
ANÁLISE DE COMPONENTES INDEPENDENTES APLICADA À IDENTIFICAÇÃO DE REGIÕES LESIONADAS EM MAMOGRAMAS

L. Leite*, E. A. B. da Silva* e W. C. A. Pereira**

* COPPE/Departamento de Engenharia Elétrica, Rio de Janeiro, Brasil

** COPPE /Departamento de Engenharia Biomédica, Rio de Janeiro, Brasil

e-mail: lleite@lps.ufrj.br, eduardo@lps.ufrj.br, wagner@peb.ufrj.br

Abstract: We propose a new method for discriminating between normal and abnormal tissue on mammograms, based on *Independent Component Analysis* - ICA. A region of interest extracted from the mammogram is described as linear combination of an unknown set of statistically independent source regions. The coefficients of the mixture are the input features that a neural network will use to accuse abnormality. The method has been tested on a set of mammograms from INCa, and recognized correctly 82% regions of interest selected with the aid of a radiologist.

Palavras Chaves: mamografia, redes neurais, componentes independentes, diagnóstico automático, componentes principais

Introdução

No Brasil, o câncer de mama é a maior causa de óbitos por câncer na população feminina. Cerca de 50% dos casos são diagnosticados em estágios já avançados, gerando tratamentos muitas vezes mutilantes, o que causa maior sofrimento à mulher [1]. Assim, grande esforço tem sido feito no sentido de aprimorar técnicas de diagnóstico precoce.

As microcalcificações são depósitos de cálcio que as células tumorais geralmente apresentam, e que podem representar um sinal prematuro de malignidade em lesões da mama em mulheres assintomáticas [2].

Atualmente, a mamografia é a técnica mais barata e eficaz na detecção precoce do câncer de mama. No entanto, a resolução espacial - relação entre o número de *pixels* e a área do tecido analisada - de uma imagem mamográfica é superior à percepção visual humana [3].

Vários estudos revelam que algoritmos automáticos de detecção são capazes de proporcionar um aumento de mais de 20% no total de acertos do radiologista e, com isso, consegue-se minimizar biópsias desnecessárias [4].

Um sistema que diferencie regiões saudáveis e lesionadas em uma mamografia tradicionalmente baseia-se na extração de parâmetros da imagem que sejam capazes de caracterizar a região de interesse selecionada [5].

Neste trabalho, propõe-se um esquema de extração de parâmetros baseado em ICA - *Independent Component Analysis*. A técnica supõe que uma imagem

mamográfica qualquer seja resultado de uma combinação linear de imagens-base, estatisticamente independentes entre si. As imagens-base são extraídas pelo algoritmo a partir de um conjunto de mamogramas selecionados para o treinamento. O vetor de pesos de cada imagem-base na mistura pode, pois, ser um descritor de anormalidade do tecido na região de interesse selecionada [5].

O objetivo do trabalho, portanto, é classificar a região como normal ou lesionada a partir dos coeficientes da mistura extraídos pelo ICA, que são utilizados como parâmetros entrada para uma rede neural com treinamento supervisionado por *backpropagation*. Assim, pode-se aplicar o algoritmo para efetuar uma varredura na imagem e detectar as regiões suspeitas de anormalidade.

Materiais e Métodos

As imagens utilizadas no experimento foram cedidas pelo Instituto Nacional do Câncer (INCa - RJ), e somam um total de 85 mamografias, em projeções crânio-caudal e médio-lateral. As imagens foram digitalizadas por um *scanner* Labscan V4.01 (*Image Scanner*), com resolução de 1200 dpi e 8 bits. Com o auxílio de radiologista experiente, foram selecionadas 410 regiões de interesse de 1200x1200 *pixels*, o que corresponde a regiões de cerca de 6,45 cm² na mamografia original.

O conjunto selecionado abrange:

- 205 regiões saudáveis contendo amostras de parênquima, gordura, músculo peitoral;
- 205 regiões contendo lesões.

As regiões lesionadas podem conter desde calcificações grosseiras e benignas a áreas de densidade assimétrica que mascaram a presença de microcalcificações. Em outros casos, calcificações puntiformes confundem-se com o parênquima. Portanto, características bastante sutis podem revelar a presença de uma lesão, e dificultam a generalização de um algoritmo de detecção de anormalidade no tecido.

A presença de vasos calcificados na imagem não é considerada anormalidade, pois esta é uma característica sem relevância clínica na detecção de tumores da mama e bastante comum, sobretudo em mulheres de idade avançada.

