



UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ
CENTRO DE TECNOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ENGENHARIA DE TELEINFORMÁTICA
DOUTORADO EM ENGENHARIA DE TELEINFORMÁTICA

ALAN MAGALHÃES BRAGA

**UM ALGORITMO RÁPIDO E MODELOS DE PROPAGAÇÃO PARA TÉCNICA DE
LEVEL SET APLICADOS NA SEGMENTAÇÃO HIERÁRQUICA DE IMAGENS**

FORTALEZA

2020

ALAN MAGALHÃES BRAGA

UM ALGORITMO RÁPIDO E MODELOS DE PROPAGAÇÃO PARA TÉCNICA DE *LEVEL SET* APLICADOS NA SEGMENTAÇÃO HIERÁRQUICA DE IMAGENS

Tese apresentada ao Curso de Doutorado em Engenharia de Teleinformática do Programa de Pós-Graduação em Engenharia de Teleinformática do Centro de Tecnologia da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial a obtenção do título de doutor em Engenharia de Teleinformática. Área de Concentração: Sinais e Sistemas

Orientadora: Prof^a. Dr^a. Fátima N. Sombra de Medeiros

Coorientador: Prof. Dr. Regis Cristiano Pinheiro Marques

FORTALEZA

2020

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal do Ceará
Sistema de Bibliotecas
Gerada automaticamente pelo módulo Catalog, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

B792a Braga, Alan Magalhães.

Um algoritmo rápido e modelos de propagação para técnica de level set aplicados na segmentação hierárquica de imagens / Alan Magalhães Braga. – 2020.
99 f. : il. color.

Tese (doutorado) – Universidade Federal do Ceará, Centro de Tecnologia, Programa de Pós-Graduação em Engenharia de Teleinformática, Fortaleza, 2020.

Orientação: Profa. Dra. Fátima N. Sombra de Medeiros.

Coorientação: Prof. Dr. Regis Cristiano Pinheiro Marques.

1. Segmentação. 2. Contornos ativos. 3. Level set. 4. Células cervicais. 5. Imagem SAR. I. Título.
CDD 621.38

ALAN MAGALHÃES BRAGA

UM ALGORITMO RÁPIDO E MODELOS DE PROPAGAÇÃO PARA TÉCNICA DE *LEVEL SET* APLICADOS NA SEGMENTAÇÃO HIERÁRQUICA DE IMAGENS

Tese apresentada ao Curso de Doutorado em Engenharia de Teleinformática do Programa de Pós-Graduação em Engenharia de Teleinformática do Centro de Tecnologia da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial a obtenção do título de doutor em Engenharia de Teleinformática. Área de Concentração: Sinais e Sistemas

Aprovada em: 22 de Dezembro de 2020

BANCA EXAMINADORA

Prof^a. Dr^a. Fátima N. Sombra de Medeiros (Orientadora)
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Prof. Dr. Regis Cristiano Pinheiro Marques (Coorientador)
Instituto Federal do Ceará (IFCE)

Prof^a. Dr^a Andrea Gomes Campos Bianchi
Universidade Federal de Ouro Preto (UFOP)

Prof. Dr. Abraão David Costa do Nascimento
Universidade Federal de Pernambuco (UFPE)

Prof. Dr. George André Pereira Thé
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Prof. Dr. Iális Cavalcante de Paula Júnior
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Dedico este trabalho à minha família.

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus pela oportunidade de viver.

Aos meus pais, Vanda e Josemar, e aos meus irmãos, Álvaro e Anne Aline, por sempre estarem ao meu lado e pelo carinho.

À Prof. Dra. Fátima N. S. de Medeiros por sua orientação, respeito, atenção, dedicação e por todo o aprendizado que recebi durante este doutorado e a todos os membros da banca examinadora pelas considerações. Agradeço também ao Prof. Dr. Regis Cristiano Pinheiro Marques (IFCE) por sua coorientação e por todo o aprendizado que recebi desde o curso de mestrado.

À Universidade Federal do Ceará e a todo o corpo docente do Programa de Pós-Graduação em Engenharia de Teleinformática pelos bons ensinamentos que recebi.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior pelo apoio financeiro.

Aos meus colegas do doutorado, pela ajuda e incentivo para finalizar esta tese, em especial aos colegas, Gerardo, Daniel, Alcilene, Elizângela, Deborah, Romuere, Flávio, Jeová Farias, Brígida, Raphael e a todos os outros amigos do Laboratório de Visão, Imagens e Sinais da Universidade Federal do Ceará.

“ [...] Até aqui nos ajudou o Senhor.”

(1 Samuel 7:12)

RESUMO

Métodos de segmentação de imagens são cruciais em sistemas de visão computacional, uma vez que os resultados destes métodos são entradas para as etapas seguintes, como extração de características e classificação. Técnicas baseadas em *level sets* têm sido utilizadas com sucesso em muitas aplicações de segmentação de imagens digitais. Nestas técnicas, a delimitação das regiões de interesse ocorre quando uma curva inicial evolui de acordo com um modelo de propagação, e a escolha deste modelo deve estar diretamente relacionada ao problema de segmentação em questão. Assim, diferentes tipos de imagens digitais, como imagens com células cervicais e imagens de radar de abertura sintética (*Synthetic Aperture Radar*, SAR), podem ser segmentadas utilizando *level sets*. A proposta tradicional deste método obtém resultados de segmentação binária e tem um alto custo computacional. Assim, nesta tese, é proposto um algoritmo rápido de *level set* binário implementado em banda estreita (*narrow band*) e regularizado com um filtro da mediana. Além disso, foram propostos modelos de propagação para segmentação de imagens digitais e implementações hierárquicas para duas aplicações distintas: segmentação de núcleos em imagens com células cervicais e segmentação de imagens SAR. As abordagens hierárquicas propostas, utilizando o algoritmo *level set* binário proposto, segmentam recursivamente uma região em duas novas regiões, iniciando da imagem completa, e o processo finaliza automaticamente quando não for mais possível realizar divisões. Para avaliar o desempenho das abordagens propostas foram realizados experimentos em três bancos de dados públicos de imagens com células cervicais e experimentos em imagens SAR sintéticas e reais, seguindo os modelos G_I^0 e G_A^0 . Para a avaliação quantitativa dos resultados de segmentação nas imagens com células cervicais foram utilizadas as medidas baseadas em pixel *precisão*, *revocação* e *ZSI* (*Zijdenbos Similarity Index*) e as medidas *precisão* e *revocação* baseadas em objeto. Estas medidas indicaram que a implementação hierárquica proposta apresentou um bom desempenho em relação ao número de núcleos segmentados corretamente e atingiu valores de *ZSI* iguais ou superiores a 0,90. Para a avaliação quantitativa dos resultados de segmentação nas imagens SAR foram utilizadas as medidas ajuste cruzado de região (*cross-region fitting*, *CRF*), erro de segmentação e *ZSI*. Com base nessas medidas, a abordagem proposta alcançou bons resultados de segmentação em imagens modeladas com as distribuições G_I^0 e G_A^0 .

Palavras-chave: Segmentação. Contornos ativos. *Level set*. Células cervicais. Imagem SAR.

ABSTRACT

Image segmentation methods are crucial in computer vision systems, since the results of these methods are inputs to the following steps, such as feature extraction and classification. The *level set* methods have been used successfully in many digital image segmentation applications. In order to apply these methods for region segmentation, an initial curve evolves according to a propagation model, in which the choice of this model must be directly related to the segmentation problem addressed. Thus, different types of digital images, such as cervical cell images and synthetic aperture radar (SAR) images, can be segmented using *level sets*. The traditional proposal of this approach provides binary segmentation and it has a high computational cost. Thus, in this thesis, we proposed a fast binary level set algorithm, implemented in narrow band and regularized with a median filter. In addition, we proposed propagation models for digital image segmentation and hierarchical implementations for nuclei segmentation on cervical cell images and for SAR image segmentation. The proposed hierarchical approaches, using the proposed binary level set algorithm, recursively segment a region into two new regions, starting from the whole image, and the process stops when all regions cannot be further divided. For performance assessment of the proposed approaches, we carried out experiments on three public image databases with cervical cells and experiments on synthetic and real SAR images, following the models G_I^0 and G_A^0 . For the quantitative evaluation of the segmentation results on cervical cell images, we used the pixel-based *precision* and *recall* measures, the Zijdenbos similarity index (*ZSI*) and the object-based *precision* and *recall* measures. These measures indicated that the proposed hierarchical implementation performed well concerning the number of correctly segmented nuclei and the Zijdenbos Similarity Index achieved values equal to or higher than 0.90. For the quantitative evaluation of the segmentation results in SAR images, we used the cross-region fitting (*CRF*), error of segmentation and *ZSI* measures. Based on these measures, the proposed approach achieved good segmentation results in images modeled with the distributions G_I^0 and G_A^0 .

