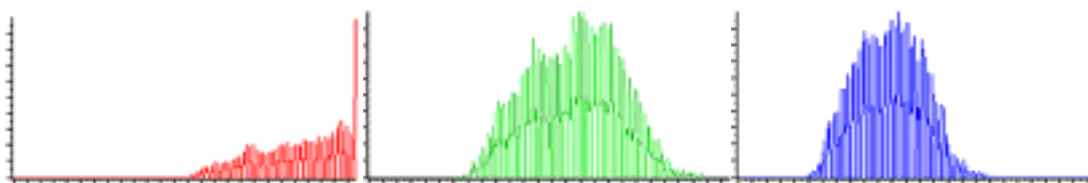


# 5

## Análise Quantitativa de Tecidos em Úlceras de Perna

A avaliação das áreas proporcionais de cada tecido interno das úlceras fornece informações importantes sobre seu estado patológico [BERRISS, 2000], [SUSSMAN, 1998]. Dois principais tipos de tecido encontrados no interior dessas feridas são: granulação e fibrina. Esses dois tecidos diferenciam-se, além de outros fatores, por sua coloração. O tecido granulado possui coloração avermelhada enquanto que a fibrina coloração tendendo para o amarelo e bronzeado. A cor é o principal atributo capaz de diferenciar, em uma imagem digital, um tecido do outro. Entretanto, tal distinção não é possível apenas localizando sua posição relativa nos histogramas RGB ou mesmo no canal H (*Hue*). Os dois tecidos possuem determinadas tonalidades que tornam sua separação ambígua. Ainda a não bimodalidade dos histogramas RGB desses tecidos torna o uso de algoritmos de limiarização ineficientes para separação dos mesmos. É possível através das Figuras 5.1 e 5.2, notar a difícil interpretação desses histogramas no sentido de classificar cada tecido. Uma das características desses histogramas é a existência de um único pico culminante para ambos os tecidos. Isso demonstra a grande quantidade de pixels, de ambos os tecidos, com coloração bastante semelhante, tornado sua classificação, seja para o tecido granulado ou fibrina, uma tarefa complexa.



**Figura 5.1** - Histogramas dos canais R, G e B de uma imagem típica do interior de uma úlcera de perna contendo os tecido granulado e fibrina.



**Figura 5.2** - Histograma do canal "Hue" de uma imagem típica do interior de uma úlcera de perna contendo os tecido granulado e fibrina.

Uma abordagem proposta em [PEREZ, 2001b] consiste em levantar uma grande quantidade de amostras de cada tecido, de imagens calibradas, e traçar curvas que se aproximem dos histogramas RGB dessas amostras. A classificação seria realizada avaliando o grau de pertinência de cada ponto analisado em relação à função da curva de cada tecido, para cada canal. A deficiência dessa metodologia é que as posições das curvas, referentes ao eixo X do plano cartesiano, são fixas. Se houver uma variação de iluminação que a calibração não consiga corrigir, a classificação falhará, pois os valores atribuídos a cada função serão diferentes daqueles os quais a função foi gerada.

Uma outra solução seria a observação não dos histogramas RGB individuais, mas de um único histograma 3D desses canais [BERRISS, 2000]. Utilizando algoritmos de agrupamento (*clustering*) é possível classificar os tecidos avaliados. Entretanto até mesmo essa abordagem pode resultar em classificações imprecisas.

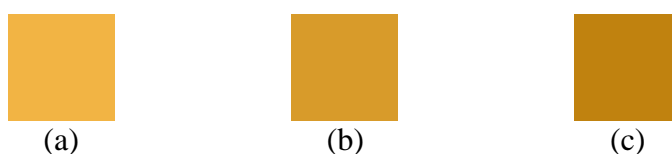
A metodologia empregada neste trabalho, para tentar solucionar este problema, é baseada em reconhecimento de padrões através de redes neurais artificiais. A escolha de redes neurais, em vista de outros métodos de classificação, deu-se em virtude de sua eficiência para a classificação de padrões [FRANÇA, 1999], [DURG, 1993], sua capacidade de generalização [BEALE & JACKSON, 1990] e sua flexibilidade. As características utilizadas para a classificação, bem como a topologia de rede empregada, são discutidas a seguir.