A figura 1 revela seis exemplos de regiões de

interesse (ROIs) selecionadas.

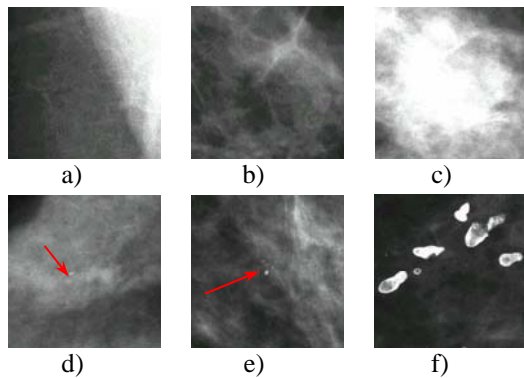


Figura 1: ROIs a) normal contendo parte do músculo peitoral; b) loja de gordura; c) parênquima livre; d) área contendo microcalcificações benignas; e) carcinoma ductal infiltrante; f) calcificações grosseiras

Pré-processamento da imagem

Como a técnica de ICA não exige alta resolução das imagens, as ROIs foram sub-amostradas em 10 vezes por um filtro de média, resultando em áreas de 120 x 120 pixels, o que tornou o processamento mais ágil. As ROI foram normalizadas para apresentarem faixa dinâmica entre 0 e 255 tons de cinza (figura 2).

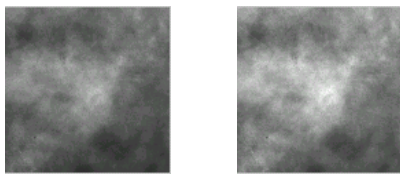


Figura 2: a)ROI b)ROI normalizada

As regiões de interesse originalmente com $P_x \times P_y$ pixels são convertidas em um vetor unidimensional de tamanho $P = P_x \times P_y$. As regiões de interesse são, então, submetidas ao algoritmo de extração de parâmetros por ICA.

Extração de parâmetros por ICA

Um mamograma típico consiste um conjunto de informações heterogêneas de diversas procedências, como diferentes tipos de tecido (vasos, dutos, pele), a película do filme e características do mamógrafo.

O método proposto consiste, então, em aproximar uma região de interesse extraída de um mamograma digitalizado por uma soma ponderada de imagens-base, obtidas a partir de um grupo de imagens selecionadas para o treinamento.

O modelo de mistura adotado é generativo e linear, onde os dados observados x_i são gerados a partir de um processo de combinação linear de variáveis aleatórias latentes s_j , estatisticamente independentes entre si.

$$x_i = a_{i1} \cdot s_1 + a_{i2} \cdot s_2 + \dots + a_{in} s_n, \forall i = 1, \dots, n$$

A figura 3 ilustra o modelo de mistura.

Figura 3: ROI contendo tecido lesionado descrita como uma combinação linear de imagens-base estatisticamente independentes entre si.

No modelo, apenas as variáveis aleatórias x_i são conhecidas, e a partir delas serão estimados os coeficientes da mistura a_{ij} e as componentes independentes s_j . Em notação matricial:

$$\mathbf{X} = \mathbf{A} \cdot \mathbf{S}$$

onde \mathbf{A} é a matriz de mistura $N \times N$, \mathbf{s} é a matriz $N \times P$ de fontes e \mathbf{X} é a matriz $N \times P$ com as imagens conhecidas. Cada linha de \mathbf{X} ou \mathbf{S} corresponde, respectivamente, a uma ROI ou uma imagem-base, convertida em um vetor unidimensional com P pontos. Dessa forma, cada linha da matriz \mathbf{A} corresponde a uma ROI, e cada coluna corresponde a um peso atribuído a uma imagem-base, ou seja, um parâmetro de entrada para a rede neural.

A estimação das componentes independentes foi baseada na maximização da função de verossimilhança. O algoritmo é conhecido como *Bell-Sejnowski* e está descrito em [6].

Da forma como foi proposto, para um conjunto de N ROI, ter-se-ia uma rede neural com N observações e N entradas, representadas, respectivamente pelas N linhas e N colunas de \mathbf{A} . Uma rede treinada dessa forma não apresenta boa convergência, uma vez que a informação discriminatória está muito distribuída nos N parâmetros de entrada.