Palavras-chave: Segmentation. Active contours. Level set. Cervical cells. SAR image.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1	– Três principais regiões encontradas em imagens do exame de citologia cervical.	24
Figura 2	– Exame citológico cervical: (a) procedimentos do exame; e (b) imagem de citologia cervical.	24
Figura 3	– Evolução do epitélio normal até o câncer (carcinoma invasivo).	26
Figura 4	– Geometria de aquisição de uma imagem por radar.	32
Figura 5	– Conceito de antena sintética. A posição 1 representa o momento que o radar captou pela primeira vez o alvo e a posição 3 o último momento.	33
Figura 6	– Imagens SAR com diferentes números de <i>looks</i>	34
Figura 7	– Padrões da $f_{G_A^0}(z; \alpha, \gamma, L)$ considerando: (a) $L = 1$; e (b) $L = 8$. Distribuição para $\gamma = 1$ (linhas contínuas) e $\gamma = 10$ (linhas tracejadas), com três diferentes padrões de rugosidade homogêneo $\alpha = -12,5$ (azul), heterogêneo $\alpha = -4,5$ (verde) e extremamente heterogêneo $\alpha = -1,5$ (vermelho).	37
Figura 8	– Imagens sintéticas com distribuição G_I^0 e mapas de rugosidade com os seus respectivos histogramas: (a) imagem sintética com 2 regiões; (b) mapa de rugosidade da imagem em (a); (c) imagem sintética com 4 regiões; e (d) mapa de rugosidade da imagem em (c). (e) - (f) são os respectivos histogramas.	40
Figura 9	– Imagens sintéticas em amplitude (G_A^0) com 4 regiões e diferentes números de <i>looks</i> : (a) 1 <i>look</i> ; (b) 4 <i>looks</i> ; (c) 8 <i>looks</i> ; e (d) 10 <i>looks</i> . (e) - (h) são os respectivos histogramas do <i>MoRE</i>	42
Figura 10	– Frente ou curva fechada $\vec{\phi}$ submetida a um campo de velocidades ($\pm F\vec{\eta}$).	45
Figura 11	– Representação da superfície $\psi(\mathbf{x}, t)$ e da curva $\vec{\phi}(s, t)$	46
Figura 12	– Frente ou curva de propagação, representada implicitamente no nível zero (<i>level set zero</i>) da função <i>level set</i> , com: (a) dois elementos; e (b) com apenas um elemento. Em ambas as situações tem-se apenas uma função <i>level set</i> e a curva divide a imagem em duas regiões $\Omega_1 = \{\mathbf{x} \psi(\mathbf{x}, t) > 0\}$ e $\Omega_2 = \{\mathbf{x} \psi(\mathbf{x}, t) < 0\}$	47
Figura 13	– Evolução da superfície ou função <i>level set</i> ψ . A partir de uma curva inicial $\vec{\phi}(s, 0)$ é obtida uma função <i>level set</i> inicial ψ^0 , a qual evolui, segundo um modelo de propagação, gerando uma nova superfície ψ^n , em que o novo estado da curva pode ser alcançado pelo nível zero (<i>level set zero</i>).	49
Figura 14	– Exemplo da propagação da curva com base na velocidade F	50

Figura 15 – Exemplo de uma banda estreita (em branco) em torno da curva de propagação (em vermelho).	53
Figura 16 – Fluxograma do algoritmo hierárquico proposto.	60
Figura 17 – Procedimento de detecção de grupos: a) o histograma da imagem suavizada (W_0); b) primeiro nível de coeficientes de detalhes da <i>wavelet à trous</i> (W_1); c) sinal de correlação ($corr_0$); d) grupos detectados indicados por (*); e e) histograma da imagem original com indicação dos centróides dos grupos (o).	61
Figura 18 – Obtenção da superfície inicial por limiarização da imagem.	62
Figura 19 – Refinamento de um objeto identificado como núcleo: (a) primeiro núcleo identificado; e (b) segundo núcleo identificado, obtido a partir da divisão do núcleo em (a), com maior circularidade, o qual é considerado no resultado final da segmentação.	63
Figura 20 – Fluxograma do algoritmo hierárquico proposto, com os modelos de verossimilhança baseados em G_I^0 ou G_A^0 , para segmentação de imagem SAR.	65
Figura 21 – Mapas estatísticos, M_α (a) e $MoRE$ (c), de uma imagem SAR sintética com 3 regiões, gerada usando a distribuição G_A^0 , $\alpha \in \{-4, 5; -5; -6\}$, $\gamma \in \{0, 005; 0, 2; 1\}$ e 1 <i>look</i> . (b) - (d) são os histogramas dos mapas M_α e $MoRE$, respectivamente.	67
Figura 22 – Fluxograma do algoritmo hierárquico proposto, com os modelos de propagação propostos baseados no Otsu e em uma série infinita de momentos estatísticos, para segmentação de imagem SAR.	67
Figura 23 – Imagens com células cervicais: (a) imagens EDF (1024×1024); e (b) imagens de teste (512×512) do banco de dados do desafio do ISBI 2014.	72
Figura 24 – Imagens com células cervicais do banco de dados Herlev e os resultados de segmentação para cada método.	75
Figura 25 – Imagens sintéticas em intensidade e amplitude.	80
Figura 26 – Resultados de segmentação nas imagens SAR sintéticas, em G_I^0 , em função do número de <i>looks</i> : (a) valores da medida ZSI ; e (b) valores da medida EoS	82
Figura 27 – Resultados de segmentação nas imagens SAR sintéticas, em G_A^0 , em função do número de <i>looks</i> : (a) valores da medida ZSI ; e (b) valores da medida EoS	83
Figura 28 – Resultados de segmentação em imagens SAR reais com duas regiões. Em (a) e (b), da esquerda para a direita: HGLS, $HMNB_{ver}$, $HMNB_\alpha$ e $HMNB_E$	84

Figura 29 – Resultados de segmentação em imagens SAR reais com duas regiões. Em (a) e (b), da esquerda para a direita: HGLS, HMNB _{ver} , HMNB _α e HMNB _E . . .	85
Figura 30 – Resultados de segmentação em imagens SAR reais com três regiões. Em (a) e (b), da esquerda para a direita: HGLS, HMNB _{ver} , HMNB _α e HMNB _E . . .	86
Figura 31 – Resultados de segmentação em imagens SAR reais com três regiões. Em (a) e (b), da esquerda para a direita: HGLS, HMNB _{ver} , HMNB _α e HMNB _E . . .	86

LISTA DE TABELAS

Tabela 2 – Bandas de frequência utilizadas em sistemas SAR e suas faixas correspondentes de frequência e comprimento de onda. Adaptada de Moreira <i>et al.</i> (2013).	30
Tabela 3 – Comparação dos resultados de segmentação dos núcleos nas 16 imagens EDF.	73
Tabela 4 – Comparação da segmentação dos núcleos no banco de dados do ISBI 2014.	73
Tabela 5 – Número de núcleos detectados corretamente no banco de dados Herlev. . . .	75
Tabela 6 – Comparação dos resultados de segmentação dos núcleos no banco de dados Herlev. As medidas baseadas em pixel foram calculadas dos núcleos detectados corretamente para $\tau = 0,6$ e as classes são numeradas como na Tabela 5. μ e σ representam o valor médio e o desvio padrão, respectivamente. . . .	76
Tabela 7 – Comparação dos resultados de classificação no banco de dados Herlev para 2 classes (normal e anormal).	78
Tabela 8 – Comparação dos resultados de classificação no banco de dados Herlev para 3 classes (normal, LSIL e HSIL).	78
Tabela 9 – Comparação dos resultados de segmentação em imagens SAR sintéticas com duas regiões.	81
Tabela 10 – Valores médios de <i>CRF</i> e tempo computacional (em segundos) dos resultados de segmentação em imagens SAR reais com duas regiões.	84
Tabela 11 – Valores médios de <i>CRF</i> e tempo computacional (em segundos) dos resultados de segmentação em imagens SAR reais com três regiões.	87

