



Universidade Federal do Piauí
Centro de Ciências da Natureza
Programa de Pós-Graduação em Ciência da Computação

Seeded Fuzzy C-means: um algoritmo de agrupamento semissupervisionado aplicado na segmentação de imagens médicas

Luís Guilherme Teixeira dos Santos

Teresina-PI, 16 de março de 2018

Luís Guilherme Teixeira dos Santos

**Seeded Fuzzy C-means: um algoritmo de agrupamento
semisupervisionado aplicado na segmentação de imagens
médicas**

Dissertação de Mestrado apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciência da Computação da UFPI (área de concentração: Sistemas de Computação), como parte dos requisitos necessários para a obtenção do Título de Mestre em Ciência da Computação.

Universidade Federal do Piauí – UFPI

Centro de Ciências da Natureza

Programa de Pós-Graduação em Ciência da Computação

Orientador: Rodrigo Melo de Souza Veras

Teresina-PI

16 de março de 2018

Luís Guilherme Teixeira dos Santos

Seeded Fuzzy C-means: um algoritmo de agrupamento semissupervisionado aplicado na segmentação de imagens médicas/ Luís Guilherme Teixeira dos Santos.

– Teresina-PI, 16 de março de 2018-

52 p. : il. (algumas color.) ; 30 cm.

Orientador: Rodrigo Melo de Souza Veras

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Piauí – UFPI

Centro de Ciências da Natureza

Programa de Pós-Graduação em Ciência da Computação, 16 de março de 2018.

1. Aprendizado semissupervisionado. 2. Segmentação de imagens médicas.
3. Agrupamento. I. Rodrigo Melo de Souza Veras. II. Universidade Federal do Piauí. III. Departamento de Computação. IV. Mestre em Ciência da Computação

CDU 02:141:005.7

**“Seeded Fuzzy C-means: um algoritmo de agrupamento
semisupervisionado aplicado à segmentação de imagens médicas”**

LUÍS GUILHERME TEIXEIRA DOS SANTOS

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciência da Computação do Centro de Ciências da Natureza da Universidade Federal do Piauí, como parte integrante dos requisitos necessários para obtenção do grau de Mestre em Ciência da Computação.

Aprovada por:



Prof. Rodrigo de Melo Souza Vêras

(Presidente da Banca Examinadora)



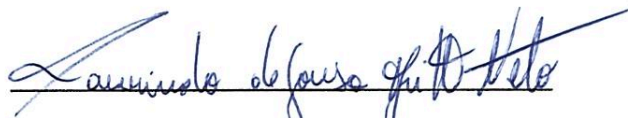
Prof. William Robson Schwartz

(Examinador Externo)



Prof. Kelson Rômulo Teixeira Aires

(Examinador Interno)



Prof. Laurindo de Sousa Britto Neto

(Examinador Interno)

Teresina, 16 de março de 2018

*Aos meus pais Faustino e Clauricélia,
pela dedicação e cuidado comigo em todos os momentos.*

Agradecimentos

Agradeço primeiramente a Deus, por me dar forças e saúde para a realização deste trabalho. Agradeço imensamente aos meus pais, Faustino e Clauricélia, por me apoiarem nas minhas decisões, me darem conselhos sobre a vida e principalmente pelo amor e carinho transmitidos desde o meu nascimento. Aos meus irmãos, Larisse e Gustavo, por todo o apoio e carinho. À Virgínia, que sempre me encorajou e me ajudou a prosseguir na minha missão, além de me dar muito amor. Agradeço ao meu orientador, Rodrigo Veras, por todos os conselhos, pela paciência, ensinamentos, parceria e ajuda desde a minha iniciação até o presente momento. Aos meus amigos de curso pelas brincadeiras, saídas e ajudas. Aos meus amigos de vida, que estão sempre proporcionando boas risadas e histórias. Aos meus professores, desde o jardim de infância até hoje, que foram essenciais na minha formação, agradeço à paciência e dedicação. À FAPEPI pelo apoio financeiro para realização deste trabalho de pesquisa.

*“Sorte é o resultado
de muito esforço,
trabalho e dedicação.”
(Autor Desconhecido)*

Resumo

A segmentação de imagens médicas tem um grande número de aplicações no diagnóstico de doenças. Contudo, a segmentação automática destas imagens não é uma tarefa fácil. Além disso, algumas doenças podem assumir um estágio grave e irreversível caso não haja um diagnóstico rápido e preciso. Para resolver esse problema, algumas técnicas baseadas em classificação não supervisionada e supervisionada têm sido desenvolvidas na literatura. As técnicas de classificação supervisionada são computacionalmente mais custosas e dependem da existência de dados rotulados. Em contraste, técnicas de classificação não supervisionada atuam sem a necessidade de usar qualquer informação prévia, mas possuem maior dificuldade para diferenciar as regiões. Assim, para superar os problemas associados às técnicas de classificação não supervisionadas e supervisionadas, propusemos um novo algoritmo de agrupamento semissupervisionado, chamado *Seeded Fuzzy C-means (SFC-means)*. O *SFC-means* é baseado no *C-means Fuzzy* e usa poucos dados fornecidos por um médico para segmentar as regiões da imagem. Desta forma, o algoritmo automatiza uma das etapas mais dispendiosas do diagnóstico, levando a uma análise mais rápida. Neste trabalho, o algoritmo proposto foi avaliado em bases de leucemia, câncer de pele, câncer de colo do útero e glaucoma. Os resultados obtidos ilustram a viabilidade da aplicação do algoritmo a fim de efetivamente auxiliar os médicos na detecção das regiões, uma vez que, na maioria dos testes, obteve-se um índice Kappa “Excelente” e taxas superiores comparadas aos outros algoritmos. Além disso, os baixos valores de desvio padrão revelam a estabilidade na execução do *SFC-means*. A partir da eficácia nos resultados da segmentação de imagens médicas, foi realizado um teste desse algoritmo em umas das etapas de um sistema de diagnóstico do glaucoma. Esse teste também obteve resultados eficazes, se sobressaindo quando comparado à outros métodos da literatura.

Palavras-chaves: aprendizado semissupervisionado. segmentação de imagens médicas. agrupamento.

Abstract

The segmentation of medical images has a large number of applications in the diagnosis of diseases. However, automatic segmentation of these images is not an easy task. In addition, some diseases can take a serious and irreversible stage if there is no quick and accurate diagnosis. To solve this problem, some techniques based on unsupervised and supervised classification have been developed in the literature. Supervised classification techniques are computationally more costly and depend on the existence of labeled data. In contrast, unsupervised classification techniques act without the need to use any previous information, but have greater difficulty in differentiating regions. Thus, to overcome the problems associated with unsupervised and supervised classification techniques, we proposed a new semi-superimposed clustering algorithm, called Seeded Fuzzy C-means (SFc-means). SFc-means is based on C-means Fuzzy and uses little data provided by a physician to segment the regions of the image. In this way, the algorithm automates one of the most costly steps of the diagnosis, leading to a faster analysis. In this work, the proposed algorithm was evaluated on the basis of leukemia, skin cancer, cervical cancer and glaucoma. The obtained results illustrate the feasibility of applying the algorithm in order to effectively assist physicians in detecting the regions, since in most tests, an “Excellent” Kappa index and higher rates were compared to the other algorithms. In addition, the low values of standard deviation reveal the stability in the execution of the SFc-means. From the efficacy of the results of the medical image segmentation, a test of this algorithm was performed in one of the stages of a glaucoma diagnosis system. This test also obtained effective results, standing out when compared to other methods of the literature.

Keywords: Semi-supervised learning. medical image segmentation. clustering.

Lista de ilustrações

Figura 1 – Etapas comuns em sistemas CAD de imagem.	2
Figura 2 – Exemplo de segmentação do método proposto.	2
Figura 3 – Exemplos de lâminas de sangue e verdades terrestres das bases ALL-IDB 2 e BloodSeg, respectivamente.	9
Figura 4 – Exemplos de lesões de pele e verdades terrestres das bases PH ² e DermIS, respectivamente.	10
Figura 5 – Exemplo de célula de colo do útero e verdade terrestre da base Herlev.	11
Figura 6 – Exemplos de retinas e verdades terrestres das bases DRISHTI-GS e RIM-ONE r3, respectivamente.	11
Figura 7 – Ilustração de uma matriz de confusão com dois grupos.	14
Figura 8 – Ilustração da etapa de rotulação do SFC-means.	17
Figura 9 – Exemplos de uso do limiar.	18
Figura 10 – Exemplos das bases de leucemia, melanoma, câncer de colo do útero e glaucoma, posicionadas respectivamente por linha e resultados do <i>SFC-means</i> . (a), (e), (i) e (m) Verdade terrestre; (b), (f), (j) e (n) <i>SFC-means</i> _{l=0%} ; (c), (g), (k) e (o) <i>SFC-means</i> _{l=0,5%} ; (d), (h), (l) e (p) <i>SFC-means</i> _{l=2%}	20
Figura 11 – Fluxograma da metodologia de segmentação do DO.	21
Figura 12 – Desempenho dos algoritmos nas bases de leucemia.	23
Figura 13 – Desempenho das bases de melanoma.	24
Figura 14 – Desempenho dos algoritmos na região de citoplasma na base de colo do útero.	25
Figura 15 – Desempenho dos algoritmos na região de núcleo na base de colo do útero.	25
Figura 16 – Desempenho dos algoritmos na região de escavação nas bases de glaucoma.	26
Figura 17 – Desempenho dos algoritmos na região de disco óptico nas bases de glaucoma.	26
Figura 18 – Desempenho dos algoritmos na base de leucemia com seleção de atributos.	28
Figura 19 – Desempenho dos algoritmos na base de melanoma com seleção de atributos.	28
Figura 20 – Desempenho dos algoritmos na região de núcleo na base de colo do útero com seleção de atributos.	29
Figura 21 – Desempenho dos algoritmos na região de citoplasma na base de colo do útero com seleção de atributos.	29
Figura 22 – Desempenho dos algoritmos na região de escavação nas bases de glaucoma com seleção de atributos.	30
Figura 23 – Desempenho dos algoritmos na região de disco óptico nas bases de glaucoma com seleção de atributos.	30

Lista de tabelas

Tabela 1 – Atributos selecionados por meio da Razão de Ganho.	14
Tabela 2 – Nível de exatidão de uma classificação, conforme o valor do índice Kappa.	16
Tabela 3 – Erro Médio Absoluto (E_{ma}), Erro Quadrático Médio (E_{qm}) e variâncias do método proposto.	30
Tabela 4 – Erro Médio Absoluto e Erro Quadrático Médio da abordagem proposta comparada com alguns resultados da literatura.	31
Tabela 5 – Desempenho dos algoritmos nas bases de leucemia.	43
Tabela 6 – Desempenho dos algoritmos nas bases de melanoma.	44
Tabela 7 – Desempenho dos algoritmos na base de colo do útero.	45
Tabela 8 – Desempenho dos algoritmos nas bases de glaucoma.	46
Tabela 9 – Desempenho dos algoritmos nas bases de leucemia com seleção de atributos.	49
Tabela 10 – Desempenho dos algoritmos nas bases de melanoma com seleção de atributos.	50
Tabela 11 – Desempenho dos algoritmos na base de colo do útero com seleção de atributos.	51
Tabela 12 – Desempenho dos algoritmos nas bases de glaucoma com seleção de atributos.	52

Lista de abreviaturas e siglas

A	Acurácia
ASS	Algoritmos de Agrupamento Semissupervisionado
BC-means	<i>Bouchachia C-means</i>
C	Citoplasma
CAD	<i>Computer Aided Diagnosis</i>
CDR	<i>Cup-to-Disc ratio</i>
CC-means	<i>Constrained C-means</i>
DO	Disco Óptico
E	Especificidade
E_{ma}	Erro Médio Absoluto
E_{qm}	Erro Quadrático Médio
ES	Escavação
EE	Elemento Estruturante
FCM	<i>Fuzzy C-means</i>
FN	Falso Negativo
FP	Falso Positivo
FS	<i>F-Score</i>
J	<i>Jaccard Index</i>
K	Índice Kappa
N	Núcleo
P	Precisão
S	Sensibilidade
SC-means	<i>Seeded C-means</i>

SFc-means *Seeded Fuzzy C-means*

VN Verdadeiro Negativo

VP Verdadeiro Positivo

Sumário

1	INTRODUÇÃO	1
1.1	Objetivos	2
1.1.1	Objetivo Geral	2
1.1.2	Objetivos Específicos	2
1.2	Organização da Dissertação	3
1.3	Produção Científica e Contribuições	3
2	ESTADO DA ARTE	5
2.1	Segmentação de Imagens Médicas	5
2.2	Algoritmos de Agrupamento Semissupervisionado (ASS)	6
2.3	Considerações Finais	7
3	MATERIAIS E MÉTODOS	9
3.1	Bases de Imagens	9
3.1.1	Bases de Leucemia	9
3.1.2	Bases de Melanoma	10
3.1.3	Base de Câncer de Colo do Útero	10
3.1.4	Bases de Glaucoma	11
3.2	ASS's Avaliados	12
3.3	Seleção de Atributos	13
3.4	Metodologia de Avaliação	14
3.5	Considerações Finais	16
4	MÉTODO PROPOSTO	17
4.1	Seeded Fuzzy C-means (SFc-means)	17
4.2	Segmentação de Imagens Médicas	19
4.3	Aplicação do SFc-means em um sistema CAD	20
4.4	Considerações Finais	22
5	RESULTADOS E DISCUSSÃO	23
5.1	Avaliação da Segmentação de Imagens Médicas	23
5.2	Avaliação da Segmentação com Seleção de Atributos	27
5.3	Avaliação do Sistema CAD usando o SFc-means	29
5.4	Considerações Finais	31
6	CONCLUSÕES	33

Referências	35
APÊNDICES	39
APÊNDICE A – TAXAS ESTATÍSTICAS CALCULADAS	41
APÊNDICE B – TABELAS DE RESULTADOS SEM SELEÇÃO DE ATRIBUTOS	43
APÊNDICE C – TABELAS DE RESULTADOS COM SELEÇÃO DE ATRIBUTOS	49

1 Introdução

Os médicos utilizam exames de imagem para realizar o diagnóstico e planejamento do tratamento de algumas doenças por ser uma análise eficaz e normalmente menos invasiva. Com o avanço das técnicas de aquisição de imagens clínicas, informações mais detalhadas do ponto de vista de resolução e distinção de regiões, a capacidade e a fidelidade do diagnóstico por imagens foram ampliadas.

O desenvolvimento de técnicas na área de Computação Gráfica, Processamento Digital de Imagens e Visão Computacional permitem que os médicos visualizem, classifiquem, analisem e manipulem tanto as imagens bidimensionais como as representações tridimensionais dos órgãos em estudo (SONKA; FITZPATRICK, 2000). Essas aplicações visam facilitar o diagnóstico à distância e a criação de bancos de imagens para o treinamento de novos especialistas.

A partir disso, e aliado com a grande disponibilidade de bases contendo imagens médicas, vem sendo possível o teste de novas abordagens para processar e extrair informações clinicamente relevantes (NOROUZI et al., 2014).

A possibilidade de extrair informações de maneira automática levou a um aumento no interesse do desenvolvimento de sistemas de diagnóstico auxiliado por computador (CAD - *Computer Aided Diagnosis*). Estudos sobre esses sistemas mostram que eles podem auxiliar os médicos em diversas tarefas, como a medição de estruturas anatômicas, o monitoramento de mudanças em estruturas pela comparação de imagens sequenciais, o diagnóstico e o planejamento do tratamento de diversas doenças (KHALIFA et al., 2017).

O uso de sistemas CAD é uma maneira de aliviar o trabalho repetitivo do médico, minimizar erros e aumentar a eficiência no trabalho. Além disso, possibilita que a análise de exames seja realizada em um menor período de tempo. Dessa forma, é possível atender um maior número de pacientes, além de reduzir custos. Esses sistemas são feitos normalmente com o auxílio das etapas de aquisição, segmentação, extração de características, seleção de atributos e diagnóstico, como é mostrado na [Figura 1](#).

Uma das etapas mais importantes é a segmentação, responsável por subdividir a imagem de entrada nas regiões que a compõem. Essas regiões tem suas características posteriormente analisadas, para enfim se obter o diagnóstico. Um erro na etapa de segmentação pode comprometer todo o restante do sistema. Para evitar isso, é necessário o uso de um algoritmo que seja robusto e evite ao máximo os erros de segmentação.

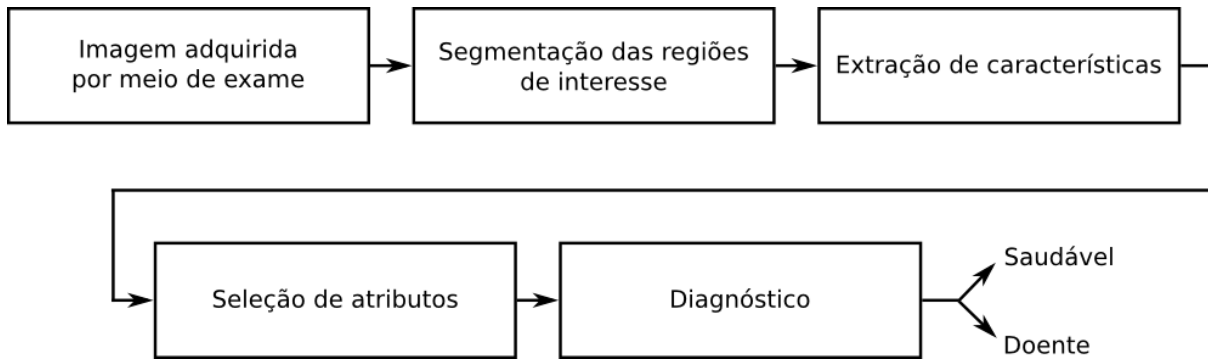


Figura 1 – Etapas comuns em sistemas CAD de imagem.