### 5.1. Características

Uma determinada cor no espaço RGB é reproduzida pela mistura aditiva com quantidades satisfatórias desses três componentes. Cada um dos componentes primários possui um determinado valor, o qual influenciará na cor resultante. Em termos computacionais práticos, os valores de cada componente variam de 0 a 255 em uma imagem RGB de 24 bits. Computacionalmente, uma cor é representada por três valores distintos referentes aos componentes R, G e B. A grande dificuldade de representar uma cor numericamente é que esses três valores estão de certa forma desassociados. Ainda que eles sejam utilizados em conjunto para representar numericamente uma cor, qualquer alteração na intensidade ou luminosidade da cor, resultaria em uma interpretação errada. Em imagens reais, onde as condições de iluminação podem variar de uma captação para outra, o algoritmo que lidará com a interpretação das cores deverá estar preparado para traduzi-las corretamente mesmo diante dessas oscilações.

O ser humano consegue identificar facilmente as cores, mesmo em diferentes condições de iluminação. Por exemplo, uma pessoa observando uma laranja madura sob o sol, saberá dizer que sua cor é amarela, essa pessoa dará a mesma resposta observando a laranja a noite. Mesmo diante da grande mudança de iluminação, a pessoa assimilou aquela cor, sem problemas. Uma

solução para a representação numérica de cores em imagens digitais, imune a essa variação, seria através da relação de cada componente. Uma determinada imagem, de coloração predominantemente laranja, possui valores  $R = 243$ ,  $G=180$  e  $B=70$ . Se nessa imagem houver uma diminuição ou aumento linear da iluminação, produzindo novos valores para RGB os quais,  $R = 228$ ,  $G = 165$  e  $B = 55$ , as relações **R-G**, **R-B** e **G-B** produzirão os mesmos valores em ambos os casos. A Figura 5.3 demonstra essa relação entre três amostras de cores. Na Tabela 5.1 é possível comparar os valores RGB de cada amostra e suas respectivas relações. Para casos onde a variação de iluminação é linear, as relações entre as cores primárias representam com precisão a mesma cor sob diferentes tonalidades.