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

<i>AC</i>	<i>Acurácia</i>
<i>FS</i>	<i>F-score</i>
<i>PRE_O</i>	Precisão Baseada em Objetos
<i>PRE_P</i>	Precisão Baseada em <i>Pixels</i>
<i>REV_O</i>	Revocação Baseada em Objetos
<i>REV_P</i>	Revocação Baseada em <i>Pixels</i>
<i>SENS</i>	<i>Sensibilidade</i>
<i>SPE</i>	<i>Especificidade</i>
<i>VPP</i>	<i>Valor Preditivo Positivo</i>
<i>CRF</i>	<i>Cross-region Fitting</i> (Ajuste Cruzado de Região)
<i>DoS</i>	<i>Difficulty of Segmentation</i> (Dificuldade de Segmentação)
<i>FN</i>	Falso Negativo
<i>FP</i>	Falso Positivo
<i>MoRE</i>	<i>Map of Rényi's Entropy</i> (Mapa da Entropia de Rényi)
<i>VP</i>	Verdadeiro Positivo
<i>ZSI</i>	<i>Zijdenbos Similarity Index</i>
<i>CNN</i>	<i>Convolutional Neural Network</i> (Rede Neural Convolutacional)
<i>DL</i>	<i>Deep Learning</i>
<i>EDF</i>	<i>Extended Depth of Field</i>
<i>FCM</i>	<i>Fuzzy C-means</i>
<i>HGLS</i>	<i>Hierarchical Gaussian Level Set</i>
<i>HMNB</i>	<i>Hierarchical Median Narrow Band Level Set</i>
<i>HONB</i>	<i>Hierarchical Otsu Narrow Band Level Set</i>
<i>HPV</i>	<i>Human Papilloma Virus</i>
<i>HSIL</i>	<i>High Squamous Intraepithelial Lesion</i> (Lesão Intraepitelial Escamosa de Alto Grau)
<i>ISBI</i>	<i>International Symposium on Biomedical Imaging</i>
<i>LSIL</i>	<i>Low Squamous Intraepithelial Lesion</i> (Lesão Intraepitelial Escamosa de Baixo Grau)
<i>LSSVM</i>	<i>Least Square Support Vector Machine</i>
<i>LT</i>	<i>Local Thresholding</i>

LTSN	<i>Local Thresholding to Segment Nuclei</i>
MLC	Método de Log-cumulantes
MLE	<i>Maximum Likelihood Estimation</i>
MLP	<i>Multilayer Perceptron</i>
MM	Método dos Momentos
MSER	<i>Maximally Stable Extremal Regions</i>
MSERLS	<i>Maximally Stable Extremal Regions with Level Set</i>
PDI	Processamento Digital de Imagens
PolSAR	<i>Polarimetric SAR</i>
RF	<i>Random Forest</i>
RGVF	<i>Radiating Gradient Vector Flow</i>
SAR	<i>Synthetic Aperture Radar</i>
SLAR	<i>Side-looking Airborne Radars</i> (Radares Aerotransportados de Visada Lateral)
SLIC	<i>Simple Linear Iterative Clustering</i>
VT	Verdade Terrestre

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	17
1.1	Motivação	18
1.2	Objetivos	20
1.2.1	<i>Objetivo Geral</i>	20
1.2.2	<i>Objetivos Específicos</i>	20
1.3	Contribuições	20
1.4	Produção Científica	21
1.5	Organização da Tese	21
2	EXAME PREVENTIVO DE PAPANICOLAU E MÉTODOS DE AUXÍ- LIO AO DIAGNÓSTICO POR PDI	23
2.1	Exame Preventivo de Papanicolau	23
2.1.1	<i>Evolução das Lesões Precursoras do Câncer Cervical</i>	25
2.2	Métodos Baseados em PDI para o Auxílio ao Diagnóstico Médico	27
2.3	Conclusão do Capítulo	29
3	MODELAGEM ESTATÍSTICA E PROCESSAMENTO DE IMAGENS SAR	30
3.1	Imagens SAR	30
3.1.1	<i>Ruído speckle</i>	33
3.2	Modelos G_I^0 e G_A^0 para Dados SAR	35
3.3	Estimação dos Parâmetros α e γ e Utilização em Métodos de PDI	37
3.4	Distâncias Estocásticas e Medidas para Avaliação de Segmentação	41
3.5	Conclusão do Capítulo	44
4	MÉTODOS <i>LEVEL SET</i> PARA SEGMENTAÇÃO DE IMAGENS	45
4.1	O Método <i>Level Set</i>	45
4.2	Algoritmo <i>Level Set</i> com Filtro da Mediana e Implementado em uma Banda Estreita (<i>Narrow-band</i>)	52
4.3	Modelos para Evolução do <i>Level Set</i>	53
4.3.1	<i>Modelos de Verossimilhança - Gaussiana, G_I^0 e G_A^0</i>	53
4.3.2	<i>Modelo Proposto Baseado no Método de Otsu</i>	55
4.3.2.1	<i>Método de Limiarização de Otsu</i>	55

4.3.2.2	<i>Modelo de Propagação Proposto</i>	55
4.3.3	<i>Modelo Proposto Baseado em uma Série Infinita de Momentos Estatísticos</i>	56
4.4	Conclusão do Capítulo	57
5	SEGMENTAÇÃO HIERÁRQUICA DE IMAGENS	59
5.1	<i>Level Set Hierárquico para Segmentação de Núcleos de Células Cervicais</i>	59
5.1.1	<i>Algoritmo para Detecção de Grupos</i>	59
5.1.2	<i>Implementação Hierárquica</i>	61
5.2	Implementações Hierárquicas de <i>Level Set</i> para Segmentação de Imagens SAR	63
5.2.1	<i>Com Modelos de Verossimilhança Baseados em G_I^0 e G_A^0</i>	64
5.2.2	<i>Com os Modelos Propostos Baseados no Otsu e em uma Série Infinita de Momentos Estatísticos</i>	65
5.3	Conclusão do Capítulo	68
6	EXPERIMENTOS, RESULTADOS E DISCUSSÕES	69
6.1	Experimentos nas Imagens com Células Cervicais	69
6.1.1	<i>Medidas de Avaliação</i>	69
6.1.2	<i>Experimento de Segmentação 1: Imagens EDF e Banco de Dados do ISBI 2014</i>	71
6.1.3	<i>Experimento de Segmentação 2: Banco de Dados Herlev</i>	74
6.1.4	<i>Experimentos de Classificação</i>	76
6.2	Experimentos com Imagens SAR	79
6.2.1	<i>Medidas de Avaliação para Imagens SAR</i>	79
6.2.2	<i>Experimentos de Segmentação em Imagens Sintéticas</i>	80
6.2.3	<i>Experimentos de Segmentação em Imagens Reais</i>	82
6.3	Conclusão do Capítulo	87
7	CONCLUSÕES E TRABALHOS FUTUROS	88
7.1	Conclusões	88
7.2	Trabalhos Futuros	90
	REFERÊNCIAS	91

1 INTRODUÇÃO

A teoria de evolução de curvas (MUMFORD; SHAH, 1989) está diretamente relacionada à solução de sistemas modelados por equações diferenciais parciais. O conceito de evolução de funções, quando aplicada em imagens digitais provê ferramentas úteis para a segmentação. Um exemplo bastante conhecido e utilizado trata das Equações de Euler-Lagrange nas quais a teoria do método *level set* (SETHIAN, 1999) se baseia. Neste método, uma curva inicial evolui de acordo com um modelo de propagação, até que alguma condição de convergência seja satisfeita. A curva de propagação está inserida em uma superfície de maior dimensionalidade, chamada função *level set* (SETHIAN, 1999).

Uma das principais vantagens em utilizar técnicas de *level set* é o fato de que tal técnica é capaz de tratar de forma eficaz mudanças topológicas que, eventualmente, podem surgir no decorrer da propagação da curva. Devido à sua eficácia e versatilidade, métodos *level set* são amplamente utilizados em várias áreas da ciência como, por exemplo, mecânica dos fluidos, crescimento de cristais, geometria computacional, ciência dos materiais, processamento de imagens e visão computacional (NAPOLITANO, 2004).