1.1 Objetivos

1.1.1 Objetivo Geral

Com o objetivo de segmentar regiões de interesse em imagens médicas propomos uma abordagem semiautomática. Nossa estratégia de solução prevê que o especialista informe alguns *pixels* nas imagens que pertençam às regiões a serem encontradas. Esses poucos *pixels* são usados como sementes do algoritmo de agrupamento proposto e tem o objetivo de retirar do especialista a difícil tarefa de delimitar com precisão as fronteiras dessas regiões, utilizadas na detecção da doença.

A nossa estratégia se utiliza de informações prévias com a intenção de melhorar a precisão da segmentação. Na [Figura 2](#) pode ser visto um exemplo, em que os pontos verdes e vermelhos representam as marcações feitas pelo especialista.

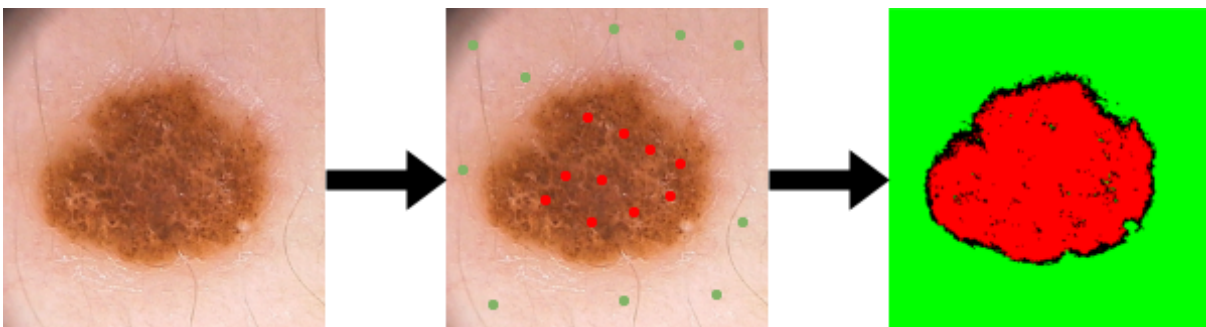


Figura 2 – Exemplo de segmentação do método proposto.

1.1.2 Objetivos Específicos

Durante a pesquisa foram estabelecidos três objetivos específicos:

- desenvolver um algoritmo semissupervisionado para a segmentação de regiões de interesse em imagens médicas;

- avaliar a segmentação do algoritmo proposto perante os outros algoritmos semissupervisionados presentes na literatura por meio da utilização das mesmas métricas de avaliação e bases de imagens públicas, e;
- analisar o uso do algoritmo proposto em um sistema de diagnóstico.

1.2 Organização da Dissertação

Esta dissertação está dividida em seis capítulos. Este capítulo apresentou os fatos que motivaram a realização deste trabalho e os objetivos propostos. A seguir apresentamos uma descrição sucinta dos próximos capítulos.

O [Capítulo 2](#) introduz o estado da arte dos métodos de segmentação de imagens médicas e de algoritmos semissupervisionados.

O [Capítulo 3](#) apresenta as bases de imagens, o algoritmo utilizado para selecionar os atributos, os algoritmos analisados e a metodologia de avaliação.

O [Capítulo 4](#) descreve o algoritmo proposto, além de apresentar o exemplo do seu uso na segmentação de imagens médicas, mostra também a sua utilização em um sistema de diagnóstico.

O [Capítulo 5](#) expõe e discute os resultados obtidos nos testes realizados.

O [Capítulo 6](#) contém as considerações finais relativas ao trabalho desenvolvido e aponta direções futuras.

1.3 Produção Científica e Contribuições

Durante o desenvolvimento deste trabalho, foi publicado o seguinte artigo científico relacionado ao tema:

- **Luís G. T. dos Santos**, Rodrigo M. S. Veras, Ricardo de A. L. Rabelo, Kelson R. T. Aires & Olivan R. T. Aires (2017). **A Seeded Fuzzy C-Means Based Approach to Automatic Cup-to-Disc Ratio Measurement**. *2017 IEEE International Conference on Systems, Man, and Cybernetics*. Banff, Canadá.

2 Estado da Arte

Neste capítulo são expostos os trabalhos presentes na literatura que foram a base para o desenvolvimento desta dissertação. A Seção 2.1 apresenta os trabalhos que segmentam imagens médicas e a Seção 2.2 expõe os algoritmos de agrupamento semissupervisionados, suas características e aplicações.

2.1 Segmentação de Imagens Médicas

Uma das etapas para desenvolver um sistema automatizado de diagnóstico por imagem é a localização das estruturas de interesse por meio da segmentação. Segundo [Norouzi et al. \(2014\)](#), os principais métodos para segmentação de imagens médicas são os baseados em regiões, classificação e agrupamento.

De acordo com os autores, os algoritmos baseados em regiões mais utilizados são Limiarização e Crescimento de Região. Essas técnicas dispõem da facilidade de segmentar as regiões que possuem as mesmas propriedades e são separadas espacialmente. Alguns exemplos de uso estão presentes nas segmentações de imagens de Ressonância Magnética Cerebral juntamente com Tomografia Computadorizada ([YADAV et al., 2016](#)) e imagens de Ultrassom ([SAINI; SAHNI, 2017](#)).

Já para os métodos baseados em classificação, são utilizados como exemplos o *K-Nearest Neighbour* e o *Maximum likelihood*. Esses não necessitam de grande preparação dos dados, além de possuir facilidade na integração de novos conhecimentos. Os algoritmos foram aplicados em imagens de tumor de glândula sudorípara ([SURLAKAR; ARAUJO; SUNDARAM, 2016](#)) e ultrasonografia ([SARTI et al., 2005](#)), por exemplo.

Apesar dessas vantagens, [Norouzi et al. \(2014\)](#) cita que alguns desses algoritmos apresentam desvantagens quanto ao limiar escolhido, tempo computacional de execução alto e os resultados nem sempre são compreensíveis. Além do mais, essas técnicas são sensíveis a ruídos, valores inconsistentes e necessitam de uma quantidade substancial de dados para treino.

Os autores mencionam também os algoritmos de agrupamentos, em que foram apresentados o *C-means*, *Fuzzy C-means* e *Expectation Maximization*. O *C-means* é um método não-supervisionado que divide a imagem em k partes com base na média de cada parte. Uma das desvantagens desse algoritmo é a sua sensibilidade a valores inconsistentes, ruídos e centroides iniciais. O algoritmo foi utilizado em diversas aplicações, destacando-se na segmentação de imagens de células cervicais ([GUAN; ZHOU; LIU, 2015](#)), lâmina de sangue ([VOGADO et al., 2016](#)), retina ([AYUB et al., 2016](#)), raio-x do tórax ([ROOPA;](#)

ASHA, 2016) e raio-x da região pélvica masculina (KALYANI; SWAMY, 2016).

O *Fuzzy C-means* é um algoritmo não-supervisionado, baseado na média de cada grupo. Ele agrupa valores de dados similares nos mesmos grupos, utilizando-se de lógica *fuzzy* para calcular essa semelhança. O algoritmo provou ser útil na produção de resultados eficazes na segmentação de imagens com ruídos, além de utilizar pouca interação humana. Alguns trabalhos utilizaram esse algoritmo para segmentar imagens de lesão de pele (ZHOU et al., 2009), ressonância magnética (GHARIEB; GENDY; SELIM, 2015), lâminas de sangue (VISWANATHAN, 2015) e retina (MITTAPALLI; KANDE, 2016).

O *Expectation Maximization* é um algoritmo não-supervisionado e iterativo que calcula a estimativa de máxima verossimilhança. Um dos problemas do algoritmo é a necessidade de saber a função de distribuição de probabilidade da qual se deseja descobrir os parâmetros. Para alguns cenários essa função não é tão evidente e pode demandar certo esforço para ser corretamente definida. O algoritmo foi utilizado para segmentar imagens de tomografia computadorizada (CHEN; LEI; YAO, 2007), veias do dedo (KASHIHARA, 2013) e ventrículo esquerdo do coração (SANTIAGO; NASCIMENTO; MARQUES, 2015).

O desempenho desses algoritmos de agrupamento não-supervisionados diminui quando há, por exemplo, ruídos, valores inconsistentes e centroides iniciais que não representam tão bem os conjuntos. Para superar essas limitações, é proposto neste trabalho um algoritmo de agrupamento semissupervisionado, que usa um conhecimento prévio para ajudar na diferenciação dos grupos.

2.2 Algoritmos de Agrupamento Semissupervisionado (ASS)

O aprendizado semissupervisionado é uma outra vertente de aprendizado de máquina que surgiu nas últimas décadas (BRUCE, 2001). Essa técnica é um meio termo entre os aprendizados supervisionado e não-supervisionado. Nesse método, são utilizados no processo de aprendizado tanto dados rotulados (com identificação do grupo) quanto não rotulados (grupos desconhecidos). Normalmente os dados com grupo identificado são em menor número.

No agrupamento semissupervisionado esses dados rotulados são utilizados para calcular os centroides iniciais. Esses dados servem de conhecimento prévio e ajudam o algoritmo a obter um melhor agrupamento (ZHU, 2005). Esse tipo de algoritmo é geralmente utilizado pelo fato de que, em muitas tarefas, gerar dados rotulados é algo frequentemente dispendioso (BASU; BARNEJEE; MOONEY, 2002).

Esses algoritmos são aplicados em diferentes áreas, como multimídia (LAI et al., 2014), bioinformática (MARAZIOTIS, 2012) e em imagens médicas (BECHAR et al., 2017). Por exemplo, Lai et al. (2014) apresentaram um novo modelo de agrupamento

semisupervisionado interativo para indexação de bancos de dados com imagens grandes. Maraziotis (2012) usou um algoritmo de agrupamento semisupervisionado *fuzzy* para analisar dados biomoleculares. Bechar et al. (2017) utilizaram classificação semisupervisionada de *superpixels* para detecção de glaucoma.

Com a intenção de comparar o algoritmo proposto com alguns ASS's presentes na literatura, foram selecionados o *Seeded C-Means* (BASU; BARNEJEE; MOONEY, 2002), o *Constrained C-Means* (WAGSTAFF et al., 2001) e o algoritmo proposto em Bouchachia e Pedrycz (2006). A escolha foi feita baseada no fato desses métodos serem semisupervisionados e de fácil implementação. Mais detalhes sobre esses algoritmos estão presentes na seção 3.2.

2.3 Considerações Finais

Baseando-se nos algoritmos apresentados neste capítulo, percebe-se que não existe um algoritmo que seja largamente utilizado na segmentação de imagens médicas e que estas sejam provenientes de diferentes tipos de exames. Dessa forma, é proposto neste trabalho o *SFc-means*. O fato dele ser semisupervisionado possibilita um melhor desempenho no seu uso em diferentes tipos de imagens, visto que essa informação prévia ajuda o algoritmo na escolha correta dos grupos. Além disso, o *SFc-means* contém algumas particularidades que geram certo grau de certeza na rotulação.

3 Materiais e Métodos

O algoritmo proposto foi aplicado em imagens médicas de quatro patologias: leucemia, melanoma, câncer de colo do útero e glaucoma. Neste capítulo serão apresentadas essas bases de imagens, o algoritmo utilizado para selecionar os atributos, os algoritmos analisados e a metodologia de avaliação.

3.1 Bases de Imagens

Um dos desafios da segmentação de imagens médicas é a habilidade de segmentá-las mesmo ocorrendo variações como: iluminação irregular, baixo contraste, presença de artefatos e ruídos. Com a finalidade de superar essas limitações, propomos um algoritmo semissupervisionado, que foi avaliado em sete bases públicas com imagens de exames médicos. Foram utilizadas bases advindas dos exames de análise microscópica de lâmina de sangue, dermatoscopia, papanicolau e retinografia. Todas as bases contêm as verdades terrestres, que são as marcações feitas pelo médico especialista.

3.1.1 Bases de Leucemia

A [Figura 3](#) apresenta imagens do exame de análise microscópica do sangue, utilizado para o diagnóstico de leucemia. As [Figuras 3a](#) e [3c](#) expõem exemplos de leucócitos doente e saudável, respectivamente. Nesse exame o sistema CAD necessita separar, como nas [Figuras 3b](#) e [3d](#), as regiões de leucócito (branco) e fundo (preto), para depois analisar tamanho, forma e cor.

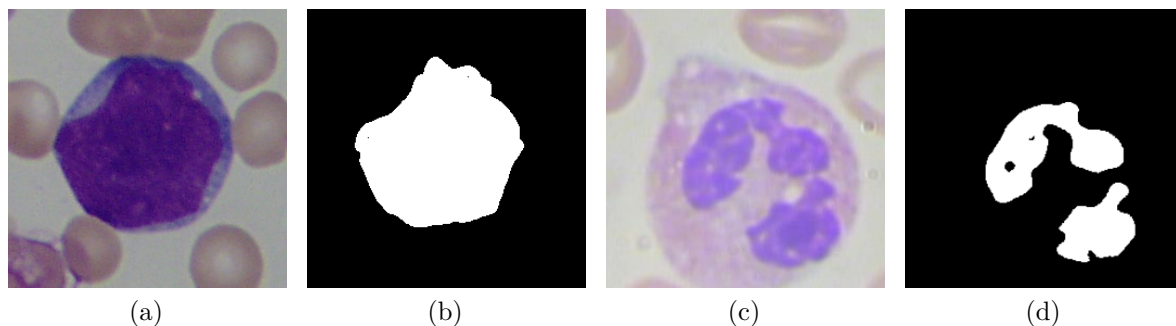


Figura 3 – Exemplos de lâminas de sangue e verdades terrestres das bases ALL-IDB 2 e BloodSeg, respectivamente.

A primeira base utilizada foi a ALL-IDB 2 ([LABATI; PIURI; SCOTTI, 2011](#)), que é um conjunto de dados que contém imagens de células leucócitas normais e cancerígenas, coletadas no Centro de pesquisa Matilde Tettamanti. A base contém 250 imagens em

formato JPG e uma resolução nativa igual a 257×257 *pixels*, capturada com uma câmara PowerShot G5.

A outra base usada foi a BloodSeg (MOHAMED; FAR; GUAILY, 2012), com 367 imagens de lâminas de sangue obtidas por meio da técnica *Gismo-Right* padrão. As imagens possuem 640×480 *pixels* de dimensão.

3.1.2 Bases de Melanoma

A Figura 4 apresenta imagens do exame dermatoscópico, usado para diagnosticar o melanoma. Exemplos de melanoma e de lesão comum são mostrados nas Figuras 4a e 4c, respectivamente. O sistema CAD tem a finalidade de delimitar o contorno da lesão na pele (branco) e separá-la do fundo (preto), como mostram as Figuras 4b e 4d. Depois dessa detecção, o médico dermatologista determina as chances dessas lesões serem consideradas melanoma.

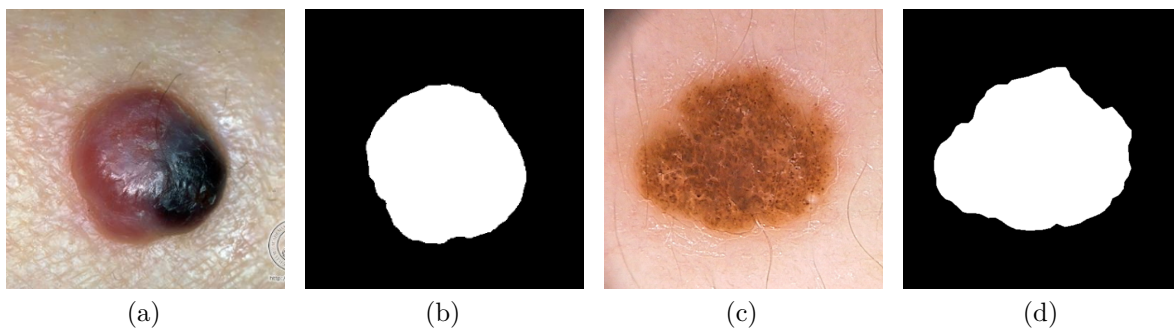


Figura 4 – Exemplos de lesões de pele e verdades terrestres das bases PH² e DermIS, respectivamente.

Para validar o algoritmo proposto, foram utilizadas duas bases públicas com imagens de lesões de pele. A PH² (MENDONÇA et al., 2013) foi coletada com a colaboração entre a Universidade do Porto e o Serviço de Dermatologia do Hospital Pedro Hispano. O conjunto de dados é formado por 200 imagens, sendo elas, 80 lesões comuns, 80 lesões atípicas e 40 melanomas. Cada imagem possui uma resolução de 768×560 *pixels*.

Já a base DermIS (*Dermatology Information System*) (DIEPGEN; YIHUNE; AL., 2003) foi obtida com a cooperação entre as Universidades de Heidelberg e Erlangen. As imagens possuem dimensões de aproximadamente 550×400 e fazem um total de 206 imagens dermatoscópicas, divididas entre 119 melanoma e 87 não melanoma.

3.1.3 Base de Câncer de Colo do Útero

A Figura 5a apresenta uma imagem do exame de papanicolau, utilizado para diagnosticar o câncer de colo do útero. Nesse exame o sistema de diagnóstico detecta as

regiões de núcleo (branco), citoplasma (cinza) e fundo (preto), como na Figura 5b, para posteriormente classificar entre os sete tipos possíveis.

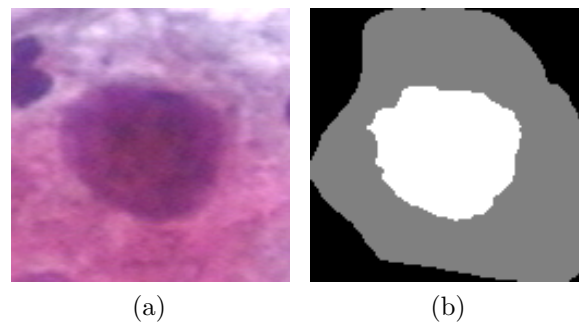


Figura 5 – Exemplo de célula de colo do útero e verdade terrestre da base Herlev.