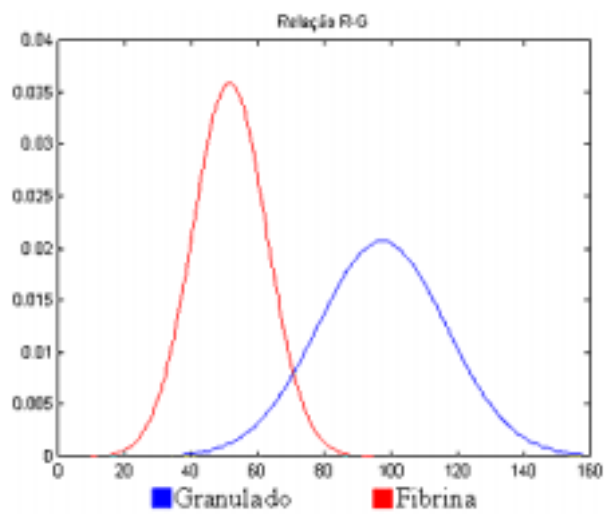


**Figura 5.3** - Amostras da mesma cor com diferenças de brilho.

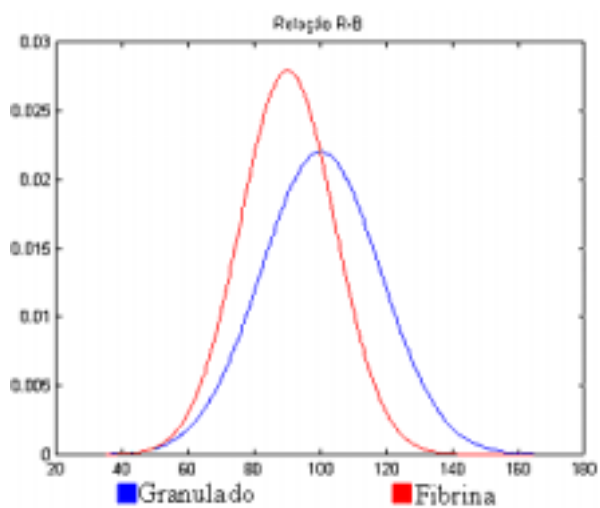
	R	G	B	R-G	R-B	G-B
(a)	243	180	70	63	173	110
(b)	218	155	45	63	173	110
(c)	193	130	20	63	173	110

**Tabela 5.1** - Valor RGB de cada amostra de cor e suas relações.

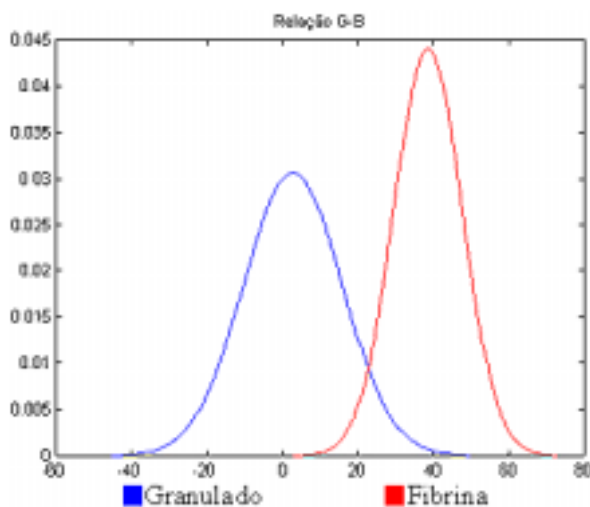
Centenas de amostras de cor dos tecidos granulado e fibrina foram extraídas de várias imagens de úlcera a fim de fazer um levantamento estatístico dessas características e avaliar seu poder discriminatório. Ainda que a variação de iluminação não seja linear entre as imagens captadas, as três características concentraram-se dentro de uma faixa de valores como pode ser observado nas Figuras 5.4, 5.5 e 5.6. As curvas normais dessas características demonstram bom poder discriminante para as relações R-G e G-B, enquanto que a relação R-B não demonstra essa propriedade; contudo ainda sim é utilizada como parâmetro para a classificação.