A fim de reduzir o número de entrada para a rede, o método foi aplicado sobre um subconjunto de K Componentes Principais da matriz de observação \mathbf{X} .

A técnica de redução de dimensionalidade, conhecida como análise de Componentes Principais (PCA – *Principal Component Analysis*), não afeta o desempenho do ICA, uma vez que trata-se apenas de uma transformação linear das imagens de mistura.

Suponha que a matriz de observação \mathbf{X} seja multiplicada por uma matriz ortogonal \mathbf{V} :

$$\mathbf{Z} = \mathbf{V}^T \cdot \mathbf{X} = \mathbf{V}^T \cdot \mathbf{A} \cdot \mathbf{S} = \mathbf{W} \cdot \mathbf{S}$$

$N \times P \quad N \times N \quad N \times P \quad N \times N \quad N \times N \quad N \times P \quad N \times N \quad N \times P$

\mathbf{V} é escolhido tal que as linhas da matriz \mathbf{Z} são ortogonais entre si e estão em ordem crescente de variância. Para tanto, \mathbf{V}^T é a matriz ortogonal com $N \times P$ elementos que diagonaliza a matriz \mathbf{C}_x , que representa a autocovariância das observações de \mathbf{X} . Assim:

$$\mathbf{V}^T \cdot \mathbf{C}_x = \mathbf{\Lambda} \cdot \mathbf{V}^T$$

Assim, \mathbf{V}^T é a matriz cujas linhas correspondem aos autovetores da matriz de \mathbf{C}_x , correspondentes aos autovalores em ordem crescente de variância. A matriz de autocovariância de \mathbf{Z} é, pois, diagonal, ou seja, as linhas de \mathbf{Z} são descorrelacionadas entre si, de forma que:

$$\mathbf{Z} \cdot \mathbf{Z}^T = \mathbf{\Lambda}$$

$\mathbf{\Lambda}$ é uma matriz diagonal [N×N] cujos elementos são os autovalores de \mathbf{C}_x , ou correspondentemente, as variâncias das observações de \mathbf{Z} , em ordem crescente de energia. Se forem utilizadas apenas as K primeiras componentes de maior energia, obtém-se, então, o modelo de mistura para as K componentes principais, aplicados sobre o conjunto de treinamento \mathbf{X}_{trein} :

$$\mathbf{Z}_{trein} = \mathbf{V}^T \cdot \mathbf{X}_{trein} = \mathbf{W}_{trein} \cdot \mathbf{S}_{trein}$$

$K \times P$ $K \times N$ $N \times P$ $K \times K$ $K \times P$

onde $\mathbf{W}_{trein} = \mathbf{V}^T \cdot \mathbf{A}_{trein}$ é a matriz de mistura com K×K elementos, obtida pelo algoritmo de estimação de componentes independentes aplicado sobre a matriz \mathbf{Z}_{trein} com as K componentes principais da matriz de imagens \mathbf{X}_{trein} , $K \leq N$.

A matriz de mistura pode, assim, ser recuperada multiplicando-se \mathbf{V} pela matriz branqueada \mathbf{Z}_{trein} , uma vez que a matriz de projeção \mathbf{V}^T é ortogonal:

$$\begin{aligned} \mathbf{X}_{trein} &\approx \mathbf{V} \cdot \mathbf{Z}_{trein} = \mathbf{V} \cdot \mathbf{W}_{trein} \cdot \mathbf{S}_{trein} = \\ &= \mathbf{V} \cdot \underbrace{\mathbf{V}^T}_{N \times K} \cdot \underbrace{\mathbf{A}_{trein}}_{K \times N} \cdot \mathbf{S}_{trein} = \mathbf{A}_{trein} \cdot \mathbf{S}_{trein} \\ &= \mathbf{I} \end{aligned}$$

Logo, a matriz com pesos para as N ROIs é o produto da transposta da matriz de projeção pela matriz de mistura encontrada pelo algoritmo de separação de fontes.

$$\mathbf{A}_{trein} = \mathbf{V} \cdot \mathbf{W}_{trein}$$

$N \times K$ $N \times K$ $K \times K$

As imagens reservadas para o teste podem ser descritas como uma combinação das fontes encontradas no treinamento, normalizadas para variância unitária:

$$\mathbf{X}_{teste} \approx \mathbf{A}_{teste} \cdot (1/\sqrt{\mathbf{\Lambda}_{trein}}) \cdot \mathbf{S}_{trein}$$

$N' \times P$ $N' \times K$ $K \times K$ $K \times P$

\mathbf{A}_{trein} são as K×K primeiras linhas e colunas de $\mathbf{\Lambda}$.