A base de dados utilizada para teste foi a Herlev (JANTZEN et al., 2005), criada no Hospital Universitário de Herlev. O conjunto contém 917 imagens distribuídas em sete diferentes tipos da doença. As imagens foram coletadas utilizando uma câmera digital e um microscópico, resultando em dimensões sem padrão de tamanho.

3.1.4 Bases de Glaucoma

A Figura 6 apresenta imagens do exame de retinografia, utilizado para o diagnóstico de glaucoma. As Figuras 6a e 6c apresentam olhos sem e com glaucoma, respectivamente. Nesse exame um sistema CAD é responsável por detectar as regiões de escavação (branco), disco óptico (cinza) e fundo (preto), como nas Figuras 6b e 6d, para posteriormente calcular a proporção entre escavação e disco óptico.

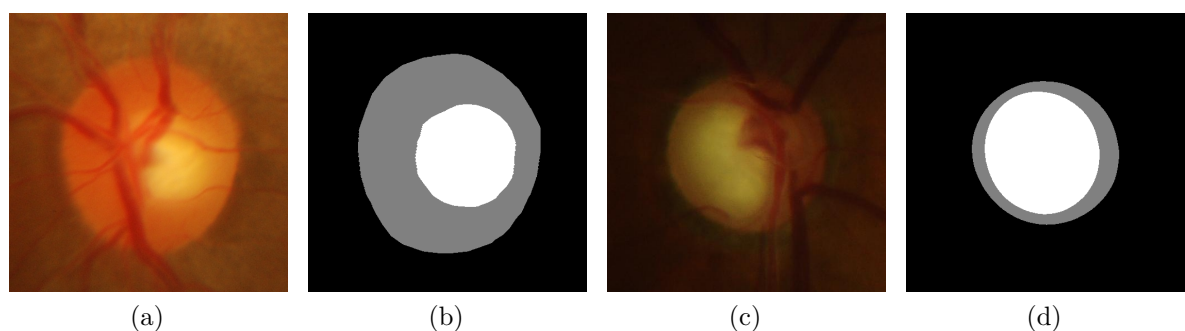


Figura 6 – Exemplos de retinas e verdades terrestres das bases DRISHTI-GS e RIM-ONE r3, respectivamente.

Dentre as bases públicas de imagens de retina, foram utilizadas duas que possuem os dados da verdade terrestre para as regiões de disco óptico (DO) e escavação: DRISHTI-GS e RIM-ONE r3.

A DRISHTI-GS (SIVASWAMY et al., 2014) é uma base de imagens que foi desenvolvida e distribuída com o intuito de fornecer meios para avaliação de sistemas

CAD's na detecção do glaucoma. As imagens foram previamente analisadas por quatro especialistas para a segmentação das regiões do DO e da escavação. A base é composta por 101 imagens de retina, todas foram tiradas com centro no DO, com um “campo de visão” de 30° e dimensões 2896×1944 *pixels*.

A RIM-ONE r3 (PENA-BETANCOR et al., 2015) é um conjunto de dados que consiste em 159 imagens de retina, sendo 85 saudáveis e 74 glaucomatosas. As imagens foram obtidas por meio de uma câmera estereoscópica *nonmydriatic* Wx Kowa com dimensões 2144×1424 *pixels*. A base foi primeiramente analisada por dois especialistas e a marcação média das regiões do DO e da escavação foram disponibilizadas.

3.2 ASS's Avaliados

Um dos ASS's utilizados para avaliar a segmentação do algoritmo proposto é o *Seeded C-Means*, baseado no *C-means*. A sua principal característica é o fato de utilizar exemplos rotulados como centroides iniciais dos grupos, isto é, as sementes (*Seed*, em inglês) e não escolhê-los aleatoriamente. Uma exigência do algoritmo é que para cada grupo seja atribuída, no mínimo, uma semente.

Dado um conjunto de exemplos E , toma-se um subconjunto $C \subset E$ como sendo o conjunto de sementes. Na inicialização do algoritmo, o usuário é responsável por atribuir cada exemplo $x_i \in C$ a um dos k grupos a serem encontrados, dividindo o conjunto C em k subconjuntos C_l , de tal forma que $C = \cup_{l=1}^k C_l$.

Assim como o *Seeded C-means*, o *Constrained C-means* também tem na inicialização dos centroides a utilização de sementes. A principal diferença entre o algoritmo de Wagstaff et al. (2001) para o *Seeded C-means* é em relação à atualização dos centroides. O algoritmo garante que nenhuma das restrições antes especificadas são violadas, ou seja, o elemento que faz parte do conjunto do cálculo dos centroides iniciais não pode ter a classe que lhe foi dada alterada, garantindo assim que tais elementos não serão rotulados erroneamente.

Já no trabalho de Bouchachia e Pedrycz (2006), os autores adicionaram um termo com duas otimizações na função objetivo do algoritmo *Fuzzy C-Means* (FCM). A finalidade dessa mudança é poder utilizar os dados rotulados e não rotulados. As estruturas dos dados não rotulados são adquiridas pelo primeiro termo da função objetivo, que é igual a função objetivo do algoritmo FCM.

O segundo termo leva em conta as estruturas refletidas pela avaliação dos rótulos disponíveis. Os autores testaram ainda esse algoritmo como sendo um classificador supervisionado, utilizando apenas dados rotulados no treinamento e obtiveram resultados melhores do que os algoritmos clássicos, como a rede neural SVM (VAPNIK, 1998). Aqui, esse algoritmo é identificado pelo nome de *Bouchachia C-means*.

3.3 Seleção de Atributos

O objetivo da seleção de atributos é retirar características que são irrelevantes ao conjunto de dados, simplificando o modelo de predição e reduzindo o tempo computacional dos algoritmos. Consequentemente essa seleção coopera com a preparação de dados, pois quanto mais se remove dados redundantes e irrelevantes, mais se reduz a dimensionalidade do espaço de atributos (NEVES, 2003).

O algoritmo de Razão de Ganho (KAREGOWDA; MANJUNATH; JAYARAM, 2010) foi escolhido para realizar essa seleção. Este algoritmo é baseado no Ganho de Informação, que utiliza a entropia como medida de impureza e árvores de decisão para representar os atributos do vetor. O seu desempenho é considerado melhor que o Ganho de Informação, ou seja, proporciona uma melhor acurácia em termos de complexidade das árvores geradas. Considerando um conjunto de dados S com m classes, a Equação 3.1 apresenta o cálculo da informação utilizada para classificar uma determinada amostra:

$$Info(S) = - \sum_{i=1}^m p_i \log_2(p_i), \quad (3.1)$$

no qual p_i é a probabilidade da amostra pertencer a uma classe C_i . O cálculo da entropia de um determinado atributo A que possui v valores é mostrado na Equação 3.2:

$$Entropia(A) = - \sum_{i=1}^m Info(S) \frac{s_{1i} + s_{2i} + \dots + s_{mi}}{s}, \quad (3.2)$$

em que a variável s_{ij} representa o número de amostras pertencentes a classe C_i do subconjunto S_i . O ganho do atributo A é representado pela Equação 3.3:

$$Ganho(A) = Info(S) - Entropia(A). \quad (3.3)$$

A Equação 3.4 apresenta o valor de informação gerado pela divisão do conjunto de dados de S em v partições:

$$SInfo(S) = - \sum_{i=1}^v \left(\frac{|S_{ij}|}{|S|} \right) \log_2 \left(\frac{|S_{ij}|}{|S|} \right). \quad (3.4)$$

Por fim, a Razão de Ganho é definida como a divisão dos resultados obtidos nas Equações 3.3 e 3.4. Os atributos são ranqueados de acordo com o valor da sua razão de ganho. Nessa proposta, foram selecionados os atributos em que esse valor foi diferente de zero.

Inicialmente foram utilizadas 26 características de cor e a seleção foi efetuada de maneira separada para cada tipo de doença. Após essa etapa, cada base de dados foi analisada com o seu conjunto de características mais relevante. Na Tabela 1 são mostrados os atributos selecionados em cada teste e a sua porcentagem em relação ao total.

Tabela 1 – Atributos selecionados por meio da Razão de Ganho.

Canais de Cor	Leucemia (57,69%)	Melanoma (65,39%)	Câncer de colo do útero (61,54%)	Glaucoma (53,85%)
RGB - 3 atributos	RGB	RGB	RGB	RGB
V (HSV) - 1 atributo	-	V	V	V
HSI - 3 atributos	H	HI	I	-
Luv - 3 atributos	v	v	v	-
Lab - 3 atributos	Lab	Lab	La	Lab
CMYK - 4 atributos	CMYK	CMYK	CMYK	MYK
NTSC - 3 atributos	-	Y	Y	-
YCbCr - 3 atributos	YCbCr	CbCr	YCbCr	YCbCr
CIE XYZ - 3 atributos	-	-	-	Z

3.4 Metodologia de Avaliação

A maioria dos critérios de análise dos resultados de um agrupamento provém de uma matriz de confusão, que indica a quantidade de agrupamentos corretos e incorretos para cada um dos grupos (CHIMIESKI; FAGUNDES, 2013).

A matriz de confusão é criada tendo como referência os *pixels* da imagem segmentada e da verdade terrestre. A matriz é gerada com base em quatro valores, que são: Verdadeiro Positivo (*VP*), são os *pixels* corretamente informados como “Positivos”; Falso Positivo (*FP*), são os *pixels* incorretamente informados como “Positivos”; Falso Negativo (*FN*), refere-se aos *pixels* incorretamente informados como “Negativos”, e Verdadeiro Negativo (*VN*), que corresponde aos *pixels* corretamente informados como “Negativos”. A matriz de confusão segue ilustrada na Figura 7.

		Valor Previsto	
		Positivo	Negativo
Valor Verdadeiro	Positivo	Verdadeiros Positivos	Falsos Positivos
	Negativo	Falsos Negativos	Verdadeiros Negativos

Figura 7 – Ilustração de uma matriz de confusão com dois grupos.

Para cada tipo de doença foram definidas diferentes regiões como “Positivas” e “Negativas”. Nas imagens de Leucemia e Melanoma, os leucócitos e as lesões foram apontados como “Positivos” e o fundo como “Negativo”. Por possuírem três regiões cada, para as imagens de Câncer de Colo do Útero e Glaucoma são especificadas quatro regiões como “Positivas”. São elas núcleo, citoplasma, escavação e disco óptico. Já a região marcada como “Negativa” é apenas o fundo.

A partir desses valores, algumas taxas estatísticas podem ser calculadas para avaliar o desempenho do algoritmo utilizado na abordagem proposta. As taxas de Acurácia (A), Especificidade (E), Sensibilidade (S) e índice Kappa (K) são calculadas conforme definição dada pelas Equações de 3.5 a 3.8 (ROSENFELD; FITZPATRICK-LINS, 1986; POWERS, 2007). Vale ressaltar que além dessas métricas, algumas outras foram calculadas e estão disponibilizadas nos apêndices.

A taxa Acurácia é a proporção de predições corretas, sem considerar o que é positivo e o que é negativo e sim o acerto total, sendo definida pela Equação 3.5,

$$Acurácia = \frac{VP + VN}{VP + FP + FN + VN}. \quad (3.5)$$

A Especificidade reflete a proporção de verdadeiros negativos, isto é, avalia a capacidade de o algoritmo predizer que um elemento não pertence a um grupo dado que ele realmente não pertence, definida pela Equação 3.6,

$$Especificidade = \frac{VN}{VN + FP}. \quad (3.6)$$

A Sensibilidade representa a proporção de verdadeiros positivos, ou seja, avalia a capacidade do algoritmo predizer que um elemento pertence a um grupo quando ele realmente pertence a tal, dada pela Equação 3.7,

$$Sensibilidade = \frac{VP}{VP + FN}. \quad (3.7)$$

Por fim, o índice Kappa é usado como uma medida adequada de precisão, pois representa inteiramente a matriz de confusão. Essa taxa é dividida em níveis de exatidão de um agrupamento (Tabela 2) de acordo com o resultado obtido a partir das Equações 3.8 a 3.13.

$$Kappa = \frac{\theta_1 - \theta_2}{1 - \theta_2}, \quad (3.8)$$

$$\theta_1 = \frac{VP + VN}{VP + FP + FN + VN}, \quad (3.9)$$

$$\alpha = \frac{VP + FN}{VP + FP}, \quad (3.10)$$

$$\beta = \frac{VN + FN}{VN + FP}, \quad (3.11)$$

$$\gamma = VP + VN + FP + FN, e \quad (3.12)$$

$$\theta_2 = \frac{\alpha + \beta}{\gamma^2}. \quad (3.13)$$

Tabela 2 – Nível de exatidão de uma classificação, conforme o valor do índice Kappa.

Índice Kappa (K)	Qualidade
$K \leq 20$	Ruim
$20 < K \leq 40$	Razoável
$40 < K \leq 60$	Bom
$60 < K \leq 80$	Muito Bom
$K > 80$	Excelente

Além da fase de segmentação, neste trabalho é avaliado também o desempenho de um sistema CAD de diagnóstico de glaucoma. Neste sistema foi calculada a razão entre os diâmetros da escavação e do disco óptico (CDR), que é um importante indicador da presença de glaucoma no paciente. O desempenho do cálculo do CDR é analisado por meio dos cálculos do Erro Médio Absoluto (E_{ma}) e do Erro Quadrático Médio (E_{qm}).

Utilizando os resultados obtidos pelo método proposto (CDR_m) e o CDR da verdade terrestre (CDR_{vt}), para cada imagem i fornecida pela base, calculamos o Erro Absoluto por Imagem (e_i), por meio da [Equação 3.14](#),

$$e_i = CDR_{vt_i} - CDR_{m_i}. \quad (3.14)$$

O E_{ma} e o E_{qm} são calculados por meio das [Equações 3.15](#) e [3.16](#),

$$E_{ma} = \frac{\sum_{i=1}^n |e_i|}{n}, \quad (3.15)$$

$$E_{qm} = \frac{\sum_{i=1}^n e_i^2}{n}, \quad (3.16)$$

onde n representa a quantidade de imagens da base.

3.5 Considerações Finais

Este capítulo expôs as bases de imagens utilizadas e suas características. Além disso, foram exibidos os atributos selecionados e o algoritmo utilizado nessa tarefa. Também foi apresentada a metodologia utilizada na avaliação de desempenho do algoritmo proposto.

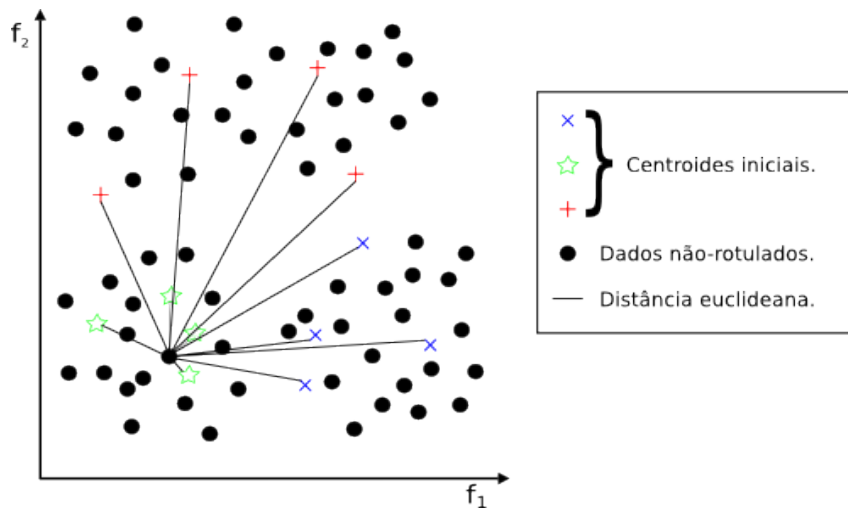
4 Método Proposto

Neste capítulo é apresentado o método de aprendizado semissupervisionado proposto. São expostas também as suas características diferenciais, que são a informação prévia e o uso de um limiar no agrupamento. Além disso, são apresentados exemplos do seu uso na segmentação de imagens médicas e da sua aplicação em um sistema CAD de diagnóstico de glaucoma.

4.1 Seeded Fuzzy C-means (SFc-means)

O *SF*c-means é um algoritmo de agrupamento semissupervisionado baseado no *Fuzzy C-means* (BEZDEK; EHRLICH; FULL, 1984). Os dois algoritmos se diferem em dois principais itens: o uso dos exemplos rotulados disponíveis (sementes) e o uso de um limiar no agrupamento, que ocorrem apenas no algoritmo proposto.

A principal diferença está na fase de seleção dos centroides, em que o *SF*c-means se utiliza de todas as sementes iniciais, enquanto o *Fuzzy C-means* usa apenas um centroide por grupo, normalmente inicializado de forma aleatória. Deste modo, o *SF*c-means garante que as sementes previamente rotuladas não disponham de uma modificação em seus grupos. A Figura 8a ilustra um exemplo de conjunto que contém dados com e sem rótulos.



(a) Representação do cálculo do grau de pertinência de cada exemplo.

0.31	0.19	0.14	0.08	0.07	0.06	0.04	0.037	0.029	0.023	0.012	0.009
☆	☆	☆	☆	×	×	+	×	×	+	+	+

(b) Vetor com o grupo de cada semente, ordenado de forma decrescente, de acordo com os graus de pertinência de um exemplo.

Figura 8 – Ilustração da etapa de rotulação do SFc-means.

Na fase de agrupamento calcula-se o grau de pertinência ($\mu_i(x)$) de cada exemplo não rotulado para cada semente. Depois de realizar esse cálculo, para um dos exemplos não rotulados, os resultados obtidos são dispostos em um vetor de pertinências, como está representado na Figura 8b.