**Figura 5.4** - Curva normal da característica R-G.



**Figura 5.5** - Curva normal da característica R-B.



**Figura 5.6** - Curva normal da característica G-B.

## 5.2. Classificação de Tecidos Através de Redes Neurais Artificiais

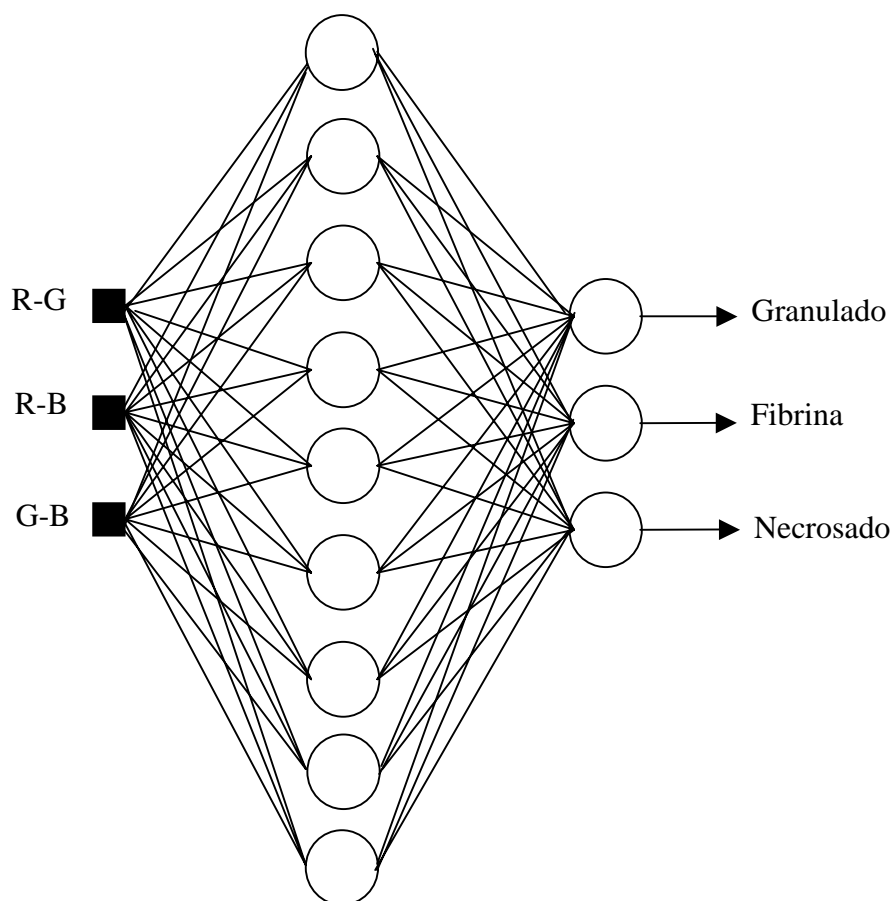
A utilização de Redes Neurais Artificiais (RNA) tem sido utilizada com sucesso para tarefas de reconhecimento de padrões [FRANÇA, 1999], [BISHOP, 1995]. Neste trabalho a utilização de RNA para a classificação de tecidos foi empregada pelas seguintes razões: capacidade de generalização [FRANÇA, 1999], [BEALE & JACKSON, 1990], velocidade e flexibilidade. Um dos pontos mais importantes para escolha de RNA foi o quesito flexibilidade. Como as imagens utilizadas neste trabalho não foram captadas com o objetivo específico de processá-las computacionalmente, estas apresentaram uma qualidade não muito boa para essa finalidade. Possivelmente um método de aquisição mais eficiente deverá ser desenvolvido, onde imagens com padrões diferentes das utilizadas neste trabalho serão geradas. Por serem os algoritmos de classificação mais sensíveis a essas mudanças de padrões nas imagens, o algoritmo de classificação deve ser flexível o bastante para se readaptar facilmente. Uma vez que a classificação é realizada por RNA, e sua topologia definida, a readaptação do classificador consiste em um novo treinamento da rede. Como todo o aprendizado é feito computacionalmente, todo o trabalho de readaptação é realizado sem nenhum esforço do ponto de vista do usuário ou

do desenvolvedor do software. Dessa forma, a readaptação do algoritmo de classificação por RNA basicamente resume-se em uma alteração de seus pesos.

A arquitetura de rede utilizada baseia-se em "*perceptrons*" múltiplas camadas com algoritmo de treinamento "*backpropagation*" [FRANÇA, 1999], [BEALE & JACKSON, 1990]. A rede empregada possui 2 camadas sendo, uma camada escondida e uma camada de saída. Além dessas três camadas há ainda a camada de entrada, entretanto esta serve apenas para distribuir as entradas para os neurônios da primeira camada escondida da rede [BEALE & JACKSON, 1990]. A camada de entrada possui três nós referentes às características discutidas no item anterior. A camada de saída possui três neurônios referentes aos tecidos granuloso, fibrina e necrosado. Apesar de nenhuma das imagens possuírem tecido necrosado, a topologia de rede foi construída de forma que se futuramente outras imagens apresentarem esse tipo de tecido, basta que a rede seja treinada novamente. Da forma como foi realizado o treinamento, apenas com amostras do tecido granuloso e fibrina, o neurônio referente ao tecido necrosado nunca é ativado.