Algoritmos baseados em *level sets* normalmente não requerem uma curva inicial próxima do resultado desejado, o que beneficia muitas aplicações em sensoriamento remoto, como detecção de alvos e detecção de derrames de óleo em imagens de radar de abertura sintética (*Synthetic Aperture Radar*, SAR) (MARQUES *et al.*, 2009; WU *et al.*, 2017; MDAKANE; KLEYNHANS, 2017; REN *et al.*, 2018; WANG *et al.*, 2021), detecção de núcleos em imagens de citologia cervical (ARAÚJO *et al.*, 2019; ZHANG *et al.*, 2019; WANG *et al.*, 2019; WANG *et al.*, 2020), entre outras aplicações, como segmentação de nódulos de grafita (REBOUÇAS *et al.*, 2016), detecção de câncer dentário em imagens da região óssea da mandíbula (ALARIFI; ALWADAIN, 2019) e segmentação de acidente vascular cerebral em imagens de tomografia computadorizada do crânio (REBOUÇAS *et al.*, 2019). Vale ressaltar que a escolha do modelo (ou velocidade) de propagação deve estar diretamente relacionada ao problema de segmentação abordado, e pode ser derivado de propriedades geométricas como as bordas da imagem e atributos de forma, ou ainda, de propriedades independentes da geometria, como textura e informação estatística da imagem (MARQUES, 2011).

O método *level set* tradicional fornece resultados de segmentação binária e o uso desse método para segmentação multi-regiões normalmente requer várias funções *level set*. No entanto, de acordo com Mitiche e Ayed (2010), o projeto de modelos de propagação eficientes

para segmentação multi-regiões é uma tarefa difícil quando o número de regiões não é conhecido. Alternativamente, algoritmos de *level set* hierárquicos podem realizar segmentação multi-regiões, como os introduzidos por Jeon *et al.* (2005) e Ni *et al.* (2009). Nesses algoritmos, a partir da divisão da imagem completa, duas novas regiões são obtidas, aplicando o método *level set* binário, e divididas recursivamente.

Adalsteinsson e Sethian (1995) implementaram um algoritmo *level set* em uma banda estreita (*narrow band level set*) para diminuir o tempo computacional envolvido na proposta tradicional do algoritmo *level set*. A ideia principal da implementação em *narrow band* é construir uma banda adaptativa ao redor da curva de propagação e realizar os cálculos envolvidos no algoritmo *level set* apenas dentro dessa banda, o que reduz o tempo computacional.

1.1 Motivação

O câncer cervical, também chamado de câncer do colo do útero, é uma doença que pode ser prevenida, mas é uma das principais causas de morte por câncer nas mulheres de todo o mundo, em que a maioria das mortes ocorre em países de baixa a média renda (ORGANIZAÇÃO PAN-AMERICANA DA SAÚDE, 2016). Nas últimas décadas, as taxas de incidência e mortalidade deste câncer têm reduzido nos países desenvolvidos, principalmente pela utilização do exame citológico de Papanicolau. Neste exame, células do colo do útero são coletadas e examinadas por um profissional habilitado em um microscópio, onde são verificadas alterações nas células, causadas pela infecção do *Human Papilloma Virus* (HPV), que podem evoluir para o câncer (WORLD HEALTH ORGANIZATION, 2014).

Uma vez que a análise visual do exame citológico de Papanicolau é demorada e requer um alto nível de experiência do profissional (PLISSITI *et al.*, 2011b), nas últimas décadas, muitos pesquisadores (WANG; KAMATA, 2018; ARAÚJO *et al.*, 2019; ZHANG *et al.*, 2019; WANG *et al.*, 2019; WAN *et al.*, 2019; WANG *et al.*, 2020; ZHANG *et al.*, 2020) contribuíram com ações para a interpretação automatizada desse exame de triagem e, assim, auxiliar os especialistas no diagnóstico. As alterações na morfologia do núcleo da célula, textura nuclear e hiper cromasia são altamente informativas para reconhecer células anormais (TANG *et al.*, 2015; WATANABE *et al.*, 2004; NIELSEN *et al.*, 2008). Em tarefas de classificação de células, as informações sobre o núcleo desempenham um papel fundamental, pois podem revelar mudanças significativas na forma e na distribuição da cromatina (PLISSITI *et al.*, 2011a; OLIVEIRA *et al.*, 2017). Assim, métodos eficientes e precisos para segmentação de núcleos são cruciais para

projetar ferramentas computacionais confiáveis no rastreamento do câncer cervical.

A segmentação de imagens SAR também é um problema desafiador na área de processamento digital de imagens (PDI). Resultados importantes no monitoramento das áreas marinhas e costeiras têm sido obtidos por meio de sensoriamento remoto e técnicas de processamento e análise de imagens. A detecção de desastres ambientais, como desmatamento e derrames de óleo, aplicando métodos de segmentação em imagens SAR, pode auxiliar no monitoramento e controle do aproveitamento sustentável do meio ambiente e das riquezas naturais.

A principal dificuldade relacionada à interpretação dos dados SAR é a presença de um ruído de natureza multiplicativa, chamado *speckle* (FRERY *et al.*, 1997; GAO, 2010), o qual é inerente ao processo de imageamento. Se por um lado a filtragem do ruído *speckle* pode auxiliar na interpretação dos dados, por outro degrada detalhes que podem ser relevantes na interpretação e análise da imagem (TORRES *et al.*, 2014). Isto tem motivado a pesquisa e o desenvolvimento de técnicas de processamento que utilizem o conhecimento prévio de distribuições estatísticas atribuídas aos dados com *speckle*, como os propostos por Nobre *et al.* (2016), Rodrigues *et al.* (2016), Luo *et al.* (2017) e Duan *et al.* (2018). Uma abordagem que tem se mostrado eficiente no processamento e análise de imagens SAR é o uso de informação estatística na modelagem de sistemas variacionais. Sem que haja aplicação de etapas de pré-processamento, métodos *level set* têm sido utilizados com sucesso em segmentação de dados SAR (MARQUES *et al.*, 2012; MENG *et al.*, 2018; LIN *et al.*, 2018; NOGUEIRA *et al.*, 2020). Nesse tipo de abordagem, o processo de segmentação considera conhecidos os modelos estatísticos aos quais aderem os dados SAR e, dessa forma, diferentes regiões de uma imagem podem ser caracterizadas por suas propriedades estatísticas.

Tanto o processamento de imagens com células cervicais quanto o processamento de imagens SAR requerem algoritmos de segmentação multi-regiões, particularmente quando se procura por múltiplos objetos de interesse ou alvos. As imagens com células cervicais, além das três principais regiões (núcleo, citoplasma e *background*), podem conter células sanguíneas, células inflamatórias, fragmentos de células e células sobrepostas. Já em imagens SAR, por exemplo, podem-se encontrar regiões urbanas, oceanos, florestas e objetos pontuais, como navios e plataformas.

1.2 Objetivos

1.2.1 *Objetivo Geral*

Este trabalho tem como objetivo propor, implementar e avaliar um algoritmo *level set* rápido implementado em banda estreita (*narrow band*) e modelos de propagação para métodos *level set* para segmentação hierárquica de imagens digitais com múltiplas regiões.

1.2.2 *Objetivos Específicos*

Dentre os objetivos específicos a serem atingidos nesta tese estão:

- introduzir um algoritmo *level set* binário implementado em banda estreita;
- desenvolver um modelo de propagação baseado no método de Otsu;
- propor um modelo de propagação baseado em uma série infinita de momentos estatísticos;
- utilizar modelos de propagação baseados em verossimilhança;
- propor implementações hierárquicas para segmentação de imagens com células cervicais e imagens SAR;
- aplicar e validar o algoritmo *level set* binário implementado em banda estreita, os modelos de propagação e as implementações hierárquicas em imagens do exame citológico cervical e em imagens SAR.

1.3 Contribuições

As contribuições desta tese são as seguintes:

- um algoritmo de *level set* binário rápido implementado em banda estreita (*narrow band*) e regularizado com o filtro da mediana;
- um modelo de propagação baseado no método de limiarização de Otsu para segmentação binária;
- um modelo de propagação baseado em uma série infinita de momentos estatísticos para segmentação binária;
- Implementações hierárquicas para segmentação de núcleos de células cervicais e imagens SAR.