Nesse vetor estão contidas as informações da relação de um dado exemplo não rotulado com cada semente. Nele, cada posição possui o grupo da semente e o grau de pertinência do exemplo não rotulado àquele grupo. Na primeira posição do vetor, por exemplo, temos que um dado não rotulado tem o seu grau de pertinência ao grupo *Estrela* igual a 0,31.

Outra particularidade do *SFc-means* é a estipulação do valor de um limiar de agrupamento (l). Esse limiar é o responsável pela associação, ou não, de um exemplo não rotulado a um grupo. Essa associação só acontece quando em uma faixa (com tamanho l) de posições do vetor de pertinências todas as sementes pertencem ao mesmo grupo. Pretende-se obter, assim, um grau de certeza na rotulação de um dado elemento. Não se estipula um valor absoluto para l . O valor absoluto do limiar, denominado l' , é calculado baseado no vetor de pertinências ordenado v , como visto na Figura 9.

Um exemplo de l , com dois valores, pode ser visto na Figura 9. No primeiro, o valor de l é 25% e o valor de l' é igual a 3. No segundo, o valor de l é 50% e o valor de l' é igual a 6. Na Figura 9a o dado é rotulado, já na Figura 9b ele não é rotulado, pois na faixa do limiar existe mais de um grupo associado ao exemplo.

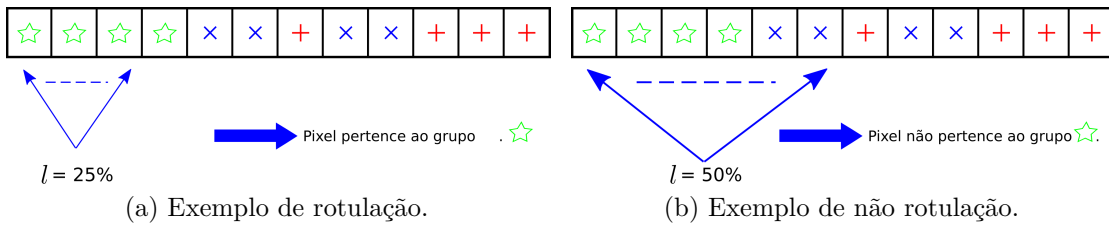


Figura 9 – Exemplos de uso do limiar.

O algoritmo proposto visa minimizar a função de erro quadrado, dado pela Equação 4.1,

$$J = \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^N \|x_j - w_i\|^2, \quad (4.1)$$

em que k é a quantidade de sementes, N é a quantidade de dados não rotulados e $\|x_j - w_i\|^2$ é a distância euclidiana entre o dado não rotulado x_j e o centroide w_i . Como mencionado anteriormente, esse algoritmo contém algumas particularidades que geram um grau de certeza na rotulação.

O Algoritmo 1 mostra as etapas do *SFc-means*, em que $\mu_i(x)$ é o grau de pertinência de um dado não rotulado x em relação ao centroide w_i e N é a quantidade de elementos (nesse caso *pixels*) não rotulados.

Algoritmo 1 Algoritmo de agrupamento *SFc-means*.

1. Associar cada exemplo rotulado (semente) S_i a um centroide w_i ($S_i \leftarrow w_i$);
2. Para cada dado de entrada não rotulado x , dos N existentes, calcular a distância euclidiana para cada centroide w_i e assim encontrar o grau de pertinência $\mu_i(x)$ por meio da equação:

$$\mu_i(x) = \frac{\|x - w_i\|}{\sum_{i=1}^N \|x - w_i\|} \quad (4.2)$$

3. Criar um vetor ordenado com os $\mu_i(x)$ resultantes da etapa anterior;
4. Verificar por meio de uma faixa de valores, criada com o uso do limiar l' , se o exemplo x tem uma concordância entre os grupos do vetor;
5. Se todos os valores na faixa de valores pertencerem ao mesmo grupo, o exemplo x deve ser rotulado como parte desse grupo;
6. Repetir passos 2, 3, 4 e 5 para todos os exemplos não rotulados.

Foi optada a criação de um algoritmo de agrupamento semissupervisionado visto que é necessária apenas uma rápida intervenção do médico. Apesar da solução depender dessa entrada inicial, ela tira do especialista a tarefa difícil e árdua de determinar as bordas das regiões de interesse. Uma vez que a entrada se limita à marcação de uma pequena porcentagem de *pixels* de cada região da imagem. Essa tarefa, trivial para o especialista, traz uma informação prévia que gera um maior grau de certeza na segmentação das regiões e diminui o tempo investido no atendimento à um paciente.

4.2 Segmentação de Imagens Médicas

Com a intenção de avaliar os resultados da segmentação do algoritmo proposto, foi feita a comparação com três algoritmos de agrupamento semissupervisionado, o *Seeded C-means* (SC-means), o *Constrained C-means* (CC-means) e o *Bouchachia C-means* (BC-means). Além disso, foi testado o *SFc-means* com $l = 0\%$, nomeado *SFc-means_{l=0%}* (em que todos *pixels* são rotulados), $l = 0,5\%$, nomeado *SFc-means_{l=0,5%}*, e $l = 2\%$, nomeado *SFc-means_{l=2%}*.

Todos os algoritmos foram inicializados com os mesmos parâmetros, inclusive quantidades de sementes (1% da quantidade total de *pixels*, de forma aleatória). Para os testes usando o BC-means e o *SFc-means*, nós usamos um grau de nebulosidade de 1,5.

Amostras de segmentações obtidas a partir do *SFc-means* são mostradas na [Figura 10](#). Dentre elas, as imagens provenientes do teste com limiares iguais a 0,5 e 2 contêm algumas regiões pretas, referentes aos *pixels* em que o algoritmo decidiu não rotulá-los, pois não era possível descobrir a qual região pertencia. Contudo, operações simples de processamento digital de imagem podem preencher essas lacunas. Um exemplo seria o uso de Morfologia Matemática.

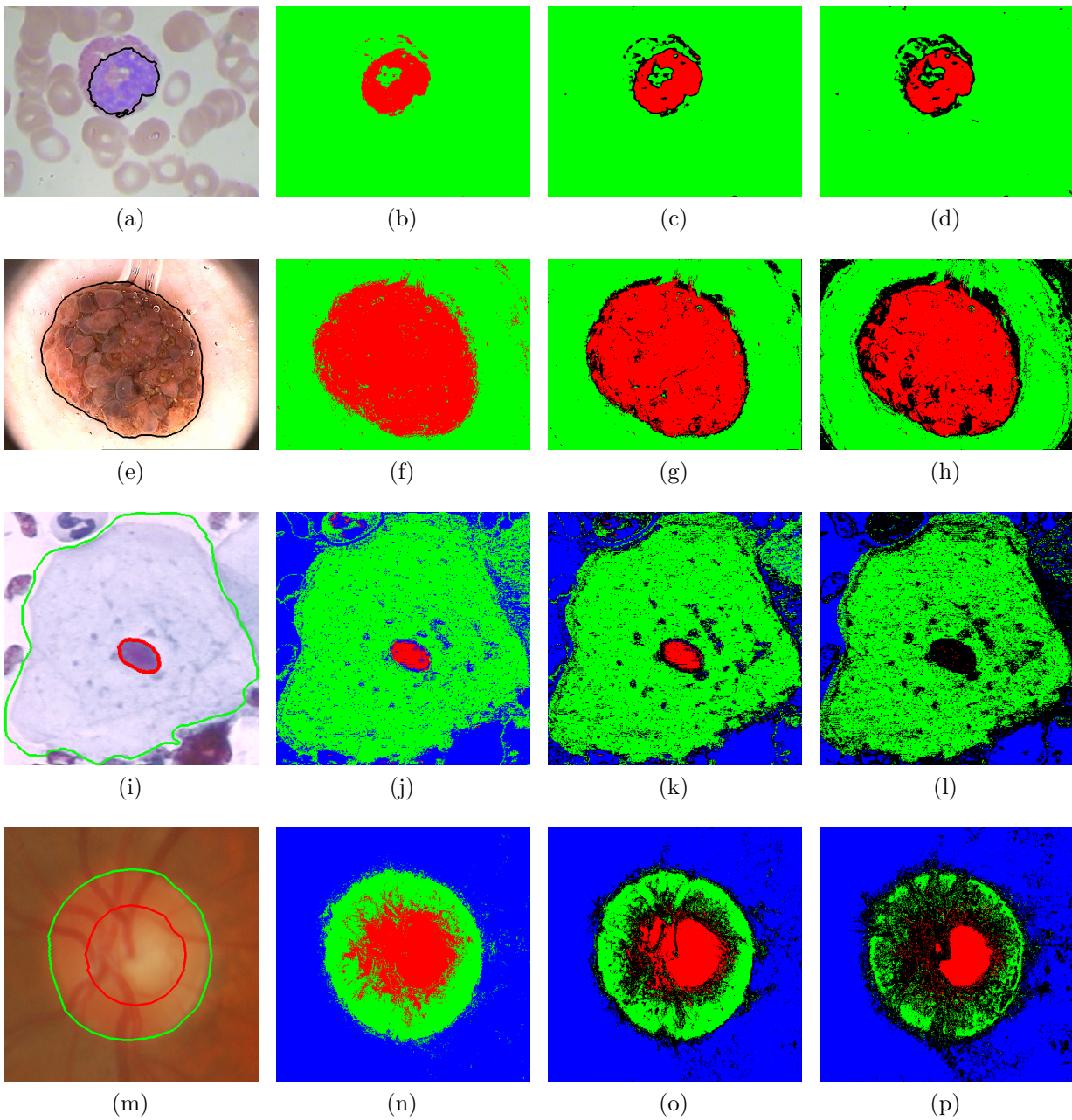


Figura 10 – Exemplos das bases de leucemia, melanoma, câncer de colo do útero e glaucoma, posicionadas respectivamente por linha e resultados do *SFC-means*. (a), (e), (i) e (m) Verdade terrestre; (b), (f), (j) e (n) $SFC-means_{s_l=0\%}$; (c), (g), (k) e (o) $SFC-means_{s_l=0,5\%}$; (d), (h), (l) e (p) $SFC-means_{s_l=2\%}$.

4.3 Aplicação do SFC-means em um sistema CAD

A detecção semiautomática de glaucoma é um exemplo de sistema CAD que pode utilizar o *SFC-means*. A abordagem segmenta a escavação e contorno do disco óptico (DO) utilizando o algoritmo proposto. O método possui quatro etapas que são divididas em oito passos, como representado na [Figura 11](#).

A entrada é uma imagem de retina centrada no DO. Após testes preliminares,

foi percebido que um dos principais desafios para a segmentação correta das regiões de escavação e DO é a presença dos vasos, devido à grande variação de cor e intensidade dos seus *pixels*, em que os algoritmos de segmentação não são plenamente capazes de diferenciar os *pixels* pertencentes às regiões.

Dessa forma, foi implantada uma fase de pré-processamento responsável por detectar e repintar os vasos sanguíneos existentes nas imagens. A segmentação dos vasos foi realizada com o método de Zana, Meunier e Klein (1998). Após a identificação, os pixels de vasos são repintados utilizando a estratégia proposta por Mittapalli e Kande (2016).

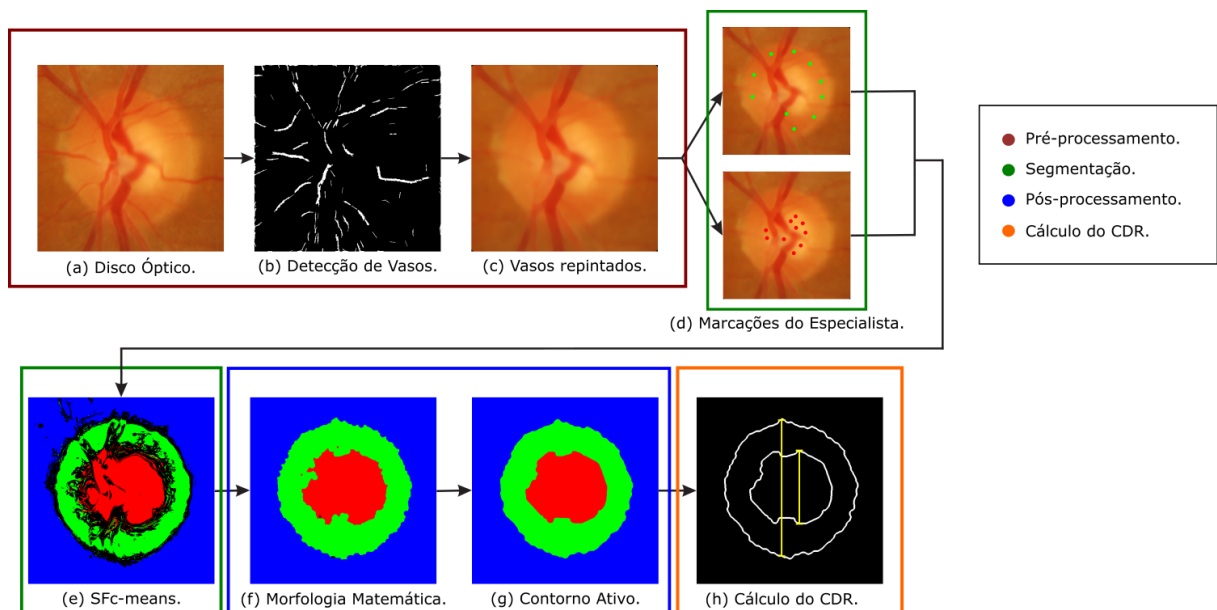


Figura 11 – Fluxograma da metodologia de segmentação do DO.

O próximo passo consiste na rotulação manual de algumas regiões a serem utilizadas como sementes do algoritmo de agrupamento. Essas sementes devem indicar pixels de cada área a ser segmentada (fundo, DO e escavação). Depois, os pixels são agrupados utilizando o *SFc-means*.

Por causa da característica do *SFc-means* de agrupar somente pixel quando há um alto grau de certeza da sua pertinência a um dos grupos, é comum que a imagem resultante do agrupamento possua regiões “não segmentadas”. Dessa forma, aplicamos uma fase de pós-processamento com técnicas de Morfologia Matemática (SOILLE, 2003) e de Contorno Ativo (AIROUCHE; BENTABET; ZELMAT, 2009).

Após testes empíricos, as operações realizadas no sistema foram uma dilatação, com elemento estruturante (EE) de tamanho 10, e uma abertura seguida de erosão, com EE de tamanho 3. Já a técnica de Contorno Ativo foi utilizada para suavizar as bordas obtidas no processo anterior. Por fim, calculamos a razão entre os raios da parte externa do DO e a escavação, denominada CDR, que é um importante indicador da presença de glaucoma no paciente.

Após a aplicação das operações morfológicas, pode ocorrer de haver interseções entre escavação e DO, assim como entre DO e fundo. Nessas situações as áreas de interseção são rotuladas como pertencentes à região mais interna. Dessa forma, regiões comuns à escavação e DO são rotuladas como escavação e regiões comuns a DO e fundo são rotuladas como DO.

4.4 Considerações Finais

Este capítulo apresentou o algoritmo proposto e o seu uso na segmentação de imagens médicas e em um sistema de auxílio ao diagnóstico de glaucoma. Além do *SFC-means*, o sistema CAD apresentado se utiliza de algoritmos para detecção e repintura de vasos sanguíneos, morfologia matemática e contorno ativo.

5 Resultados e Discussão

Neste capítulo são discutidos os resultados referentes ao algoritmo e sistema propostos neste trabalho. As Seções 5.1 e 5.2 apresentam os resultados obtidos nos testes de segmentação em imagens médicas com e sem seleção de atributos, respectivamente. Já a Seção 5.3 expõe os resultados alcançados com o sistema de diagnóstico de glaucoma.

5.1 Avaliação da Segmentação de Imagens Médicas

Os gráficos estão divididos por tipo de exame e em cada um as médias dos resultados são apresentadas para cada algoritmo testado. Todos eles possuem o desvio padrão para cada uma das métricas calculadas.

Na Figura 12 são exibidos os resultados obtidos pelos algoritmos avaliados nas bases de lâmina de sangue. O $SFc\text{-means}_{l=0,5\%}$ e o $SFc\text{-means}_{l=2\%}$ chegaram a atingir mais de 99% nas taxas de Acurácia (A), Especificidade (E) e Sensibilidade (S), além de um índice Kappa “Excelente”, o que mostra que o algoritmo utilizado possui uma excelente taxa de acerto ao predizer se um dado *pixel* pertence ou não a cada região. Além disso, o algoritmo proposto se mostrou mais preciso que os seus concorrentes em quase todas as taxas.

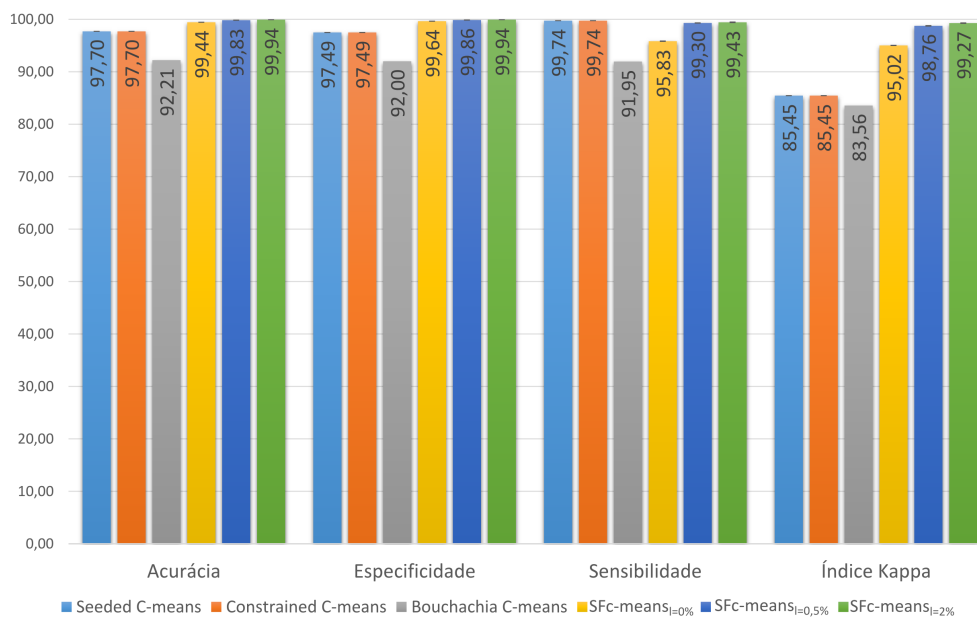


Figura 12 – Desempenho dos algoritmos nas bases de leucemia.

