.1. Área

A área pode ser expressa como o número de pixels que compreende o objeto ou a região de interesse. Em uma imagem binária, a área de um objeto contido em um retângulo com dimensões de  $m \times n$  pixels, em que os pixels  $f(x,y)$  do objeto são representados pelo valor 1, é definido na equação 10 (Pedrini e Schwartz, 2008):

$$\text{Área} = \sum_{x=0}^{m-1} \sum_{y=0}^{n-1} f(x,y) \quad (10)$$

## 2.4. AVALIAÇÃO DE DESEMPENHO DE SISTEMAS

### 2.4.1. Especificidade e sensibilidade

Segundo Metz (1978), a Sensibilidade  $S$  e a Especificidade  $E$  de um sistema diagnóstico são definidas, respectivamente, da seguinte forma:

$$S = \frac{VP}{VP + FN} \quad (11)$$

$$E = \frac{VN}{VN + FP} \quad (12)$$

Onde:

VP – verdadeiro positivo, quantidade de pacientes doentes classificados como doentes;

VN – verdadeiros negativos, quantidade de pacientes não doentes classificados como não doentes;

FP – falsos positivos, quantidade de pacientes não doentes classificados como doentes;

FN – falsos negativos, quantidade de pacientes doentes classificados como não doentes.

A Figura 5 ilustra os conceitos de verdadeiro positivo, verdadeiro negativo, falso positivo e falso negativo.

		Algoritmo de decisão	
		Presença de anomalia	Ausência de anomalia
Resultado Clínico	Presença de anomalia	Verdadeiro Positivo (VP)	Falso Negativo (FN)
	Ausência de anomalia	Falso Positivo (FP)	Verdadeiro Negativo (VN)

Figura 5 - Verdadeiros e Falsos Positivos e Negativos.

#### 2.4.2.Acurácia

Acurácia é a proporção de predições corretas, sem considerar o que é positivo e o que é negativo e sim o acerto total. É dada por (Metz, 1978):

$$Acc = \frac{(VP + VN)}{(VP + FP + VN + FN)} \quad (13)$$

### 2.4.3. Taxa de erro e taxa de acerto

Segundo Scholkopf e Smola (2002), a taxa de erro denota a razão entre as predições falsas e o total de predições. Segundo Abe (2010), a taxa de acerto é a razão entre as predições corretas e o total de predições.

Neste trabalho, a taxa de erro é a razão entre a quantidade de falsos positivos classificados como bacilos e o número total de objetos segmentados e classificados como bacilos e a taxa de acerto é a razão entre a quantidade de bacilos corretamente classificados e o número total de objetos classificados como bacilos. Ambas as taxas são complementares.

### 2.4.4. Curva ROC

Uma curva ROC é um critério utilizado tanto para avaliar a separabilidade entre classes como para avaliar o desempenho de sistemas de reconhecimento de padrões. Em relação à separabilidade de classes, a curva ROC fornece informações em relação à sobreposição entre classes. Em relação aos sistemas de reconhecimento de padrões, permite visualizar, avaliar organizar e selecionar classificadores com base em seu desempenho (Theodoridis e Koutroumbas, 2006).

Na Figura 6(a) é mostrado um exemplo para entendimento prático da curva ROC com duas funções de densidade de probabilidade sobrepostas que descrevem as distribuições de uma característica em duas classes, juntamente com um limiar, sendo a classe  $\omega_1$  para valores à esquerda do limiar e a classe  $\omega_2$  para os valores à direita. A decisão dos valores pertencerem à  $\omega_1$  está associada com uma probabilidade de erro  $a$  e probabilidade de acerto  $(1 - a)$  de se chegar a uma decisão do valor pertencer ou não à classe  $\omega_1$ , que é igual à área indicada por  $a$  ou  $\beta$  sob a curva correspondente. Similarmente,  $\beta$  é a probabilidade de uma decisão errada e  $(1 - \beta)$  é probabilidade correta em relação à classe  $\omega_2$ . Movendo-se o limiar em todas as posições possíveis, obtêm-se valores diferentes para  $a$  e  $\beta$ . É fácil perceber que se as duas distribuições têm sobreposição completa então em qualquer posição do limiar  $a = 1 - \beta$ . Esse caso corresponde à diagonal na Figura 6(b), onde os dois eixos são  $a$  e  $(1 - \beta)$ . Quando as duas distribuições se separam, a correspondente curva se afasta da linha reta, conforme mostrado na Figura 6(b). Isso revela que a sobreposição das classes é menor quanto maior for a área sob a curva. As classes são ditas extremamente separadas se, ao varrer a região de  $a \in [0, 1]$ ,  $(1 - \beta)$  permanece constante e igual a 1. Assim, a área aferida varia entre zero

para sobreposição total e  $1/2$  (a área do triângulo superior) para completa separação, que é a medida da capacidade de discriminação da classe da característica específica. Ao se aplicar a curva de ROC para avaliar o desempenho de um classificador, varia-se o valor de um limiar na saída do classificador e calculam-se as percentagens de erro e acerto de classificação de vetores de características cujas classes são previamente conhecidas.

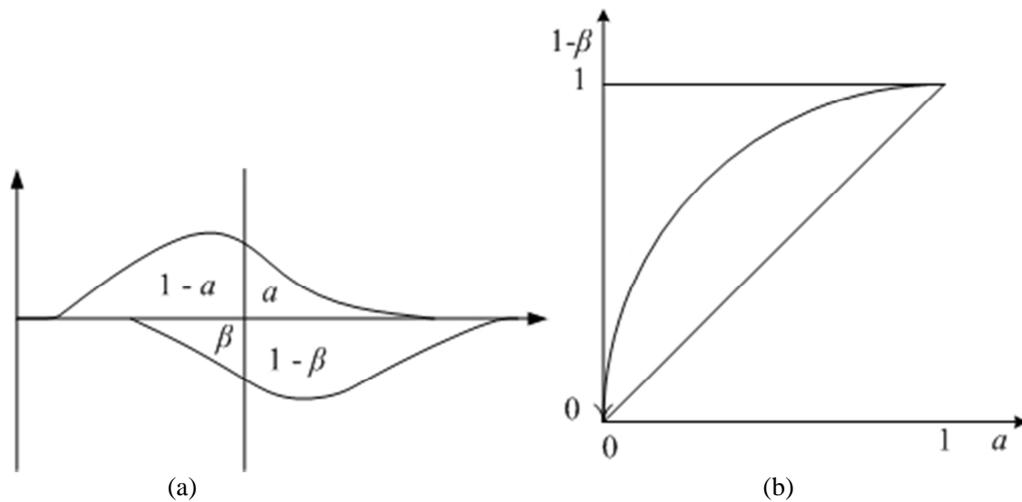


Figura 6 - Exemplo de (a) sobreposição de duas funções de densidade de probabilidade de uma característica em duas classes (b) Curva ROC.

Fonte: Theodoridis e Koutroumbas (2006).

## 2.5. SELEÇÃO DE CARACTERÍSTICAS

### 2.5.1. Medidas de separabilidade de classes

A correlação que inevitavelmente existe entre as várias características influencia na capacidade de classificação de um sistema de reconhecimento de padrões. A medida da eficiência da discriminação desses vetores pode ser usada para combinar características apropriadas e obter o melhor conjunto que separa as classes de objetos. A seguir serão citadas algumas medidas de separabilidade de classes propostas na literatura (veja, por exemplo, Theodoridis e Koutroumbas, 2006).

Uma forma mais simples de construir informação relacionada às amostras do vetor de características que estão dispersos no espaço  $l$ -dimensional é utilizando as matrizes de dispersão intra-classe e entre classes.

A Matriz de dispersão intra-classe é definida como:

$$S_w = \sum_{i=1}^M P_i S_i \quad (14)$$

$S_i$ , na equação 14, é a matriz de covariância para a classe  $\omega_i$  dada por:

$$S_i = E[(\mathbf{x} - \boldsymbol{\mu}_i)(\mathbf{x} - \boldsymbol{\mu}_i)^T] \quad (15)$$

$P_i$  é a probabilidade a priori da classe  $\omega_i$ , ou seja,  $P_i \approx n_i/N$ , onde  $n_i$  é o número de amostras na classe  $\omega_i$ , do total de  $N$  amostras e  $\boldsymbol{\mu}_i$  é a média para a classe  $\omega_i$ , na equação 15.

$S_w$  é a média da matriz de covariância ponderada das classes.

A Matriz de dispersão entre classes é dada por:

$$S_b = \sum_{i=1}^M P_i (\boldsymbol{\mu}_i - \boldsymbol{\mu}_0)(\boldsymbol{\mu}_i - \boldsymbol{\mu}_0)^T \quad (16)$$

Na equação 16,  $\boldsymbol{\mu}_0$  é o vetor de média global dado por:

$$\boldsymbol{\mu}_0 = \sum_i^M P_i \boldsymbol{\mu}_i \quad (17)$$

Para a separação entre duas classes, a razão  $|S_b|/|S_w|$  é chamado de Razão de Discriminação de Fisher (*Fisher's Discriminant Ratio* - FDR), com  $|S_b|$  proporcional a  $(\mu_1 - \mu_2)^2$  e  $|S_w|$  proporcional a  $\sigma_1^2 + \sigma_2^2$ . Logo, a FDR é dada por:

$$FDR = \frac{(\mu_1 - \mu_2)^2}{\sigma_1^2 + \sigma_2^2} \quad (18)$$

Na equação 18,  $\mu_1$  e  $\sigma_1^2$  representam, respectivamente a média e o desvio padrão da amostra da classe  $\omega_1$ ,  $\mu_2$  e  $\sigma_2^2$  representam, respectivamente, a média e o desvio padrão da amostra da classe  $\omega_2$ .

De acordo com Theodoridis e Koutroumbas (2006), essa técnica é utilizada para validar o grau de separação individual das características.

O cálculo da FDR remete ao teste  $q$  que aparece na hipótese de testes estatísticos. Aqui o uso de FDR é sugerido em uma forma mais primitiva independente das distribuições estatísticas subjacentes. Para multiclasses, a forma de média da FDR é definida como:

$$FDR = \sum_i^M \sum_{j \neq i}^M \frac{(\mu_i - \mu_j)^2}{\sigma_i^2 + \sigma_j^2} \quad (19)$$

Os subscritos  $i, j$  referem-se, na equação 19, à média e variância correspondente à característica sob investigação, para as classes  $\omega_i$  e  $\omega_j$ , respectivamente.

Através do exemplo mostrado na Figura 7, distribuições de pontos com diferentes valores médios e com diferentes variâncias intra classe, pode ser mais bem compreendida a natureza dos termos que compõem a expressão da FDR os termos matriz de dispersão entre classes e matriz de dispersão intra-classe.

A imagem mostrada na Figura 7(a) apresenta distribuições de pontos com variâncias intra-classe e distâncias entre classes pequenas. A imagem mostrada na Figura 7(b) apresenta distribuições de pontos com variâncias intra-classe grandes e distâncias entre classes pequenas. A imagem mostrada na Figura 7(c) apresenta distribuições de pontos com variâncias intra-classe pequenas e distâncias entre classes grandes. Do melhor ao pior caso, ou seja, do maior para menor valor de FDR, as imagens se classificam na ordem:  $FDR(\text{Figura 7(c)}) > FDR(\text{Figura 7(b)}) > FDR(\text{Figura 7(a)})$ .

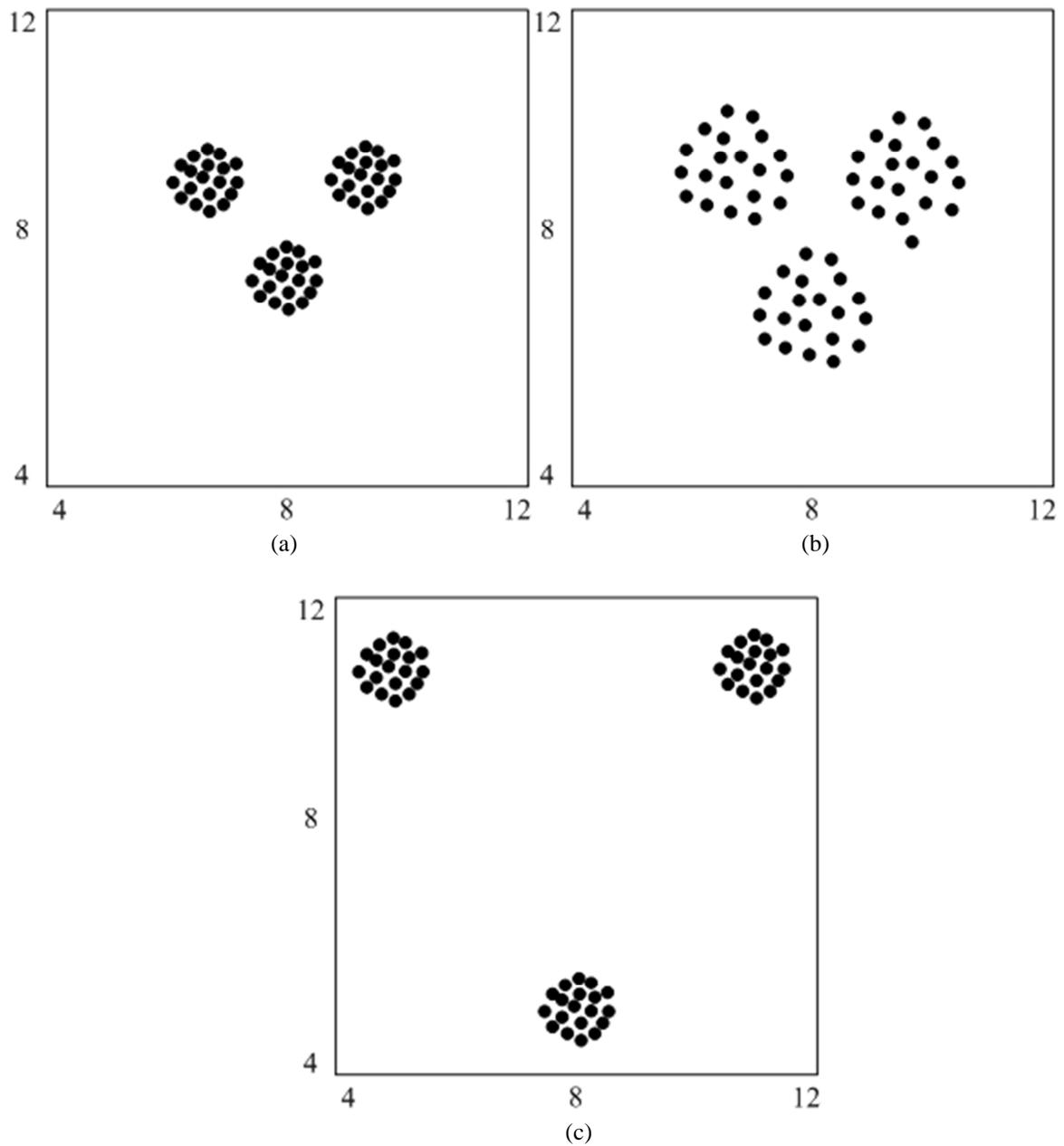


Figura 7 – Classes com (a) pequenas variância intra-classe e distância entre classes, (b) grande variância intra-classe e pequena distância entre classe, (c) Pequena variância intra-classe e grande distância entre classes.  
 Fonte: Theoridis e Koutroumbas (2006).

### 2.5.2. Seleção de subconjunto de características

O processo de seleção de características é essencial pelo fato de que, dado um conjunto de características, é necessário selecionar as mais importantes delas de forma a reduzir o número de características e ao mesmo tempo manter a capacidade discriminatória das mesmas. Por exemplo, se as características selecionadas tiverem pouco poder de discriminação, o classificador terá um desempenho ruim. Por outro lado, se as melhores

características forem selecionadas, o classificador terá um ganho de desempenho maior. Dessa forma, o processo de seleção de característica adotado é o ponto chave de todo o procedimento de classificação.

Basicamente, a seleção de um subconjunto de características consiste em selecionar um subconjunto de  $l$  em  $m$  características originalmente disponíveis. Há duas formas principais de se obter isso: Seleção escalar de característica; e Seleção de vetor de característica.

Na Seleção Escalar de Características, as características são individualmente tratadas. Qualquer um dos critérios de separabilidade de classes pode ser adotado, por exemplo, ROC, FDR, divergência unidimensional, e assim por diante. O valor do critério  $C(k)$  é calculado para cada uma das características,  $k=1, 2, \dots, m$ . Características são então ranqueadas para valores descendentes de  $C(k)$ . As  $l$  características com os maiores valores de  $C(k)$  são então selecionadas para formar o vetor de características.

Todos os critérios adotados são medidas da capacidade de separabilidade entre classes. Para multiclass, uma forma de média ou valor total, sobre todas as classes, é usada para calcular  $C(k)$ . Contudo, isso não é a única possibilidade. Em Su e Lee (1994) a divergência  $d_{ij}$  foi usada e calculada para cada par de classes. Então, para cada uma das características, o correspondente  $C(k)$  foi definido como:

$$C(k) = \min_{i,j} d_{ij} \quad (20)$$

Na equação 20 o valor de  $C(k)$  é calculado como o valor da divergência mínima sobre todos os pares de classes, em vez de um valor médio. Assim, selecionar as características com os maiores valores de  $C(k)$  é equivalente a escolher as melhores características considerando o pior cenário da separabilidade entre classes.

A maior vantagem de tratar características individualmente é a simplicidade computacional. Contudo, tais abordagens não levam em conta a correlação entre as características, que é definida da seguinte forma:

Seja  $x_{nk}$ ,  $n=1, 2, \dots, N$  e  $k = 1, 2, \dots, m$ , a  $k$ -ésima característica do  $n$ -ésimo padrão. A correlação cruzada entre quaisquer duas características é dada por:

$$\rho_{ij} = \frac{\sum_{n=1}^N x_{ni}x_{nj}}{\sqrt{\sum_{n=1}^N x_{ni}^2 \sum_{n=1}^N x_{nj}^2}} \quad (21)$$

O processo de seleção levando em conta a correlação entre características envolve os seguintes passos:

- Seleciona-se um critério  $C$  de separabilidade de classe e calcula-se seus valores para todas as características disponíveis  $x_k, k=1, 2, \dots, m$ . As mesmas são classificadas em ordem decendente e é escolhido uma com o melhor valor de  $C$ .

$$\begin{bmatrix} C(x_1) \\ C(x_2) \\ \vdots \\ C(x_m) \end{bmatrix} \begin{matrix} \text{maior} \\ \downarrow \\ \text{menor} \end{matrix}$$

- Para Selecionar a segunda característica, calcula-se o coeficiente de correlação cruzada entre as  $x_{i_1}$  escolhida e cada uma das  $m-1$  características restantes, isto é,  $\rho_{i_1 j}, j \neq i_1$ .
- Escolhe-se a característica  $x_{i_2}$  para os quais

$$i_2 = \arg \max_j \{ \alpha_1 C(j) - \alpha_2 |\rho_{i_1 j}| \}, \text{ para todo } j \neq i_1. \quad (22)$$

$$i_2 = \arg \max_j \{ \alpha_1 C(j) - \alpha_2 |\rho_{i_1 j}| \}$$

Onde  $\alpha_1$  e  $\alpha_2$  são fatores ponderados que determinam a importância relativa dada aos termos. Em outras palavras, para seleção da próxima característica leva-se em conta não somente a medida de separabilidade de classe  $C$ , como também a correlação com a característica já escolhida. A generalização do processo para a  $k$ -ésima etapa, é apresentada a seguir:

- Seleciona-se  $x_{i_k}, k=3, \dots, l$ , de modo que

$$i_k = \arg \max_j \left\{ \alpha_1 C(j) - \frac{\alpha_2}{k-1} \sum_{r=1}^{k-1} |\rho_{i_r j}| \right\} \quad (23)$$

Assim, a correlação média com todas as características previamente selecionadas é levada em conta.

Há variações desse procedimento. Por exemplo, em Finette et al. (1983) mais de um critério é adotado para a média. Portanto, o melhor índice é encontrado pela otimização da equação 24:

$$\left\{ \alpha_1 C_1(j) + \alpha_2 C_2(j) - \frac{\alpha_3}{k-1} \sum_{r=1}^{k-1} |\rho_{i_r j}| \right\} \quad (24)$$

Tratar características individualmente, isto é, como escalares, tem a vantagem da simplicidade computacional, mas pode não ser eficaz para problemas complexos e para características com correlação mútua alta. Uma alternativa é utilizar a seleção de vetor de características. Um fator limitante para o emprego de vetor de características é a carga computacional envolvida. Essa técnica trabalha com combinações do vetor de características e usa um dos critérios de separabilidade, distância de Bhattacharyya ou a razão  $|S_m|/|S_w|$  para selecionar a melhor combinação do vetor de características. O número total de vetores de características pode ser obtido utilizando-se análise combinatória, conforme a equação 25:

$$\binom{m}{l} = \frac{m!}{l!(m-l)!} \quad (25)$$

Em que:  $l$  corresponde a um subconjunto de características em  $m$  características disponíveis.

Em muitos casos, o valor de  $l$  não é conhecido *a priori*. Assim, são necessárias tentativas de combinações de características para diferentes valores de  $l$ . No final seleciona-se o melhor vetor de características  $l$ -dimensional. Observa-se que, mesmo para pequenos valores de  $l$  e  $m$ , o resultado da análise combinatória é um número grande.

Neste trabalho, foram utilizadas as características de forma escalar.

## 2.6. MÁQUINAS DE VETORES DE SUPORTE

Fundamentalmente, máquinas de vetores de suporte (*Support Vector Machines* - SVM) são máquinas de aprendizado binárias utilizadas para classificação de dados pertencentes a duas classes a partir de um hiperplano que maximiza a margem de separação e de funções kernel (HAYKIN, 1999).

### 2.6.1. Classes separáveis

Considere  $\mathbf{x}_i$ , com  $i=1, 2, \dots, N$ , um vetor de característica do conjunto de treinamento  $X$ . Essas características pertencem a uma das duas classes,  $\omega_1$  ou  $\omega_2$ , que são linearmente separáveis, de forma que é possível obter um hiperplano que classifica corretamente todos os vetores de treinamento, dado pela equação 26:

$$g(\mathbf{x}) = \mathbf{w}^T \mathbf{x} + w_0 = 0 \quad (26)$$

Onde:  $\mathbf{w}$  é o vetor de pesos;  $\mathbf{x}$  é vetor de características de entrada e  $w_0$  é a polarização.

Como pode ser observado, esse hiperplano não é único. O algoritmo do perceptron pode convergir para qualquer uma das possíveis soluções. A Figura 8 ilustra dois possíveis hiperplanos que separam dois conjuntos de características  $x_1$  e  $x_2$ .

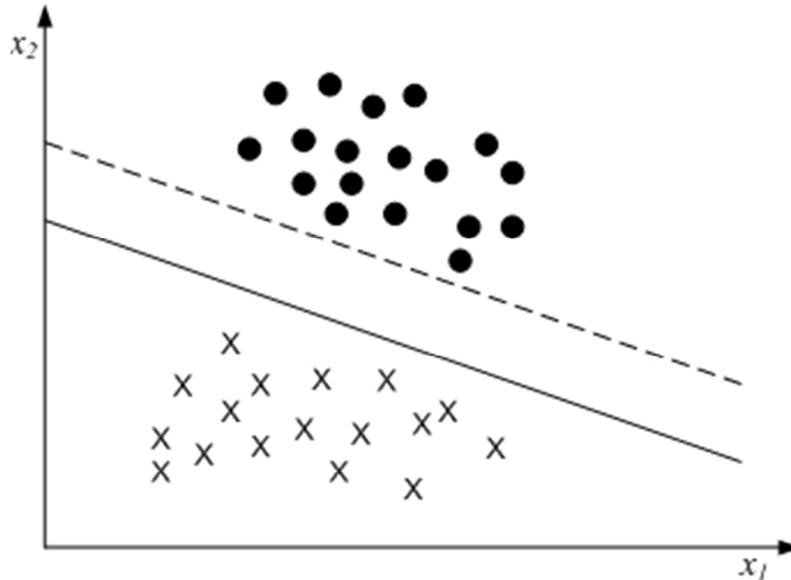


Figura 8 - Um exemplo de um problema linear separável de duas classes.  
Fonte: Theodoridis e Koutroumbas (2006).