1.4 Produção Científica

Os seguintes artigos são resultados desta pesquisa:

- BRAGA, ALAN M.; MARQUES, REGIS C. P.; RODRIGUES, FRANCISCO A. A.; MEDEIROS, FATIMA N. S.. *A Median Regularized Level Set for Hierarchical Segmentation of SAR Images*. IEEE Geoscience and Remote Sensing Letters, v. 14, p. 1171-1175, 2017. DOI: <<https://doi.org/10.1109/LGRS.2017.2702062>>.
- ROCHA NETO, JEOVA F. S. ; BRAGA, ALAN M. ; MARQUES, REGIS C. P. ; MEDEIROS, FATIMA N. S.. *Level-Set Formulation Based on an Infinite Series of Sample Moments for SAR Image Segmentation*. IEEE Geoscience and Remote Sensing Letters, 17(5), p. 908-911, 2020. DOI: <<https://doi.org/10.1109/LGRS.2019.2933149>>.
- ROCHA NETO, JEOVA F. S.; BRAGA, ALAN M.; MEDEIROS, FATIMA N. S.; MARQUES, REGIS C. P.. *Level-set Formulation Based on Otsu Method with Morphological Regularization*. In: 2017 IEEE International Conference on Image Processing (ICIP), 2017, Beijing. p. 2144-2148. DOI: <<https://doi.org/10.1109/ICIP.2017.8296661>>.
- BRAGA, ALAN M.; MARQUES, R. C. P.; MEDEIROS, F. N. S.; ROCHA NETO, JEOVA F. S.; BIANCHI, ANDREA G. C.; CARNEIRO, CLAUDIA M; USHIZIMA, D. M.. *Hierarchical Median Narrow Band for Level Set Segmentation of Cervical Cell Nuclei*. Submetido em 2020 para a *Measurement* (MEAS-D-20-04040).

1.5 Organização da Tese

O restante desta tese está organizada da seguinte forma:

Capítulo 2: contextualização do problema do câncer do colo do útero (ou câncer cervical); apresentação do exame utilizado para detectar as lesões que precedem este tipo de câncer; e apresentação de métodos de auxílio ao diagnóstico, encontrados na literatura, que utilizam processamento digital de imagens.

Capítulo 3: apresentação de conceitos fundamentais de imagens SAR; descrição das distribuições G_A^0 e G_I^0 ; e apresentação de métodos usados para estimação dos parâmetros dessas distribuições e de métodos de segmentação de imagens que utilizam as informações desses parâmetros.

Capítulo 4: introdução do algoritmo *level set* tradicional; proposta de um algoritmo rápido de *level set* binário regularizado com o filtro da mediana e implementado em banda estreita (*narrow*

band); e propostas de modelos de propagação para evolução do método *level set*.

Capítulo 5: propostas de implementações hierárquicas para segmentação de núcleos em imagens com células cervicais e para segmentação de imagens SAR com várias regiões.

Capítulo 6: apresentação dos resultados de segmentação obtidos em três bancos de dados públicos de imagens com células cervicais e em imagens SAR sintéticas e reais, modeladas com as distribuições G_I^0 e G_A^0 ; e discussão dos resultados de segmentação.

Capítulo 7: conclusões desta tese, bem como perspectivas de trabalhos.

2 EXAME PREVENTIVO DE PAPANICOLAU E MÉTODOS DE AUXÍLIO AO DIAGNÓSTICO POR PDI

Este capítulo apresenta o exame preventivo de Papanicolau, utilizado para detectar lesões que precedem o câncer cervical, e métodos computacionais baseados em Processamento Digital de Imagens (PDI) para o auxílio ao diagnóstico médico.

2.1 Exame Preventivo de Papanicolau

O câncer cervical, também chamado de câncer do colo do útero, é causado pela infecção persistente por alguns tipos do *Human Papilloma Virus* (HPV). A maioria das infecções por HPV desaparece espontaneamente e não causa sintomas ou doenças (WORLD HEALTH ORGANIZATION, 2013). Porém, em alguns casos, ocorrem alterações nas células que podem evoluir para o câncer. Essas alterações são descobertas no exame preventivo citológico, exame de Papanicolau, e são curáveis na quase totalidade dos casos (INSTITUTO NACIONAL DE CÂNCER, 2020). Dentre todos os tipos de câncer, é o que apresenta um dos mais altos potenciais de prevenção e cura (MINISTÉRIO DA SAÚDE, 2002). Excetuando-se o câncer de pele não melanoma, é o terceiro tumor maligno mais frequente na população feminina (atrás do câncer de mama e do colorretal), e a quarta causa de morte de mulheres por câncer no Brasil (INSTITUTO NACIONAL DE CÂNCER, 2020).

O exame citológico de Papanicolau tem reduzido de forma efetiva as taxas de incidência e mortalidade pelo câncer cervical (INSTITUTO NACIONAL DE CÂNCER, 2006). Neste exame, um instrumento chamado espécúlo é introduzido no canal vaginal para expor o colo do útero. Em seguida, uma espátula de madeira (espátula de Ayre) e uma escova endocervical são utilizadas para coletar células das porções externa (ectocérvice) e interna (endocérvice) do colo do útero, respectivamente (REZENDE, 2016). As células coletadas são depositadas em uma lâmina transparente de vidro com extremidade fosca (onde consta identificação da paciente), fixadas com material específico e coradas. A Figura 1 ilustra as três principais regiões encontradas no exame citológico cervical destacadas por diferentes cores. Por fim, as lâminas são analisadas por microscopia em laboratório especializado em citopatologia (NORUP, 2005), em que características do núcleo como tamanho, forma, cor e a relação núcleo-citoplasma são algumas das informações que os citopatologistas utilizam para o diagnóstico. A Figura 2 (a) mostra os procedimentos desse exame de prevenção. Vale mencionar que uma imagem com células cervicais, ilustrada na Figura 2 (b), pode ser obtida por meio de uma câmera acoplada

ao microscópio para ser processada por um possível método computacional para o auxílio ao diagnóstico médico.

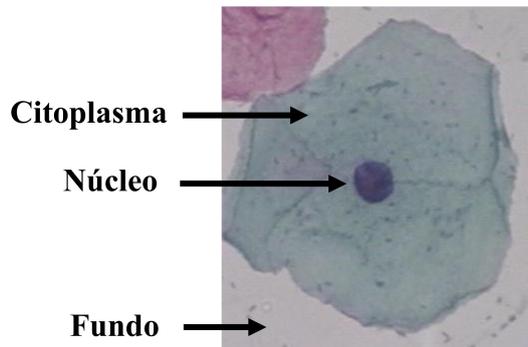


Figura 1 – Três principais regiões encontradas em imagens do exame de citologia cervical.
Fonte: Próprio autor.



Figura 2 – Exame citológico cervical: (a) procedimentos do exame; e (b) imagem de citologia cervical.

Fonte: Próprio autor.

Além da maneira convencional, em que as células são transferidas diretamente para a lâmina, o exame citológico cervical pode ser realizado por meio da preparação em meio líquido. Neste último, as amostras são colocadas em um recipiente com solução conservante e enviada ao laboratório para tratamento e análise por microscopia pelos profissionais especializados (WORLD HEALTH ORGANIZATION, 2014). Assim, visto que as amostras de células coletadas recebem um tratamento diferenciado, a citologia em meio líquido tem algumas vantagens em relação ao método convencional. As amostras obtidas são mais representativas das regiões de onde foram coletadas e geralmente há menor taxa de amostras insatisfatórias, bem como menor probabilidade de células inflamatórias ou células do sangue encobrirem as células a serem examinadas na lâmina, ou seja, as células cervicais (ORGANIZAÇÃO PAN-AMERICANA DA SAÚDE, 2016). Embora o tempo de interpretação das lâminas seja menor, devido à maior facilidade de análise, as evidências atuais não indicam que a citologia em meio líquido seja mais efetiva na redução da morbidade e da mortalidade que a citologia convencional. A citologia

em meio líquido tem sido introduzida em países desenvolvidos e é uma técnica dispendiosa que demanda tecnologia avançada, inclusive um laboratório sofisticado e técnicos altamente capacitados (ORGANIZAÇÃO PAN-AMERICANA DA SAÚDE, 2016). No Brasil, o sistema público de saúde utiliza a citologia convencional.