Na Figura 13 são expostos os desempenhos das bases de melanoma, na qual os índices de Acurácia e Especificidade do algoritmo proposto atingiram valores entre 97% e

99%. Seguindo no mesmo nível o índice Kappa se mostrou “Excelente” em todos os casos. Já a Sensibilidade obteve um número entre 82% e 87%, entretanto o *SFc-means* continuou destacando-se e foi superior a todos os outros algoritmos em todas as ocasiões.

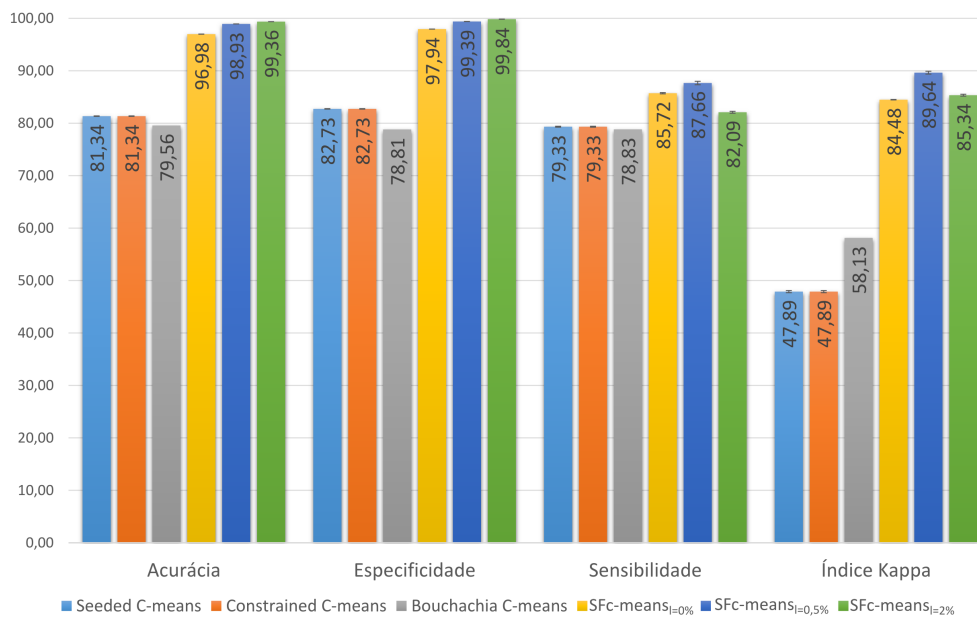


Figura 13 – Desempenho das bases de melanoma.

Nas Figuras 14 e 15 são mostrados os resultados obtidos nas bases de câncer de colo do útero. As figuras foram divididas em núcleo e citoplasma, regiões que unidas ao fundo, têm a sua segmentação necessária para o diagnóstico da doença. Mesmo com a dificuldade de segmentar três regiões ao invés de duas, o *SFc-means* atingiu valores acima dos outros algoritmos em quase todas as circunstâncias.

Na segmentação do núcleo os melhores resultados foram obtidos praticamente apenas pelo *SFc-means_{l=0,5%}*, que alcançou diferenças de até 36 pontos percentuais na Acurácia. Além disso, o *SFc-means* manteve um índice Kappa “Excelente”, enquanto os seus concorrentes obtiveram apenas um índice considerado “Bom”.

Já na segmentação do citoplasma, o *SFc-means_{l=0,5%}* se destacou atingindo o maior valor em todas as taxas, com valores acima de 87% para Acurácia, Especificidade e Sensibilidade. Mesmo o índice Kappa mudando para um valor considerado “Muito Bom”, esse indicador ainda foi superior aos seus concorrentes, que conseguiram apenas uma qualidade “Razoável”.

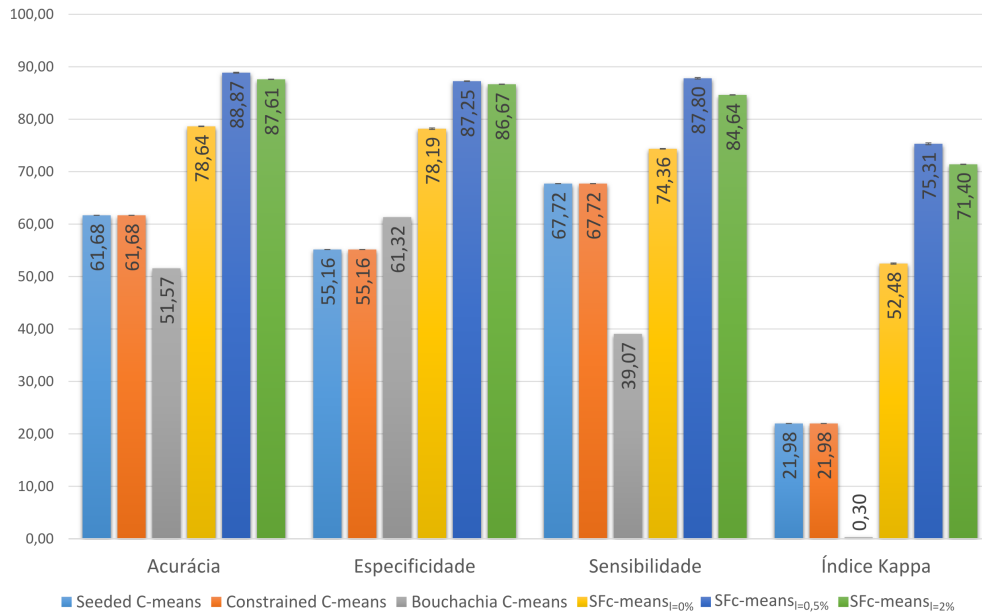


Figura 14 – Desempenho dos algoritmos na região de citoplasma na base de colo do útero.

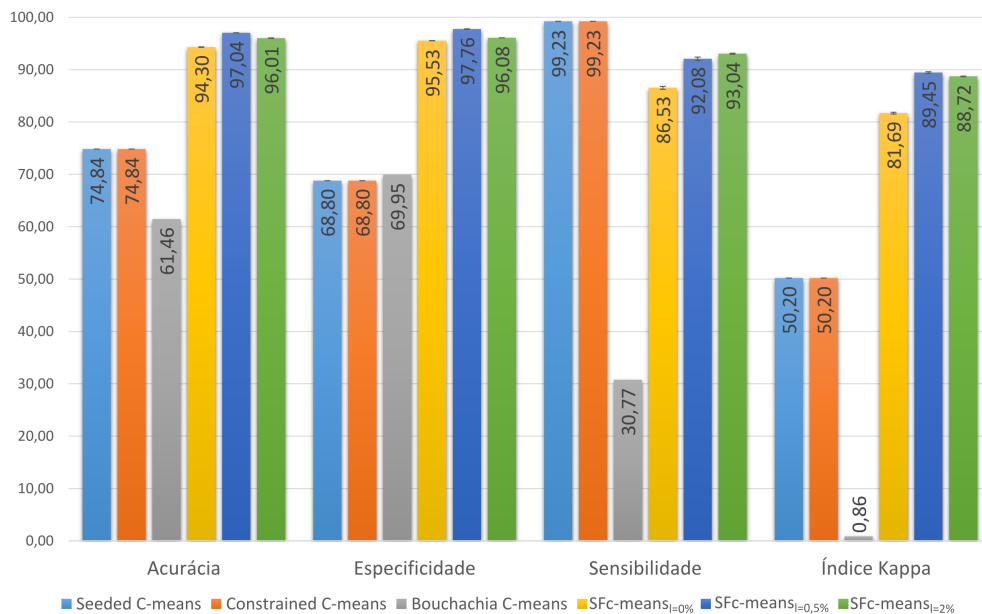


Figura 15 – Desempenho dos algoritmos na região de núcleo na base de colo do útero.

Já nas Figuras 16 e 17 são apresentados os desempenhos dos algoritmos nas bases de glaucoma. As imagens foram divididas em escavação e disco óptico, pois também é necessária a análise de três regiões para o diagnóstico da doença.

As taxas de Acurácia e Especificidade do *SFC-means* na escavação mantiveram aproximadamente de 14 a 33 pontos percentuais de superioridade em relação aos outros algoritmos analisados. Já a Sensibilidade ficou com valores próximos aos atingidos pelo SC-means e CC-means, mas apesar disso o índice Kappa do algoritmo proposto obteve qualidade “Excelente”, enquanto os demais atingiram um nível “Bom”.

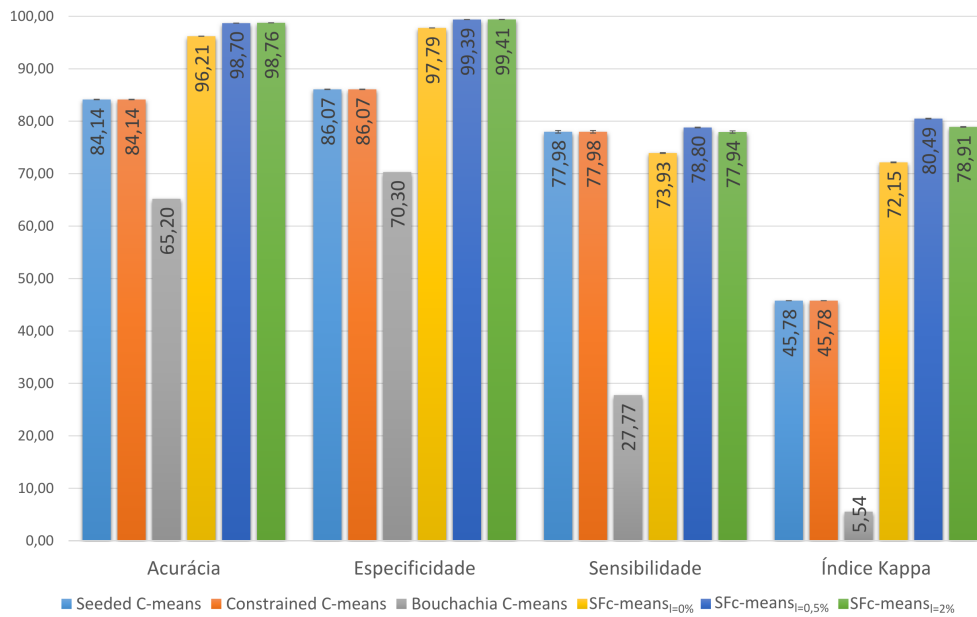


Figura 16 – Desempenho dos algoritmos na região de escavação nas bases de glaucoma.

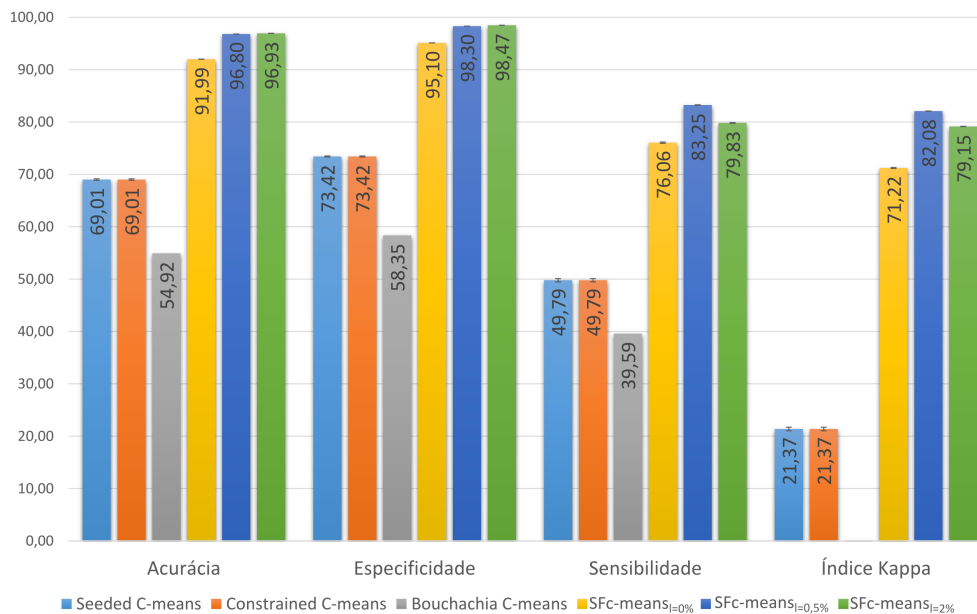


Figura 17 – Desempenho dos algoritmos na região de disco óptico nas bases de glaucoma.

Com a região do disco óptico não foi diferente, o *SFc-means* novamente foi superior em todas as métricas. Com Acurácia acima de 96% e Especificidade de 98,47%, o *SFc-means $_{\lambda=2\%}$* destacou-se, mas apenas o *SFc-means $_{\lambda=0,5\%}$* atingiu um índice Kappa “Excelente”. As outras versões do algoritmo proposto obtiveram resultado “Muito Bom” e os demais ficaram com qualidade “Razoável”.

Vale ressaltar que em todos os testes o desvio padrão encontrado foi baixo, isso mostra que esses algoritmos possuem robustez. Além disso, o índice Kappa revelou que as segmentações do *SFc-means $_{\lambda=0,5\%}$* e do *SFc-means $_{\lambda=2\%}$* atingiram, em sua maioria, uma

precisão geral “Excelente” nos testes realizados. Já o SC-means, CC-means e BC-means, obtiveram desempenhos “Razoável”, e até mesmo “Ruim”, na segmentação das bases de câncer de colo do útero e glaucoma. Apesar disso, alcançaram desempenhos “Excelente” e “Muito Bom” nas outras bases.

Mesmo assim, em todas as análises essas duas versões do *SFc-means* tiveram esse índice superior aos concorrentes. Isso mostra que mesmo com o uso de diferentes tipos de imagens, o algoritmo proposto continua com uma boa precisão na segmentação.

Já o *SFc-means* _{$l=0\%$} , de forma geral, ficou um pouco abaixo das outras variações do *SFc-means*. Isso se deve pela característica menos restritiva dele, em que todos os elementos são rotulados. Mesmo com essa inferioridade, o uso do *SFc-means* _{$l=0\%$} ainda se mostra mais eficaz do que o SC-means, CC-means e BC-means. Para solidificar essa afirmação, realizamos o teste de Tukey para comparação de médias com significância estatística de 95% de confiança e assumindo um erro de 5%. Isso comprovou que nossa abordagem foi realmente melhor perante aos seus concorrentes e que não possui diferença significativa entre si ($l = 0\%$, $l = 0,5\%$ e $l = 2\%$).

5.2 Avaliação da Segmentação com Seleção de Atributos

Pelo fato do *SFc-means* ter se sobressaído perante os outros algoritmos avaliados, apenas ele foi utilizado nos testes com seleção de atributos.

Na [Figura 18](#) são apresentados os resultados referentes às bases de leucemia com seleção de atributos. O *SFc-means* _{$l=0\%$} teve na maioria das taxas um desempenho pior que na etapa anterior. Já o *SFc-means* _{$l=0,5\%$} e o *SFc-means* _{$l=2\%$} a maioria das métricas obtiveram resultados melhores comparados a etapa sem seleção, mesmo assim nenhuma das modificações foi de grande relevância.

Já a [Figura 19](#) exhibe o desempenho das bases de melanoma, em que a maior parte das taxas de *SFc-means* _{$l=0\%$} e *SFc-means* _{$l=2\%$} tiveram uma sequência inferior comparados à fase anterior à triagem. Em oposição, o *SFc-means* _{$l=0,5\%$} apresentou um aumento nessas taxas, no qual apenas o índice Kappa expôs um aumento significativo.

As [Figuras 20](#) e [21](#) mostram os resultados da base de colo do útero que não apresentaram nenhum efeito com o uso da seleção de atributos, pois permaneceram com os mesmo valores da fase sem essa escolha.

Nas [Figuras 22](#) e [23](#) os algoritmos obtiveram um desempenho inferior na segmentação da escavação e uma melhora quando aplicados à região do disco óptico. Contudo, nenhuma das mudanças foi significativa.

Essas modificações sem tanta relevância se deram por conta da metodologia utilizada na seleção de atributos, que foi excluir apenas as características que possuíam razão de

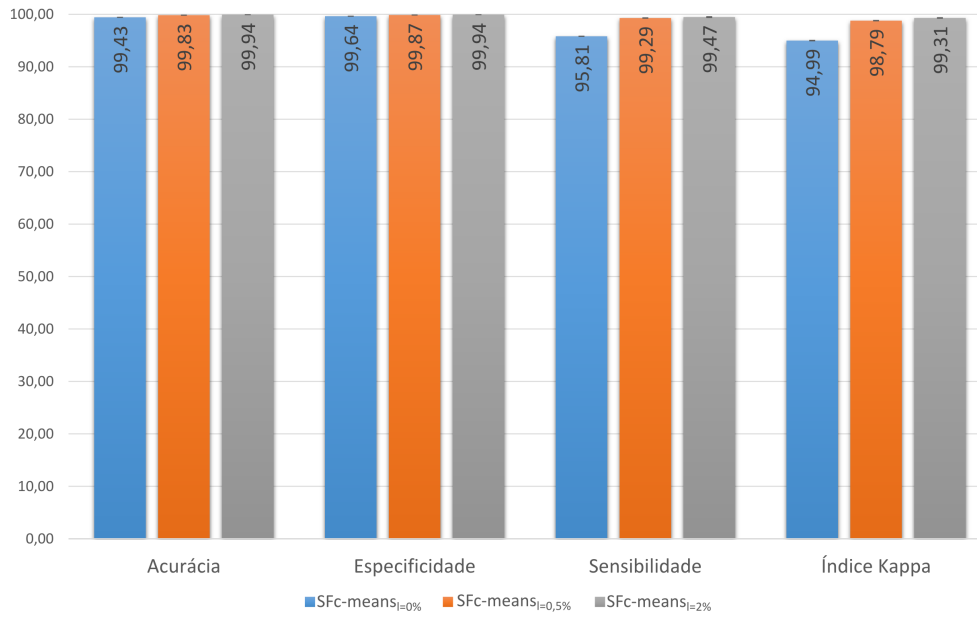


Figura 18 – Desempenho dos algoritmos na base de leucemia com seleção de atributos.