Ambos os hiperplanos funcionam para o conjunto de treinamento, no entanto deve-se escolher qual deles poderia ser o mais adequado para a classificação dos dados. Neste caso, o hiperplano indicado pela linha contínua é o mais adequado, pois possui maior margem de classificação dos dados, diminuindo o risco de erro. O hiperplano escolhido deve ser o que maximiza a distância em relação aos pontos mais próximos nas duas classes. Essa distância é conhecida como a margem do hiperplano. Cada hiperplano é caracterizado por sua direção ( $w$ ) e sua posição exata no espaço ( $w_0$ ). Desde que não há preferência por nenhuma das classes, é razoável selecionar o hiperplano cujos pontos mais próximos nas duas classes que tem a mesma distância em relação ao mesmo. A Figura 9 ilustra dois hiperplanos: o primeiro na direção 1, linha tracejada em negrito; o segundo na direção 2, linha contínua em negrito. O desafio aqui é procurar pela direção que permite a maximização da margem. Como pode ser observado o hiperplano da direção 2 possui maior margem em relação ao da direção 1, ou seja,  $z_2 > z_1$ .

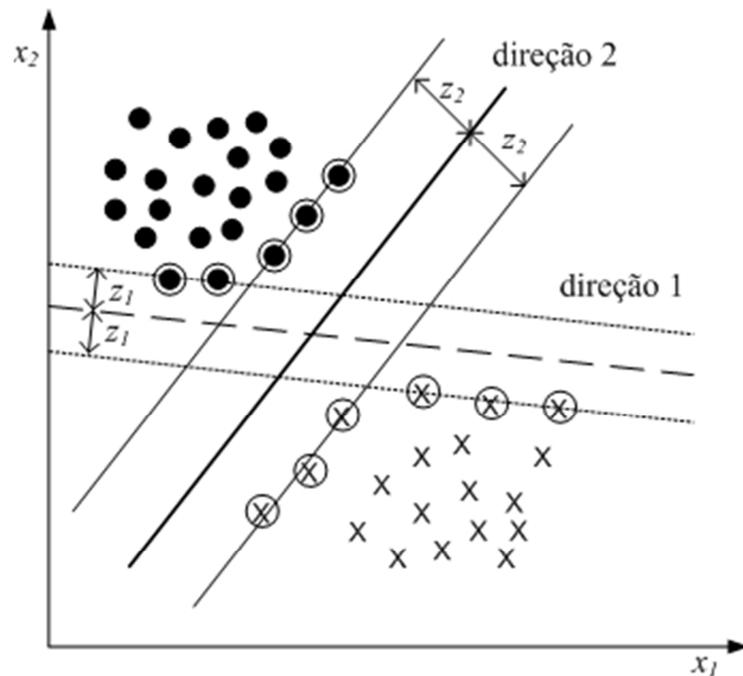


Figura 9 - A margem para a direção 2 é maior que a 1.

Fonte: Theodoridis e Koutroumbas (2006).

Cada hiperplano é determinado dentro de um fator de dimensionamento que é realizado de forma adequada para todos os hiperplanos candidatos. A distância de um dos pontos de um hiperplano é dada pela equação 27:

$$z = \frac{|g(\mathbf{x})|}{\|\mathbf{w}\|} \quad (27)$$

Os valores de  $\mathbf{w}$ ,  $w_0$  podem ser escalonados de forma que o valor de  $g(x)$ , nos pontos mais próximo em  $\omega_1$  e  $\omega_2$  (circulados na Figura 10), seja igual a 1 para  $\omega_1$  e -1 para  $\omega_2$ . ou seja, substituindo o valor de  $g(x)$ , na equação 27 e somando as distâncias obtêm-se a equação 28:

$$\frac{1}{\|\mathbf{w}\|} + \frac{1}{\|\mathbf{w}\|} = \frac{2}{\|\mathbf{w}\|} \quad (28)$$

Logicamente, para os demais pontos das classes  $\omega_1$  e  $\omega_2$ , o valor de  $g(x)$  é dado pelas equações 29 e 30.

$$\mathbf{w}^T \mathbf{x} + w_0 \geq 1, \quad \forall \mathbf{x} \in \omega_1 \quad (29)$$

$$\mathbf{w}^T \mathbf{x} + w_0 \leq -1, \quad \forall \mathbf{x} \in \omega_2 \quad (30)$$

Para cada  $\mathbf{x}_i$ , obtêm-se o indicador de classe correspondente por  $y_i$  (+1 para  $\omega_1$  e -1 para  $\omega_2$ ). Essa tarefa pode ser sumariada como: Calcular os parâmetros  $\mathbf{w}$  e  $w_0$  do hiperplano de forma que minimize a equação 31, tendo como restrição a equação 32:

$$J(\mathbf{w}) = \frac{1}{2} \|\mathbf{w}\|^2 \quad (31)$$

$$y_i(\mathbf{w}^T \mathbf{x}_i + w_0) \geq 1, \quad i = 1, 2, \dots, N \quad (32)$$

Logicamente, minimizando a norma  $\|\mathbf{w}\|$  torna-se a margem máxima. Isto é uma tarefa de otimização não linear (quadrática) sujeita ao conjunto de restrições baseadas em inequações.

As condições de *Karush-Kuhn-Tucker* (KKT) que minimizam as equações 30 e 31 tem que satisfazer as restrições 33, 34, 35 e 36:

$$\frac{\partial}{\partial \mathbf{w}} \mathcal{L}(\mathbf{w}, w_0, \boldsymbol{\lambda}) = \mathbf{0} \quad (33)$$

$$\frac{\partial}{\partial w_0} \mathcal{L}(\mathbf{w}, w_0, \boldsymbol{\lambda}) = 0 \quad (34)$$

$$\lambda_i \geq 0, \quad i = 1, 2, \dots, N \quad (35)$$

$$\lambda_i [y_i(\mathbf{w}^T \mathbf{x}_i + w_0) - 1] = 0, \quad i = 1, 2, \dots, N \quad (36)$$

Onde  $\boldsymbol{\lambda}$  é o vetor de multiplicadores de Lagrange,  $\lambda_i$ , e  $\mathcal{L}(\mathbf{w}, w_0, \boldsymbol{\lambda})$  é a função Lagrangiana definida conforme a equação 37:

$$\mathcal{L}(\mathbf{w}, w_0, \boldsymbol{\lambda}) = \frac{1}{2} \mathbf{w}^T \mathbf{w} - \sum_{i=1}^N \lambda_i [y_i(\mathbf{w}^T \mathbf{x}_i + w_0) - 1] \quad (37)$$

### 2.6.2. Classes não separáveis

Nos casos em que as classes não são separáveis, conforme ilustra a Figura 10, qualquer tentativa de traçar o hiperplano não resultará na separação dos pontos das duas classes.

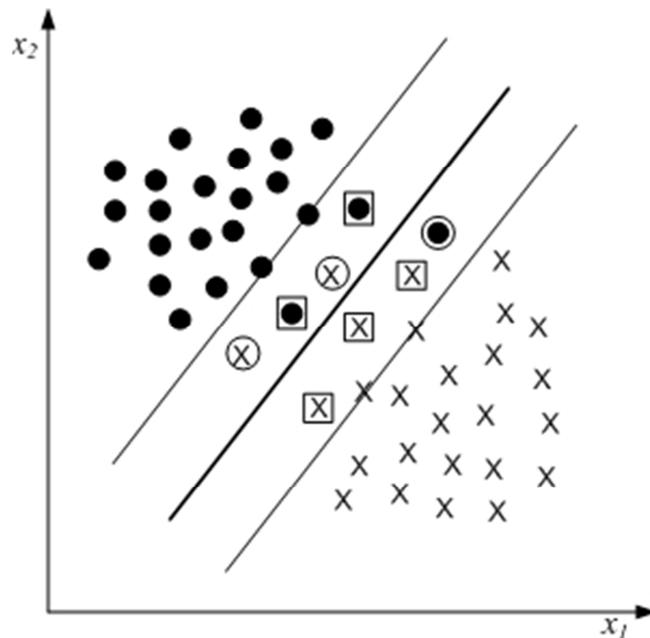


Figura 10 - No caso de classes não separáveis, os pontos caem dentro da banda de separação.  
Fonte: Theodoridis e Koutroumbas (2006).

Os vetores de treinamento agora pertencem a uma das três categorias:

a) Vetores que caem fora da banda e são corretamente classificados, vetores que obedecem à equação 32;

b) Vetores que caem dentro da banda e são corretamente classificados (pontos quadrados na Figura 10) e satisfazem a equação 38:

$$0 \leq y_i(\mathbf{w}^T \mathbf{x} + w_0) < 1 \quad (38)$$

c) Vetores que são classificados incorretamente. São os pontos circulados na figura 30 e obedecem à equação 39:

$$y_i(\mathbf{w}^T \mathbf{x} + w_0) < 0 \quad (39)$$

Todos os Três casos podem ser tratados sob um tipo simples de restrição, introduzindo um novo conjunto de variáveis dado por:

$$y_i[\mathbf{w}^T \mathbf{x} + w_0] \geq 1 - \xi_i \quad (40)$$

A primeira categoria de dados corresponde a  $\xi_i = 0$ , a segunda a  $0 < \xi_i \leq 1$  e a terceira a  $\xi_i > 1$ . As variáveis  $\xi_i$  são conhecidas como variáveis de folga. A tarefa de otimização torna-se mais interessante, ainda que isso leve ao mesmo raciocínio de antes. A meta agora é tornar a margem tão grande quanto possível. Em termos matemáticos, isso é equivalente a minimizar a função de custo:

$$J(\mathbf{w}, w_0, \xi) = \frac{1}{2} \|\mathbf{w}\|^2 + C \sum_{i=1}^N I(\xi_i) \quad (41)$$

Onde  $\xi$  é o vetor de parâmetros  $\xi_i$  e

$$I(\xi_i) = \begin{cases} 1 & \xi_i > 0 \\ 0 & \xi_i = 0 \end{cases} \quad (42)$$

O parâmetro  $C$  é uma constante positiva que controla a influência relativa de dois termos concorrentes. Contudo, a otimização do item da equação 42 é difícil, pois envolve uma função descontínua  $I(\cdot)$ . Como é comum em tais casos, a otimização da função custo é mais viável de forma que seja minimizada:

$$J(\mathbf{w}, w_0, \xi) = \frac{1}{2} \|\mathbf{w}\|^2 + C \sum_{i=1}^N \xi_i \quad (43)$$

Com Restrições:

$$y_i[\mathbf{w}^T \mathbf{x}_i + w_0] \geq 1 - \xi_i, i = 1, 2, \dots, N \quad (44)$$

$$\xi_i \geq 0, i = 1, 2, \dots, N \quad (45)$$

O problema, neste caso, é novamente uma programação convexa e o Lagrangiano é dado por:

$$\mathcal{L}(\mathbf{w}, w_0, \xi, \lambda, \mu) = \frac{1}{2} \|\mathbf{w}\|^2 + C \sum_{i=1}^N \xi_i - \sum_{i=1}^N \mu_i \xi_i - \sum_{i=1}^N \lambda_i [y_i(\mathbf{w}^T \mathbf{x}_i + w_0) - 1 + \xi_i] \quad (46)$$

Segundo Murty e Devi (1988), o termo  $\frac{1}{2} \|\mathbf{w}\|^2$  é conhecido também como função objetiva.

As condições de *Karush-Kuhn-Tucker* (KKT) correspondentes são:

$$\frac{\partial \mathcal{L}}{\partial \mathbf{w}} = \mathbf{0} \text{ ou } \mathbf{w} = \sum_{i=1}^N \lambda_i y_i \mathbf{x}_i \quad (47)$$

$$\frac{\partial \mathcal{L}}{\partial w_0} = 0 \text{ ou } \sum_{i=1}^N \lambda_i y_i = 0 \quad (48)$$

$$\frac{\partial \mathcal{L}}{\partial \xi_i} = 0 \text{ ou } C - \mu_i - \lambda_i = 0, i = 1, 2, \dots, N \quad (49)$$

$$\lambda_i [y_i(\mathbf{w}^T \mathbf{x}_i + w_0) - 1 + \xi_i] = 0, i = 1, 2, \dots, N \quad (50)$$

$$\mu_i \xi_i = 0, i = 1, 2, \dots, N \quad (51)$$

$$\mu_i \geq 0, \lambda_i \geq 0, i = 1, 2, \dots, N \quad (52)$$

A representação dual de Wolfe obtém-se maximizando:

$$\mathcal{L}(\mathbf{w}, w_0, \xi, \lambda, \mu) \quad (53)$$

Restrito às equações 47, 48, 45 e 52 que substituídas na equação de Lagrange (46) torna-se:

$$\max_{\lambda} \left( \sum_{i=1}^N \lambda_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j}^{\lambda} \lambda_i \lambda_j y_i y_j \mathbf{x}_i^T \mathbf{x}_j \right) \quad (54)$$

Com as restrições

$$0 \leq \lambda_i \leq C \text{ ou } \sum_{i=1}^N \lambda_i y_i = 0, \quad i = 1, 2, \dots, N$$

Note que os correspondentes multiplicadores de Lagrange para os pontos residentes quer dentro da margem ou do lado errado do classificador, ou seja, com  $\xi_i > 0$ , são todos iguais ao valor máximo de  $C$  disponível. Na verdade, a solução para  $\xi_i \neq 0$  tem as condições de KKT com  $\mu_i=0$  e  $\lambda_i=C$ . Em outras palavras, esses pontos tem a maior divisão possível na solução final de  $\mathbf{w}$ .

### 2.6.3. Vetores de suporte

Considere a tarefa de classificação de duas classes que consiste nos seguintes pontos:

$$\omega_1: [1, 1]^T, [1, -1]^T$$

$$\omega_2: [-1, 1]^T, [-1, -1]^T$$

Usando a abordagem de SVM, pode-se demonstrar que o hiperplano (linha) de separação ótima é  $x_1=0$ , que é obtido via diferentes conjuntos de multiplicadores de Lagrange.

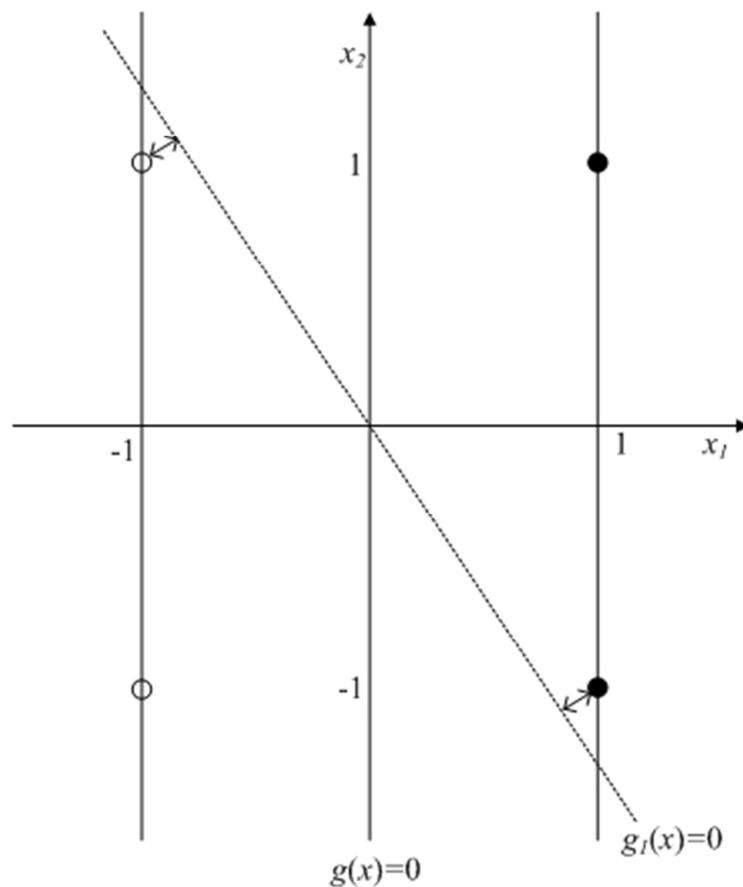


Figura 11 – Vetores de suporte.  
Fonte: Theodoridis et al. (2006).

Na Figura 11, todos os quatro pontos, situados nos cantos de um quadrado, são vetores de suporte e a margem associada com  $g_I(x)=0$  é menor comparada à margem definida pelo  $g(x)=0$ . A geometria simples do problema permite uma computação simples do classificador linear SVM. Na verdade, uma cuidadosa observação da Figura 19 sugere que a linha ótima:

$$g(\mathbf{x}) = w_1x_1 + w_2x_2 + w_0 = 0$$

É obtida para  $w_2 = w_0 = 0$  e  $w_1 = 1$ , isto é,

$$g(\mathbf{x}) = x_1$$

Por isso, para esse caso, todos os quatro pontos tornam-se vetores de suporte e a margem de linha de separação para ambas as classes é igual a 1. For qualquer outra direção, ou seja,  $g_I(x)=0$ , a margem é menor. Deve ser salientado que a mesma solução é obtida se um deles resolve as condições KKT associadas.

A formulação matemática para esse problema considera as condições de restrições de desigualdade linear:

$$w_1 + w_2 + w_0 - 1 \geq 0$$

$$\begin{aligned}
w_1 - w_2 + w_0 - 1 &\geq 0 \\
w_1 - w_2 - w_0 - 1 &\geq 0 \\
w_1 + w_2 + w_0 - 1 &\geq 0
\end{aligned}$$

E a função de Lagrange associada torna-se:

$$\begin{aligned}
\mathcal{L}(w_2, w_1, w_0, \lambda) &= \frac{w_1^2 + w_2^2}{2} \\
&\quad - \lambda_1(w_1 + w_2 + w_0 - 1) \\
&\quad - \lambda_2(w_1 - w_2 + w_0 - 1) \\
&\quad - \lambda_3(w_1 - w_2 - w_0 - 1) \\
&\quad - \lambda_4(w_1 + w_2 - w_0 - 1)
\end{aligned} \tag{55}$$

As condições de KKT são dadas por

$$\frac{\partial \mathcal{L}}{\partial w_1} = 0 \Rightarrow w_1 = \lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 + \lambda_4 \tag{56}$$

$$\frac{\partial \mathcal{L}}{\partial w_2} = 0 \Rightarrow w_2 = \lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 + \lambda_4 \tag{57}$$

$$\frac{\partial \mathcal{L}}{\partial w_0} = 0 \Rightarrow \lambda_1 + \lambda_2 - \lambda_3 - \lambda_4 = 0 \tag{58}$$

$$\lambda_1(w_1 + w_2 + w_0 - 1) = 0 \tag{59}$$

$$\lambda_2(w_1 - w_2 + w_0 - 1) = 0 \tag{60}$$

$$\lambda_3(w_1 - w_2 - w_0 - 1) = 0 \tag{61}$$

$$\lambda_4(w_1 + w_2 - w_0 - 1) = 0 \tag{62}$$

Com  $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \lambda_4 \geq 0$

Desde que se sabe que a solução para  $w$ ,  $w_0$  é única, pode-se substituir a solução  $w_1=1$ ,  $w_2= w_0=0$ , nas equações 56, 57, 58 e 59, que tem como resultado um sistema linear com três equações e quatro incógnitas, ou seja:

$$\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 + \lambda_4 = 1 \tag{63}$$

$$\lambda_1 + \lambda_4 - \lambda_2 + \lambda_3 = 0 \tag{64}$$

$$\lambda_1 + \lambda_2 - \lambda_3 - \lambda_4 = 0 \tag{65}$$

O sistema linear formado pelas equações 63, 64 e 65 tem, obviamente, mais de uma solução. Contudo, todas elas levam a uma única linha de separação ótima.

#### 2.6.4. Hiperplano ótimo de separação

Segundo Theodoridis e Koutroumbas (2006), o hiperplano que maximiza a margem é encontrado pelo cálculo dos parâmetros  $\mathbf{w}$  (vetor de pesos) e  $w_0$  (polarização) de forma que (66) seja minimizada, obedecendo algumas condições de *Karush-Kuhn-Tucker* (KKT) e função Lagrangiana:

$$J(\mathbf{w}) \equiv \frac{1}{2} \|\mathbf{w}\|^2 \quad (66)$$

Para classes não são separáveis, um dos tratamentos é utilizar um conjunto de variáveis dado por 67:

$$y_i[\mathbf{w}^T \mathbf{x} + w_0] \geq 1 - \xi_i \quad (67)$$

Onde  $\xi_i$  são conhecidas como variáveis de folga. Outro tratamento é tornar a margem tão grande quanto possível pela minimização de 68:

$$J(\mathbf{w}, w_0, \boldsymbol{\xi}) = \frac{1}{2} \|\mathbf{w}\|^2 + C \sum_{i=1}^N \xi_i \quad (68)$$

Onde  $C$  é o parâmetro que determina uma concessão entre a maximização da margem e a minimização do erro do classificador, Bishop (2006).

#### 2.6.5. Truques de kernel - Mapeamento para um espaço de alta dimensão

Segundo Abe (2010), em SVM o hiperplano ótimo é determinado para maximizar a habilidade de generalização. Mas se os dados de treinamento não são linearmente separáveis, o classificador obtido pode não ter alta habilidade de generalização ainda que o hiperplano determinado seja ótimo. Assim, para melhorar a separabilidade linear, o espaço de entrada original é mapeado para um espaço de alta dimensão chamado espaço de características.

Agora usando o função vetorial não linear  $\Phi(\mathbf{x}) = (\Phi_1(x), \dots, \Phi_l(x))^T$  que mapeia o vetor de entrada  $m$ -dimensional  $\mathbf{x}$  para o espaço de características  $l$ -dimensional ( $l > m$ ), a função de decisão linear no espaço de característica é dada pela equação 69:

$$D(\mathbf{x}) = \mathbf{w}^T \Phi(\mathbf{x}) + w_0 \quad (69)$$

Onde  $\mathbf{w}$  é um vetor  $l$ -dimensional e  $w_0$  é a polarização.

De acordo com a teoria de Hilbert–Schmidt, se uma função simétrica  $K(\mathbf{x}, \mathbf{x}')$ , com  $\mathbf{x}$  e  $\mathbf{x}'$  sendo vetores  $m$ -dimensionais, satisfaz a equação 70:

$$\sum_{i,j=1}^M h_i h_j K(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) \geq 0 \quad (70)$$

Para todo  $M$ ,  $\mathbf{x}_i$ , e  $h_i$ , onde  $M$  é um número natural e  $h_i$ , número real, existe uma função de mapeamento  $\Phi(\mathbf{x})$ , que mapeia  $\mathbf{x}$  para um espaço de características e satisfaz a equação 71:

$$K(\mathbf{x}, \mathbf{x}') = \Phi^T(\mathbf{x})\Phi(\mathbf{x}') \quad (71)$$

Se 71 é satisfeita,

$$\sum_{i,j=1}^M h_i h_j K(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) = \left( \sum_{i=1}^M h_i \Phi^T(\mathbf{x}_i) \right) \left( \sum_{i=1}^M h_i \Phi(\mathbf{x}_i) \right) \geq 0 \quad (72)$$

A condição 70 ou 72 é chamada de condição de Mercer, e a função que satisfaz 69 ou 72 é chamada kernel positivo semidefinido ou kernel Mercer, ou simplesmente kernel.