2.1.1 Evolução das Lesões Precursoras do Câncer Cervical

A porção externa do colo uterino, chamada ectocérvice, está em contato com a vagina e, portanto, é a porção mais visível no exame. A ectocérvice é recoberta por um epitélio escamoso estratificado, em que as células estão distribuídas em 4 camadas: basal, parabasal, intermediária e superficial. As células mais jovens encontram-se próximas à membrana basal formando a camada basal. Células nessa camada são pequenas e arredondadas, com núcleos relativamente grandes e escuros (NORUP, 2005). São menos diferenciadas e se dividem continuamente. As células basais se dividem e maturam para formar a próxima camada contendo células parabasais, que também têm núcleos relativamente grandes de coloração escura. Uma maior diferenciação e maturação destas células conduz às camadas intermediárias de células poligonais com citoplasma abundante e pequenos núcleos arredondados. Com mais maturação, são formadas células grandes e acentuadamente planas com citoplasma mais transparente e com núcleos pequenos e densos nas camadas superficiais. Em termos gerais, da camada basal à superficial, essas células sofrem um aumento no tamanho do citoplasma e redução do tamanho nuclear (SELLORS; SANKARANARAYANAN, 2003).

A porção interna do colo uterino, chamada endocérvice ou canal endocervical, é revestida pelo epitélio colunar (também denominado de epitélio glandular) (SELLORS; SANKARANARAYANAN, 2003). Este epitélio é composto por uma única camada de células próxima à membrana basal. É mais fino e mais frágil do que o epitélio escamoso da ectocérvice e contém várias glândulas que lubrificam o canal. As células colunares são altas e cilíndricas com núcleos localizados em uma das extremidades do citoplasma (WORLD HEALTH ORGANIZATION, 2014).

A infecção pelo vírus HPV interfere nas funções normais das células cervicais e provoca alterações características de lesões precursoras (também conhecidas como displasias). A Figura 3 mostra o epitélio escamoso cervical normal à esquerda e camadas progressivamente mais espessas de novas células pequenas anormais que ocupam a grande porção intermediária do epitélio. À medida que essa porção intermediária ocupa cada vez mais a espessura do epitélio

normal, considera-se que existe no epitélio uma lesão pré-cancerosa leve, moderada ou severa. Essa sequência leva ao câncer (carcinoma invasivo) se as células anormais invadirem a camada inferior do epitélio (membrana basal) (ORGANIZAÇÃO PAN-AMERICANA DA SAÚDE, 2016). O sistema Bethesda (NAYAR; WILBUR, 2015), classificação citológica mais atual, leva em conta a possibilidade de evolução para o câncer e apresenta um esquema de dois graus, isto é, lesão intraepitelial escamosa de baixo grau (*Low Squamous Intraepithelial Lesion*, LSIL) e lesão intraepitelial escamosa de alto grau (*High Squamous Intraepithelial Lesion*, HSIL) (INSTITUTO NACIONAL DE CÂNCER, 2006). A LSIL compreende as lesões precursoras ou displasias leve, moderada e severa, enquanto a HSIL compreende o carcinoma *in situ*, que precede o câncer.

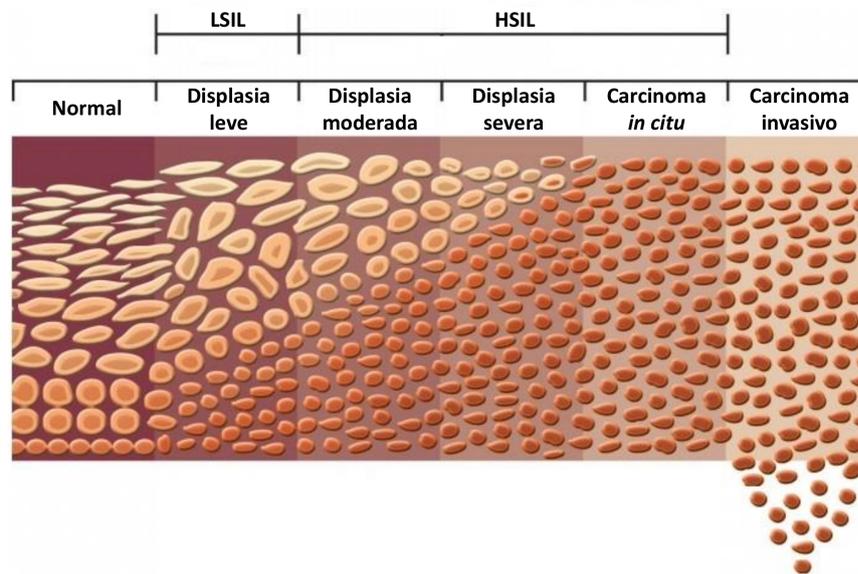


Figura 3 – Evolução do epitélio normal até o câncer (carcinoma invasivo).
Fonte: Adaptada de Lowy e Schiller (2006).

No teste citológico cervical, as amostras coletadas pela espátula de Ayre são compostas basicamente por células que se encontram nas partes mais superficiais do epitélio e as lesões pré-cancerosas são classificadas com base na maturidade das células anormais encontradas (ELEUTÉRIO JR., 2003). De uma forma geral, as principais anormalidades são identificadas com base em alterações nucleares que incluem: aumento do tamanho, modificações da forma e alterações da estrutura cromatínica e hiper Cromasia (coloração mais escura) (LIMA, 2012). Além disso, os citopatologistas utilizam a relação núcleo-citoplasma para avaliar o grau da lesão, em que proporções maiores desta relação estão associadas a maiores graus das lesões (SELLORS; SANKARANARAYANAN, 2003).

2.2 Métodos Baseados em PDI para o Auxílio ao Diagnóstico Médico

Trabalhos recentes (WANG; KAMATA, 2018; ARAÚJO *et al.*, 2019; ZHANG *et al.*, 2019; WANG *et al.*, 2019; WAN *et al.*, 2019; WANG *et al.*, 2020; ZHANG *et al.*, 2020) têm se concentrado na análise automática de células, incluindo métodos de segmentação mais precisos para imagens de microscopia, uma vez que a interpretação visual é demorada e requer profissionais experientes (PLISSITI *et al.*, 2011b). Características do núcleo tais como tamanho, forma, intensidade e a relação da área entre núcleo e citoplasma são relevantes para guiar o processo de diagnóstico. Além disso, alterações na morfologia do núcleo celular, textura nuclear e hiper cromasia são altamente informativas para reconhecer células anormais (TANG *et al.*, 2015; WATANABE *et al.*, 2004; NIELSEN *et al.*, 2008). Em tarefas de classificação de células, as informações obtidas do núcleo desempenham um papel central, uma vez que podem revelar alterações significativas na forma e na distribuição da cromatina (PLISSITI *et al.*, 2011a; OLIVEIRA *et al.*, 2017). Dessa forma, métodos eficientes para segmentação de núcleos são decisivos para projetar ferramentas computacionais confiáveis para a triagem de câncer cervical. Os métodos de segmentação de núcleos de células cervicais podem ser divididos em duas principais categorias: (i) métodos que segmentam núcleos em imagens com várias células cervicais; e (ii) métodos para segmentação de núcleos em imagens com apenas uma célula.

Lu *et al.* (2015) introduziram um método para segmentação de núcleos e citoplasmas em imagens com várias células cervicais. Primeiro, este método de segmentação de células obtém uma imagem de *superpixels* usando o algoritmo *quick shift*. Em seguida, as bordas dos objetos da imagem são detectadas e, a partir delas, são obtidos *convex hulls*. A fim de alcançar as regiões finais da massa celular, o algoritmo realiza uma classificação binária não supervisionada. Essas massas celulares são utilizadas como entrada para o método *Maximally Stable Extremal Regions* (MSER) para detectar componentes conectados estáveis, que contêm os objetos candidatos a núcleos. Os verdadeiros núcleos são identificados filtrando esses candidatos por meio de limiares de características de aparência e forma, a saber: excentricidade, área, intensidade média do objeto e a relação da área entre o objeto e a massa celular que ele pertence. Finalmente, para obter as regiões individuais dos citoplasmas, os núcleos detectados são usados para estimar a segmentação inicial e a forma prévia para a subsequente otimização por *level set*. Aqui, esse método de segmentação de células é nomeado como *Maximally Stable Extremal Regions with Level Set* (MSERLS).