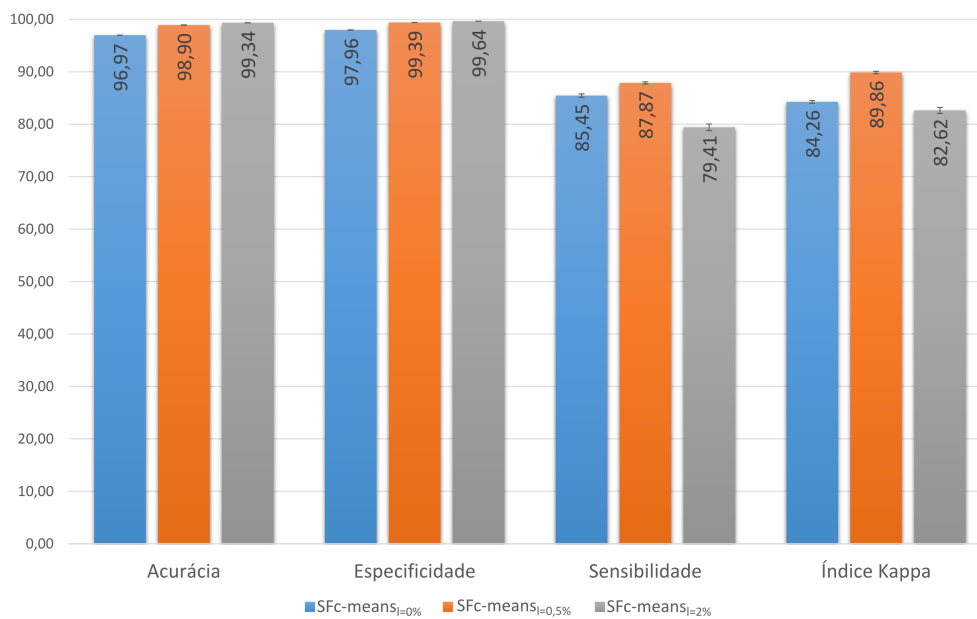


Figura 19 – Desempenho dos algoritmos na base de melanoma com seleção de atributos.

ganho igual a zero. Isso fez com que fossem excluídos os atributos irrelevantes ao invés dos redundantes, que são justamente aqueles que dificultam na diferenciação entre os grupos. Com isso, o único ganho foi em tempo computacional.

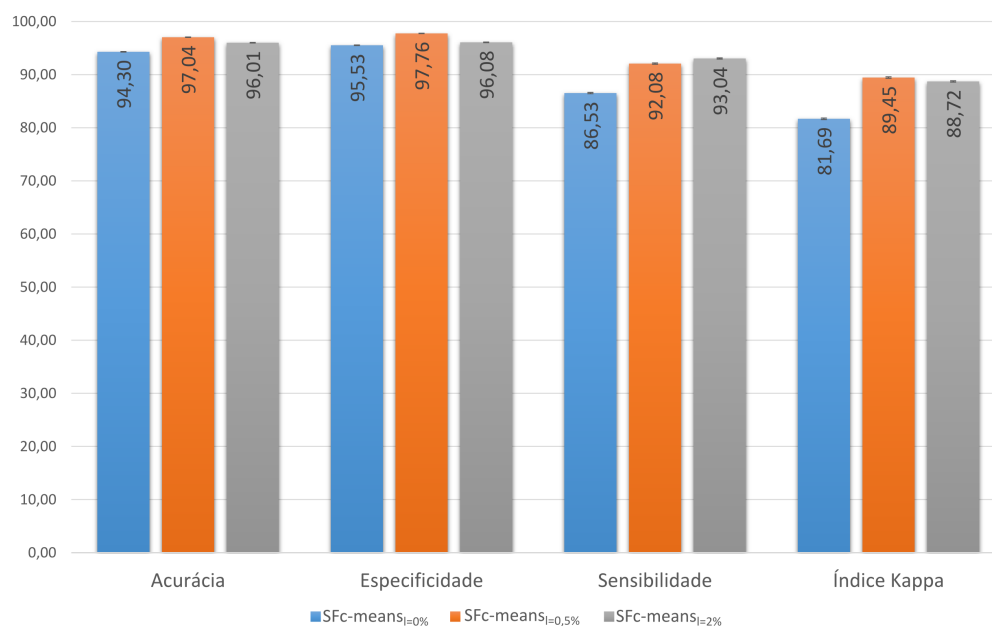


Figura 20 – Desempenho dos algoritmos na região de núcleo na base de colo do útero com seleção de atributos.

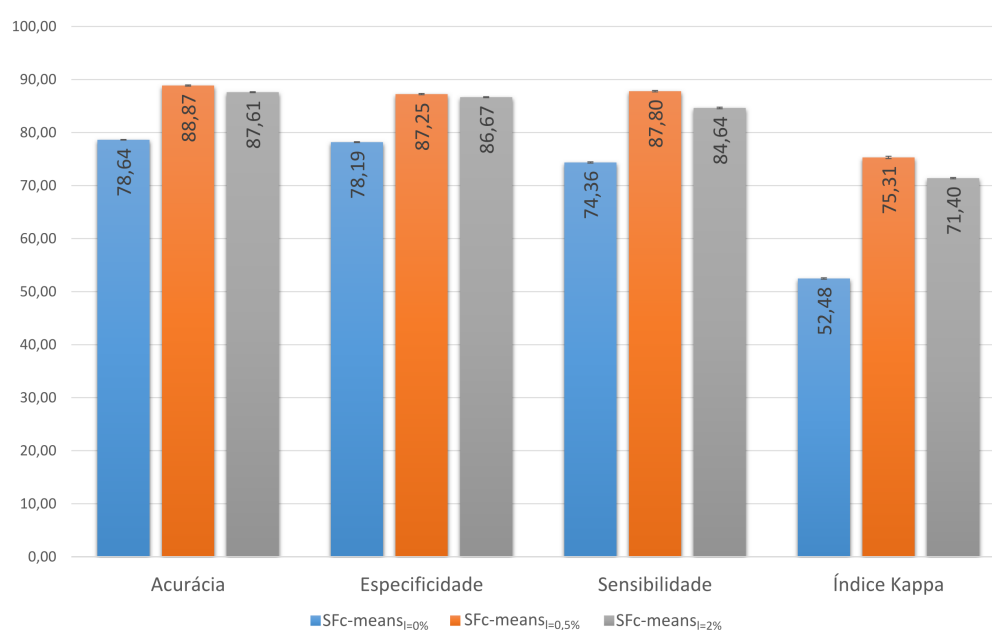


Figura 21 – Desempenho dos algoritmos na região de citoplasma na base de colo do útero com seleção de atributos.

5.3 Avaliação do Sistema CAD usando o SFc-means

Inicialmente, foram feitos testes separados por base com a intenção de avaliar os resultados do sistema CAD apresentado. Os valores obtidos por meio da abordagem proposta são exemplificados na [Tabela 3](#).

Como pode ser visto, o E_{ma} e E_{qm} foram maiores na base RIM-ONE r3. Isso aconteceu uma vez que utilizamos os mesmos SE's nas operações morfológicas. Como as

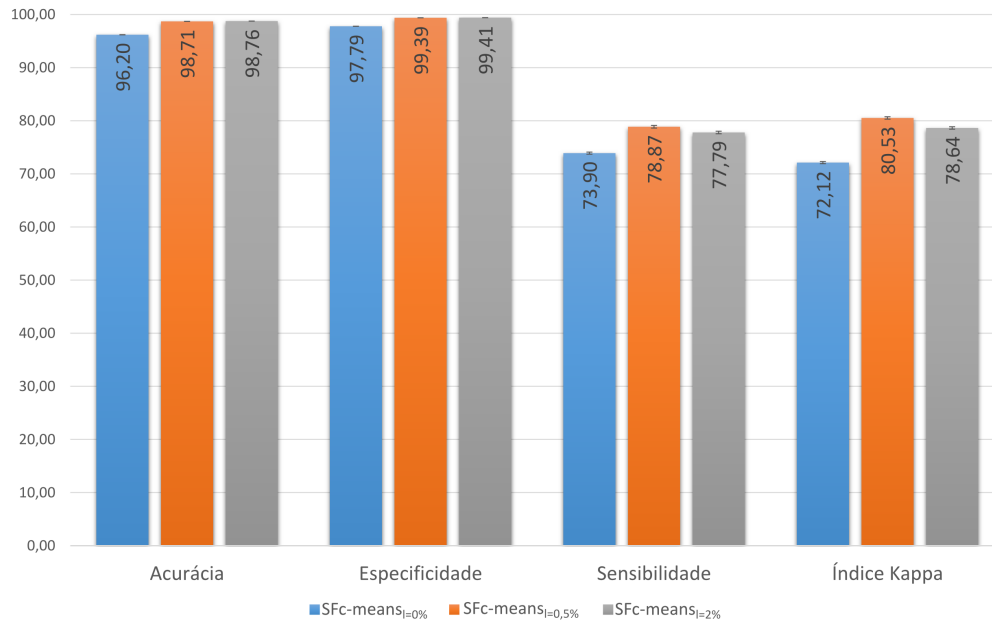


Figura 22 – Desempenho dos algoritmos na região de escavação nas bases de glaucoma com seleção de atributos.

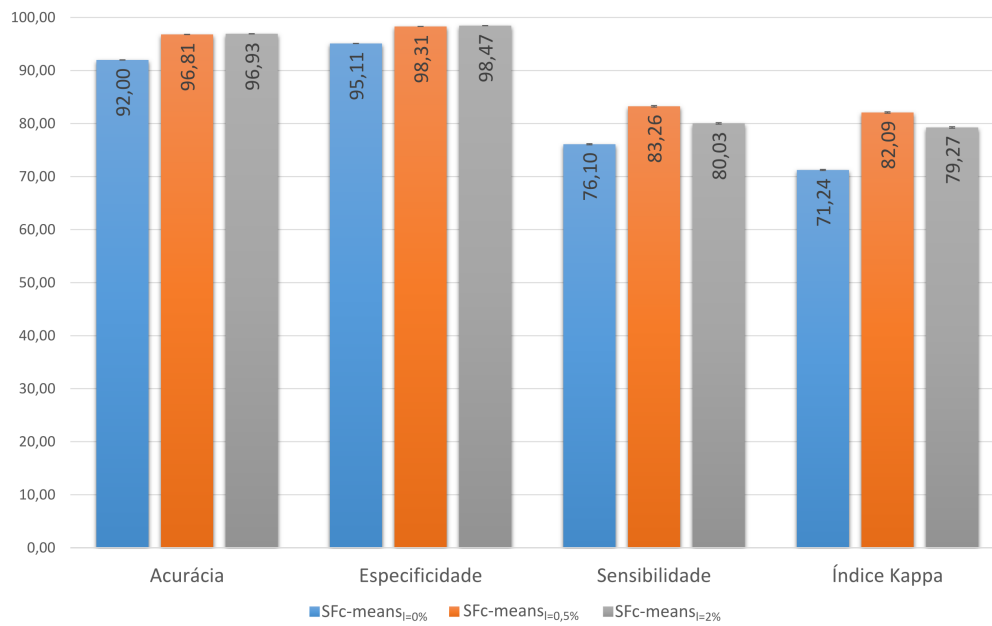


Figura 23 – Desempenho dos algoritmos na região de disco óptico nas bases de glaucoma com seleção de atributos.

Tabela 3 – Erro Médio Absoluto (E_{ma}), Erro Quadrático Médio (E_{qm}) e variâncias do método proposto.

	E_{ma}	$\sigma_{E_{ma}}$	E_{qm}	$\sigma_{E_{qm}}$
DRISHTI-GS	0,0371	0,0321	0,0024	0,0050
RIM-ONE r3	0,0813	0,0708	0,0117	0,0215

imagens da RIM-ONE r3 tem dimensões menores (500×500 pixels, contra 541×541 da base DRISHTI-GS), os elementos estruturantes utilizados fizeram com que as regiões crescessem de uma forma desproporcional na base com menores dimensões. Essa desproporcionalidade afetou diretamente o cálculo do CDR.

Apesar das diferenças nos tamanhos das imagens, os erros calculados ficaram parecidos. Esse fato indica que a abordagem funciona de maneira efetiva, mesmo para imagens distintas.

Foram obtidos resultados compatíveis com alguns trabalhos presentes na literatura. Para fins de comparação, a [Tabela 4](#) ilustra os resultados obtidos pela abordagem proposta em comparação com outras. Três dos métodos listados obtiveram um E_{ma} menor do que nossa proposta e dois deles obtiveram um E_{qm} menor. Contudo é importante observar que o método proposto foi avaliado em mais imagens (209 contra 44, 26 e 150). Além disso, utilizamos duas bases públicas, o que acarreta em um maior grau de heterogeneidade entre as imagens e demonstra que a abordagem proposta é mais confiável.

Tabela 4 – Erro Médio Absoluto e Erro Quadrático Médio da abordagem proposta comparada com alguns resultados da literatura.

	Número de Imagens	E_{ma}	E_{qm}
Joshi et al. (2010)	170	0,1000	-
Jiang et al. (2012)	2616	0,2100	0,0700
Anusorn et al. (2013)	44	0,0610	-
Suryawanshi (2013)	26	0,0670	0,0048
Ayub et al. (2016)	100	-	0,0230
Mittapalli e Kande (2016)	59	0,1300	-
Salam et al. (2016)	150	0,0535	0,0056
Abordagem Proposta	209	0,0707	0,0095

5.4 Considerações Finais

Este capítulo apresentou os experimentos dos algoritmos *Seeded C-means*, *Constrained C-means* e *Bouchachia C-means*, comparando-os com o $SF_c\text{-means}_{l=0\%}$, $SF_c\text{-means}_{l=0,5\%}$ e $SF_c\text{-means}_{l=2\%}$. Além do mais, foi realizado um teste com seleção de atributos e também a exposição de uma avaliação do algoritmo proposto em um sistema de diagnóstico. Em quase todos os testes o algoritmo apresentado se mostrou mais eficaz que seus concorrentes.

6 Conclusões

A etapa de segmentação é um passo muito importante para o diagnóstico de exames com imagens. Nesse trabalho foi apresentado um algoritmo semissupervisionado que pode ser utilizado na segmentação dessas imagens.

A estratégia de solução proposta necessita de alguns exemplos dos *pixels* de cada região a ser segmentada na imagem. A partir de poucos exemplos rotulados foi aplicado o algoritmo de agrupamento semissupervisionado proposto, que é baseado no *Fuzzy C-means*. Esse algoritmo agrupa os *pixels* da imagem visando segmentar as regiões presentes.

Como foi visto, há um alto grau de acerto dentre os *pixels* rotulados e valores de índice Kappa, em sua maioria, foram tidos com “Excelentes”. Além disso, o *SFc-means* obteve resultados superiores em quase todas as taxas de desempenho quando comparado aos outros algoritmos semissupervisionados analisados.

Foi realizado também um teste de seleção de atributos relevantes com a intenção de encontrar um conjunto de características que melhor descreve as imagens das doenças estudadas. Para cada patologia foi identificada além dos atributos a versão do *SFc-means* a ser utilizada.

Após a realização destes testes, o algoritmo proposto se mostrou confiável também em um sistema CAD quando comparado com outros métodos. Com o uso da razão escavação/disco (CDR), que é um importante indicador do risco da presença de glaucoma em um indivíduo, foi apresentado um método que visa reduzir o esforço necessário para que o oftalmologista detecte essas regiões e faça o cálculo do CDR em imagens de retina.

Com a intenção de analisar melhor os resultados do algoritmo proposto, pretende-se ampliar os testes para outras bases com outros tipos de doenças e comparar com mais algoritmos de agrupamento semissupervisionados. Além disso, pretende-se testar a aplicação do *SFc-means* no aumento da quantidade de dados rotulados na fase de treinamento de um classificador.