A vantagem de usar kernels é que não temos que tratar o espaço de características de alta dimensão explicitamente. Esta técnica é chamada de kernel trick, a saber, nós usamos  $K(\mathbf{x}, \mathbf{x}')$  no treinamento e na classificação em vez de  $\Phi(\mathbf{x})$ , como mostrado posteriormente. Os métodos que mapeiam o espaço de entrada para o espaço de características e evitam tratamento explícito de variáveis no espaço de características por kernel tricks são chamados métodos kernel ou métodos baseados em kernel.

Usando o kernel, o problema dual no espaço de características é dado como segue:

Maximiza

$$Q(\boldsymbol{\alpha}) = \sum_{i=1}^M \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j=1}^M \alpha_i \alpha_j y_i y_j K(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) \quad (73)$$

Restrito a equação 74:

$$\sum_{i,j=1}^M y_i \alpha_i = 0, \quad 0 \leq \alpha_i \leq C \text{ for } i = 1, \dots, M. \quad (74)$$

Pelo fato do  $K(\mathbf{x}, \mathbf{x}')$  ser um kernel positivo semidefinido, o problema de otimização é um problema de programação quadrático côncavo. E por causa de  $\boldsymbol{\alpha} = \mathbf{0}$  ser uma solução factível, o problema tem uma solução ótima global.

As condições complementares KKT são dadas pelas equações: 75, 76 e 77:

$$\alpha_i \left( y_i \left( \sum_{j=1}^M y_j \alpha_j K(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) \right) + w_0 \right) - 1 + \xi_i = 0 \text{ para } i = 1, \dots, M, \quad (75)$$

$$(C - \alpha_i) \xi_i = 0 \text{ para } i = 1, \dots, M, \quad (76)$$

$$\alpha_i \geq 0, \quad \xi_i \geq 0 \text{ para } i = 1, \dots, M. \quad (77)$$

A função de decisão é dada pela equação 78:

$$D(\mathbf{x}) = \sum_{i \in S} \alpha_i y_i K(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}) + w_0 \quad (78)$$

Onde  $w_0$  é dado pela equação 79:

$$w_0 = y_j - \sum_{i \in S} \alpha_i y_i K(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) \quad (79)$$

Aqui,  $\mathbf{x}_j$  é um vetor de suporte sem limites. Para assegurar a estabilidade de cálculo, tomamos a média:

$$w_0 = \frac{1}{|U|} \sum_{j \in U} \left( y_j - \sum_{i \in S} \alpha_i y_i K(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) \right) \quad (80)$$

Onde  $U$  é o conjunto de índices de vetores sem limites.

Os dados desconhecidos são classificados usando a função de decisão como:

$$x \in \begin{cases} \text{classe 1 se } D(\mathbf{x}) > 0 \\ \text{classe 2 se } D(\mathbf{x}) < 0 \end{cases}$$

Se  $D(\mathbf{x})=0$ ,  $\mathbf{x}$  é inclassificável.

### 2.6.6. Kernel

Uma das vantagens do SVM é que o desempenho de generalização pode ser melhorado por uma seleção adequada de kernels. Assim, a seleção de kernels para aplicação específica é muito importante e o desenvolvimento de novos kernels é um dos tópicos contínuos de pesquisa. Além disso, SVM's usam kernels para mapear o vetor de características para um espaço de alta dimensão e dessa forma permitir a classificação em espaços não linearmente separáveis, Abe (2010). A seguir são mostrados os kernels lineares, polinomiais, radial, quadrático e perceptron multicamada.

Se o problema de classificação for linearmente separável no espaço de entrada, e dessa forma não é necessário mapear o espaço de entrada para um espaço de alta dimensão. Nessa situação são usado kernels lineares dados pela equação 81:

$$K(\mathbf{x}, \mathbf{x}') = \mathbf{x}^T \mathbf{x}' \quad (81)$$

O kernel polinomial com grau  $d$ , onde  $d$  é um número natural, é dado pela equação 82.

$$K(\mathbf{x}, \mathbf{x}') = (\mathbf{x}^T \mathbf{x}' + 1)^d \quad (82)$$

O um é adicionado de modo que termos cruzados com graus iguais ou menores que  $d$  são incluídos. Quando  $d=1$ , o kernel é um kernel linear mais 1. Dessa forma, pelo ajuste de  $w_0$  na função de decisão (68), é equivalente ao kernel linear. Para  $d=2$  e dimensão  $m=2$ , o kernel polinomial dado pela equação 82 torna-se:

$$K(\mathbf{x}, \mathbf{x}') = 1 + 2x_1x'_1 + 2x_2x'_2 + 2x_1x'_1x_2x'_2 + x_1^2x'^2_1 + x_2^2x'^2_2 = \Phi^T(\mathbf{x})\Phi(\mathbf{x}') \quad (83)$$

Onde  $\Phi(\mathbf{x}) = (1, \sqrt{2x_1}, \sqrt{2x_2}, \sqrt{2x_1x_2}, x_1^2, x_2^2)^T$ . Assim, para  $d=2$  e  $m=2$ , o kernel polinomial satisfaz a condição de Mercer. No geral, o kernel polinomial pode ser melhorado pela condição de Mercer. Em vez de usar a equação 82 pode-se usar a equação 84, contudo a 82 é mais geral.

$$K(\mathbf{x}, \mathbf{x}') = (\mathbf{x}^T \mathbf{x}')^d \quad (84)$$

O kernel de função de base radial é dado pela equação 85:

$$K(\mathbf{x}, \mathbf{x}') = \exp(-\gamma \|\mathbf{x} - \mathbf{x}'\|^2) \quad (85)$$

Onde  $\gamma$  é um parâmetro positivo para controle do raio. Reescrevendo 85 vem:

$$K(\mathbf{x}, \mathbf{x}') = \exp(-\gamma \|\mathbf{x}\|^2) \exp(-\gamma \|\mathbf{x}'\|^2) \exp(2\gamma \mathbf{x}^T \mathbf{x}') \quad (86)$$

Pelo fato de

$$\exp(2\gamma \mathbf{x}^T \mathbf{x}') = 1 + 2\gamma \mathbf{x}^T \mathbf{x}' + 2\gamma^2 (\mathbf{x}^T \mathbf{x}')^2 + \frac{(2\gamma)^3}{3!} (\mathbf{x}^T \mathbf{x}')^3 + \dots \quad (87)$$

A  $\exp(2\gamma \mathbf{x}^T \mathbf{x}')$  é uma soma infinita de polinômios. Dessa forma, ela é um kernel. Além disso,  $\exp(-\gamma \|\mathbf{x}\|^2)$  e  $\exp(-\gamma \|\mathbf{x}'\|^2)$  são kernels e o produto deles também é um kernel. Assim a equação 85 é um kernel.

Da equação 78, a função de decisão para esse kernel é dada pela equação 88:

$$D(x) = \sum_{i \in S} \alpha_i y_i \exp(-\gamma \|\mathbf{x}_i - \mathbf{x}\|^2) + w_0 \quad (88)$$

Aqui, os vetores de suporte são os centros da função de base radial.

Pelo fato do kernel RBF usar a distância Euclidiana, eles não são robustos para *outliers*. Para superar isso, Chen (2004) propôs um kernel robusto baseado em versões robustas do RBF denominada  $M$ -estimador, introduzindo a idéia de estatística robusta.

O kernel quadrático para o espaço de características é definido pela equação 89, Bishop (2006):

$$\hat{K}(\mathbf{x}, \mathbf{x}') = K(\mathbf{x}, \mathbf{x}')^2 \quad (89)$$

O Perceptron multicamada é também conhecido como kernel tangente hiperbólica e kernel sigmoid. Esse kernel é dado pela equação 90:

$$K(\mathbf{x}, \mathbf{x}') = \tanh(\alpha \mathbf{x}^T \mathbf{x}' + w_0) \quad (90)$$

A Gram matriz em geral não é positiva semidefinida. Esta forma de kernel tem sido usada na prática (VAPNIK, 1995), possivelmente porque dá expansões do kernel para que a máquina de vetor de suporte tenha uma semelhança superficial com modelos de rede neural, Bishop (2006).

A Tabela 3 ilustra os *kernels* e os valores dos parâmetros utilizados nesse trabalho (Theodoridis e Koutroumbas 2006, Bishop 2006, Abe 2010, Taylor 2004).

**Tabela 3 – Exemplos de Kernels SVM.**

Kernel	Função	Parâmetro
linear	$K(\mathbf{x}, \mathbf{x}') = \mathbf{x}^T \mathbf{x}'$	
polinomial	$K(\mathbf{x}, \mathbf{x}') = (\mathbf{x}^T \mathbf{x}' + 1)^d$	d=3,
radial	$K(\mathbf{x}, \mathbf{x}') = \exp\left(-\frac{\ \mathbf{x} - \mathbf{x}'\ ^2}{2\sigma^2}\right)$	$\sigma=1$
quadrático	$\hat{K}(\mathbf{x}, \mathbf{x}') = K(\mathbf{x}, \mathbf{x}')^2$	
Perceptron multicamada	$K(\mathbf{x}, \mathbf{x}') = \tanh(\alpha \mathbf{x}^T \mathbf{x}' + b)$	$\alpha=1, b=-1$

### 2.6.7. Critério de parada

Segundo Schölkopf e Smola (2002), vários critérios de parada foram sugeridos a respeito de quando parar o treinamento de uma Máquina de Vetores de Suporte. Alguns deles concentram-se principalmente sobre a precisão dos multiplicadores de Lagrange  $\alpha_i$  (JOACHIMS, 1999; PLATT, 1999; SHEVADE et al., 1999), enquanto que outros (SMOLA e SCHÖLKOPF, 2001; SAUNDERS et al., 1998) utilizam a proximidade dos valores das funções objetivas primárias e dual. No entanto, outros simplesmente param quando nenhuma melhoria adicional é feita, Osuna et al. (1997).

Antes de desenvolver um critério de parada lembre ultimamente que nós queremos encontrar uma solução  $f(x) = \langle w, \Phi(x) \rangle + b$  que minimiza uma das funções abaixo:

Minimizar

$$C \sum_{i=1}^m c(\xi_i) + \frac{1}{2} \|\mathbf{w}\|^2 \quad (91)$$

Sujeito a

$$y_i f(x_i) \geq 1 - \xi_i \quad (92)$$

$$\xi_i \geq 0 \quad (93)$$

No caso da classificação, similaridade, para regressão:  
Minimizar

$$C \sum_{i=1}^m c(\xi_i) + c(\xi_i^*) \frac{1}{2} \|\mathbf{w}\|^2 \quad (94)$$

Sujeito

$$f(x_i) \geq y_i - \epsilon - \xi_i \quad (95)$$

$$f(x_i) \leq y_i + \epsilon + \xi_i \quad (96)$$

$$\xi_i, \xi_i^* \geq 0 \quad (97)$$

Isto significa que, em última análise não multiplicadores de Lagrange  $\alpha_i$ , mas sim  $\mathbf{w}$ , ou apenas o valor da função objetiva primordial, importa. Assim, algoritmos (JOACHIMS, 1999; KEERTHI, 2001; OSUNA et al., 1997) que se baseiam no pressuposto de que a proximidade com os parâmetros ótimos irá garantir uma boa solução não pode ser usado como um critério de parada ótimo. Em particular, o tal critério pode por vezes ser excessivamente conservador, especialmente se a influência da solução de parâmetros individuais sobre a estimativa final é negligenciável. Por exemplo, assumir que temos uma dependência linear na função objetivo dual. Então existe um subespaço linear de parâmetros que seriam todas soluções adequadas, levando a vetores idênticos  $\mathbf{w}$ . Portanto, a convergência dentro deste subespaço pode não ocorrer, e, mesmo se ocorrer, não seria relevante para a qualidade da solução.

### 3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

#### 3.1. TRABALHOS RELACIONADOS

Foram analisados sete trabalhos publicados na literatura sobre diagnóstico automatizado da tuberculose em exame de baciloscopia através de microscopia de campo claro:

- “*Image processing techniques for identifying Mycobacterium tuberculosis in Ziehl-Neelsen bacteria based on shape and color stains*” dos autores Sadaphal et al. (2008);
- “*Automatic identification of mycobacterium tuberculosis with conventional light microscopy*” dos autores Costa et al. (2008);
- “*Color Thresholding Method For Image Segmentation Algorithm Of Ziehl-Neelsen Sputum Slide Images*” dos autores Raof et al. (2008);
- “*Detection and quantification of bacilli and clusters present in sputum smear samples: a novel algorithm for pulmonary tuberculosis diagnosis*” dos autores Sotaquira et al. (2009);
- “*Detection of tuberculosis in sputum smear images using two one-class classifiers*” dos autores Khutlang et al. (2009);
- “*Segmentation and Classification of Tuberculosis Bacilli from ZN-stained Sputum Smear Images*” dos autores Makkapati et al. (2009);
- “*Classification of Mycobacterium tuberculosis in images of ZN-Stained Sputum Smears*” dos autores Khutlang et al. (2010).

Todos os trabalhos selecionados utilizam imagens de microscopia de campo claro com coloração *Ziehl-Neelsen* (ZN). Neste trabalho, são usadas imagens de lâminas preparadas pelo método de coloração a frio e derivado do ZN denominado método *Kinyoun* (BRASIL, 2012).

Os trabalhos listados acima foram divididos nos seguintes tópicos: Materiais, Segmentação, Extração de Características e Classificação. O detalhamento de cada tópico é

realizado, em seguida, para cada um dos trabalhos citados anteriormente. Na Tabela 4 encontram-se os resumos desses artigos.

Tabela 4 - Resumos dos artigos selecionados.

Ano	Autor (es)	Título	Materiais	Técnica de Segmentação	Característica	Classificador	Medida de Desempenho	Resultados
2008	Marly G. F. Costa, Cícero F. F. Costa Filho, Juliana F. Sena, Julia Salem and Mari O. de Lima	<i>Automatic identification of mycobacterium tuberculosis with conventional light microscopy</i>	50 imagens de amostras de 10 pacientes, com resolução de 3072x2304 pixels.	O processo de segmentação utiliza o histograma da imagem de diferença R-G.	R-G	Baseado em limiar global adaptativo	Sensibilidade (S) Taxa de Falsos Positivos (TFP)	O melhor valor de sensibilidade obtido pelo método proposto foi de 76,65%, enquanto a melhor taxa de falso positivo foi de 12%.
2008	P. Sadaphal, J. Rao, G. W. Comstock, M. F. Beg	<i>Image processing techniques for identifying Mycobacterium tuberculosis in Ziehl-Neelsen stains</i>	Imagens digitais de esfregaços corados com Zn.	Segmentação Baysiana	<b>Descritores de Forma:</b> razão entre os eixos, excentricidade; <b>Descritor de Tamanho:</b> Área.	Não Fornece	Não Fornece	Reconhecimentos dos bacilos e aglomerados
2008	R.A.A. Raof, Zaleha Salleh, S.I. Sahidan, M.Y.Mashor, S.S. Md Noor, F. Mohamad Idris and H. Hasan	<i>Color Thresholding Method For Image Segmentation Algorithm Of Ziehl-Neelsen Sputum Slide Images</i>	55 imagens de 5 tipos diferentes: normal, imagens de baixa qualidade ou com pouca luz (sob exposição), imagens brilhantes ou com muita luz (sobre exposição), imagens difusas e imagens em que há sobreposição entre escarro e o <i>Mycobacterium</i> .	Segmentação por Limiarização	Extração de 25 pixels do bacilo e escarro. Mínimo, máximo e média dos valores dos pixels em RGB do <i>Mycobacterium</i> e escarro.	Não Fornece	Não Fornece	Para imagens do tipo normal a segmentação foi considerada eficiente, enquanto para os demais tipos é considerada insatisfatória.

Continuação da Tabela 4.

Ano	Autor (es)	Título	Materiais	Técnica de Segmentação	Característica	Classificador	Medida de Desempenho	Resultados
2009	Sotaquira, M., Rueda, L. and Narvaez, R.	<i>Detection and quantification of bacilli and clusters present in sputum smear samples: a novel algorithm for pulmonary tuberculosis diagnosis</i>	1400 imagens de 14 pacientes (100 campos por paciente)	Segmentação com limiar baseado na primeira derivada dos componentes <i>Cr</i> e <i>a</i> , dos espaços de cores YCbCr e Lab.	Não Fornece	Não Fornece	Acurácia (A) Especificidade(E) Sensibilidade (S)	(Segmentação) S = 96,3% (Diagnóstico) A = 85.7% E = 100 % S=90.9 % TFP = 9,78%
2009	Rethabile Khutlang, Sriram Krishnan, Andrew Whitelaw, Tania S Douglas	<i>Detection of tuberculosis in sputum smear images using two one-class classifiers</i>	28 images (resolução de 480x720 pixels) de nove indivíduos	Segmentação por Cor (Classificador de Pixel)	<b>Descritores de Forma:</b> excentricidade, compacidade; <b>Descritor de Tamanho:</b> Área; <b>Características de Fourier;</b> <b>Momentos Invariantes, e o conjunto excentricidade e compacidade</b>	Gaussiana, Mistura de Gaussianas (MoG), kNN	Acurácia (A), Sensibilidade (S), Especificidade (E) dos classificadores aplicados ao conjunto de características ( <b>características de Fourier, Momentos Invariantes, excentricidade e compacidade</b> )	<b>A (%)</b> <b>E (%)</b> <b>S (%)</b> <b>Gaussiano:</b> 85,59 91,07 80,55 <b>Mistura de Gaussiana</b> 93,47 90,88 95,85 <b>PCA</b> 81,00 90,88 71,91 <b>kNN</b> 78,12 94,08 63,44

Continuação da Tabela 4.

Ano	Autor (es)	Título	Materiais	Técnica de Segmentação	Característica	Classificador	Medida de Desempenho	Resultados
2009	Vishnu Makkapati, Ravindra Agrawal and Raviraja Acharya	<i>Segmentation and Classification of Tuberculosis Bacilli from ZN-stained Sputum Smear Images</i>	300 imagens	Segmentação por Limiarização do componente hue do HSV e escolha de um conjunto adequado adaptativamente com base na imagem de entrada.	Não Fornece	Não Fornece	Não Fornece	Segmentação dos bacilos pela limiarização da componente de intensidade do HSV, comprimento, área e largura.
2010	Rethabile Khutlang, Sriram Krishnan, Ronald Dendere, Andrew Whitelaw, Konstantinos Veropoulos, Genevieve Learmonth, and Tania S. Douglas	<i>Classification of Mycobacterium tuberculosis in Images of ZN-Stained Sputum Smears</i>	Entre 20 e 100 imagens por lâmina de 19 pacientes.	Classificador de pixels, Bayes, regressão linear e discriminante quadrático	<i>PBIL - Population based incremental learning</i> <i>B&amp;B - Branch and Bound</i> <i>CFS - Correlation based feature selection</i> <i>SFFS - Sequential Floating Forward or Backward Selection</i>	<i>kNN, Bayes, Linear, Quadrático, Redes Neurais Probabilística e SVM</i>	Acurácia (%) Sensibilidade (%) Especificidade (%)	Acurácia, Sensibilidade e Especificidade acima de 95% para todas as características mapeadas para Fischer.

### 3.2. MATERIAIS

Sadaphal et al. (2008) utilizaram imagens digitais de campos de lâminas contendo esfregaços corados pelo método ZN obtidas no Centro de Controle e Prevenção de Doença de Atlanta nos Estados Unidos, na Divisão de Patologia do Hospital Elizabeth da Austrália e do Centro Internacional para Pesquisa de Doenças Diarreicas de Bangladesh.

Costa et al. (2008) utilizaram 50 imagens, sendo 5 campos de 10 lâminas contendo esfregaços de pacientes infectados pelo bacilo de tuberculose, preparadas no Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia (INPA) pelo método de coloração ZN. As imagens, com resolução espacial de 3074x2304 *pixels* foram adquiridas por meio de uma câmera digital *PowerShot* de 7,1 *Mpixels* acoplada a um microscópio convencional Axioplan<sup>TM</sup>. Um especialista identificou as imagens em foco e quantificou os bacilos. A marcação do especialista foi o padrão de referência (ilustrado na Figura 12).

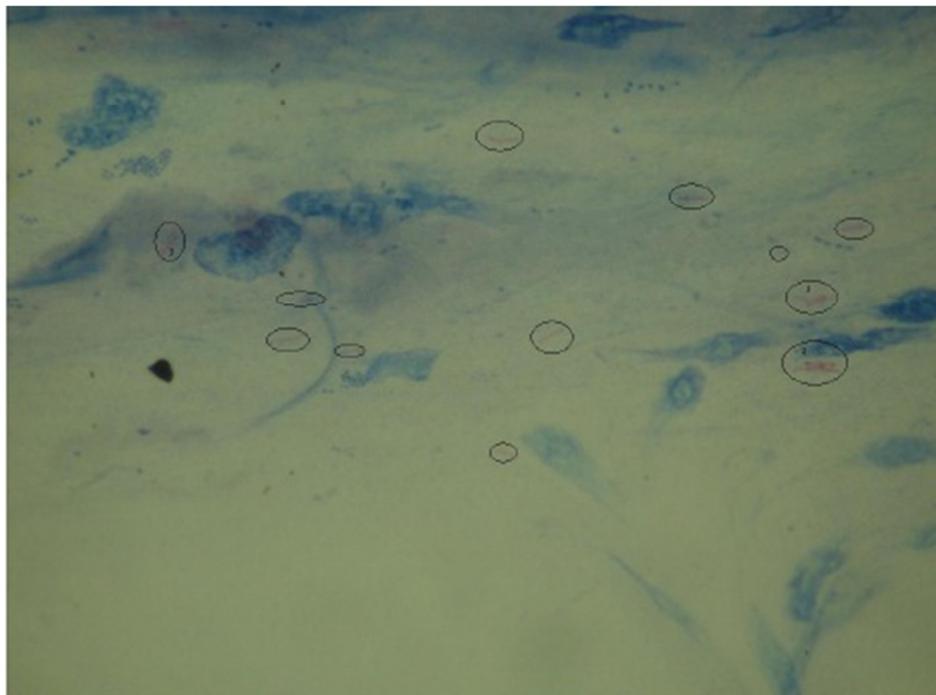


Figura 12 - Imagem de bacilosopia de microscópio convencional onde um especialista identificou a presença de bacilo.

Fonte: Costa et al. (2008).

Raof et al. (2008) utilizaram 55 (cinquenta e cinco) imagens obtidas a partir de lâminas coradas pelo método ZN (veja Figura 13), classificadas em 5 grupos de imagens: normal; baixa qualidade ou com pouca luz (sub exposição); brilhantes ou com muita luz (sobre

exposição); difusas; e imagens em que há sobreposição entre escarro e o *Mycobacterium tuberculosis*.