Isso equivaleria a projetar as imagens de teste no espaço das componentes principais obtidas no treinamento. Como \mathbf{Z}_{trein} possui as linhas ortogonais:

$$\begin{aligned} \mathbf{A}_{teste} &= \mathbf{X}_{teste} \cdot \mathbf{S}_{trein}^{-1} \cdot (1/\sqrt{\mathbf{\Lambda}_{trein}}) = \\ &= \mathbf{X}_{teste} \cdot \mathbf{Z}_{trein}^T \cdot \mathbf{W}_{trein} \cdot (1/\sqrt{\mathbf{\Lambda}_{trein}}) \end{aligned}$$

$N' \times P$ $P \times K$ $K \times K$ $K \times K$

As K colunas das matrizes \mathbf{A}_{train} e \mathbf{A}_{teste} são as entradas da rede neural. São destinadas N regiões de interesse ou N pares entrada-saída para treinamento e N' regiões de interesse ou N' pares entrada-saída para o teste.

Classificação

Para classificação das lesões foi utilizada uma rede neural treinada com *backpropagation*, utilizando como entrada os parâmetros extraídos do ICA para gerar uma saída lógica $y \in \{-1, +1\}$, indicando normalidade ou anormalidade. Foi desenvolvido um programa para

implementar o algoritmo *backpropagation* no *Matlab* na sua forma matricial para que o processamento fosse mais veloz, uma vez que o *Matlab* é otimizado para a realização de operações matriciais.

Resultados

Foram selecionadas 205 regiões para o treinamento, sendo 103 saudáveis e 102 lesionadas, reservando-se a mesma distribuição para o teste. A figura 4 apresenta um conjunto de 42 imagens-base obtidas a partir das 42 primeiras componentes principais do conjunto de 205 imagens de treinamento.

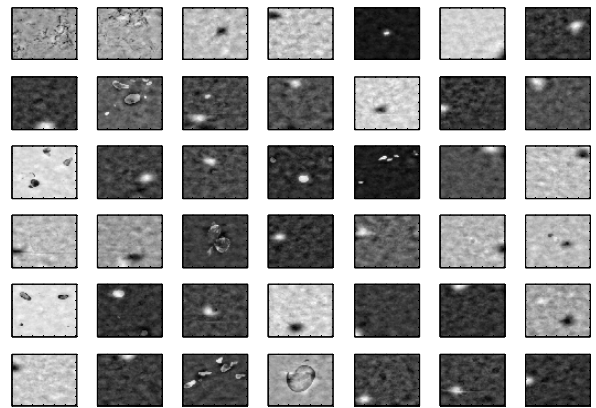


Figura 4: Imagens-base

Os K parâmetros de entrada para rede neural foram normalizados para:

$$x_i \rightarrow \frac{(x_i - \bar{x}_i)}{2\sigma_{x_i}} \therefore x_i \in [-1, +1]$$

O treinamento foi repetido 10 vezes a partir de condições iniciais diversas. Em cada repetição, o conjunto de teste e treinamento era sorteado aleatoriamente. O número de neurônios na camada intermediária foi incrementado de 5 a 80, em passos de 5. A rede com 50 neurônios na camada oculta apresentou o melhor desempenho. Experimentou-se implementar taxa de aprendizado adaptativa, o que levou a rede a resultados um pouco mais rápidos, porém sem ganhos de acurácia. O uso de momento também trouxe apenas uma diminuição na oscilação da curva de treinamento. Os pesos iniciais foram escolhidos aleatoriamente dentro da faixa dinâmica de -1,2 a 1,2.

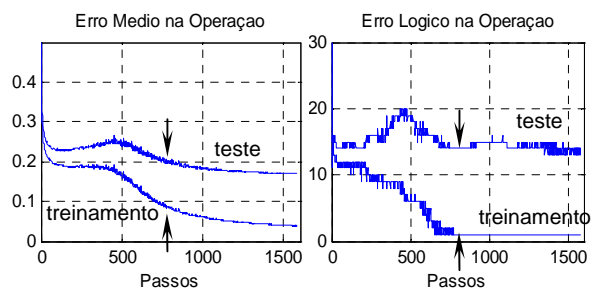


Figura 5: Curvas de Erro de Aprendizado para o Treinamento e Teste: observe que após o passo 600, o

erro médio do conjunto de treinamento continua a cair, ao passo que o erro do conjunto de teste se estabiliza, indicando especialização da rede.