Em um desafio de segmentação de células cervicais promovido pelo *IEEE Inter-*

national Symposium on Biomedical Imaging (ISBI), Ushizima *et al.* (2014) propuseram uma abordagem para segmentação de núcleos e citoplasmas em imagens com várias células cervicais sobrepostas. Inicialmente, a massa celular é obtida agrupando regiões com base na adjacência de pixels e similaridade de intensidade usando um algoritmo baseado em grafos, seguido por um algoritmo global de busca em uma imagem de superpixels. Os autores usaram um algoritmo de limiarização local (*Local Thresholding*, LT) para segmentar os núcleos dentro da massa celular e, baseado nos núcleos identificados, dividiram a imagem em polígonos convexos através de diagramas de Voronoi para segmentar os citoplasmas. O método de segmentação de núcleos é referido neste trabalho como *Local Thresholding to Segment Nuclei (LTSN)*.

Métodos baseados em aprendizado profundo (*Deep Learning*, DL) são utilizados para segmentação de núcleos de células cervicais (TAREEF *et al.*, 2017; GAUTAM *et al.*, 2018; ZHANG *et al.*, 2019; WAN *et al.*, 2019; ALLEHAIBI *et al.*, 2019). Porém, os algoritmos com aprendizado profundo possuem alto custo computacional e requerem um número grande de imagens para o estágio de treinamento. Tareef *et al.* (2017) projetaram um algoritmo automático baseado em aprendizado profundo e modelo de forma dinâmica para segmentar os núcleos e citoplasmas em imagens com várias células cervicais. O algoritmo de agrupamento *Simple Linear Iterative Clustering (SLIC)* (SHAH-HOSSEINI, 2002) é usado para gerar vários fragmentos da imagem levando em conta as similaridades de intensidade e proximidade espacial. O próximo passo é classificar os fragmentos da imagem em 3 componentes, isto é, núcleo, massa citoplasmática, e *background* utilizando uma rede neural convolucional (*convolutional neural network*, CNN). Para refinar os contornos das regiões, o algoritmo *level set* foi empregado. Em seguida, considerando os limites da massa citoplasmática, o citoplasma para cada núcleo identificado é obtido por meio de uma estrutura de segmentação variacional com uma forma obtida previamente que é atualizada iterativamente. Nesta tese, este método de segmentação de células é nomeado por Deep I.

Li *et al.* (2012) apresentaram um método baseado em *snake*, nomeado *Radiating Gradient Vector Flow (RGVF)*, que alcançou resultados adequados em imagens com apenas uma célula cervical. Este método requer para sua iniciação o contorno inicial do objeto de interesse e o mapa de bordas da imagem, o qual é computado com base em linhas radiantes com origem no ponto central da região do núcleo. Assim, o filtro *non-local means* é utilizado para remover ruídos da imagem e, em seguida, a imagem filtrada é dividida em núcleo, citoplasma e fundo, com o uso de uma técnica K-médias espacial, e os contornos extraídos a partir desses resultados

iniciais são refinados com o algoritmo *snake*.

Chankong *et al.* (2014) também introduziram um método para segmentação de imagens com uma célula cervical com base na técnica *Fuzzy C-means* (FCM). Primeiro, a imagem é convertida para escala de cinza e depois um filtro da mediana é aplicado para eliminar ruídos. Em seguida, o algoritmo FCM divide a imagem filtrada em 7 grupos de níveis de cinza, os quais são posteriormente classificados em 3 grupos finais, isto é, núcleo, citoplasma e fundo da imagem. Essa classificação é realizada com base em 2 limiares obtidos a partir dos centróides dos 7 grupos iniciais. Nesta teste, esse método de segmentação baseado na técnica *Fuzzy C-means* é referido como MFCM.

2.3 Conclusão do Capítulo

Neste capítulo foi apresentado o exame preventivo citológico (exame de Papanicolau), o qual é utilizado para identificar lesões precursoras do câncer cervical. O teste preventivo pode fornecer informações do tamanho, forma e cor do núcleo assim como a relação núcleo-citoplasma que são utilizadas pelos citopatologistas para identificar lesões. Porém, a avaliação visual por meio do microscópio é demorada e a fadiga causada pela análise de várias lâminas pode ocasionar erros no diagnóstico. Os métodos computacionais abordados neste capítulo vêm fornecer formas de evitar estes problemas e são baseados no processamento digital (supervisionado ou não) das imagens de microscópio.

3 MODELAGEM ESTATÍSTICA E PROCESSAMENTO DE IMAGENS SAR

Este capítulo apresenta os conceitos fundamentais de imagens de radar de abertura sintética (*synthetic aperture radar*, SAR). Devido ao processo de aquisição, imagens SAR são degradadas por um ruído multiplicativo, o ruído *speckle*, que atribui a imagem um aspecto granular. O estudo da natureza deste ruído tem levado a várias propostas de métodos de segmentação de imagens que utilizam informações estatísticas dos modelos atribuídos aos dados SAR. Neste capítulo são descritas as distribuições G_A^0 e G_I^0 , introduzidas por Frery *et al.* (1997), cujas propriedades têm sido utilizadas com sucesso em processamento de imagens SAR. Além disso, são apresentados métodos usados para estimação dos parâmetros destas distribuições e métodos de segmentação de imagens que utilizam as informações desses parâmetros.

3.1 Imagens SAR

Resultados importantes no monitoramento de áreas marinhas e costeiras têm sido obtidos por meio de sensoriamento remoto, com destaque para o uso do radar de abertura sintética (*synthetic aperture radar*, SAR). A geração de imagens SAR tem como princípio a utilização de ondas eletromagnéticas na faixa de microondas. Isto faz com que estes sistemas tenham vantagens em relação aos sistemas ópticos como, por exemplo, a independente à luz do dia, cobertura de nuvens e condições climáticas. A Tabela 2 apresenta as bandas de frequência usadas comumente para sistemas SAR e as faixas correspondentes de frequência e comprimento de onda.

Tabela 2 – Bandas de frequência utilizadas em sistemas SAR e suas faixas correspondentes de frequência e comprimento de onda. Adaptada de Moreira *et al.* (2013).

Banda	Ka	Ku	X	C	S	L	P
Frequência (GHz)	40–25	17,6–12	12–7,5	7,5–3,75	3,75–2	2–1	0,5–0,25
Comprimento de onda (cm)	0,75–1,2	1,7–2,5	2,5–4	4–8	8–15	15–30	60–120

Além da banda de frequência, os sistemas SAR são caracterizados pelo tipo de polarização, que se refere à orientação do campo elétrico da onda eletromagnética (DABBOOR; BRISCO, 2018). As antenas do radar podem ser configuradas para transmitir e receber sinais com polarização horizontal ou vertical. A polarização é HH ou VV quando o sinal é enviado e recebido com o campo elétrico na mesma direção, horizontal ou vertical, respectivamente. A polarização é cruzada quando o sinal é enviado e recebido em direções ortogonais (HV ou VH)

(BENTZ, 2006).

Em uma representação simplificada, um sistema de imageamento por radar é constituído por transmissor e receptor de microondas e uma antena. O sistema é colocado em uma plataforma, como um avião ou um satélite, e emite pulsos eletromagnéticos na direção do alvo. Ao atingir a superfície, tem sua energia espalhada em várias direções. Uma parte da energia é refletida em direção ao próprio sensor (retroespalhamento), onde é medida e processada para gerar uma imagem (MARQUES, 2004).

Na verdade, radar de abertura sintética consiste em uma implementação particular de um sistema de imageamento por radar que utiliza o movimento da plataforma do radar e processamento de sinal especializado para gerar imagens de alta resolução. Antes da descoberta do radar de abertura sintética, os radares de imageamento operavam usando o princípio de abertura real e eram conhecidos como radares aerotransportados de visada lateral (*side-looking airborne radars*, SLAR) (ZYL; KIM, 2011).

A Figura 4 mostra a geometria de aquisição de uma imagem por radar. O sensor do radar se movimenta a uma altura aproximadamente constante h_s acima do solo com velocidade v_s ao longo da direção da trilha do radar (ou azimute). A altura e o comprimento da antena são indicados por L_e e L_a , respectivamente. A distância R_0 entre a antena e o alvo, perpendicular à direção de azimute, é conhecida por alcance inclinado (*slant range*) e a sua projeção na superfície é chamada de alcance no terreno (*ground range*). A extremidade mais próxima do nadir, ponto verticalmente abaixo do radar, é denominada por alcance próximo (*near range*) enquanto a extremidade mais afastada é chamada de alcance distante (*far range*). O ângulo de incidência η é formado entre a direção de iluminação do radar e a normal à superfície do terreno, variando entre o alcance próximo (menor) e o alcance distante (maior).