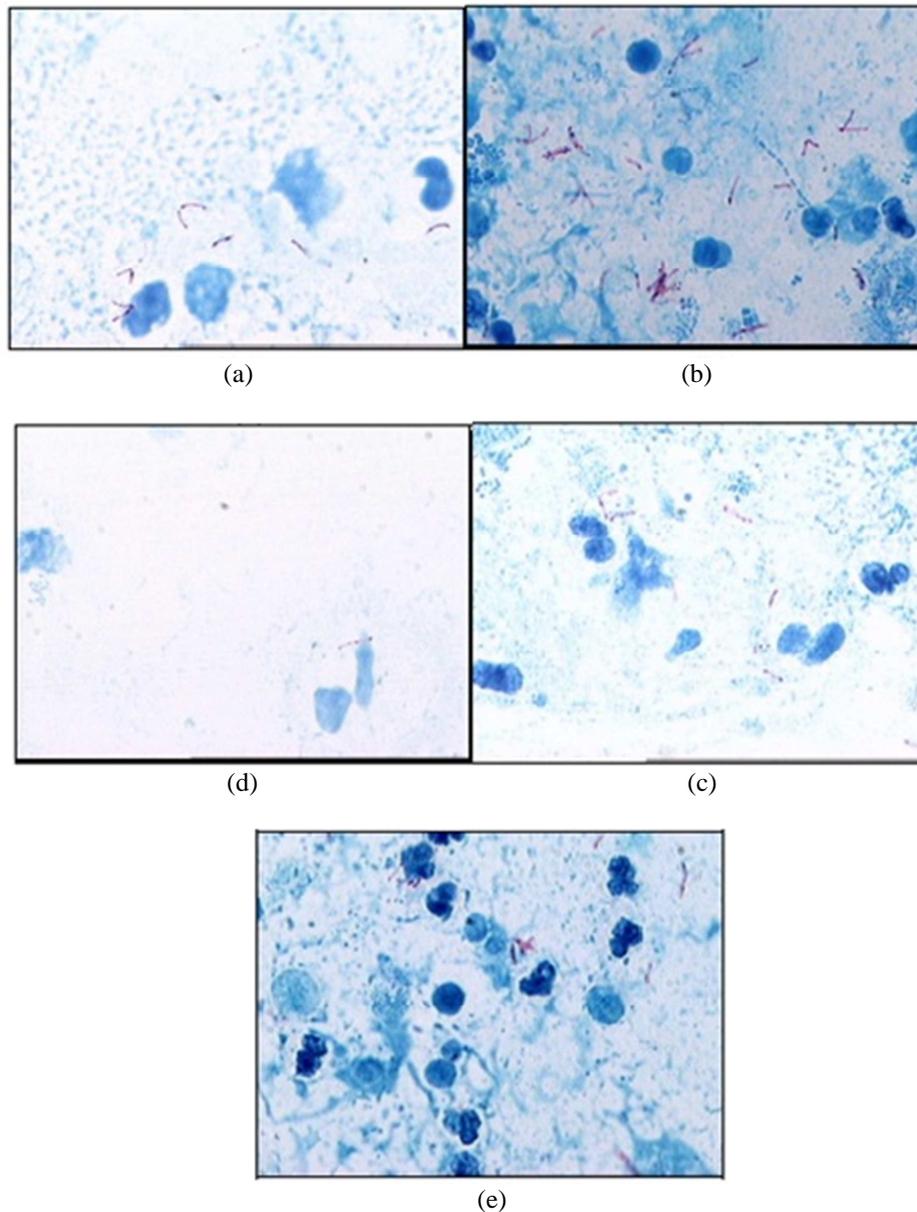


Figura 13 - Imagens originais de lâmina de escarro: a) Imagem normal; b) Imagem de baixa qualidade; c) Imagem brilhante; d) Imagem difusa; e) Imagem sobreposta.  
Fonte: Raof et al. (2008).

Sotaquirá et al. (2009) descreveram uma técnica automática de segmentação, detecção e quantificação de bacilos e aglomerados presentes em 1400 imagens de esfregaço de escarro preparadas pelo método ZN. As imagens foram obtidas através de uma câmera óptica acoplada a um microscópio Axioskop 2 com ampliação de 100X e faixa de níveis de luminosidade de 3 a 6. As resoluções das imagens adquiridas foram de 1600x1200 e 640x480. O banco de dados das imagens foi obtido de 14 pacientes, com cada um sendo diagnosticado

por um especialista, conforme os quatro níveis de infecção. Comparada com a microscopia fluorescente (onde as amostras são coloridas com Auramina e os bacilos estão claramente definidos), as amostras obtidas pelo método ZN em microscopia de campo claro mostram que o bacilo e o aglomerado podem ter diferentes cores, variando do fúcsia ao roxo escuro. O fundo das amostras também varia de imagem para imagem, podendo apresentar coloração branca, creme e bege.

Khutlang et al. (2009) utilizaram 28 imagens de nove indivíduos capturadas por meio de uma câmera digital Kodak DC290 acoplada a um microscópio Nikon FX-Microphot com objetiva de 100X e abertura numérica de 0,17. As imagens com resolução de 480x720 pixels foram obtidas dos esfregaços de escarro preparados pelo Laboratório do Serviço Nacional de Saúde de Groote Schuur na África do Sul.

Makkapati et al. (2009) utilizaram 300 imagens de baciloscopia de três pacientes diferentes, com resolução espacial de 2048x1536 pixels.

Khutlang et al. (2010) utilizaram uma câmera digital Kodak DC290 acoplada a um microscópio Nikon FX-Microphot com objetiva de 100X e abertura numérica de 1,4, para obter imagens de esfregaço de escarro das lâminas coradas pelo método de ZN, com resolução de 720x480 pixels e 24 bits por pixel (*true color*). Dezenove lâminas de esfregaços de escarro de 19 pacientes foram preparadas pelo Laboratório do Serviço Nacional de Saúde Sul-Africano (LNH) em Groote Schuur, sendo capturadas entre 20 e 100 imagens por lâmina.

### 3.3. SEGMENTAÇÃO

Essa etapa consiste na utilização de técnicas que visam separar o bacilo do fundo das imagens baciloscópicas.

Nesta etapa, Sadaphal et al. (2008) utilizaram um classificador Bayesiano para prever a probabilidade de um pixel pertencer a um bacilo, usando conhecimento *a priori* da cor das imagens com ZN da forma/tamanho. As probabilidades *a priori* de um pixel pertencer ou não a um bacilo foram obtidas a partir da função de densidade do histograma de pixels dos bacilos segmentados manualmente. Observou-se que a maioria dos pixels do BAAR possuía valores RGB que eram significativamente diferentes dos não pertencentes ao bacilo. A imagem binária resultante foi melhorada a partir da dilatação morfológica com um elemento estruturante circular. A Figura 15 ilustra o fluxograma de segmentação e classificação proposto por Sadaphal et al. (2008).

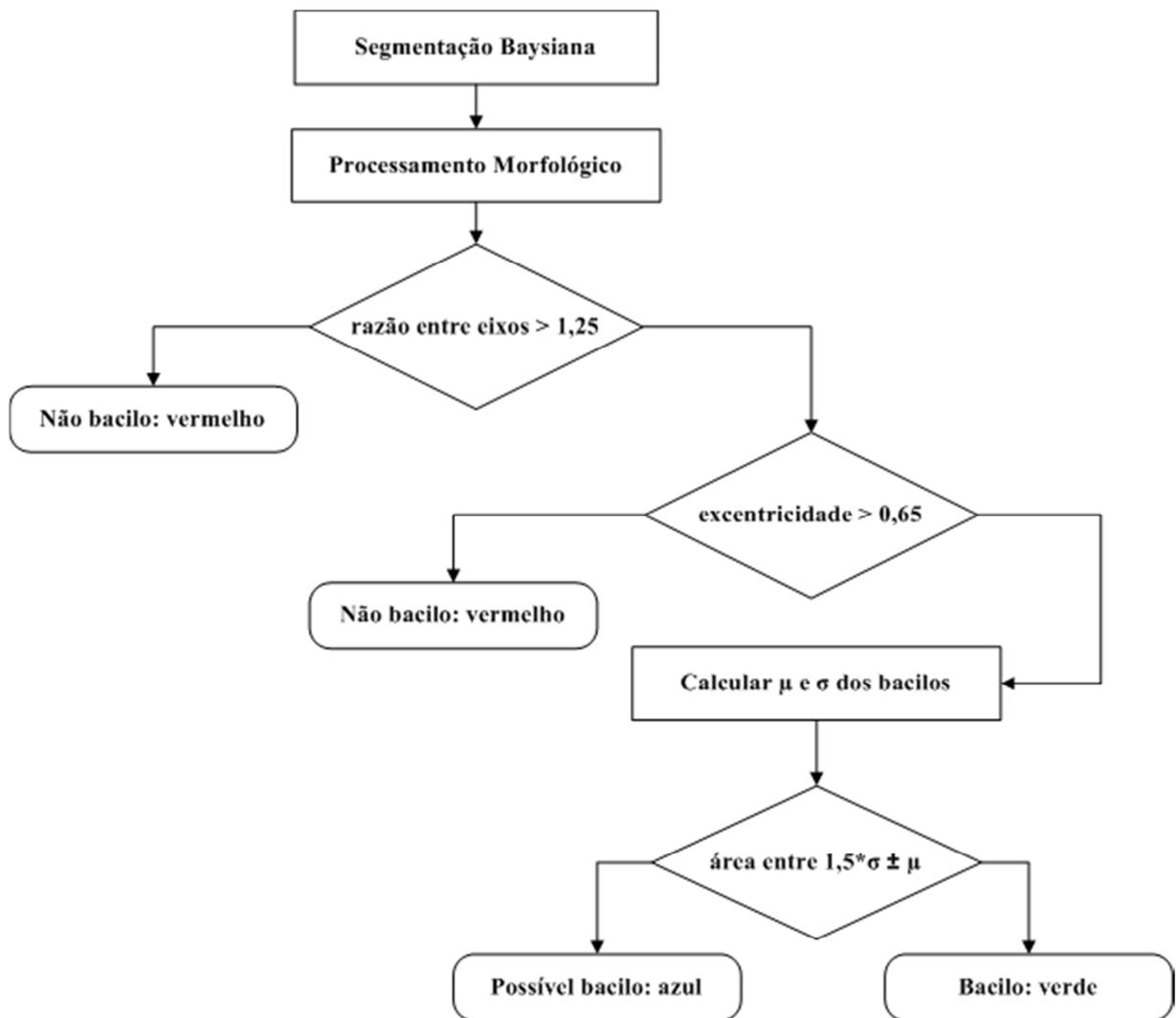


Figura 14 – Fluxograma mostrando as etapas de segmentação e classificação do método automático de identificação e rotulagem dos bacilos nas imagens digitais de esfregaços corados com ZN.  
Fonte: Sadaphal et al. (2008).

No trabalho de Costa et al. (2008) a imagem de diferença R-G (onde R e G são as componentes de intensidade Vermelha (R) e verde (G) do espaço de cor RGB) é o ponto chave do método de segmentação proposto, pois ela converte o espaço tridimensional em um espaço de intensidade onde o bacilo se diferencia do fundo. Dessa forma, o método proposto parte da análise do histograma de intensidade da imagem R-G. A Tabela 5 mostra, para a imagem da Figura 13, a concentração percentual de pixels (np%) em cada uma das 10 faixas do histograma da imagem. Assim, para a banda 0,0-0,1, da Tabela 5, tem-se  $np\% = 0,271\%$ .

**Tabela 5 – Concentração percentual de pixels (%) da Figura 13 correspondentes às dez regiões de nível de cinza.**

Faixa de nível de cinza (FNC)	Concentração percentual de Pixels (np%)
0 a 0,1	0,271
0,1 a 0,2	1,372
0,2 a 0,3	4,220
0,3 a 0,4	32,603
0,4 a 0,5	61,009
0,5 a 0,6	0,418
0,6 a 0,7	0,071
0,7 a 0,8	0,027
0,8 a 0,9	0,009
0,9 a 1	0,001

Fonte: Costa et al. (2008).

A segmentação dos bacilos é operacionalizada a partir de um processo de limiar global adaptativo. Um valor de limiar global  $L$  adaptado a cada uma das imagens é utilizado na segmentação da imagem (R-G). Esse valor é obtido experimentalmente a partir da análise do histograma da imagem conforme o seguinte procedimento no Quadro 1:

Quadro 1 - Algoritmo de segmentação utilizado por Costa et al. (2008).

1. Define-se um valor de limiar global,  $x\%$ ;
2. Inicia-se a avaliação das dez faixas de níveis de cinza (FNC's) do histograma, da direita para a esquerda (de  $i=10$  até  $i=1$ );
3. Para uma dada  $FNC_i$ , compara-se o valor  $n_i\%$  com o valor  $x\%$ ;
4. Se  $n_i\% > x\%$ , atribui-se a  $L$  (valor do limiar adaptativo) o valor do limite superior de  $FNC_i$  e para-se o processo;
5. Do contrário continua-se o processo analisando-se a  $FNC_{(i-1)}$ .

Para o exemplo mostrado na Tabela 3, se  $x=8\%$ , conclui-se que o valor de  $L$  é 0,5. Uma operação de limiar com o valor de  $L$  aplicada a toda a imagem obtém-se a imagem binarizada mostrada na Figura 15.

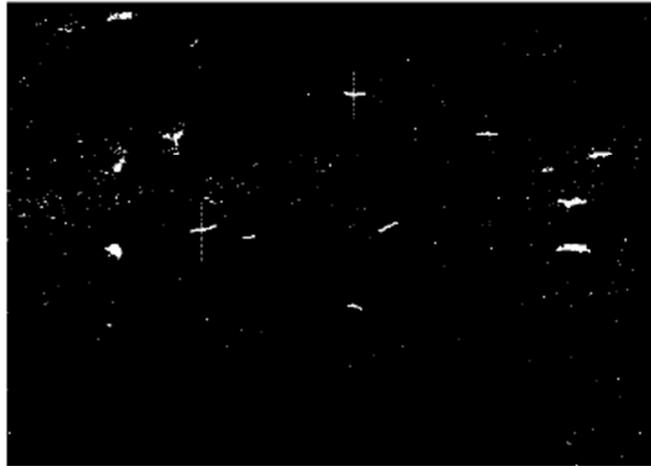


Figura 15 – Imagem binarizada a partir da imagem na Figura 3 com  $L=0,5$ .  
Fonte: Costa et al. (2008).

Em muitas imagens resultantes do processo de segmentação foram observados, além dos bacilos segmentados, dois tipos de artefatos. O primeiro tipo correspondente a grandes regiões da imagem com valores altos de (R-G). O segundo tipo corresponde a pequenos artefatos. Para remoção do primeiro tipo de artefato foram utilizados filtros de área, enquanto que para a remoção do segundo tipo foram utilizados filtros morfológicos.

Raof et al. (2008) obtiveram um limiar de segmentação dos bacilos a partir da extração dos valores RGB de 25 (vinte e cinco) pixels de bacilo e 25 (vinte e cinco) pixels do fundo em 5 (cinco) imagens de cada tipo. Desses pixels foram obtidos os valores mínimos, máximos e a média para os canais de cor RGB. Observaram que a diferença entre os valores mínimos e máximos dos pixels dos bacilos e fundos era distinta e significativa, podendo ser utilizada para a segmentação. Definiram as seguintes faixas de valores RGB para os pixels de bacilo:  $26 < R < 239$ ;  $G < 246$ ; e  $B > 121$ .

Essa técnica de segmentação pelo método de limiarização de imagens permitiu a eliminação de grande quantidade de pixels indesejáveis, preservando somente aqueles pixels caracterizados por terem cor similar ao *Mycobacterium tuberculosis* ou bacilo TB. O ponto chave desse método foi a realização de um estudo sobre os atributos de cor do *Mycobacterium tuberculosis* de forma a obter as regras básicas de seleção e acurácia dos valores do limiar.

Na Figura 16 são mostrados os resultados de imagens pré-processadas (ajuste de brilho, contraste e cor) e segmentadas através do método ora exposto.

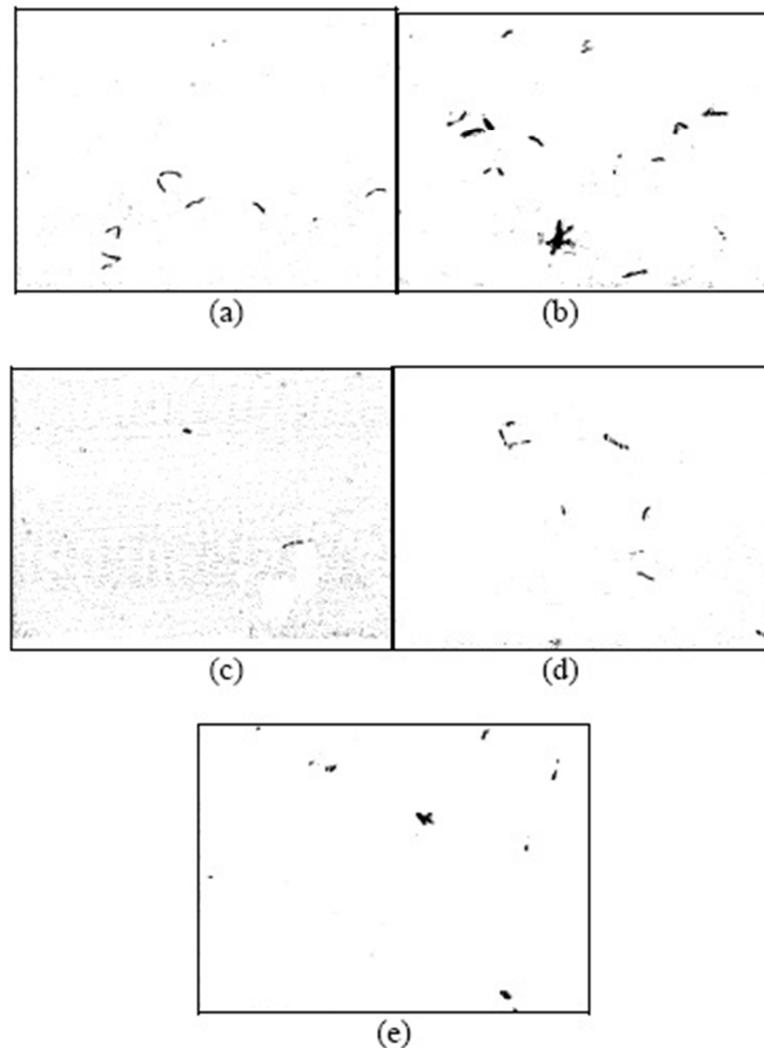


Figura 16 - Resultado da Imagem melhorada da Limiarização: a) Imagem normal; b) Imagem de baixa qualidade; c) Imagem brilhantes; d) Imagem difusa; e) Imagem sobreposta.

Fonte: Raof et al. (2008).

Em Sotaquirá et al. (2009) foram considerados os espaços de cores RGB, HSV, YCbCr, Lab e YIQ, com cada componente (R, G, B, H, S, V, Y, Cb, etc.) das imagens analisado. Dessa análise os espaços YCbCr e Lab ofereceram o melhor resultado, especialmente a componente *Cr*, do YCbCr, e *a*, do Lab. Tanto a componente *a*, quanto a componente *Cr* contém informação relativa ao bacilo, mas ambas diferem no tipo de artefato detectado (a componente *Cr* contém artefatos de iluminação, enquanto a componente *a* rejeita muitos deles), sendo possível realizar uma operação *AND* entre ambas as imagens segmentadas para obter o resultado desejado, qual seja a localização dos bacilos e aglomerados e a rejeição de todos os artefatos e pixels do fundo.

Para garantir um estágio de segmentação adequado, independente da iluminação, utilizou-se uma técnica de limiarização baseada na primeira derivada do histograma. Uma vez

que a mudança nas condições de iluminação move o histograma de uma imagem no sentido dos níveis mais escuros para os níveis mais claros, de forma que o limiar baseado no nível de intensidade não é adequado nesse caso. Todavia, a primeira derivada do histograma traz informações relacionadas com diferenças entre pontos consecutivos do mesmo. Essas diferenças são robustas frente às condições de variação de iluminação e, portanto, garantem a rigidez do algoritmo. Neste caso a primeira derivada é calculada sobre as componentes  $Cr$  e  $a$  das imagens. Se os valores  $H[n]$  ( $n = 0, 1, \dots, 254$ ) representam o histograma, logo a primeira derivada é calculada como:

$$\Delta H[n] = H[n + 1] - H[n] \quad (98)$$

O limiar é selecionado como o nível máximo de intensidade escolhido entre todos os  $n$  níveis possíveis que satisfazem a condição:

$$\Delta H[n] \leq r \quad (99)$$

O parâmetro  $r$  é estabelecido utilizando-se todas as imagens no banco de dados. A vantagem desse método é que o limiar é selecionado baseando-se na primeira derivada do histograma, que é calculada entre níveis consecutivos, produzindo uma limiarização mais robusta frente a variações das condições de iluminação.

Os passos desse algoritmo de segmentação são apresentados no Quadro 2:

1. Leitura da imagem no espaço RGB;
2. Conversão da imagem para o espaço YCbCr e Lab, usando somente as componentes  $Cr$  e  $a$ ;
3. Cálculo do limiar para as componentes  $Cr$  e  $a$ , baseada nas suas primeiras derivadas;
4. Segmentação das imagens com base no limiar obtido no passo 3;
5. Execução da operação *AND* lógico entre as duas imagens obtidas no passo anterior.

Quadro 2 - Algoritmo de segmentação utilizado por Sotaquirá et al. (2009).

A Figura 17 mostra o resultado dessa técnica de segmentação:

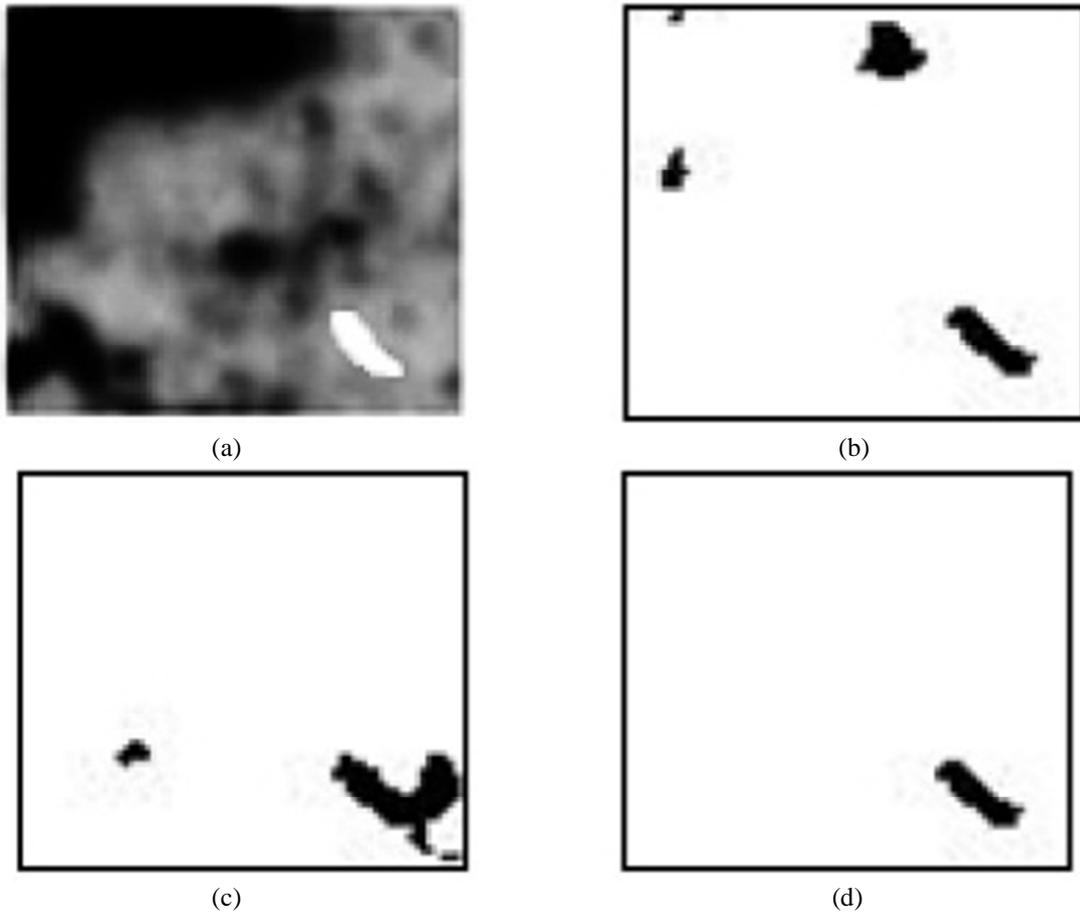


Figura 17 – Exemplo do algoritmo de segmentação proposto: a) Imagem Original; b) Imagem segmentada por Lab; c) Imagem segmentada por YCbCr; d) Resultado Final do AND entre b e c.  
Fonte: Sotaquirá et al. (2009).