A quantidade de nós e de camadas foram escolhidas através de testes realizados com várias topologias de RNA. Cada topologia foi treinada com amostras de tecido de uma única imagem e, após o treinamento, foram apresentadas amostras de tecidos de outras imagens à rede, a fim de avaliar sua performance de classificação. O treinamento da rede foi realizado utilizando o "Neural Network Tool Box" do software "MatLab". O algoritmo do "MatLab" utilizado para treinar a rede foi o TRAINRP. As funções de transferência utilizadas foram: "*log-sigmoid*" para os neurônios da camada escondida e *função de transferência linear* para os neurônios da camada de saída. As topologias testadas foram: duas camadas com 6:3 e 9:3 neurônios em cada camada e três camadas com 3:6:2, 3:6:3 e 3:9:3 neurônios por camada. A topologia que apresentou melhores resultados foi a com nove

neurônios na camada escondida e três na camada de saída como mostra a Figura 5.7.



**Figura 5.7** - Modelo de rede neural utilizado para classificação dos tecidos internos das úlceras.

A classificação de cada tecido é realizada processando-se cada ponto da área segmentada da imagem que está sendo analisada. As relações R-G, R-B e G-B, extraídas de cada ponto dessa imagem, alimentam a rede que fornece como saída a ativação de um dos três neurônios de saída. Dependendo do neurônio que foi ativado, o valor do ponto processado é substituído pelo valor correspondente ao tecido classificado sendo: Granulação=255, Fibrina = 180 e necrosado = 100. A imagem resultante da classificação conterá até 4 tons de cinza referentes à área externa da ferida, ao tecido granulado, necrosado e fibrina (Fig. 5.8).

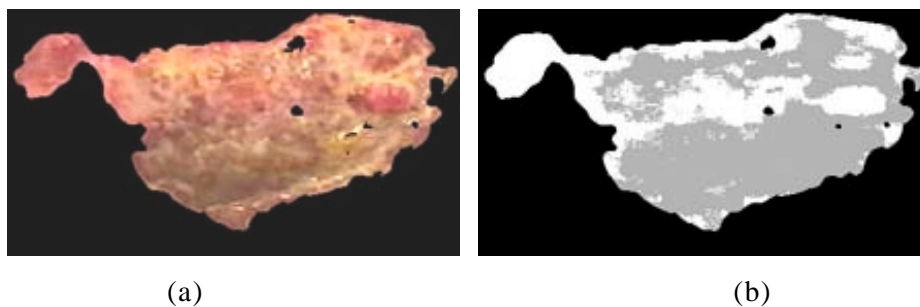




**Figura 5.8** - Imagem de úlcera de perna após ter sido processada pela rede neural. Nesta imagem 3 níveis de cinza podem ser observados: 0=Fundo, 180=Fibrina e 255=Tecido Granulado.

### 5.3. Cálculo Percentual dos Tecidos Classificados

Como as imagens utilizadas neste trabalho foram captadas sem a normalização da distância da câmera em relação às feridas, as imagens de um mesmo paciente, coletadas em períodos diferentes, estão fora de escala. Baseado nisso, o cálculo da área, de cada tecido em cada imagem, deve ser feito em relação à área processada na imagem, resultando dessa forma em um cálculo percentual de cada tecido. Dessa forma a escala em todas as imagens é normalizada de 0% a 100%. A área de cada tecido é calculada somando-se a quantidade de pontos com valores referentes a cada tecido, dividindo pelo valor total da área processada. Por exemplo, a área do tecido granulado é calculada contando-se a quantidade de pontos com valor igual a 255 e dividindo esse valor pela quantidade de pontos diferentes de 0, que representa a área interna da úlcera segmentada. Na Figura 5.9 pode-se comparar uma imagem de úlcera segmentada e os tecidos classificados no seu interior enquanto que na Tabela 5.2 é possível observar os dados numéricos extraídos desse processamento.



**Figura 5.9** - (a) Imagem de úlcera de perna após ter sido segmentada. (b) A mesma imagem após ter sido processada pela rede neural.

	Área - pixels	Percentual
Úlcera Segmentada	<b>12.640</b>	<b>100%</b>
Granulação	<b>5.216</b>	<b>41,27%</b>
Fibrina	<b>7.424</b>	<b>58,73 %</b>

**Tabela 5.2** - Resultados numéricos obtidos da classificação dos tecidos na área segmentada da úlcera.