Referências

- AIROUCHE, M.; BENTABET, L.; ZELMAT, M. Image segmentation using active contour model and level set method applied to detect oil spills. In: LECTURE NOTES IN ENGINEERING AND COMPUTER SCIENCE. *World Congress on Engineering*. [S.l.], 2009. v. 1. Citado na página 21.
- ANUSORN, C. B. et al. Image processing techniques for glaucoma detection using the cup-to-disc ratio. *Thammasat International Journal of Science and Technology*, v. 18, n. 1, p. 22–34, 2013. Citado na página 31.
- AYUB, J. et al. Glaucoma detection through optic disc and cup segmentation using k-mean clustering. In: IEEE. *International Conference on Computing, Electronic and Electrical Engineering*. [S.l.], 2016. p. 143–147. Citado 2 vezes nas páginas 5 e 31.
- BASU, S.; BARNEJEE, A.; MOONEY, R. Semi-supervised clustering by seeding. In: *International Conference on Machine Learning*. Australia: [s.n.], 2002. p. 19–26. Citado 2 vezes nas páginas 6 e 7.
- BECHAR, M. E. A. et al. Semi-supervised superpixel classification for medical images segmentation: application to detection of glaucoma disease. *Multidimensional Systems and Signal Processing*, Springer, p. 1–20, 2017. Citado 2 vezes nas páginas 6 e 7.
- BEZDEK, J. C.; EHRLICH, R.; FULL, W. Fcm: The fuzzy c-means clustering algorithm. *Computers & Geosciences*, Elsevier, v. 10, n. 2-3, p. 191–203, 1984. Citado na página 17.
- BOUCHACHIA, A.; PEDRYCZ, W. Data clustering with partial supervision. *Data Mining and Knowledge Discovery*, Springer, v. 12, n. 1, p. 47–78, 2006. Citado 2 vezes nas páginas 7 e 12.
- BRUCE, R. A bayesian approach to semi-supervised learning. In: *Natural Language Processing Pacific Rim Symposium*. [S.l.: s.n.], 2001. p. 57–64. Citado na página 6.
- CHEN, H.; LEI, X.; YAO, D. An improved ordered subsets expectation maximization positron emission computerized tomography reconstruction. *Computers in biology and medicine*, Elsevier, v. 37, n. 12, p. 1780–1785, 2007. Citado na página 6.
- CHIMIESKI, B. F.; FAGUNDES, R. D. R. Association and classification data mining algorithms comparison over medical datasets. *Journal of health informatics*, v. 5, n. 2, p. 44–51, 2013. Citado na página 14.
- DIEPGEN, T. L.; YIHUNE, G.; AL. et. *Dermatology Information System*. 2003. <<http://www.dermis.net/dermisroot/en/home/index.htm>>. Acessado em: março de 2018. Citado na página 10.
- GHARIEB, R.; GENDY, G.; SELIM, H. Fuzzy c-means algorithm incorporating local data and membership information for noisy medical image segmentation. In: *International Conference on Electronics, Circuits, and Systems*. [S.l.]: IEEE, 2015. p. 209–212. Citado na página 6.

GUAN, T.; ZHOU, D.; LIU, Y. Accurate segmentation of partially overlapping cervical cells based on dynamic sparse contour searching and gvf snake model. *Journal of Biomedical and Health Informatics*, IEEE, v. 19, n. 4, p. 1494–1504, 2015. Citado na página 5.

JANTZEN, J. et al. Pap-smear benchmark data for pattern classification. *Nature inspired Smart Information Systems*, p. 1–9, 2005. Citado na página 11.

JIANG, L. et al. Aglaia: A-levelset based automatic cup-to-disc ratio measurement for glaucoma diagnosis from fundus image. *Investigative Ophthalmology & Visual Science*, The Association for Research in Vision and Ophthalmology, v. 53, n. 14, p. 647–647, 2012. Citado na página 31.

JOSHI, G. D. et al. Optic disk and cup boundary detection using regional information. In: IEEE. *International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro*. [S.l.], 2010. p. 948–951. Citado na página 31.

KALYANI, C.; SWAMY, M. Segmentation of rectum from ct images using k-means clustering for the ebtr of prostate cancer. In: IEEE. *International Conference on Electrical, Electronics, Communication, Computer and Optimization Techniques*. [S.l.], 2016. p. 34–39. Citado na página 6.

KAREGOWDA, A. G.; MANJUNATH, A.; JAYARAM, M. Comparative study of attribute selection using gain ratio and correlation based feature selection. *International Journal of Information Technology and Knowledge Management*, v. 2, n. 2, p. 271–277, 2010. Citado na página 13.

KASHIHARA, K. Automatic design of a novel image filter based on the ga-em algorithm for vein shapes. In: IEEE. *International Conference on Systems, Man, and Cybernetics*. [S.l.], 2013. p. 3897–3902. Citado na página 6.

KHALIFA, F. et al. A generalized mri-based cad system for functional assessment of renal transplant. In: IEEE. *International Symposium on Biomedical Imaging*. [S.l.], 2017. p. 758–761. Citado na página 1.

LABATI, R. D.; PIURI, V.; SCOTTI, F. All-idb: The acute lymphoblastic leukemia image database for image processing. *International Conference on Image Processing*, p. 2045–2048, 2011. Citado na página 9.

LAI, H. P. et al. A new interactive semi-supervised clustering model for large image database indexing. *Pattern Recognition Letters*, Elsevier, v. 37, p. 94–106, 2014. Citado na página 6.

MARAZIOTIS, I. A. A semi-supervised fuzzy clustering algorithm applied to gene expression data. *Pattern Recognition*, Elsevier, v. 45, n. 1, p. 637–648, 2012. Citado 2 vezes nas páginas 6 e 7.

MENDONÇA, T. et al. Ph 2-a dermoscopic image database for research and benchmarking. In: *Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*. [S.l.: s.n.], 2013. p. 5437–5440. Citado na página 10.

MITTAPALLI, P. S.; KANDE, G. B. Segmentation of optic disk and optic cup from digital fundus images for the assessment of glaucoma. *Biomedical Signal Processing and Control*, Elsevier, v. 24, p. 34–46, 2016. Citado 3 vezes nas páginas 6, 21 e 31.

MOHAMED, M.; FAR, B.; GUAILY, A. An efficient technique for white blood cells nuclei automatic segmentation. *International Conference on Systems, Man, and Cybernetics*, p. 220 – 225, 2012. Citado na página 10.

NEVES, R. d. C. D. d. *Pré-processamento no processo de descoberta de conhecimento em banco de dados*. 2003. Citado na página 13.

NOROUZI, A. et al. Medical image segmentation methods, algorithms, and applications. *IETE Technical Review*, Taylor & Francis, v. 31, n. 3, p. 199–213, 2014. Citado 2 vezes nas páginas 1 e 5.

PENA-BETANCOR, C. et al. Estimation of the relative amount of hemoglobin in the cup and neuroretinal rim using stereoscopic color fundus images. *Investigate Ophthalmology & Visual Science*, v. 56, n. 3, p. 1562–1568, 2015. Citado na página 12.

POWERS, D. Evaluation: from precision, recall and f-factor to roc, informedness, markedness & correlation (technical report). *Adelaide, Australia*, 2007. Citado na página 15.

ROOPA, H.; ASHA, T. Segmentation of x-ray image using city block distance measure. In: IEEE. *International Conference on Control, Instrumentation, Communication and Computational Technologies*. [S.l.], 2016. p. 186–189. Citado na página 6.

ROSENFELD, G. H.; FITZPATRICK-LINS, K. A coefficient of agreement as a measure of thematic classification accuracy. *Photogrammetric engineering and remote sensing*, v. 52, n. 2, p. 223–227, 1986. Citado na página 15.

SAINI, H.; SAHNI, V. Region growing segmentation using de-noising algorithm for medical ultrasound images. In: IEEE. *International Conference on Computational Intelligence & Communication Technology*. [S.l.], 2017. p. 1–5. Citado na página 5.

SALAM, A. A. et al. Automated detection of glaucoma using structural and non structural features. *SpringerPlus*, Springer, v. 5, n. 1, p. 1519, 2016. Citado na página 31.

SANTIAGO, C.; NASCIMENTO, J. C.; MARQUES, J. S. 2d segmentation using a robust active shape model with the em algorithm. *Transactions on Image Processing, IEEE*, v. 24, n. 8, p. 2592–2601, 2015. Citado na página 6.

SARTI, A. et al. Maximum likelihood segmentation of ultrasound images with rayleigh distribution. *Transactions on Ultrasonics, Ferroelectrics, and Frequency Control, IEEE*, v. 52, n. 6, p. 947–960, 2005. Citado na página 5.

SIVASWAMY, J. et al. Drishti-gs: Retinal image dataset for optic nerve head (onh) segmentation. In: IEEE. *International Symposium on Biomedical Imaging*. [S.l.], 2014. p. 53–56. Citado na página 11.

SOILLE, P. *Morphological Image Analysis: Principles and Applications*. 2. ed. Secaucus, NJ, EUA: Springer-Verlag Nova York, Inc., 2003. ISBN 3540429883. Citado na página 21.

SONKA, M.; FITZPATRICK, J. M. Handbook of medical imaging. In: THE INTERNATIONAL SOCIETY FOR OPTICAL ENGINEERING. *Medical image processing and analysis*. [S.l.], 2000. v. 2. Citado na página 1.

- SURLAKAR, P.; ARAUJO, S.; SUNDARAM, K. M. Comparative analysis of k-means and k-nearest neighbor image segmentation techniques. In: IEEE. *International Conference on Advanced Computing*. [S.l.], 2016. p. 96–100. Citado na página 5.
- SURYAWANSHI, M. P. K. An approach to glaucoma using image segmentation techniques. *International journal of engineering sciences & research technology*, Citeseer, v. 2, n. 9, p. 2388–2392, 2013. Citado na página 31.
- VAPNIK, V. *Statistical learning theory*. [S.l.]: Wiley, New York, 1998. Citado na página 12.
- VISWANATHAN, P. Fuzzy c means detection of leukemia based on morphological contour segmentation. *Procedia Computer Science*, Elsevier, v. 58, p. 84–90, 2015. Citado na página 6.
- VOGADO, L. H. S. et al. Unsupervised leukemia cells segmentation based on multi-space color channels. In: IEEE. *International Symposium on Multimedia*. [S.l.], 2016. p. 451–456. Citado na página 5.
- WAGSTAFF, K. et al. Constrained k-means clustering with background knowledge. In: *International Conference on Machine Learning*. [S.l.: s.n.], 2001. v. 18, p. 577–584. Citado 2 vezes nas páginas 7 e 12.
- YADAV, A. K. et al. Thresholding and morphological based segmentation techniques for medical images. In: IEEE. *International Conference on Recent Advances and Innovations in Engineering*. [S.l.], 2016. p. 1–5. Citado na página 5.
- ZANA, F.; MEUNIER, I.; KLEIN, J. C. A region merging algorithm using mathematical morphology: application to macula detection. In: *International Symposium on Mathematical Morphology*. [S.l.: s.n.], 1998. p. 423–430. Citado na página 21.
- ZHOU, H. et al. Anisotropic mean shift based fuzzy c-means segmentation of dermoscopy images. *Journal of Selected Topics in Signal Processing*, IEEE, v. 3, n. 1, p. 26–34, 2009. Citado na página 6.
- ZHU, X. Semi-supervised learning literature survey. In: . [S.l.]: Citeseer, 2005. p. 3,20,23. Citado na página 6.

Apêndices

APÊNDICE A – Taxas estatísticas calculadas

Além de Acurácia (A), Especificidade (E), Sensibilidade (S) e índice Kappa (K), são calculadas as métricas *Jaccard Index* (J), Precisão (P) e *F-Score* (FS). As Equações de A.1 a A.3 representam essas taxas.

A taxa *Jaccard Index* é a interseção da região segmentada com a real, mostrando a proporção de predições corretas para a classe analisada,

$$Jaccard\ Index = \frac{VP}{VP + FP + FN}. \quad (A.1)$$

Precisão é a taxa com que todos os exemplos classificados como positivo são realmente positivos,

$$Precisão = \frac{VP}{VP + FP}. \quad (A.2)$$

F-Score é a média ponderada da Precisão e Sensibilidade,

$$F - Score = 2 * \frac{Precisão * Sensibilidade}{Precisão + Sensibilidade}. \quad (A.3)$$

APÊNDICE B – Tabelas de resultados sem seleção de atributos

Na [Tabela 5](#) são apresentados os resultados obtidos pelo algoritmo proposto nas bases de leucemia. O *SFc-means_{l=2}* chegou a atingir mais de 99% nas taxas de Acurácia (A), Especificidade (E), Sensibilidade (S), *F-Score* (FS) e índice Kappa (K), o que mostra que o algoritmo utilizado possui uma excelente taxa de acerto ao predizer se um dado *pixel* pertence ou não a cada região. Outro motivo que reforça a afirmação anterior é o fato da abordagem atingir, como menores taxas, um *Jaccard Index* (J) de 98,68% e uma Precisão (P) de 99,23% e mesmo assim ser superior em até mais de 20% quando comparado aos outros algoritmos.

Tabela 5 – Desempenho dos algoritmos nas bases de leucemia.

Algoritmo	A (%)	J (%)	E (%)	S (%)	P (%)	FS (%)	K
ALL-IDB 2							
SC-means	96,49	83,02	96,03	99,74	83,23	89,47	87,96
CC-means	96,49	83,02	96,03	99,74	83,23	89,47	87,96
BC-means	85,65	74,32	85,28	85,10	83,30	83,96	69,32
SF-cmeans _{l=0}	99,14	92,79	99,42	96,58	95,81	96,18	95,67
SF-cmeans _{l=0.5}	99,64	96,63	99,70	98,76	97,80	98,26	98,04
SF-cmeans _{l=2}	99,86	98,52	99,87	99,43	99,08	99,21	99,13
BloodSeg							
SC-means	98,53	74,14	98,49	99,74	74,35	84,35	83,75
CC-means	98,52	74,14	98,49	99,74	74,35	84,34	83,74
BC-means	96,68	93,53	96,58	96,62	96,66	96,64	93,27
SF-cmeans _{l=0}	99,64	90,19	99,80	95,31	94,26	94,77	94,58
SF-cmeans _{l=0.5}	99,96	98,55	99,97	99,67	98,86	99,26	99,24
SF-cmeans _{l=2}	99,99	98,79	99,99	99,42	99,34	99,38	99,37
ALL-IDB 2 + BloodSeg							
SC-means	97,70 (±0,00)	77,73 (±0,00)	97,49 (±0,00)	99,74 (±0,00)	77,95 (±0,00)	86,42 (±0,00)	85,46 (±0,00)
CC-means	97,70 (±0,00)	77,73 (±0,00)	97,49 (±0,00)	99,74 (±0,00)	77,95 (±0,00)	86,42 (±0,00)	85,45 (±0,00)
BC-means	92,21	85,74	92,00	91,95	91,25	91,50	83,56
SF-cmeans _{l=0}	99,44 (±0,00)	91,25 (±0,03)	99,64 (±0,01)	95,83 (±0,03)	94,89 (±0,05)	95,34 (±0,02)	95,02 (±0,02)
SF-cmeans _{l=0.5}	99,83 (±0,01)	97,77 (±0,08)	99,86 (±0,01)	99,30 (±0,02)	98,43 (±0,06)	98,86 (±0,04)	98,76 (±0,05)
SF-cmeans _{l=2}	99,94 (±0,00)	98,68 (±0,06)	99,94 (±0,00)	99,43 (±0,06)	99,23 (±0,03)	99,31 (±0,05)	99,27 (±0,05)

Na [Tabela 6](#) são exibidos os desempenhos das bases de lesão de pele, em que os índices de Acurácia e Especificidade do *SF-c-means* na base PH² ficaram quase todos acima de 99%. Ainda na mesma base as taxas de Sensibilidade, Precisão e *F-Score* alcançaram de 92% a 99% e o *Jaccard Index*, que atingiu o menor valor, ainda se sobressai de forma significativa, com cerca de 46% de diferença do *SF-c-means*_{*l*=2} para o SC-means e CC-means.

Entretanto, na base DermIS, o algoritmo proposto atingiu taxas menores, mas mesmo assim ainda foi superior, exceto no *Jaccard Index* e na Sensibilidade. O *SF-c-means* obteve uma diferença de até 47% da suas taxas em relação aos concorrentes. Isso mostra que a proposta novamente foi superior aos outros algoritmos, mesmo nos casos em que havia uma maior dificuldade de agrupamento devido às características da base.

Tabela 6 – Desempenho dos algoritmos nas bases de melanoma.

Algoritmo	A (%)	J (%)	E (%)	S (%)	P (%)	FS (%)	K
PH ²							
SC-means	85,21	49,81	87,96	70,90	59,47	63,46	53,01
CC-means	85,21	49,81	87,96	70,91	59,47	63,47	53,01
BC-means	67,83	54,57	66,62	66,95	67,47	67,04	34,35
SF-cmeans _{<i>l</i>=0}	96,87	86,25	97,58	92,34	92,36	92,34	89,94
SF-cmeans _{<i>l</i>=0.5}	99,21	95,42	99,46	97,12	98,09	97,58	96,98
SF-cmeans _{<i>l</i>=2}	99,70	96,52	99,80	97,26	99,04	98,04	97,81
DermIs							
SC-means	78,42	40,64	78,76	85,76	46,79	49,43	44,08
CC-means	78,35	40,50	78,68	85,87	46,52	49,27	43,91
BC-means	90,94	83,86	90,64	90,37	90,76	90,53	81,21
SF-cmeans _{<i>l</i>=0}	97,07	71,38	98,23	80,57	83,24	81,79	80,25
SF-cmeans _{<i>l</i>=0.5}	98,71	78,16	99,33	80,32	93,18	84,50	83,93
SF-cmeans _{<i>l</i>=2}	99,10	68,39	99,86	70,30	90,43	75,93	75,66
PH ² + DermIs							
SC-means	81,34 (±0,05)	44,57 (±0,18)	82,73 (±0,05)	79,33 (±0,09)	52,18 (±0,18)	55,48 (±0,21)	47,89 (±0,21)
CC-means	81,34 (±0,05)	44,57 (±0,18)	82,73 (±0,05)	79,33 (±0,09)	52,18 (±0,18)	55,48 (±0,21)	47,89 (±0,21)
BC-means	79,56	69,43	78,81	78,83	79,29	78,96	58,13
SF-cmeans _{<i>l</i>=0}	96,98 (±0,01)	77,88 (±0,06)	97,94 (±0,01)	85,72 (±0,12)	87,23 (±0,12)	86,40 (±0,03)	84,48 (±0,04)
SF-cmeans _{<i>l</i>=0.5}	98,93 (±0,00)	85,71 (±0,30)	99,39 (±0,01)	87,66 (±0,33)	95,32 (±0,11)	90,22 (±0,28)	89,64 (±0,27)
SF-cmeans _{<i>l</i>=2}	99,36 (±0,00)	80,68 (±0,19)	99,84 (±0,00)	82,09 (±0,18)	94,20 (±0,27)	85,60 (±0,18)	85,34 (±0,18)

Na Tabela 7 são mostrados os resultados obtidos nas bases de câncer de colo do útero. A tabela foi dividida em núcleo (N) e citoplasma (C), regiões que unidas ao fundo, têm a sua segmentação necessária para o diagnóstico da doença. A maior taxa obtida pelo *SF-c-means* foi uma Especificidade de 97,76% do núcleo.