O processo de segmentação proposto por Khutlang et al. (2009) utiliza um classificador de pixels para identificar bacilos usando informação de cor. Para a classificação dos *pixels* são utilizados os classificadores gaussiano, mistura de gaussianas e análise de componente principal (PCA). No classificador gaussiano, a classe alvo é modelada com distribuição gaussiana e os objetos cujos valores das características ficam fora do limiar são rotulados como *outliers*. A mistura de gaussianas cria uma descrição mais robusta da classe alvo enquanto o PCA permite a escolha de autovetores da matriz de covariância dos dados alvo para a descrição do mesmo, retirando os de maior variância. No treinamento desses classificadores, é estabelecida uma percentagem de erro que define o número limite de objetos classificados incorretamente para cada classificador na mesma base de teste. A validação é feita comparando o número de bacilos segmentados automaticamente em relação ao padrão segmentado manualmente.

Khutlang et al. (2009) utiliza, na etapa de segmentação, um conjunto de dados de treinamento formado por 28 imagens de nove indivíduos, cujos *pixels* do bacilo no plano focal foram definidos como objetos alvos. Um subconjunto de *pixel* do fundo foi rotulado como *outliers*. O conjunto de dados de treinamento continha 40.666 objetos, dos quais 20.637 eram bacilos. Os classificadores foram avaliados usando-se cinco imagens de diferentes indivíduos. Cada imagem tinha uma versão segmentada manualmente para calcular a razão dos *pixels* classificados corretamente e incorretamente. Nesse caso, a mistura de gaussianas obteve o melhor resultado, conforme Figura 18.



Figura 18 - Resultados obtidos usando a mistura de classificador de *pixel* Gaussiana sobrepostos sobre duas imagens do conjunto de dados de teste.  
Fonte: Khutlang et al. (2009).

Os objetos de saída, na segmentação, foram filtrados com base em suas áreas, onde o limiar foi estabelecido com um mínimo de 50 e máximo de 400 *pixels*.

Makkapati et al. (2009) segmentaram os bacilos por limiarização com base na componente de intensidade do HSV, escolhendo uma faixa adaptativa com base na imagem de entrada, conforme o esquema proposto na Figura 19 para segmentação e classificação. A estrutura granular do bacilo é obtida através da segmentação por meio da componente de saturação e serve como um marcador que indica se o objeto analisado é ou não bacilo. A estrutura granular tem uma coloração não uniforme, esverdeada, dentro do bacilo e se destaca na componente de saturação do HSV da imagem do bacilo.

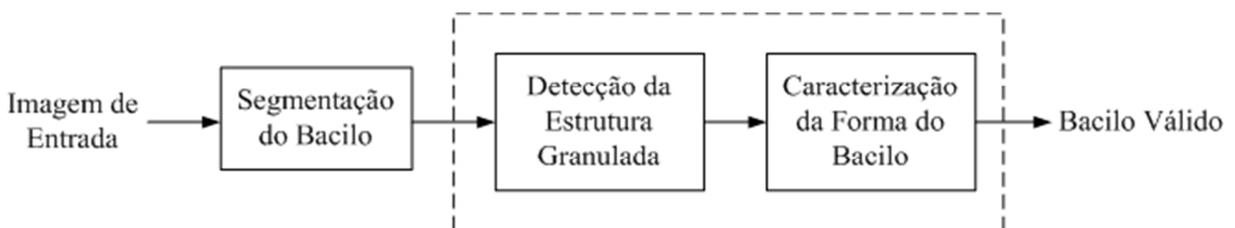


Figura 19 - Fluxograma para segmentação e classificação.  
Fonte: Makkapati et al. (2009).

Khutlang et al. (2010) utilizaram classificadores de *pixel* para segmentar as imagens. Foram combinados conjuntos de classificadores para obter a melhor segmentação tais como o classificador de *Bayes*, regressão linear e discriminante quadrático. O conjunto de treinamento foi composto por 40666 objetos, dos quais 20637 eram bacilos.

O classificador de *Bayes* foi treinado estimando a média e a matriz de covariância de duas classes no conjunto de treinamento. A imagem segmentada manualmente foi utilizada para calcular as taxas de classificação verdadeira e falsa, a partir do número de *pixels* pertencentes ou não a um bacilo.

### 3.4. ESPAÇOS DE CORES UTILIZADOS

Sadaphal et al. (2008) utilizaram o espaço de cor RGB, pois muitos bacilos tinham valores R,G e B que eram significativamente diferentes dos não bacilos.

Costa et al. (2008) utilizaram os espaços de cores RGB e HSI. O segundo foi usado para caracterizar a cor do fundo através da componente H.

Raof et al. (2008) utilizaram o espaço de cor RGB, pois as propriedades desse espaço vêm sendo constantemente estudadas para extrair importantes características da imagem.

Sotaquirá et al. (2009) utilizaram os espaços de cores RGB, HSV, YIQ, YCbCr, Lab.

Khutlang et al. (2009) e Khutlang et al. (2010) utilizaram o espaço de cor RGB.

Makkapati et al. (2009) utilizaram o espaço de cor RGB e HSV. O HSV foi utilizado porque oferece uma representação conveniente onde matiz, saturação e valor indicam a qualidade pela qual é distinguida uma família de cor da outra, uma cor forte de uma fraca e um cor clara de uma escura, respectivamente.

### 3.5. CONJUNTO DE VARIÁVEIS

Sadaphal et al. (2008), Costa et al. (2008), Raof et al. (2008), Khutlang et al. (2009) e Khutlang et al. (2010) utilizaram como variáveis os componentes R, G e B.

Sotaquirá et al. (2009) utilizaram os componentes R, G, B, H, S, V, Y, I, Q, Y, Cb, Cr, L, a e b.

Khutlang et al. (2009) e Khutlang et al. (2010) utilizaram os componentes R, G e B.

Makkapati et al. (2009) utilizaram os componentes R, G, B, H, S e V.

### 3.6. CARACTERÍSTICAS E PROCEDIMENTOS PARA SEPARAÇÃO ENTRE BACILOS E RUÍDOS

Essa etapa consiste na seleção de características que possam ser utilizadas para remoção de ruídos e nos procedimentos adotados para esse fim.

Sadaphal et al. (2008) utilizaram características ligadas à forma para diferenciar um BAAR de outras bactérias positivas como *Nocardia*, agrupando *pixels* vizinhos conectados. Para tratar e minimizar os efeitos dos diferentes tamanhos e orientações dos bacilos foram usados dois descritores de forma invariantes à rotação, translação, transformações distorcidas e escala. O primeiro deles é a razão entre os eixos, com valor igual a 1 para círculos e maior do que 1 para segmentos lineares. O segundo é a excentricidade, que é a relação de distância entre os focos elípticos e o comprimento do eixo principal, com valor igual a 1 para os segmentos de linha e 0 para círculos.

A relação do eixo típica entre 2 a 2,5 para BAAR foi significativamente diferente da relação para não BAAR. A excentricidade para os bacilos situou-se na faixa de 0,90 a 0,96, centralizada em zero para não bacilos. Para maximizar o reconhecimento de objetos em forma de bastonete foi escolhido empiricamente um limite de corte conservador com a razão de eixo maior do que 1,25 e excentricidade maior do que 0,65 para bacilos, os objetos abaixo desses valores são considerados não bacilos.

Raof et al. (2008) analisaram as propriedades dos *pixels* RGB para extrair características importantes da imagem, utilizando um processo de limiarização de cor para extração dos *pixels* do *Mycobacterium* e rejeitar *pixels* de outros objetos. Entre as características que se destacam estão os valores máximos, mínimos e médios para cada um dos componentes RGB. As Tabelas 6 e 7 mostram esses valores para bacilos e escarro, respectivamente.

**Tabela 6 - Informação de RGB nos *pixels* da *Mycobacterium*.**

Canal de Cor (RGB)	Mínimo	Máximo	Média
R	29	218	133
G	32	255	158
B	6	224	141

Fonte: Raof et al. (2008).

**Tabela 7 - Informação de RGB nos *pixels* do escarro.**

Canal de Cor (RGB)	Mínimo	Máximo	Média
R	0	254	137
G	110	255	215
B	27	255	170

Fonte: Raof et al. (2008).

Raof et al. (2008) observaram ainda que os valores dos *pixels* verdes são sempre maiores que os valores dos *pixels* vermelhos nas áreas do escarro.

Khutlang et al. (2009) utilizaram área, excentricidade, compacidade, momento invariante e características de Fourier. Na etapa de segmentação é utilizada a área para remover ruídos. As características de Fourier são extraídas a partir das coordenadas bidimensionais dos *pixels* que ficam na borda do bacilo. Quando o segundo valor da coordenada K é feito imaginário então a aplicação da transformada discreta de Fourier em  $s(k)$  resulta na equação 100:

$$a(u) = \sum_{k=0}^{K-1} s(k) e^{\frac{-j2\pi uk}{K}} \quad (100)$$

Os coeficientes complexos  $a(u)$ , com  $u=0, 1, 2, \dots, K-1$ , podem ser usados com características de Fourier e podem ser invariantes à translação e rotação usando a transformação:

$$r(u) = \sqrt{|a_x(u)|^2 + |a_y(u)|^2} \quad (101)$$

Onde  $a_x(u)$  e  $a_y(u)$  são, respectivamente, as partes real e imaginárias dos coeficientes ou descritores. Desde que as características de Fourier são invariantes à translação e rotação, elas são comparadas às características de momento invariante que são invariantes à mudança geométrica.

Em relação às demais características: o momento invariante foi obtido a partir do momento de cor generalizado; a excentricidade foi calculada a partir do razão entre o maior e menor eixo do bacilo; e a compacidade, através da razão do perímetro de área do objeto.

O mapeamento linear de Fischer foi aplicado a todos os conjuntos de características para reduzir a dimensionalidade do espaço de características baseado na otimização da matriz de dispersão entre classes com respeito à matriz de dispersão intra classe.

Makkapati et al. (2009) utilizaram as características área, perímetro, largura e comprimento do bacilo.

Khutlang et al. (2010) utilizaram as características área, excentricidade, compactidade, momento invariante e o valor do *pixel* central de cada canal RGB. Além disso, são usados subconjuntos de características tais como: Aprendizado Incremental Baseado em População (*PBIL*) que seleciona subconjuntos de características probabilisticamente; seleção de características *B&B* que usa função de avaliação para selecionar o melhor subconjunto de  $d$  características a partir de  $M$  características e pode ser modelada como uma árvore onde a raiz é o conjunto de todas as características e as folhas são subconjuntos com  $d$  características; seleção de característica baseada na correlação (CFS); seleção flutuante para frente e para trás para um número fixo de  $F$  passos para encontrar a melhor característica (*SFFS* ou *SBFS*).

### 3.7. CLASSIFICAÇÃO

Essa etapa consiste na utilização de classificadores para identificar os bacilos de TB.

Sadaphal et al. (2008) classificaram os objetos em: bacilos, possíveis bacilos e não bacilos. Para classificar os objetos foram usados a média  $\mu$  e o desvio padrão  $\sigma$  obtidos a partir do tamanho do BAAR. Objetos com tamanho  $> \mu \pm 1,5\sigma$  foram definidos como possíveis bacilos e dentro da faixa  $\mu \pm 1,5\sigma$  como bacilos. O resultado do método automatizado de Sadaphal et al. (2008) aplicado para a rotulagem de bacilos da tuberculose resultou nas imagens da Figura 20. Na coluna da esquerda estão imagens originais e, na coluna da direita, as imagens dos resultados da identificação automática. Os objetos vermelhos são os detectados pela segmentação Bayesiana, mas rejeitados como bacilos através de uma avaliação da forma dos mesmos. Os objetos azuis são os detectados pela segmentação Bayesiana e aceitos como bacilos através de uma avaliação da forma dos mesmos, mas com tamanhos incorretos. Por isso são considerados possíveis bacilos. Objetos verdes são definidos como bacilos que passaram pela segmentação Bayesiana, avaliação de forma e tamanho.

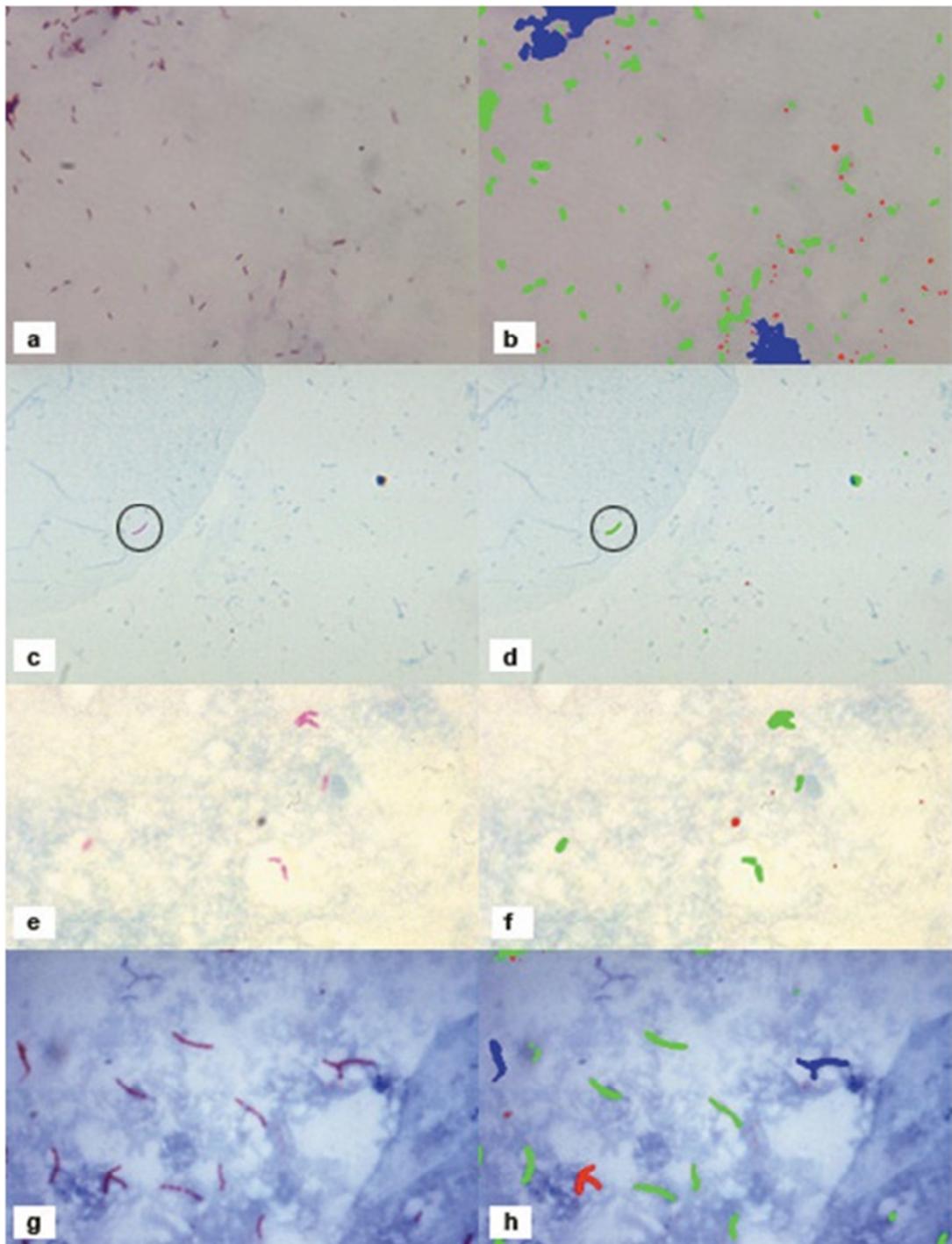


Figura 20 - Resultado para o método automático de rotulagem do bacilo de TB.  
 Fonte: Sadaphal et al. (2008).

Sotaquirá et al. (2009) utilizaram a média do tamanho do bacilo calculado a partir das 1400 imagens para a quantificação do mesmo, pois o mesmo é medido em *pixels* e depende da resolução da imagem e amplitude do microscópio. Dessa forma, o número total de bacilos é dado pelo quociente da área total dos *pixels* de bacilos pela média do tamanho do bacilo.

O método proposto obteve acurácia com eficiência de 96,3%, na etapa de segmentação, com taxa de falso positivo de 9,78%, sensibilidade de 90,9% e acurácia no de 85,7%, no diagnóstico.

Na segmentação, classificadores de *pixels* contam qualquer objeto segmentado como bacilo, o que diminui a especificidade desse processo. Por conta disso, Khutlang et al. (2009) utilizaram, na etapa de classificação, características geométricas invariantes como entradas para o classificador de forma, a fim de detectar os bacilos. O classificador de forma usa algoritmo de aprendizagem supervisionado.

Foram utilizados na etapa de classificação: classificador gaussiano; mistura de gaussianas; PCA e o *kNN*. Esses classificadores usam como entrada características geométricas invariantes, excentricidade e compassidade para detectar objetos na forma de bastonete. Para o classificador Gaussiano, a classe alvo é modelada com uma distribuição Gaussiana e objetos com características caindo fora do limiar são chamadas de *outliers*. O classificador que utiliza misturas gaussianas fornece uma descrição mais robusta da classe alvo. O PCA permite a escolha dos autovetores da matriz de covariância do alvo para ser usado na descrição do dado alvo, removendo os de alta variância. Com esse procedimento consegue-se melhorar o desempenho utilizando informações com baixa dimensionalidade.

Khutlang et al. (2009) utilizaram, na classificação, momento invariante, excentricidade compassidade e características de Fourier para descrever os bacilos. O conjunto de treinamento foi constituído de 4.376 objetos de nove indivíduos; 2.728 objetos rotulados como alvo e 1.648 como *outlier*.

A mistura de gaussianas teve o melhor desempenho na etapa de segmentação, com a menor razão de classificação incorreta de *pixels* e percentagem de classificação correta de 75,74%. Na etapa de classificação, a mistura de gaussianas foi melhor utilizando-se todas as características. Entre as diferentes características, excentricidade e compassidade tiveram a maior acurácia para todos os classificadores.

Makapati et al. (2009) utilizaram as equações 102 e 103 para classificar os bacilos:

$$T_l = \frac{p + \sqrt{p^2 + 16a}}{4} \quad (102)$$

$$T_w = \frac{p - \sqrt{p^2 - 16a}}{4} \quad (103)$$

Onde:

$T_l$  – Comprimento do filamento;

$T_w$  – Largura do filamento;

$p$  – perímetro do filamento;

$a$  - área do filamento.

Para bacilo: a) faixa de  $T_l$ : 1-4  $\mu\text{m}$ ;

b) faixa de  $T_w$ : 0.3- 0.6  $\mu\text{m}$ .

Os bacilos são identificados pela presença da estrutura granulada, comprimento, largura e área. Conforme explicado na etapa de segmentação, a estrutura granular do bacilo é obtido através da segmentação por meio da componente de saturação do espaço de cor HSV e serve como um marcador que indica se o objeto analisado é ou não bacilo. A estrutura granular tem uma coloração não uniforme, esverdeada, dentro do bacilo e se destaca na componente de saturação do HSV da imagem do bacilo.

Khutlang et al. (2010) utilizaram um conjunto de treinamento com 6.901 objetos de 11 indivíduos para classificação. Desse total, 4.999 foram rotulados como bacilos e 1.902 como não bacilos. Foram utilizados os classificadores *k*NN, *Bayes*, *Linear*, *Quadrático*, *Redes Neurais Probabilísticas* e *SVM*. Utilizou-se também validação cruzada. Todos os classificadores foram testados usando o conjunto de teste de oito indivíduos, com 1838 objetos bacilos e 2.520 não bacilos. O desempenho dos diferentes classificadores, com distintos procedimentos de seleção de característica, foi avaliado conforme mostrado na Tabela 8.

**Tabela 8 - Desempenho dos diferentes classificadores (Validação Cruzada).**

Seleção de Características	Classificador					
	Acurácia (%)					
	Sensibilidade (%)					
Especificidade (%)						
	kNN	Bayes	Linear	Quadrático	PNN	SVM
PBIL	88,96	68,24	83,23	76,96	81,02	79,33
	99,13	99,67	99,89	100,00	99,51	99,13
B&B	81,54	45,32	71,07	60,59	74,44	64,88
	84,47	66,82	82,31	76,07	82,35	77,56
	99,67	99,46	99,73	99,95	99,62	99,29
CFS	73,37	43,02	69,60	58,65	69,76	61,71
	84,37	87,93	83,23	86,85	82,42	80,56
	99,56	99,67	100,00	99,51	99,40	99,84
SFFS	73,29	79,36	70,99	77,62	70,04	66,51
	87,20	89,01	83,25	75,65	84,83	80,45
	99,62	99,62	99,95	100,00	99,29	99,51
	78,13	81,27	71,07	57,90	74,29	66,55

Fonte: Khutlang et al. (2010).

#### 4. MATERIAIS E MÉTODOS

Nesse trabalho foi desenvolvida uma metodologia para o reconhecimento e quantificação de bacilos da tuberculose em imagens obtidas através de microscopia de campo claro, de lâminas contendo esfregaço de secreção pulmonar, preparadas através do método de *Kinyoun*, que é um método derivado do ZN e, portanto, podem ser comparados os resultados obtidos com imagens de lâminas preparadas por esses dois métodos.

Na Figura 21 mostra-se um diagrama em blocos das etapas de um método de reconhecimento de padrões clássico, quais sejam: Aquisição de dados, Pré-processamento, Extração de Características, Classificação e Pós-processamento.

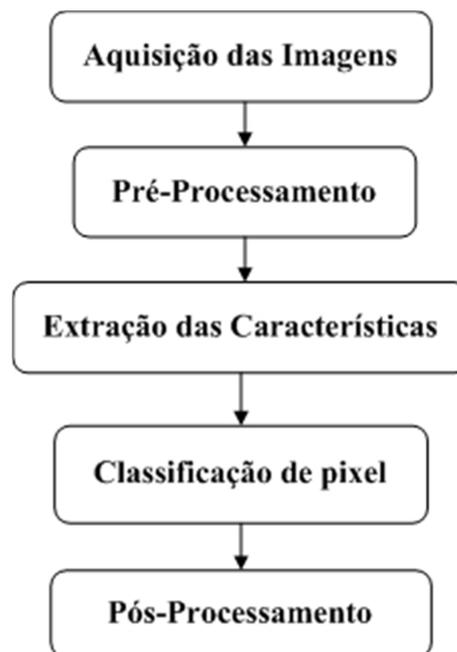


Figura 21 - Diagrama de blocos com as etapas de reconhecimento de padrões.