Cada treinamento prosseguia até que atingisse um erro máximo especificado ou um número máximo de passos de treinamento. No entanto, na maioria das vezes, ao final do treinamento, a rede havia se tornado especializada para o conjunto de treinamento, resultando em um número de acertos menor para o conjunto total de imagens. Foi então considerado como passo ótimo de treinamento, o ponto de divergência das curvas de acerto lógico de treinamento e teste, conforme a figura 5.

Tabela 1 Desempenho da classificação Normal – Lesionada em função do numero de Componentes Principais

ICA	VP	VN	FP	FN	% total de acertos
20	168	147	58	37	77%
40	168	160	45	37	80%
60	164	164	41	41	80%
70	172	164	41	33	82%
80	172	164	41	33	82%
100	168	164	41	37	81%
150	172	160	45	33	81%
200	172	156	49	33	80%

Discussão

Verifica-se que o melhor desempenho do sistema é obtido calculando-se o ICA sobre as 70 componentes principais, o que corresponde a aproximadamente 95% da energia original, proporcionando uma taxa de acerto de 82%, com especificidade $E = \left(\frac{VP}{VP+FN} \cdot 100 \right)$ de 84% e sensibilidade $S = \left(\frac{VN}{VN+FP} \cdot 100 \right)$ de 80%.

Embora a técnica aparente complexidade matemática, o algoritmo é simples. Ainda, uma vez feito o treinamento, o teste é rápido. Basta projetar a matriz de teste no espaço das componentes independentes, calculadas previamente e operar a rede com os resultados apresentados.

Em [5], os autores apresentaram a descrição de tecidos mamários por ICA utilizando o banco de imagens da *Mammographic Image Analysis Society* (MIAS). Conseguiram uma taxa de acerto de 88% com 5 componentes principais. No entanto, as ROIs foram selecionadas para conter lesões regulares que variam de 3 a 197 pixels de raio.

No caso aqui proposto, o banco de imagens abrange regiões de densidade assimétrica, microcalcificações puntiformes, calcificações grosseiras, que podem aparecer isoladas e centralizadas, ou permear a ROI.

Conclusão

Os resultados apresentados revelam que o método apresenta uma excelente capacidade discriminatória entre tecidos saudáveis e lesionados.

O método consegue, pois, extrair informações não observáveis na imagem que passem despercebidas às técnicas usuais de descrição de textura, mas que sejam, porém, relevantes à discriminação entre tecidos saudáveis e lesionados.

Deseja-se ampliar a atuação do algoritmo, aplicando-o para testes de discriminação entre regiões malignas e benignas.

Atualmente estão sendo implementadas as técnicas de Matriz de Co-ocorrência [7] e de Curva de Complexidade para comparação dos resultados [8].

Agradecimentos

À Dra. Carolina Maria de Azevedo, radiologista do INCa, que, pacientemente colaborou em todas as fases do projeto, com sua experiência e dedicação.

Referências

- [1] INCa, Internet site address: <http://www.inca.gov.br/> acessado em 01/03/2004.
- [2] AZEVEDO, C.M., “Radiologia da Mama”, Rio de Janeiro, INCA, 1994.
- [3] GOUMOT, P.A., “Le Sein - Son Image”, Ed.Vigot, 1993.
- [4] ZHANG L., SANKAR R., QIAN W., “Advances in micro-calcification clusters detection in mammography”, *Comp. Biol. Med.*, 32:515-528, 2002.
- [5] CHRISTOYIANNI I., KOUTRAS A., KOKKINAKIS G., “Computer aided diagnosis of breast cancer in digitized mammograms”, *Comp. Med. Imag. & Graph.*, 26:309-319, 2002.
- [6] HYVÄRINEN A., KARHUNEN J., OJA E., “Independent Component Analysis”, New York: John Wiley and Sons, 2001.
- [7] AL-JANOBI A., “Performance evaluation of cross-diagonal textures matrix method of texture analysis”, *Pattern Recognition*, 34:171-180, 1998.
- [8] BAHEERATHAN S., ALBREGTSEN F., DANIELSEN H.E., “New texture features based on the complexity curve”, *Pattern Recognition*, 32, 605-618, 1999.