Apesar da dificuldade de segmentar três regiões aos invés de duas, o algoritmo proposto obteve resultados superiores aos outros algoritmos em quase todos os momentos. A menor diferença foi de 17% para a Acurácia do citoplasma e a maior foi de 72% no *Jaccard Index* do núcleo.

Tabela 7 – Desempenho dos algoritmos na base de colo do útero.

Região	Algoritmo	A (%)	J (%)	E (%)	S (%)	P (%)	FS (%)	K
Herlev								
N	SC-means	74,84 (±0,00)	50,49 (±0,00)	68,80 (±0,01)	99,23 (±0,00)	50,86 (±0,00)	59,00 (±0,00)	50,20 (±0,00)
	CC-means	74,84 (±0,00)	50,49 (±0,00)	68,80 (±0,01)	99,23 (±0,00)	50,86 (±0,00)	59,00 (±0,00)	50,20 (±0,00)
	BC-means	61,46	14,00	69,95	30,77	23,17	23,13	0,86
	SF-cmeans _{l=0}	94,30 (±0,05)	76,98 (±0,17)	95,53 (±0,02)	86,53 (±0,28)	85,64 (±0,01)	85,94 (±0,14)	81,69 (±0,17)
	SF-cmeans _{l=0.5}	97,04 (±0,02)	86,21 (±0,19)	97,76 (±0,04)	92,08 (±0,33)	91,60 (±0,11)	91,57 (±0,18)	89,45 (±0,16)
	SF-cmeans _{l=2}	96,01 (±0,05)	86,35 (±0,10)	96,08 (±0,01)	93,04 (±0,10)	91,47 (±0,01)	91,97 (±0,07)	88,72 (±0,05)
C	SC-means	61,68 (±0,00)	44,42 (±0,00)	55,16 (±0,00)	67,72 (±0,01)	55,25 (±0,00)	58,99 (±0,00)	21,98 (±0,01)
	CC-means	61,68 (±0,00)	44,42 (±0,00)	55,16 (±0,00)	67,72 (±0,01)	55,25 (±0,00)	58,99 (±0,00)	21,98 (±0,01)
	BC-means	51,57	26,72	61,32	39,07	47,35	41,61	0,30
	SF-cmeans _{l=0}	78,64 (±0,05)	60,03 (±0,04)	78,19 (±0,14)	74,36 (±0,06)	73,96 (±0,13)	74,06 (±0,04)	52,48 (±0,11)
	SF-cmeans _{l=0.5}	88,87 (±0,08)	79,69 (±0,20)	87,25 (±0,05)	87,80 (±0,14)	86,85 (±0,11)	87,27 (±0,13)	75,31 (±0,18)
	SF-cmeans _{l=2}	87,61 (±0,03)	72,88 (±0,04)	86,67 (±0,03)	84,64 (±0,03)	81,36 (±0,09)	82,79 (±0,04)	71,40 (±0,03)

Já na [Tabela 8](#) estão expostos os resultados obtidos nas bases de glaucoma. A tabela foi dividida em escavação (ES) e disco óptico (DO), que assim como o câncer de colo do útero necessita de três regiões para o diagnóstico da doença. Nos resultados obtidos apenas a Especificidade da escavação atingiu mais de 99%.

Porém, índices como Acurácia, *Jaccard Index*, Sensibilidade, Precisão e *F-Score* se mantiveram de aproximadamente 10% a 64% de diferença entre o algoritmo proposto e os outros analisados. Essa disparidade se deve ao grau de certeza atribuído ao *SF-c-means*, que mesmo em condições mais complicadas conseguiu que sua segmentação se sobressaísse perante aos demais algoritmos.

Tabela 8 – Desempenho dos algoritmos nas bases de glaucoma.

Região	Algoritmo	A (%)	J (%)	E (%)	S (%)	P (%)	FS (%)	K
DRISHTI-GS								
ES	SC-means	87,29	53,97	91,85	74,13	72,60	68,75	61,43
	CC-means	87,43	53,93	92,07	73,41	72,72	68,71	61,40
	BC-means	62,13	21,73	70,53	29,79	34,45	30,97	7,54
	SF-cmeans _{l=0}	95,18	76,74	96,90	86,19	86,36	86,27	83,16
	SF-cmeans _{l=0.5}	98,26	87,48	99,05	91,76	93,65	92,66	91,55
	SF-cmeans _{l=2}	98,21	84,74	99,05	89,83	91,87	90,82	89,70
DO	SC-means	73,09	31,52	76,75	57,62	39,64	44,88	29,93
	CC-means	73,51	32,11	77,05	58,47	40,29	45,61	30,92
	BC-means	56,48	13,51	60,30	38,84	17,66	23,56	0,32
	SF-cmeans _{l=0}	91,75	59,88	94,97	73,93	74,27	74,09	69,03
	SF-cmeans _{l=0.5}	96,80	70,31	98,27	80,38	82,45	81,33	79,52
	SF-cmeans _{l=2}	96,78	64,20	98,25	76,29	77,27	76,71	74,93
RIM-ONE r3								
ES	SC-means	82,21	28,93	82,43	81,18	32,39	41,02	35,87
	CC-means	82,04	28,92	82,27	80,89	32,38	41,01	35,85
	BC-means	67,14	8,58	70,15	26,49	11,56	14,25	4,26
	SF-cmeans _{l=0}	96,85	53,78	98,36	66,14	67,77	66,87	65,16
	SF-cmeans _{l=0.5}	98,98	64,88	99,60	70,57	79,11	74,00	73,47
	SF-cmeans _{l=2}	99,12	62,79	99,64	70,38	75,41	72,52	72,06
DO	SC-means	65,87	23,19	70,84	43,98	30,63	34,38	14,90
	CC-means	66,15	23,44	71,12	44,28	30,82	34,68	15,31
	BC-means	53,93	13,69	57,11	40,07	17,59	23,92	-1,70
	SF-cmeans _{l=0}	92,15	64,25	95,19	77,41	77,63	77,47	72,61
	SF-cmeans _{l=0.5}	96,81	76,35	98,33	85,07	86,25	85,54	83,71
	SF-cmeans _{l=2}	97,02	73,17	98,61	82,08	85,23	83,50	81,83

Região	Algoritmo	A (%)	J (%)	E (%)	S (%)	P (%)	FS (%)	K
DRISHTI-GS + RIM-ONE r3								
ES	SC-means	84,14 (±0,04)	38,64 (±0,01)	86,07 (±0,04)	77,98 (±0,25)	48,05 (±0,02)	51,77 (±0,02)	45,78 (±0,01)
	CC-means	84,14 (±0,04)	38,64 (±0,01)	86,07 (±0,04)	77,98 (±0,25)	48,05 (±0,02)	51,77 (±0,02)	45,78 (±0,01)
	BC-means	65,20	13,69	70,30	27,77	20,45	20,74	5,54
	SF-cmeans _{l=0}	96,21 (±0,02)	62,70 (±0,09)	97,79 (±0,01)	73,93 (±0,08)	75,00 (±0,11)	74,41 (±0,07)	72,15 (±0,07)
	SF-cmeans _{l=0.5}	98,70 (±0,01)	73,66 (±0,05)	99,39 (±0,01)	78,80 (±0,06)	84,76 (±0,16)	81,25 (±0,06)	80,49 (±0,06)
	SF-cmeans _{l=2}	98,76 (±0,01)	71,32 (±0,06)	99,41 (±0,01)	77,94 (±0,22)	81,80 (±0,17)	79,63 (±0,07)	78,91 (±0,07)
	SC-means	69,01 (±0,14)	26,81 (±0,27)	73,42 (±0,09)	49,79 (±0,31)	34,50 (±0,22)	38,92 (±0,29)	21,37 (±0,35)
DO	CC-means	69,01 (±0,14)	26,81 (±0,27)	73,42 (±0,09)	49,79 (±0,31)	34,50 (±0,22)	38,92 (±0,29)	21,37 (±0,35)
	BC-means	54,92	13,62	58,35	39,59	17,62	23,78	-1,16
	SF-cmeans _{l=0}	91,99 (±0,02)	62,55 (±0,10)	95,10 (±0,01)	76,06 (±0,13)	76,33 (±0,04)	76,16 (±0,07)	71,22 (±0,09)
	SF-cmeans _{l=0.5}	96,80 (±0,00)	74,00 (±0,03)	98,30 (±0,01)	83,25 (±0,04)	84,78 (±0,04)	83,91 (±0,02)	82,08 (±0,02)
	SF-cmeans _{l=2}	96,93 (±0,02)	69,69 (±0,05)	98,47 (±0,01)	79,83 (±0,07)	82,14 (±0,05)	80,86 (±0,04)	79,15 (±0,03)

APÊNDICE C – Tabelas de resultados com seleção de atributos

Na [Tabela 9](#) são apresentados os resultados referentes às bases de leucemia com seleção de atributos. O $SF_c\text{-means}_{l=0}$ teve na maioria das taxas um desempenho pior que na etapa anterior. Já o $SF_c\text{-means}_{l=0,5}$ e o $SF_c\text{-means}_{l=2}$ a maioria das métricas obtiveram resultados melhores comparados a etapa sem seleção, mesmo assim nenhuma das modificações foi de grande relevância.

Tabela 9 – Desempenho dos algoritmos nas bases de leucemia com seleção de atributos.

Algoritmo	A (%)	J (%)	E (%)	S (%)	P (%)	FS (%)	K
ALL-IDB 2							
SF-cmeans _{l=0}	99,13	92,69	99,42	96,48	95,82	96,12	95,60
SF-cmeans _{l=0,5}	99,64	96,73	99,71	98,73	97,92	98,31	98,10
SF-cmeans _{l=2}	99,87	98,59	99,87	99,50	99,07	99,26	99,18
BloodSeg							
SF-cmeans _{l=0}	99,64	90,17	99,79	95,36	94,20	94,76	94,57
SF-cmeans _{l=0,5}	99,96	98,58	99,97	99,68	98,90	99,28	99,26
SF-cmeans _{l=2}	99,99	98,83	99,99	99,45	99,35	99,40	99,39
ALL-IDB 2 + BloodSeg							
SF-cmeans _{l=0}	99,43 (±0,00)	91,19 (±0,07)	99,64 (±0,00)	95,81 (±0,02)	94,86 (±0,06)	95,31 (±0,04)	94,99 (±0,04)
SF-cmeans _{l=0,5}	99,83 (±0,00)	97,83 (±0,06)	99,87 (±0,00)	99,29 (±0,03)	98,50 (±0,03)	98,89 (±0,03)	98,79 (±0,04)
SF-cmeans _{l=2}	99,94 (±0,00)	98,73 (±0,08)	99,94 (±0,00)	99,47 (±0,07)	99,24 (±0,02)	99,34 (±0,05)	99,31 (±0,05)

Já a [Tabela 10](#) exibe o desempenho das bases de melanoma, em que a maior parte das taxas de $SF\text{-}c\text{-}means_{l=0}$ e $SF\text{-}c\text{-}means_{l=2}$ tiveram uma sequência inferior a fase anterior à triagem. Em oposição à isso, o $SF\text{-}c\text{-}means_{l=0,5}$ apresentou um aumento nessas taxas, no qual apenas a Precisão, $F\text{-}Score$ e índice Kappa expuseram um aumento mais significativo.

Tabela 10 – Desempenho dos algoritmos nas bases de melanoma com seleção de atributos.

Algoritmo	A (%)	J (%)	E (%)	S (%)	P (%)	FS (%)	K
PH ²							
SF-cmeans _{l=0}	96,88	86,35	97,60	92,42	92,43	92,41	90,02
SF-cmeans _{l=0,5}	99,22	95,52	99,47	97,21	98,10	97,63	97,04
SF-cmeans _{l=2}	99,70	96,65	99,80	97,37	99,07	98,13	97,89
DermIs							
SF-cmeans _{l=0}	97,06	69,33	98,31	78,69	81,88	80,12	78,66
SF-cmeans _{l=0,5}	98,59	76,65	99,31	78,80	92,93	83,45	82,88
SF-cmeans _{l=2}	98,90	85,94	99,39	87,87	95,48	90,44	89,86
PH ² + DermIs							
SF-cmeans _{l=0}	96,97 (±0,02)	77,72 (±0,30)	97,96 (±0,02)	85,45 (±0,33)	87,07 (±0,16)	86,18 (±0,26)	84,26 (±0,27)
SF-cmeans _{l=0,5}	98,90 (±0,03)	85,94 (±0,25)	99,39 (±0,01)	87,87 (±0,21)	95,48 (±0,13)	90,44 (±0,24)	89,86 (±0,24)
SF-cmeans _{l=2}	99,34 (±0,02)	78,59 (±0,61)	99,64 (±0,01)	79,41 (±0,63)	96,01 (±0,15)	82,89 (±0,58)	82,62 (±0,58)

A [Tabela 11](#) mostra os resultados da base de colo do útero que não apresentaram nenhum efeito com o uso da seleção de atributos, pois permaneceram com os mesmo valores da fase sem essa escolha.

Tabela 11 – Desempenho dos algoritmos na base de colo do útero com seleção de atributos.

Região	Algoritmo	A (%)	J (%)	E (%)	S (%)	P (%)	FS (%)	K
Herlev								
N	SF-cmeans _{l=0}	94,30 (±0,05)	76,98 (±0,16)	95,53 (±0,05)	86,53 (±0,12)	85,64 (±0,12)	85,94 (±0,12)	81,69 (±0,14)
	SF-cmeans _{l=0.5}	97,04 (±0,04)	86,21 (±0,17)	97,76 (±0,03)	92,08 (±0,12)	91,60 (±0,11)	91,57 (±0,12)	89,45 (±0,14)
	SF-cmeans _{l=2}	96,01 (±0,05)	86,35 (±0,14)	96,08 (±0,05)	93,04 (±0,11)	91,47 (±0,09)	91,97 (±0,10)	88,72 (±0,12)
C	SF-cmeans _{l=0}	78,64 (±0,06)	60,03 (±0,14)	78,19 (±0,09)	74,36 (±0,12)	73,96 (±0,11)	74,06 (±0,11)	52,48 (±0,13)
	SF-cmeans _{l=0.5}	88,87 (±0,11)	79,69 (±0,19)	87,25 (±0,12)	87,80 (±0,13)	86,85 (±0,13)	87,27 (±0,13)	75,31 (±0,22)
	SF-cmeans _{l=2}	87,61 (±0,09)	72,88 (±0,19)	86,67 (±0,09)	84,64 (±0,15)	81,36 (±0,13)	82,79 (±0,14)	71,40 (±0,12)

Na [Tabela 12](#) os algoritmos obtiveram um desempenho inferior na segmentação da escavação, já para a região do disco óptico houve uma melhora. Contudo, nenhuma das mudanças foi significativa.

Tabela 12 – Desempenho dos algoritmos nas bases de glaucoma com seleção de atributos.

Região	Algoritmo	A (%)	J (%)	E (%)	S (%)	P (%)	FS (%)	K
DRISHTI-GS								
ES	SF-cmeans _{l=0}	95,17	76,65	96,89	86,14	86,27	86,20	83,08
	SF-cmeans _{l=0.5}	98,26	87,60	99,04	91,94	93,70	92,78	91,68
	SF-cmeans _{l=2}	98,21	84,87	99,06	89,93	91,93	90,90	89,78
DO	SF-cmeans _{l=0}	91,75	59,87	94,99	73,92	74,26	74,08	69,02
	SF-cmeans _{l=0.5}	96,81	70,38	98,29	80,41	82,48	81,37	79,56
	SF-cmeans _{l=2}	96,77	64,37	98,25	76,43	77,33	76,82	75,03
RIM-ONE r3								
ES	SF-cmeans _{l=0}	96,85	53,76	98,36	66,12	67,80	66,87	65,16
	SF-cmeans _{l=0.5}	98,99	64,82	99,61	70,57	78,90	73,97	73,45
	SF-cmeans _{l=2}	99,11	62,26	99,63	70,08	74,75	72,03	71,57
DO	SF-cmeans _{l=0}	92,15	64,29	95,18	77,48	77,63	77,51	72,65
	SF-cmeans _{l=0.5}	96,81	76,37	98,32	85,06	86,28	85,54	83,71
	SF-cmeans _{l=2}	97,03	73,34	98,60	82,32	85,22	83,63	81,96
DRISHTI-GS + RIM-ONE r3								
ES	SF-cmeans _{l=0}	96,20 (±0,02)	62,65 (±0,22)	97,79 (±0,01)	73,90 (±0,20)	74,97 (±0,20)	74,38 (±0,20)	72,12 (±0,20)
	SF-cmeans _{l=0.5}	98,71 (±0,01)	73,67 (±0,27)	99,39 (±0,01)	78,87 (±0,25)	84,65 (±0,20)	81,28 (±0,23)	80,53 (±0,23)
	SF-cmeans _{l=2}	98,76 (±0,01)	71,04 (±0,27)	99,41 (±0,01)	77,79 (±0,24)	81,42 (±0,21)	79,36 (±0,23)	78,64 (±0,23)
DO	SF-cmeans _{l=0}	92,00 (±0,03)	62,57 (±0,13)	95,11 (±0,02)	76,10 (±0,11)	76,32 (±0,10)	76,17 (±0,10)	71,24 (±0,11)
	SF-cmeans _{l=0.5}	96,81 (±0,02)	74,04 (±0,17)	98,31 (±0,01)	83,26 (±0,14)	84,80 (±0,11)	83,92 (±0,12)	82,09 (±0,13)
	SF-cmeans _{l=2}	96,93 (±0,03)	69,85 (±0,17)	98,47 (±0,01)	80,03 (±0,14)	82,15 (±0,12)	80,98 (±0,13)	79,27 (±0,14)