##### 4.1. MATERIAIS

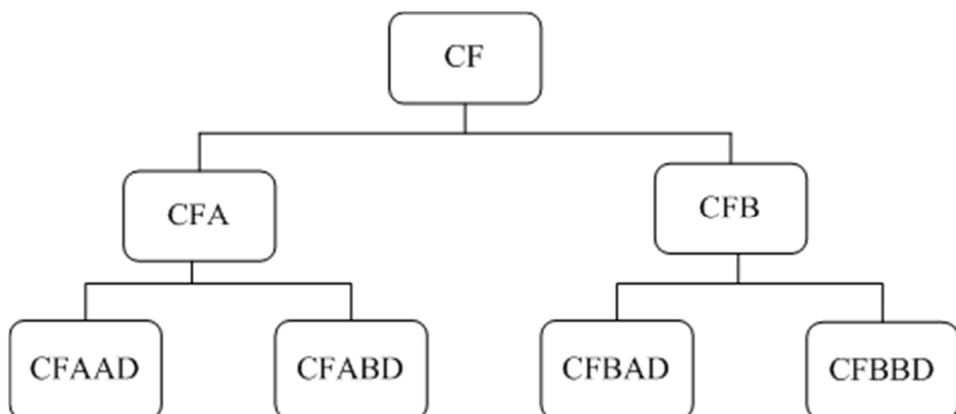
O conjunto de imagens utilizado foi obtido por Kimura et al. (2010). Esse conjunto, constituído de 120 imagens de baciloscopia de campo claro, com resolução espacial de

2816x2112 *pixels*, é proveniente de 12 lâminas baciloscópias. De cada lâmina, Kimura et al. (2010) selecionaram 10 campos distintos e deles foram adquiridas imagens que, posteriormente, foram submetidas a um processo de avaliação do foco, desenvolvido pelos autores. Em cada campo das imagens adquiridas por Kimura, apenas uma, a imagem em foco, é utilizada em nosso estudo. A seguir detalham-se como essas imagens foram adquiridas.

**Aquisição das Imagens:** As imagens utilizadas correspondem a campos de lâminas contendo esfregaço de secreção pulmonar de pacientes. Esses esfregaços foram preparados com a coloração *Kinyoun*, no Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia (INPA). As imagens foram capturadas a partir de uma câmera digital *Canon PowerShot A640* (2816x2112 *pixels*) acoplada a um microscópio da marca *Zeiss Axioskop 40*. Kimura et al. (2010) dividiram as imagens em quatro grupos. Os grupos são os seguintes:

- Grupo 1: imagens provenientes de lâminas com densidade de conteúdo de fundo alta e quantidade de bacilos alta (CFAAD);
- Grupo 2: imagens provenientes de lâminas com densidade de conteúdo de fundo alta e quantidade de bacilos baixa (CFABD);
- Grupo 3: imagens provenientes de lâminas com densidade de conteúdo de fundo baixa e quantidade de bacilos alta (CFBAD);
- Grupo 4: imagens provenientes de lâminas com densidade de conteúdo baixa e quantidade de bacilos baixa (CFBBD).

A Fig. 22 ilustra um diagrama com a divisão desses grupos.



**Figura 22 – Grupos nos quais foram divididas as imagens de TB.**

**Fonte: adaptado de Kimura et. al (2010).**

A diferença entre o grupo CFA e CFB, é que no primeiro foi utilizado o contra-corante azul de metileno na preparação das lâminas de TB, e no segundo, não foi utilizado esse contra-corante, por conta disso, o segundo possui um fundo mais nítido e com menos interferentes que o primeiro.

A Fig. 23 ilustra exemplos de cada uma das imagens desses grupos.

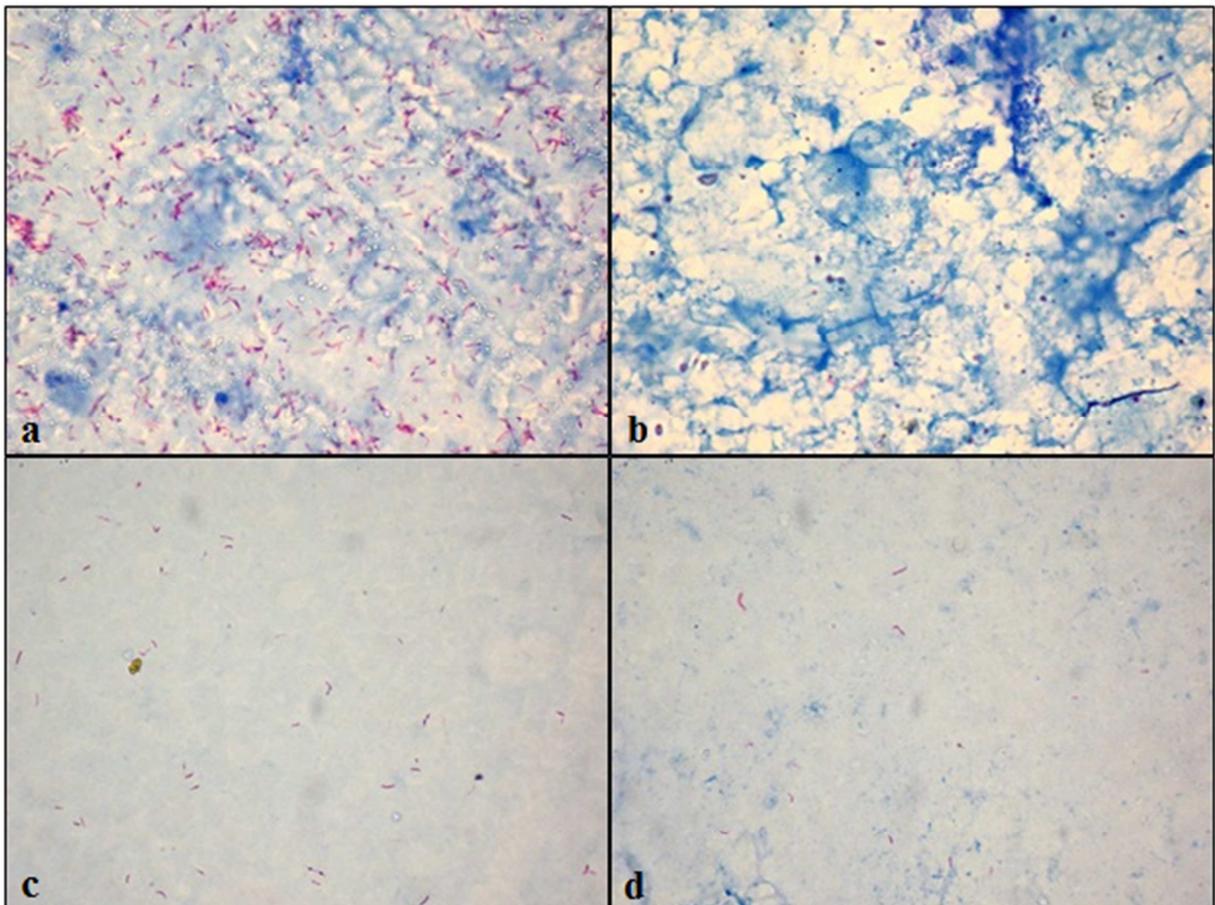
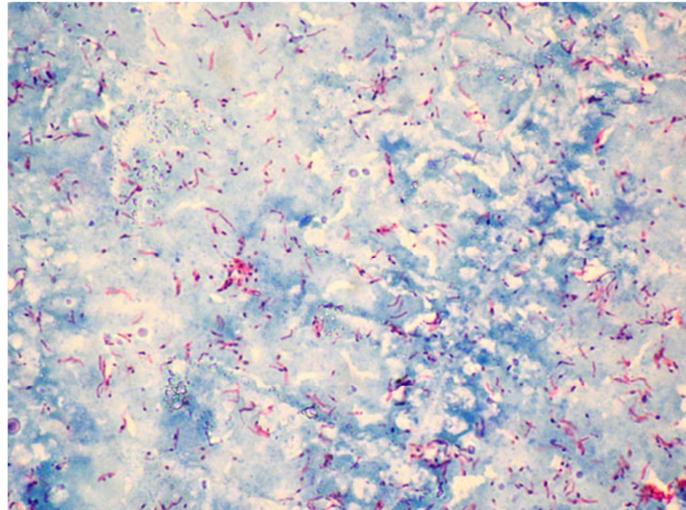


Figura 23 - (a) Imagem do grupo 1; (b) Imagem do grupo 2; (c) Imagem do grupo 3; (d) Imagem do grupo 4.  
Fonte: Kimura et al. (2010).

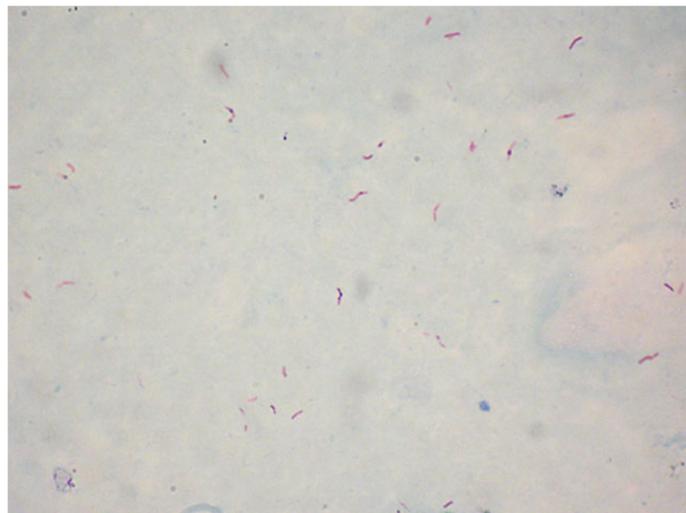
O termo densidade de conteúdo diz respeito à característica do fundo da lâmina com relação à uniformidade. Uma lâmina é dita ter densidade de conteúdo alta se ela apresenta um fundo altamente não uniforme.

As imagens foram divididas em dois grupos conforme o conteúdo de fundo: a) o primeiro é formado por imagens que apresentam alta densidade de conteúdo de fundo (CFA), (veja Figura 22); b) o segundo grupo é composto por imagens que apresentam baixa densidade de conteúdo de fundo (CFB). Um ponto que se pode observar é que nas imagens do

grupo CFA há uma predominância da cor azul no fundo e no grupo CFB existe uma predominância da cor branca no fundo.



(a)



(b)

Figura 24 - (a) Imagem com alta densidade de conteúdo de fundo; (b) Imagem com baixa densidade de conteúdo de fundo.

Fonte: Kimura et al. (2010).

A componente de intensidade H (*hue*) do sistema de cor HSI foi utilizada no processo de classificação das imagens nesses dois grupos (CFA, CFB). Nesse processo de classificação, foram investigadas cinco faixas de cores próximas ao azul: 0,450-0,850; 0,490-0,830; 0,550-0,750; 0,500-0,700. Para cada uma das imagens, foi calculado o percentual de *pixels* situados nessas faixas. A Tabela 9 ilustra os valores percentuais mínimo e máximo para os grupos de imagens CFA e CFB. Procurou-se, a partir desses percentuais, o melhor limiar

que pudesse separar as imagens dos grupos CFA e CFB. O melhor limiar, por razões que serão explicitadas no próximo parágrafo, foi obtido na faixa de 0,500-0,700, onde as imagens com alta densidade de fundo apresentaram uma percentagem mínima de *pixels* de 13,56.

**Tabela 9 – Percentagem mínima e máxima para as faixas de H utilizadas.**

faixa de <i>H</i>	CFA		CFB		Resultados	
	Percentagem		Percentagem			
	Mín.	Max	Mín.	Máx.	Imagens CFA entre a mínima do CFA e máxima do CFB	Imagens CFA abaixo da Max. CFB
0,450-0,850	18,05	74,36	0,97	21,14	1	1
0,499-0,833	15,64	72,67	0,94	20,81	1	1
0,550- 0,750	8,89	68,92	0,58	16,65	5	5
0,600- 0,700	2,47	51,13	0,33	11,51	26	26
0,500- 0,700	13,56	71,36	0,43	17,08	0	1

Para selecionar a melhor faixa que separa os grupos CFA e CFB, foi avaliado o número de imagens entre a percentagem mínima do CFA e a percentagem máxima do CFB.

Dentro desse mesmo contexto, foi obtida, para cada imagem, a percentagem de *pixel* com o componente *hue* na faixa entre 0,500-0,700. A Figura 25, através de um gráfico de barras, mostra essas percentagens, para imagens de ambos os grupos. As primeiras sessenta imagens correspondem a baixos valores de percentagem e as últimas sessenta barras, a altos valores de percentagem. Dessa forma, foi obtido um limiar empírico de 13,56 que foi estabelecido para separar imagens pertencentes ao grupo CFB ou CFA. Esse limiar é mostrado como uma linha horizontal na Figura 25. Quando o valor da barra for maior ou igual a esse limiar a imagem é considerada como pertencente ao grupo CFA. Conforme pode ser observado, apenas uma imagem do grupo CFB (aquela com valor maior que o limiar traçado) é classificada erroneamente como sendo do grupo CFA.

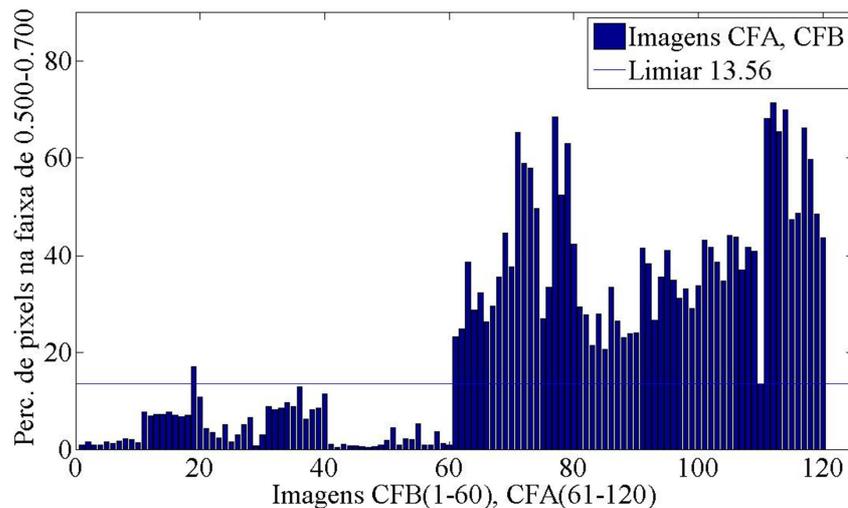


Figura 25 – Gráfico de barras representando as percentagens para os grupos CFB e CFA.

**Pré-Processamento:** O pré-processamento das imagens de baciloscopia pode ser dividido em três etapas: Avaliação do foco das imagens, redução do tamanho das imagens e, por último, a análise e marcação dos bacilos. O foco das imagens foi avaliado segundo uma métrica identificada por Kimura et al. (2010). Nesse trabalho foram utilizadas apenas as imagens consideradas em foco pela referida métrica. As imagens tiveram a resolução de 2816x2112 reduzida, no Matlab, para a 640x480. O objetivo dessa operação foi facilitar as operações de segmentação e classificação, que se tornavam extremamente lentas com a resolução original. Doravante, ao nos referirmos a imagens de baciloscopia, estaremos nos referindo a imagens com resolução de 640x480. A etapa de análise e marcação de bacilos foi realizada em conjunto com uma especialista. Os bacilos avaliados e marcados nessas imagens constituem-se no padrão-ouro desse estudo. Como resultado desse processo de análise e marcação, os objetos identificados na imagem foram classificados pela especialista, do Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, nas seguintes categorias: bacilo, aglomerado de bacilo, bacilo duvidoso e resíduo. Esses objetos foram marcados nas imagens com figuras geométricas distintas, como elipses, retângulos, etc. A seguir, os objetos e as figuras geométricas utilizadas são listados:

- Bacilo: elipse ou círculo;
- Aglomerado: retângulo (quando não é possível contar individualmente os bacilos);
- Bacilo duvidoso: pentágono (quando não há segurança em afirmar que o objeto é realmente bacilo);
- Resíduo ou ruído: triângulo (são os pontos mais escuros nas imagens). Essas imagens passarão por processos de remoção de ruídos.

A Figura 26 mostra uma imagem de baciloscopia com esses objetos marcados.

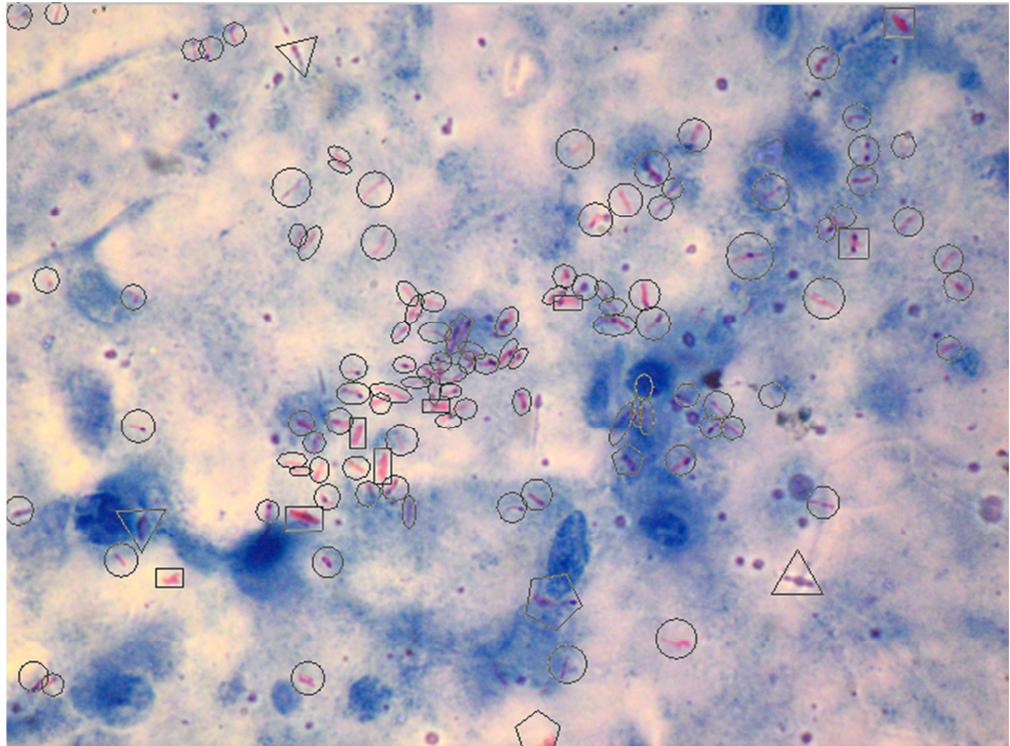


Figura 26 - Imagem validada por especialista.

É necessário ressaltar que o Computador utilizado para treinamento, teste e classificação tinha a seguinte configuração: processador Pentium(R) Dual-Core CPU T4200 2,00GHz; Memória RAM de 1,96 GB; Sistema Operacional de 32 Bits; Windows 7 Professional; Matlab 7.8.0 (R2009a).

#### 4.2. MÉTODOS

O método utilizado para segmentação dos bacilos consistiu de utilizar um classificador conhecido como Máquinas de Vetores de Suporte para classificar *pixels* como pertencentes ou não a bacilos. Para obter o melhor classificador SVM diversos kernels foram investigados. Para entrada do classificador, trinta características, obtidas a partir de quatro sistemas de cores diferentes, foram avaliadas. O melhor conjunto de características foi selecionado a partir do uso da técnica de seleção escalar de características. Após a etapa de classificação de *pixels*, foi realizada a etapa de pós-processamento, onde filtros de área foram empregados para remoção de ruídos. Posteriormente, utilizando os objetos filtrados, foram contados manualmente os

objetos remanescentes e os mesmos foram identificados como bacilos. De forma resumida, o método de segmentação dos bacilos consistiu em: Seleção das características; Realização do treinamento e teste do classificador Máquina de Vetores de Suporte, genericamente denominado de classificação, e Pós-processamento. Esse método de segmentação de bacilos é mostrado no diagrama da Figura 27. A seguir cada uma dessas etapas será detalhada.

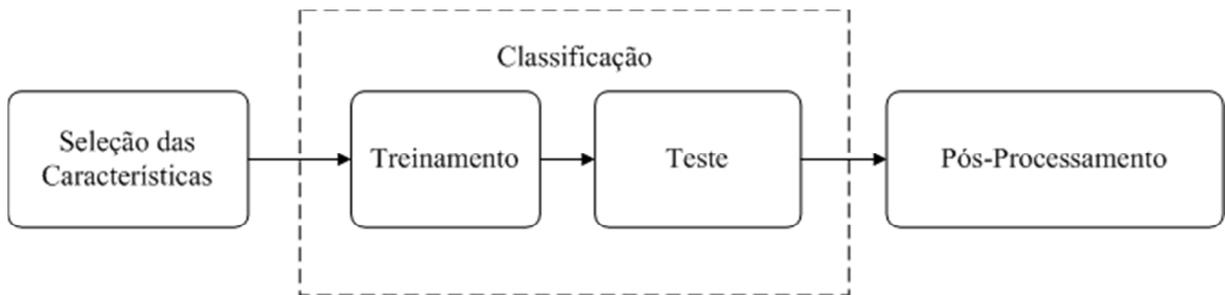


Figura 27 – Etapas do método para segmentação do bacilo.

#### 4.3. SELEÇÃO DE CARACTERÍSTICAS

Um conjunto de características relacionadas aos espaços de cores RGB, HSI, YCbCr e Lab foi composto utilizando-se as componentes e subtração das componentes desses modelos de cores, formando um conjunto de características constituído por trinta elementos: {R, G, B, R-B, R-G, G-B, ~R, ~G, ~B, H, S, I, H-S, H-I, S-I, R-I, G-I, B-I, Y, Cb, Cr, Y-Cb, Y-Cr, Cb-Cr, L, a, b, L-a, L-b, a-b}, onde o símbolo “~” significa “não” ou “complementar”. Para selecionar as melhores características foi utilizada a técnica de seleção escalar de características, que, conforme já visto, incorpora informações de correlação combinadas com critérios adaptados para funções escalares.

Os valores dos *pixels* de cores RGB das imagens foram extraídos através de uma aplicação desenvolvida no Matlab e armazenados em arquivos com formato *mat* com o intuito de serem carregados mais facilmente para a memória RAM, visando agilizar operações aritméticas com essas características. A composição da amostra foi formada por 4.800 *pixels* (metade representando bacilos e a outra metade representando o fundo) no formato RGB, obtidos pela extração de 20 *pixels* de regiões correspondentes a bacilos e 20 *pixels* de regiões que correspondiam a áreas de fundo de cada uma das 120 imagens disponíveis. Esses valores foram armazenados em duas matrizes com dimensões de 2400x3, utilizando valores situados

na faixa entre 0 e 255. As Figuras 28(a) e 28(b) estão ilustrando um dos planos das duas matrizes.

$$\begin{bmatrix} 179 & 113 & 175 \\ 216 & 178 & 191 \\ \vdots & & \\ 197 & 182 & 201 \end{bmatrix}_{2400 \times 3}$$

(a)

$$\begin{bmatrix} 240 & 221 & 214 \\ 251 & 230 & 201 \\ \vdots & & \\ 249 & 237 & 221 \end{bmatrix}_{2400 \times 3}$$

(b)

Figura 28 – (a) Exemplo de matriz com *pixels* de bacilos (b) Exemplo de matriz com *pixels* de não bacilos.

#### 4.4. CLASSIFICAÇÃO

A etapa de classificação tem por objetivo discriminar se um *pixel* pertence ao bacilo ou ao fundo. O classificador Máquina de Vetores de Suporte foi empregado para esse fim. O treinamento do classificador foi feito usando 1200 *pixels* pertencentes a bacilos e 1200 *pixels* pertencentes ao fundo. O conjunto de teste também foi composto por 1200 *pixels* pertencentes a bacilos e 1200 *pixels* pertencentes ao fundo. Esses *pixels* foram extraídos de todas as 120 imagens. Esses conjuntos foram formados de forma intercalada, ou seja, pontos em posições ímpares foram usados para treinamento e os em posições pares para o teste. Essa alternância de pontos objetivou obter uma maior representatividade das diversas regiões de uma lâmina nos conjuntos de treinamento e teste. A Figura 29 ilustra como foram separados esses pontos para os conjuntos de treinamento e teste.

$$\begin{array}{l} \text{treinamento} \rightarrow \\ \text{teste} \rightarrow \\ \text{treinamento} \rightarrow \\ \vdots \\ \text{teste} \rightarrow \end{array} \begin{bmatrix} 190 & 115 & 180 \\ 206 & 188 & 181 \\ 216 & 178 & 191 \\ \vdots & & \\ 187 & 192 & 211 \end{bmatrix}_{2400 \times 3}$$

Figura 29 – Exemplo de como os *pixels* foram intercalados para a formação dos conjuntos de treinamento e teste.

Com o objetivo de averiguar a melhor configuração da máquina SVM para a tarefa de classificação de *pixels*, foram utilizados cinco kernels no treinamento: linear, polinomial, radial, perceptron multicamada e quadrático. Para o parâmetro *C* foram utilizados os valores: 0,2, 0,4, 0,8, 1,6, 3,2, 6,4, 12,8, 25,6, 51,2 e 102,4. A fim de obter a melhor configuração para o classificador SVM, foram realizadas 250 simulações, combinando os cinco kernels com os valores escolhidos para o parâmetro *C* e avaliado o desempenho dos mesmos. O classificador com melhor desempenho foi aplicada nas imagens para segmentar os bacilos. O algoritmo de otimização utilizado foi o SMO.

#### 4.5. PÓS-PROCESSAMENTO

Nessa etapa foi realizado o processo de filtragem de ruídos e foi realizada a quantificação final do número de bacilos em cada uma das 120 imagens.

O processo de filtragem consistiu em: 1) rotulação da imagem com um critério de vizinhança *N-8*; 2) cálculo da área de cada região rotulada; 3) remoção dos objetos com áreas menores do que 20 *pixels* ou maiores do que 150 *pixels*.

O algoritmo de rotulação utilizado foi implementado a partir da função *bwlabel* do Matlab<sup>TM</sup> que utiliza a identificação de *pixels* adjacentes, segundo um critério de vizinhança e semelhança. Essa função foi implementada no procedimento descrito por Haralick et al. (1992). Esse procedimento é mostrado no Quadro 3.

Quadro 3 - Algoritmo de rotulação.

- |  |
|--|
| <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Aplicação da codificação comprimento de corrida (<i>run-length</i>) na imagem de entrada;</li> <li>2. Varredura das corridas, atribuindo-se rótulos preliminares e armazenando rótulos equivalentes numa tabela de equivalência;</li> <li>3. Resolução das classes equivalentes;</li> <li>4. Atribuição de novos rótulos às corridas baseado na resolução das classes equivalentes.</li> </ol> |
|--|

Depois da aplicação do algoritmo listado no Quadro 3 foi necessário remover os ruídos com áreas menos que 20 *pixels* e os aglomerados com áreas maiores que 150 *pixels*, ou seja, os objetos ou componentes conectados com as áreas nesses intervalos. O Quadro 4 detalha esse procedimento.

Quadro 4 - Procedimento para remoção de ruídos.

1. Aplicação do algoritmo de rotulação na imagem binária;
2. Para as áreas menores do que 20 *pixels* e maiores do que 150 *pixels*, transformar o nível de cinza dos *pixels* dessas áreas para zero (preto).

A Figura 30(a) e 30(b) ilustram, respectivamente, uma imagem binarizada antes e depois da aplicação dos procedimentos descritos nos Quadros 3 e 4.



(a)



(b)

Figura 30 – Exemplo de imagem binarizada antes (a) e depois (b) da aplicação do algoritmo de rotulação e remoção de ruídos.

Os resultados da contagem de bacilos identificados pelo método proposto foram comparados com a contagem manual dos bacilos marcados pelo especialista. Em ambos os processos de contagem não foram considerados os bacilos duvidosos e os aglomerados, pois no

primeiro caso não se tem certeza de que se trata realmente de bacilo, enquanto que no segundo não se pode individualizar o bacilo. Conforme já mencionado, o nosso padrão ouro de comparação é a marcação de bacilos realizada pelo especialista. A contagem dos bacilos nas imagens binarizada foi realizada manualmente numerando cada bacilo individualmente pelo emprego do Photoshop®.

## 5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 5.1. CONJUNTO DE CARACTERÍSTICAS SELECIONADO

Conforme já comentado, o processo de seleção das variáveis foi realizado utilizando-se o método de seleção escalar de características associado ao critério de separação entre classes FDR. O critério de separação entre classes FDR permitiu selecionar a melhor característica que separa bacilo e fundo. Essa primeira característica *G-I* foi a que apresentou o maior valor de FDR, igual a 2,5212. Na Tabela 10 são listados todos os valores de FDR, em ordem decrescente, para o conjunto de 30 características.

**Tabela 10 – Valores de FDR para o conjunto de variáveis.**

Posição	Característica	FDR	Posição	Característica	FDR
1	<i>G-I</i>	2,5212	16	<i>Y-Cb</i>	0,5172
2	<i>a</i>	2,0578	17	<i>S-I</i>	0,4463
3	<i>L-a</i>	1,5719	18	<i>I</i>	0,3801
4	<i>R-G</i>	1,5136	19	<i>B</i>	0,3726
5	<i>Y-Cr</i>	1,4992	20	<i>S</i>	0,3526
6	<i>H-I</i>	1,2531	21	<i>Cb</i>	0,3066
7	<i>a-b</i>	1,2140	22	<i>R-I</i>	0,2961
8	<i>H</i>	1,1704	23	<i>B</i>	0,2209
9	<i>G</i>	1,1069	24	<i>~B</i>	0,2209
10	<i>~G</i>	1,1069	25	<i>B-I</i>	0,1437
11	<i>Cr</i>	1,0137	26	<i>R</i>	0,0301
12	<i>G-B</i>	0,8710	27	<i>~R</i>	0,0301
13	<i>L</i>	0,5578	28	<i>Cb-Cr</i>	0,0264
14	<i>Y</i>	0,5539	29	<i>R-B</i>	0,0037
15	<i>H-S</i>	0,5474	30	<i>L-b</i>	0,0002

A seleção das melhores características foi feita usando como ponto de partida o conjunto de características  $\{R, G, B, R-B, R-G, G-B, \sim R, \sim G, \sim B, H, S, I, H-S, H-I, S-I, R-I, G-I, B-I, Y, Cb, Cr, Y-Cb, Y-Cr, Cb-Cr, L, a, b, L-a, L-b, a-b\}$  descrito anteriormente. De cada uma das 120 imagens foram extraídos 20 *pixels* pertencentes a bacilos e 20 *pixels* pertencentes ao fundo. Usando a técnica de seleção escalar de características foram selecionados conjuntos com 4, 5, 6, 7 e 8 características.

A Tabela 11 mostra as características selecionadas para os conjuntos com 4, 5, 6, 7 e 8 características.

**Tabela 11 – Conjunto das características selecionadas.**

Número de Características	Conjunto de Características Selecionado
4	<i>G-I, L-a, Y-Cr, a</i>
5	<i>G-I, L-a, Y-Cr, a, R-G</i>
6	<i>G-I, L-a, Y-Cr, a, R-G, H-I</i>
7	<i>G-I, L-a, Y-Cr, a, R-G, H-I, a-b</i>
8	<i>G-I, L-a, Y-Cr, a, R-G, H-I, a-b, H</i>

Nas Tabelas 12, 13, 14, 15 e 16 são mostradas as variáveis selecionadas de cada um desses conjuntos, utilizando-se cinco combinações de valores dos parâmetros  $\alpha_1$  e  $\alpha_2$ . Na última linha dessas tabelas mostra-se a frequência com que a característica aparece entre as 4, 5, 6, 7 ou 8 primeiras posições, nas cinco combinações dos parâmetros  $\alpha_1$  e  $\alpha_2$ . Selecionaram-se conjuntos daquelas características que apareceram com maior frequência.

**Tabela 12 – Seleção por frequência do conjunto com 4 características.**

$\alpha_1$	$\alpha_2$	Características				Não Selecionadas
		1 <sup>a</sup>	2 <sup>a</sup>	3 <sup>a</sup>	4 <sup>a</sup>	
0,2	0,8	<i>G-I</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>R-G</i>	<i>L-a</i>	
0,4	0,6	<i>G-I</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>a</i>	<i>L-a</i>	
0,6	0,4	<i>G-I</i>	<i>a</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>L-a</i>	
0,8	0,2	<i>G-I</i>	<i>a</i>	<i>La</i>	<i>Y-Cr</i>	
1	1	<i>G-I</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>a</i>	<i>L-a</i>	
Características Selecionadas		<i>G-I</i>	<i>L-a</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>a</i>	<i>R-G</i>
Frequência (f%)		100%	100%	100%	80%	20%

**Tabela 13 – Seleção por frequência do conjunto com 5 características.**

$\alpha_1$	$\alpha_2$	Características					Não Selecionadas
		1 <sup>a</sup>	2 <sup>a</sup>	3 <sup>a</sup>	4 <sup>a</sup>	5 <sup>a</sup>	
0,2	0,8	<i>G-I</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>R-G</i>	<i>L-a</i>	<i>H-I</i>	
0,4	0,6	<i>G-I</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>a</i>	<i>L-a</i>	<i>R-G</i>	
0,6	0,4	<i>G-I</i>	<i>a</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>L-a</i>	<i>R-G</i>	
0,8	0,2	<i>G-I</i>	<i>a</i>	<i>La</i>	<i>YCr</i>	<i>R-G</i>	
1	1	<i>G-I</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>a</i>	<i>La</i>	<i>R-G</i>	
Características Selecionadas		<i>G-I</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>R-G</i>	<i>La</i>	<i>a</i>	<i>H-I</i>
Frequência (f%)		100%	100%	100%	100%	80%	20%

**Tabela 14 – Seleção por frequência do conjunto com 6 características.**

$\alpha_1$	$\alpha_2$	Características					
		1 <sup>a</sup>	2 <sup>a</sup>	3 <sup>a</sup>	4 <sup>a</sup>	5 <sup>a</sup>	6 <sup>a</sup>
0,2	0,8	<i>G-I</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>RG</i>	<i>L-a</i>	<i>H-I</i>	<i>a</i>
0,4	0,6	<i>G-I</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>a</i>	<i>L-a</i>	<i>R-G</i>	<i>H-I</i>
0,6	0,4	<i>G-I</i>	<i>a</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>L-a</i>	<i>R-G</i>	<i>H-I</i>
0,8	0,2	<i>G-I</i>	<i>a</i>	<i>La</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>R-G</i>	<i>H-I</i>
1	1	<i>G-I</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>a</i>	<i>L-a</i>	<i>R-G</i>	<i>H-I</i>
Características Seleccionadas		<i>G-I</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>a</i>	<i>L-a</i>	<i>R-G</i>	<i>H-I</i>
Frequência (f%)		100%	100%	100%	100%	100%	100%

**Tabela 15 – Seleção por frequência do conjunto com 7 características.**

$\alpha_1$	$\alpha_2$	Características							Não Seleccionadas	
		1 <sup>a</sup>	2 <sup>a</sup>	3 <sup>a</sup>	4 <sup>a</sup>	5 <sup>a</sup>	6 <sup>a</sup>	7 <sup>a</sup>		
0,2	0,8	<i>G-I</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>R-G</i>	<i>L-a</i>	<i>H-I</i>	<i>a</i>	<i>R-B</i>		
0,4	0,6	<i>G-I</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>a</i>	<i>L-a</i>	<i>R-G</i>	<i>H-I</i>	<i>H</i>		
0,6	0,4	<i>G-I</i>	<i>a</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>L-a</i>	<i>R-G</i>	<i>H-I</i>	<i>a-b</i>		
0,8	0,2	<i>G-I</i>	<i>a</i>	<i>La</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>R-G</i>	<i>H-I</i>	<i>a-b</i>		
1	1	<i>G-I</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>a</i>	<i>L-a</i>	<i>R-G</i>	<i>H-I</i>	<i>a-b</i>		
Características Seleccionadas		<i>G-I</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>a</i>	<i>L-a</i>	<i>R-G</i>	<i>H-I</i>	<i>a-b</i>	<i>H</i>	<i>R-B</i>
Frequência (f%)		100%	100%	100%	100%	100%	100%	60%	20%	20%

**Tabela 16 – Seleção por frequência do conjunto com 8 características.**

$\alpha_1$	$\alpha_2$	Características								Não Seleccionadas
		1 <sup>a</sup>	2 <sup>a</sup>	3 <sup>a</sup>	4 <sup>a</sup>	5 <sup>a</sup>	6 <sup>a</sup>	7 <sup>a</sup>	8 <sup>a</sup>	
0,2	0,8	<i>G-I</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>RG</i>	<i>L-a</i>	<i>H-I</i>	<i>a</i>	<i>R-B</i>	<i>H</i>	
0,4	0,6	<i>G-I</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>a</i>	<i>L-a</i>	<i>R-G</i>	<i>H-I</i>	<i>H</i>	<i>a-b</i>	
0,6	0,4	<i>G-I</i>	<i>a</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>L-a</i>	<i>R-G</i>	<i>H-I</i>	<i>a-b</i>	<i>H</i>	
0,8	0,2	<i>G-I</i>	<i>a</i>	<i>L-a</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>R-G</i>	<i>H-I</i>	<i>a-b</i>	<i>H</i>	
1	1	<i>G-I</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>a</i>	<i>L-a</i>	<i>R-G</i>	<i>H-I</i>	<i>a-b</i>	<i>H</i>	
Características Seleccionadas		<i>G-I</i>	<i>Y-Cr</i>	<i>a</i>	<i>L-a</i>	<i>R-G</i>	<i>H-I</i>	<i>H</i>	<i>a-b</i>	<i>R-B</i>
Frequência (f%)		100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	80%	20%

## 5.2. CLASSIFICAÇÃO DOS BACILOS

A seleção da melhor arquitetura com o classificador SVM foi obtida através da avaliação do melhor valor de acurácia entre as 250 simulações realizadas com os dez diferentes valores para o parâmetro  $C$  {0,2, 0,4, 0,8, 1,6, 3,2, 6,4, 12,8, 25,6, 51,2 e 102,4}, cinco tipo de kernels {linear, polinomial, radial, perceptron multicamada e quadrático}, e cinco conjuntos de características {4, 5, 6, 7 e 8}. A Tabela 17 ilustra os melhores valores de acurácia, sensibilidade e especificidade para os cinco kernels de SVM utilizados.

**Tabela 17 – Melhor desempenho dos kernels SVM.**

Kernel	$C$	Nr. Carac.	Treinamento			Teste		
			Acu. (%)	Sens. (%)	Esp. (%)	Acu. (%)	Sens. (%)	Esp. (%)
linear	51,2	7	92,13	91,75	92,50	92,79	92,42	93,17
perceptron multicamada	0,2	8	84,00	79,67	88,33	85,50	80,58	90,42
polinomial	0,8	6	93,38	94,33	92,42	93,13	93,83	92,42
quadrático	1,6	7	93,08	93,58	92,58	93,25	93,75	92,75
função de base radial	0,2	7	92,46	93,67	91,25	92,75	93,25	92,25

Entre todas as simulações, o melhor valor de acurácia no conjunto de teste foi obtido com o classificador SVM associado ao kernel quadrático,  $C=1,6$  e com o conjunto de sete características selecionadas. Para cada kernel foi medido também o número de iterações, tempo de execução, valor do critério de parada, valor da função objetiva, número de vetores de suporte usados, número de vetores de suporte livres e número de colunas do kernel em cache. A Tabela 18 ilustra esses valores.

**Tabela 18 – Medidas de desempenho dos kernels SVM.**

Kernel	Nr. Iterações	Tempo de Treinamento (s)	Valor do Critério de Parada	Valor da função Objetiva	Nr. de Vetores de Suporte	Nr. de Vetores de Suporte Livres	Nr. de colunas do kernel em cache
linear	82864	64,87	0,000940	27195,68	538	8	416 (de 416 possíveis)
perceptron multicamada	515	1,06	0,000069	421,22	531	2	416 (de 416 possíveis)
polinomial	116330	100,28	0,000947	332,69	440	37	416 (de 416 possíveis)
quadrático	22512	21,26	0,000921	752,62	487	20	416 (de 416 possíveis)
função de base radial	481	1,6	0,000997	99,04	590	58	416 (de 416 possíveis)

O menor valor do tempo de treinamento do kernel perceptron multicamada - mlp (1,06 s) em relação ao kernel quadrático (21,26 s) é devido ao maior número de iterações que o primeiro leva para chegar ao critério de parada de 0,000921, quando comparado ao segundo (22.512 a 515) , bem como à própria natureza das funções de cada kernel, uma vez que o primeiro é um problema de otimização quadrático.

A Tabela 19 resume os valores de acurácia, sensibilidade e especificidade obtidos com o classificador SVM associado ao kernel quadrático (melhor valor de acurácia no conjunto de teste).

**Tabela 19 – Acurácia, sensibilidade e especificidade para a melhor arquitetura do classificador SVM.**

Classificador	Amostra	Acurácia (%)	Sensibilidade (%)	Especificidade (%)
SVM	Treinamento	93,08	93,58	92,58
	Teste	93,25	93,75	92,75

A rede de treinamento que obteve os resultados apresentados na Tabela 19 foi salva e utilizada para realizar a segmentação do bacilo nas imagens baciloscópicas. A Tabela 20 mostra o desempenho da classificação de cada um dos grupos CFA e CFB aplicados na classificação de bacilo em todas as 120 imagens. Foram calculadas também as taxas de acerto e erro.

**Tabela 20 – Desempenho do classificador SVM na segmentação do bacilo.**

Classificador	Grupo	Sensibilidade (%)	Taxa de Acerto (%)	Taxa de Erro (%)
SVM	CFA	95,77	49,42	50,58
	CFB	93,92	96,13	3,87
	Todas as imagens	94,95	62,74	37,26

Na Tabela 20 observa-se que a melhor sensibilidade foi obtida no grupo de imagens CFA, enquanto que a melhor taxa de acerto foi obtida no grupo de imagens CFB. A sensibilidade e a taxa de acerto obtida para todas as imagens foram 94,95% e 62,74%, respectivamente.

**Tabela 21 – Desempenho do classificador SVM na segmentação do bacilo para os grupos CFAAD, CFABD, CFBAD, CFBBDD.**

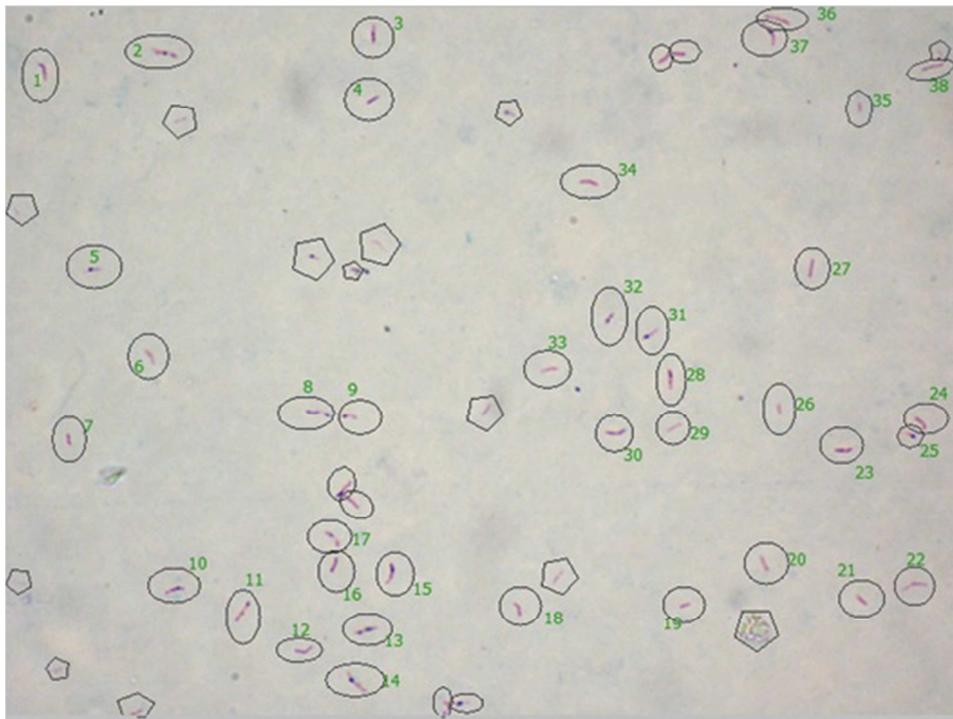
Classificador	Grupo	Sensibilidade (%)	Taxa de Acerto (%)	Taxa de Erro (%)
SVM	CFAAD	95,85	61,11	38,89
	CFABD	93,33	07,28	92,72
	CFBAD	95,40	98,86	01,14
	CFBBDD	86,13	82,78	17,22

Observa-se que na Tabela 21 os grupos CFBAD e CFBBDD apresentaram taxas de acerto de 98,86% e 82,78%, respectivamente. Em ambos os casos, esses dois grupos, que foram preparados sem a contra-coloração do azul de metileno, apresentaram os melhores resultados. Isso indica que esse contra-corante pode ser retirado da etapa de preparação da lâmina de TB, provocando uma modificação considerável nesse processo.

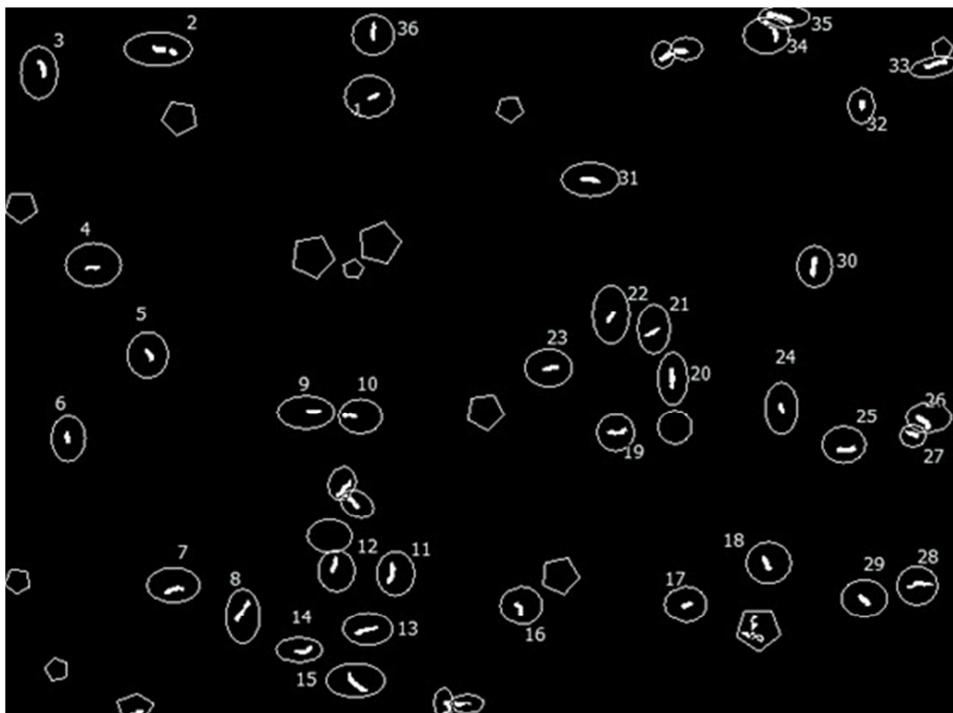
Para o processo de classificação, cada imagem com resolução de 640x480 foi dividida em quatro partes de 160x120 para ser usada como entrada no classificador SVM e, assim, facilitar o processo de segmentação da mesma. As subimagens classificadas e binarizadas (zero ou um), onde o zero representa um *pixel* de fundo e o um representa um *pixel* de bacilo, foram reunidas em uma única imagem com resolução de 640x480. O tempo para segmentação das 120 imagens foi de 688,10 segundos. Somando a esse valor o tempo gasto para aplicação do filtro de área, 11,38 segundos, resultou num tempo total de processamento de 699,48 segundos (11,66 minutos).

Nas Figuras 31(a) e 31(b) são mostradas uma imagem pertencente ao grupo CFB com os bacilos marcados pelo especialista (padrão ouro de comparação) e a correspondente imagem binária com os bacilos segmentados, respectivamente, na Figura 32. Em comparação

ao grupo CFA, as imagens do grupo CFB apresentaram uma quantidade pequena de ruídos. Além disso, foram desprezados também os bacilos que se tocam na imagem binária, além de bacilos bem pequenos, em multiplicação e globias, mas que são muito importantes para trabalhos futuros. Essa contagem foi realizada manualmente, numerando os bacilos na imagem validada pelo especialista. Os objetos com áreas menores do que 20 *pixels* e maiores do que 150 *pixels* foram considerados ruídos e, portanto, removidos da imagem binária.

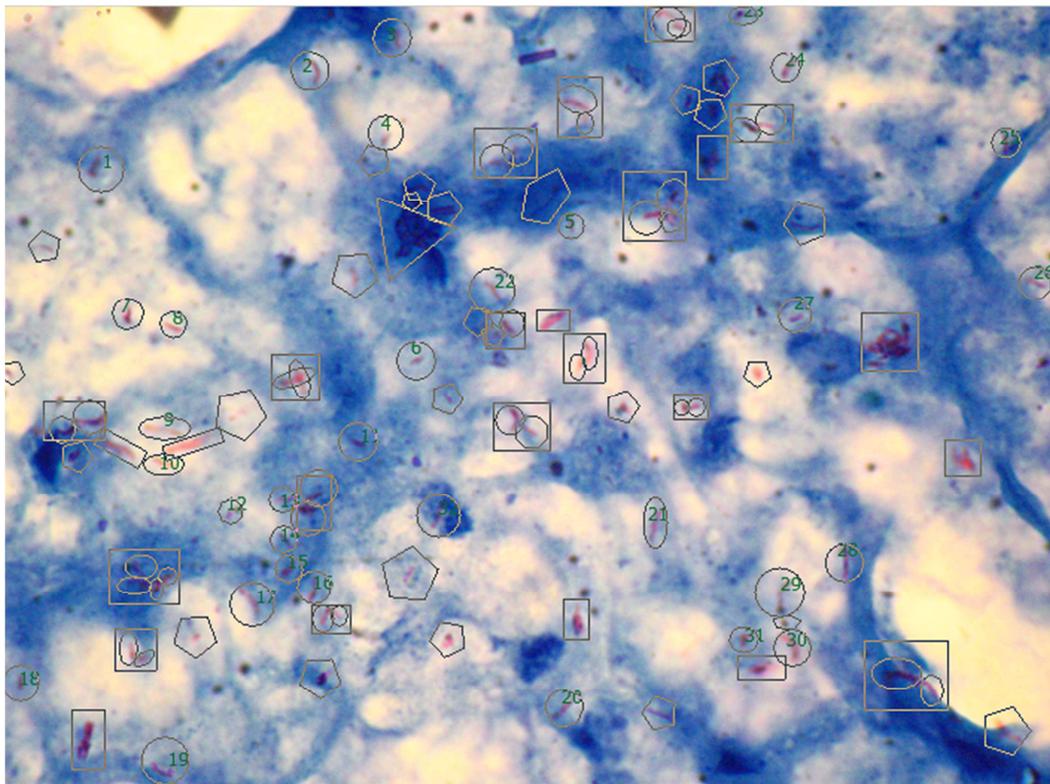


(a)

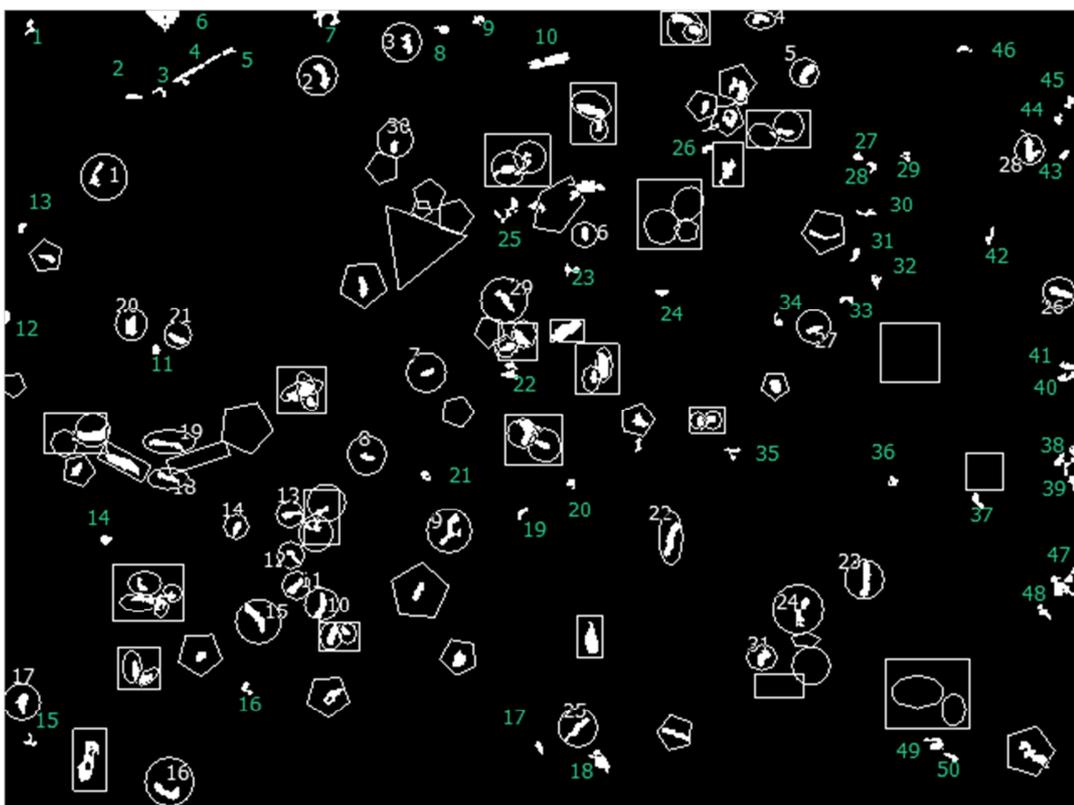


(b)

Figura 31 – (a) Exemplo de imagem do grupo CFB com os bacilos marcados e (b) Imagem com os bacilos segmentados.



(a)



(b)

Figura 32 – (a) Exemplo de imagem do grupo CFA com os bacilos marcados e (b) Imagem segmentada com 32 bacilos marcados e 50 ruídos não marcados.

Como se pode observar através das Figuras 31 e 32, as imagens binarizadas do grupo de imagens CFA apresentam maior quantidade de ruídos quando comparadas às imagens binarizadas do grupo de imagens CFB. Acreditamos que essa é a principal razão para o melhor desempenho do método de segmentação no grupo de imagens CFB do que no grupo de imagens CFA, no que tange as taxas de acerto e erro mostradas na Tabela 20.

Em relação ao método de segmentação proposto neste trabalho, o mesmo apresentou sensibilidade para o classificador SVM de 94,95%, com taxas de acerto e erro de 62,74% e 37,26%, respectivamente. Em comparação com os trabalhos registrados na literatura: Costa et al. (2008) obtiveram uma sensibilidade de 76,65% e taxa de falso positivo de 12%, utilizando um classificador baseado em limiar global adaptativo; Sotaquirá et al. (2009) obtiveram eficiência de 96,3%, na etapa de segmentação, utilizando limiar baseado na primeira derivada dos componentes  $Cr$  e  $a$ , e taxa de falso positivo, sensibilidade, especificidade e acurácia, respectivamente, de 9,78%, 90,9%, 100% e 85,7%, no diagnóstico; Khutlang et al. (2009) obtiveram como melhores valores para acurácia, especificidade e sensibilidade, respectivamente, 93,47%, 90,88% e 95,85%, utilizando o classificador de mistura de gaussianas; Khutlang et al. (2010) obtiveram acurácia, sensibilidade e especificidade de 98,55%, 97,675% e 99,13%, respectivamente, para o classificador SVM, utilizando um conjunto de características mapeado para Fischer.

É importante notar que os trabalhos registrados na literatura e citados anteriormente realizaram também a etapa de remoção de ruídos, enquanto que neste trabalho foi realizada apenas a etapa de segmentação sem a remoção de ruídos. Costa et al. (2008) removeram os ruídos usando filtro morfológico e o método descrito em Haralick et al. (1992). Sotaquirá et al. (2009) reduziram a taxa de falso positivo através da técnica de limiarização baseada no histograma da primeira derivada das componentes  $Cr$  e  $a$  e pela operação *AND* entre as imagens segmentadas dos espaços de cores Lab e YCbCr. Khutlang et al. (2009 e 2010) utilizaram informações de forma (momentos invariantes, excentricidade, compacidade) e cor (média e desvio padrão da intensidade dos *pixels* para os canais azul e verde) para a remoção de ruídos.

---

## 6. CONCLUSÕES E TRABALHOS FUTUROS

Uma nova técnica de reconhecimento de bacilos foi apresentada neste trabalho. O principal diferencial deste trabalho em relação aos demais trabalhos apresentados na literatura é o conjunto de características usado como entrada para os classificadores. Esse conjunto, formado a partir de quatro espaços de cores tais como RGB, HSI, YCbCr e Lab, totaliza trinta características e é constituído por componentes e por subtrações de componentes desses espaços de cores.

As imagens baciloscópias foram separadas em dois grupos: o primeiro, denominado CFA, constituído por imagens com alta densidade de conteúdo de fundo; o segundo, denominado CFB, constituído por imagens com baixa densidade de conteúdo de fundo. Essa separação foi realizada baseada na componente de tonalidade H do espaço de cor HSI. Para essa componente foi definido um intervalo na faixa do azul de 0,500-0,700. Nesse intervalo foram calculadas as percentagens de *pixels* para cada uma das 120 imagens. O valor de percentagem que distinguiu esses grupos de imagens foi o limiar de 13,56%. Dessas imagens foram extraídos 4800 *pixels* no formato RGB para compor os conjuntos de treinamento e teste do classificador SVM.

Para a etapa de classificação foi usado o classificador SVM. O melhor resultado de treinamento e teste obtido para o classificador SVM foi para o grupo de sete características, kernel quadrático e o valor de 1,6 para o parâmetro *C*. A taxa de erro em imagens com fundo de baixa densidade é significativamente mais baixa do que em imagens com fundo de alta densidade de conteúdo. A taxa de erro elevada em imagens com fundo de alta densidade de conteúdo foi devida ao fato de que, neste tipo de imagem, há uma grande quantidade de ruído com a mesma tonalidade dos bacilos. Além disso, também é difícil selecionar quem é bacilo pelo olhar humano.

O método descrito neste trabalho é mais apropriado para ser aplicado na segmentação de bacilos em imagens com baixa densidade de conteúdo de fundo. Para remover esses ruídos em imagens com fundo de alta densidade, serão desenvolvidas novas técnicas de filtragem. Para essa filtragem poderão ser utilizados filtros que combinam tanto informações geométricas quanto de cores.

Outra contribuição importantíssima é a preparação do banco de dados de imagens, obtidas por Kimura et al. (2010), avaliadas e validadas por um especialista. Esse banco de dados constitui um *benchmark* para que essas imagens possam ser utilizadas em trabalhos futuros. Com isso, os objetivos inicialmente propostos foram alcançados.

Como trabalhos futuros podem conter algumas abordagens: Para incluir na contagem automática de bacilos aqueles curvados ou que se tocam, tentar utilizar a técnica de esqueletonização, a fim de separá-los em duas partes; Para resolver o problema de foco reduzido em algumas áreas, tentar trabalhar com micragem (utilizar imagens com o foco ajustado uma posição antes e outra depois da posição imagem em foco) ou tentar dividir a imagem em quatro quadrantes, de forma a ter uma melhor qualidade de foco em cada um dos quadrantes analisados. Além disso, é mandatória a utilização de um segundo classificador para remover os ruídos e aumentar a taxa de acerto. Para esse segundo classificador, pretende-se usar como entradas características geométricas como os momentos de Hu de primeira, segunda e terceira ordem, excentricidade, e novas medidas de cor.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

---

ABE, S. **Support Vector Machines for Pattern Classification**. 2<sup>nd</sup>.ed. London: Springer, 2010.

BISHOP, C. M. **Pattern Recognition and Machine Learning**. 1<sup>st</sup>. Singapore: Springer Science Business Media, 2006.

BRASIL - BOLETIM EPIDEMIOLÓGICO ESPECIAL TUBERCULOSE. Secretaria de Vigilância em Saúde – Ministério da Saúde. Brasília: CGDEP, 1969-.Anual. Disponível em: <[http://portal.saude.gov.br/portal/arquivos/pdf/bolepi\\_v43\\_especial\\_tb\\_correto.pdf](http://portal.saude.gov.br/portal/arquivos/pdf/bolepi_v43_especial_tb_correto.pdf)>. Acessado em: 23 de Abril de 2012).

BRASIL - MINISTÉRIO DA SAÚDE/SINAM. **Sistema de Informação de Agravos de Notificação-Sinan Net**. Disponível em: <<http://dtr2004.saude.gov.br/sinanweb/tabnet/tabnet?sinannet/tuberculose/bases/tubercbrnet.dif>> . Acessado em: 15 de Março de 2012.

BRASIL - MINISTÉRIO DA SAÚDE. Manual Nacional de Vigilância Laboratorial da Tuberculose e outras Micobactérias. Brasília, 2012.

CAMPELO, C. L.; VIEIRA, F. D.; SALEM, J. I et al. **Diagnóstico Laboratorial e Baciloscopia da Tuberculose**. Brasília: Série TELE-LAB, 2001, 72 p.

CHEN, J. H. **M-estimator based robust kernels for support vector machines**. *Pattern Recognition, 2004. ICPR 2004. Proceedings of the 17th International Conference on* . Cambridge, v.1, pp. 168- 171, 23-26 Aug. 2004.

COSTA, M.G.; COSTA FILHO, C.F.; SENA, J.F.; SALEM, J.; LIMA, M.O. DE. **Automatic identification of Mycobacterium Tuberculosis with conventional light microscopy**. 30th Annual International IEEE EMBS Conference Vancouver, British Columbia, Agosto, pp. 382-385, 20-25 Aug. 2008.

FINETTE S.; BLEIER A.; SWINDEL W. **Breast tissue classification using diagnostic ultrasound and pattern recognition techniques: II Methods of pattern recognition**. *Ultrasonic Imaging*, v. 5, pp. 55-70, Jan.1983.

GONZALEZ, R. C.; WOODS, R. E. **Digital Image Processing**. 3<sup>rd</sup>. ed. New Jersey: Pearson Prentice Hall, 2008.

HAYKIN, S. **Neural Networks and Learning Machines**. 3<sup>rd</sup>.ed. New Jersey,: Pearson Prentice Hall, 1999.

HARALICK, R. M.; LINDA, G. C. **Computer and Robot Vision**. 2<sup>nd</sup>.ed. Addison-Wesley. v.1, p.28-48, 1992.

JOACHIMS, T. **Making large-scale SVM learning practical.** In B. Scholkopf, C. J. C. Burges, and A. J. Smola, editors, *Advances in Kernel Methods — Support Vector Learning*, pp. 169-184, Cambridge, MA, 1999. MIT Press.

JOACHIMS, T. **Learning to classify texts using support vector machines: methods, theory and algorithms.** Kluwer Academic Publishers, 2002.

KEERTHI, S. S.; SHEVADE, S.K.; BHATTACHARYYA, C. and MURTHY, K.R.K. **Improvements to Platt's SMO algorithm for SVM classifier design.** *Neural Computation*, v.13, n. 03, 637-649, 2001.

KHUTLANG, R.; KRISHNAN, S.; WHITELAW, A.; DOUGLAS, T. S. **Detection of tuberculosis in sputum smear images using two one-class classifiers.** *Biomedical Imaging: From Nano to Macro, 2009. ISBI '09. IEEE International Symposium on*, pp.1007-1010, June 28 2009-July 1 2009.

KHUTLANG, R.; KRISHNAN, S.; DENDERE, R.; WHITELAW, A.; VEROPOULOS, K.; LEARMONTH, G.; DOUGLAS, T. S. **Classification of *Mycobacterium tuberculosis* in Images of ZN-Stained Sputum Smears.** *IEEE transactions on information technology in biomedicine*, v. 14, n. 04, pp.949-957, July 2010.

KIMURA, A.; COSTA, M.G.; COSTA FILHO, C.F.; FUJIMOTO, L.B.M.; SALEM, J. **Evaluation of autofocus functions of conventional sputum smear microscopy for tuberculosis.** 32<sup>th</sup> Annual International Conference of the IEEE EMBS Buenos Aires, Argentina, pp.3041-3044, August 31 - September 4, 2010.

MAKKAPATI, V.; AGRAWAL, R.; ACHARYA, R. **Segmentation and Classification of Tuberculosis Bacilli from ZN-stained Sputum Smear Images.** 5<sup>th</sup> Annual IEEE Conference on Automation Science and Engineering Bangalore, India, pp.217-220, 22-25 Aug. 2009.

METZ, C. **Basic Principles of ROC Analysis.** *Seminars in Nuclear Medicine*, v. 08, n.04, pp. 283-298, October 1978.

MURTY, M. N; DEVI, V. S. **Pattern Recognition an Algorithmic Approach.** 1<sup>st</sup>.ed. USA: Springer Universities Press, 1988.

OMS (Organização Mundial de Saúde). **Facts sheets on tuberculosis (2011).** Disponível em: <[http://www.who.int/tb/publications/2011/factsheet\\_tb\\_2011.pdf](http://www.who.int/tb/publications/2011/factsheet_tb_2011.pdf)>. Acessado em: 10 de Março de 2012.

OSUNA, E.; FREUND, R.; GIROSI, F. **An improved training algorithm for support vector machines** *Neural Networks for Signal Processing [1997] VII. Proceedings of the 1997 IEEE Workshop*, pp.276-285, 24-26 Sep 1997.

OHTA, N.; ROBERSTON, A. R. **Colorimetry Fundamentals and Applications.** 1<sup>st</sup>.ed. England: John Wiley & Sons Ltd, 2005.

PEDRINI, H.; SCHWARTZ, W. R. **Análise de Imagens Digitais – Princípios, Algoritmos e Aplicações.** 1<sup>st</sup>.ed. São Paulo: Thomson Learning, 2008.

- PLATT, J. **Fast training of support vector machines using sequential minimal optimization.** In B. Scholkopf, C. J. C. Burges, and A. J. Smola, editors, *Advances in Kernel Methods — Support Vector Learning*, pages 185-208, Cambridge, MA, 1999. MIT Press.
- RAOF, R.A.A., SALLEH, Z.; SAHIDAN, S.I.; MASHOR, M.Y.; NOOR, S.S. Md; MOHAMAD IDRIS, F.; HASAN, H. **Color Thresholding Method For Image Segmentation Algorithm Of Ziehl-Neelsen Sputum Slide Images.** *Electrical Engineering, Computing Science and Automatic Control*, 2008. *CCE 2008. 5th International Conference on* , vol., no., pp.212-217, 12-14 Nov. 2008.
- SADAPHAL, P; Rao, J.; COMSTOCK, G.; BEG, M. **Image processing techniques for identifying *Mycobacterium Tuberculosis* in Ziehl-Nelseen stains.** *Int. J. of Tuberculosis and Lung Disease*, vol. 12, n. 05, pp. 579 – 582, May 2008.
- SAUNDERS, C.; STITSON, M. O.; WESTON, J.; BOTTOU, L.; SCHOLKOPF, B. and Smola, A. J.; **Support vector machine reference manual.** Technical Report CSD-TR-98-03, Department of Computer Science, Royal Holloway, University of London, Egham, UK, 1998.
- SCHOLKOPF, B.; SMOLA, A. **Learning with Kernels. Support Vector Machines, Regularization, Optimization, and Beyond.** 1<sup>st</sup>.ed. Massachusetts: The MIT Press, 2002.
- SENA, J.F. **Detecção automática do *Mycobacterium Tuberculosis* em imagens de microscopia convencional através da utilização de segmentação de cor e limiar global adaptativo.** 2007. 82 f. Dissertação (Mestrado) - Programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica, Faculdade de Tecnologia, Universidade Federal do Amazonas, Manaus, 2007.
- SHEVADE, S. K.; KEERTHI, S. S.; BHATTACHARYYA, C. and MURTHY, K. R. K. **Improvements to SMO algorithm for SVM regression.** Technical Report CD-99-16, Dept. of Mechanical and Production Engineering, Natl. Univ. Singapore, Singapore, 1999.
- SMOLA, A. J.; Scholkopf, B. **A tutorial on support vector regression.** Statistics and Computing, 2001. Forthcoming. Also: NeuroCOLT Technical Report NC-TR-98-030.
- SOTAQUIRÁ, M.; RUEDA, L. e NARVAEZ, R. **Detection and quantification of bacilli and clusters present in sputum smear samples: a novel algorithm for pulmonary tuberculosis diagnosis.** *Digital Image Processing, 2009 International Conference on* , pp.117-121, 7-9 March 2009.
- SU, K.Y. et LEE C.H. **Speech recognition using weighted HMM and subspace projection Approaches.** *IEEE Transactions on Speech and Audio Processing*, v. 2, pp. 69-79, 1994.
- TAYLOR, J. S., CRISTIANINI, N. **Kernel Methods for Pattern Analysis.** 1<sup>st</sup>.ed. New York: Cambridge University Press, 2004.
- THEODORIDIS, S.; KOUTROUMBAS, K., **Pattern Recognition.** 3<sup>rd</sup>.ed. USA: Elsevier Academic Press, 2006.
- VAPNIK, V. N. **The nature of Statistical learning theory.** 2<sup>nd</sup>.ed. New York: Springer-Verlag, 1995.

**APÊNDICE**

---