As resoluções na direção azimutal (resolução de azimute) e na direção do alcance do terreno (resolução de alcance) são, respectivamente, dadas por:

$$\delta_a = \frac{\lambda R_0}{L_a}; \quad (3.1)$$

e

$$\delta_r = \frac{c\tau}{2\sin(\eta)}, \quad (3.2)$$

em que λ é o comprimento de onda, c é a velocidade da luz e τ é a largura do pulso transmitido.

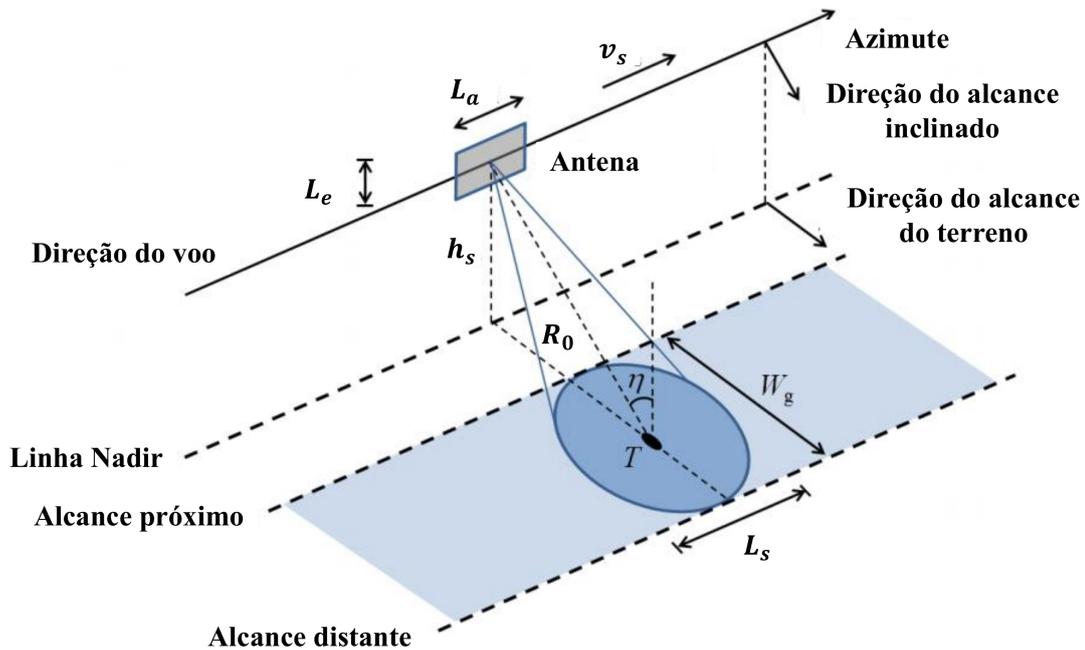


Figura 4 – Geometria de aquisição de uma imagem por radar.

Fonte: Adaptada de Martone (2019).

A resolução de azimute δ_a consiste na menor distância entre dois alvos pontuais que o radar pode detectar (MOREIRA *et al.*, 2013), ou seja, representa o nível de detalhamento da região imageada na direção de azimute. Isso significa que se δ_a for da ordem de metros é possível obter um imageamento dos alvos desta ordem. Como pode ser visto na Equação (3.1), a resolução de azimute para sistemas de radar de abertura real é inversamente proporcional ao comprimento da antena e é dependente do alcance. Isso exigiria antenas físicas com comprimentos impraticáveis, na ordem de quilômetros, para obter resoluções de azimute baixas (na ordem de metros) para alcances práticos. Dessa forma, as resoluções obtidas pelos sistemas com abertura real (ou SLAR) são geralmente inadequadas para aplicações de sensoriamento remoto (ZYL; KIM, 2011).

Esta limitação é contornada por sistemas SAR. Ao longo da direção de azimute, o radar de abertura sintética simula uma antena longa a partir do deslocamento de uma antena curta, o que possibilita a aquisição de imagens com uma resolução melhor (MARQUES, 2004). Assim, o sistema SAR é capaz de obter alta resolução de azimute ao armazenar e reconstruir todos os sinais retornados na "abertura sintetizada". Movendo a antena do radar enquanto ilumina o alvo, uma longa antena do radar é sintetizada, o que possibilita a aquisição de imagens com alta resolução (CHATURVEDI, 2019). Em SAR, a resolução de azimute resultante torna-se igual à metade do comprimento da antena de azimute ($\delta_a = L_a/2$) e é independente da distância do

alcance (MOREIRA *et al.*, 2013).

Portanto, os sistemas SAR utilizam o fato de que um determinado alvo pode ser imageado várias vezes para sintetizar uma antena longa, cujo tamanho consiste na distância percorrida entre o primeiro e o último momento de visualização do alvo. Atualmente, por ser uma alternativa prática e econômica, a maioria dos radares utiliza o princípio de abertura sintética (NOBRE, 2018). A Figura 5 exemplifica uma abertura sintética em que um alvo é imageado três vezes.

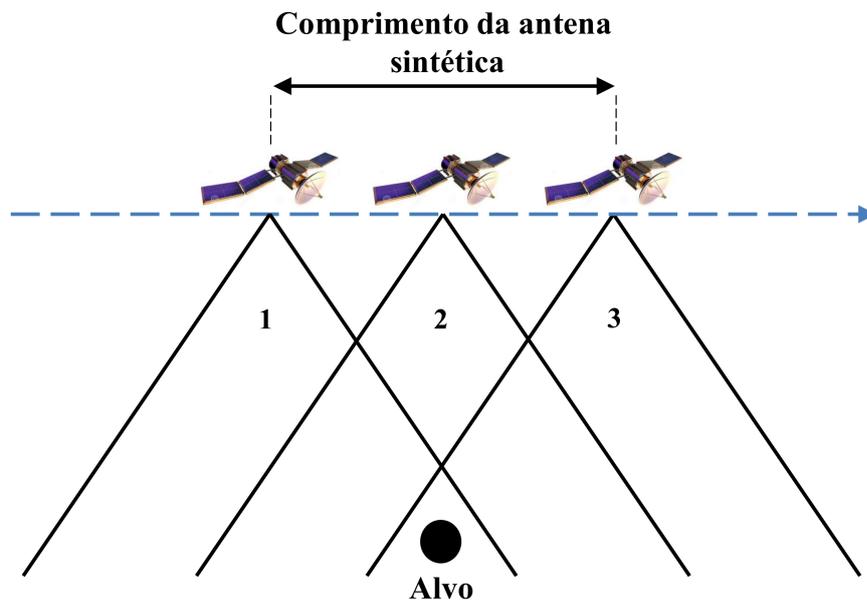


Figura 5 – Conceito de antena sintética. A posição 1 representa o momento que o radar captou pela primeira vez o alvo e a posição 3 o último momento.

Fonte: Próprio autor.

3.1.1 Ruído speckle

Aplicadas em imagens SAR, técnicas de processamento e análise de imagens podem auxiliar na detecção de desastres ambientais, como desmatamento e derrames de óleo, bem como no monitoramento e na vigilância de águas territoriais, acompanhamento do avanço urbano sobre áreas de proteção ambiental e reservas biológicas. Porém, a principal dificuldade relacionada à interpretação e análise de imagens SAR é a presença de um ruído de natureza multiplicativa, chamado *speckle* (FRERY *et al.*, 1997; GAO, 2010).

O ruído *speckle* é inerente ao processo de formação das imagens e se deve à aleatoriedade dos espalhadores que compõem a superfície imageada. Estes espalhadores decompõem o sinal enviado pelo sistema, em vários fasores com amplitude e fase aleatórias. As diversas

contribuições construtivas e destrutivas conferem à imagem um aspecto granular (MARQUES, 2011). Este ruído pode ser reduzido significativamente por meio da utilização do processamento em múltiplas visadas (*multilooks*), que divide a abertura sintética da antena em aberturas menores e adjacentes, gerando L visadas (*looks*) independentes (BENTZ, 2006). Nesse processo, o retorno resultante é obtido pela média das L observações. Usualmente, L é conhecido como número de visadas (*looks*) e, assim, no caso de $L = 1$ tem-se uma imagem com uma visada (*single look*) e no caso de $L > 1$ tem-se imagens de múltiplas visadas (*multilooks*). Em geral, o processamento em múltiplas visadas diminui o ruído *speckle* ao custo de diminuir a resolução da imagem. A Figura 6 apresenta imagens SAR com diferentes números de *looks*.

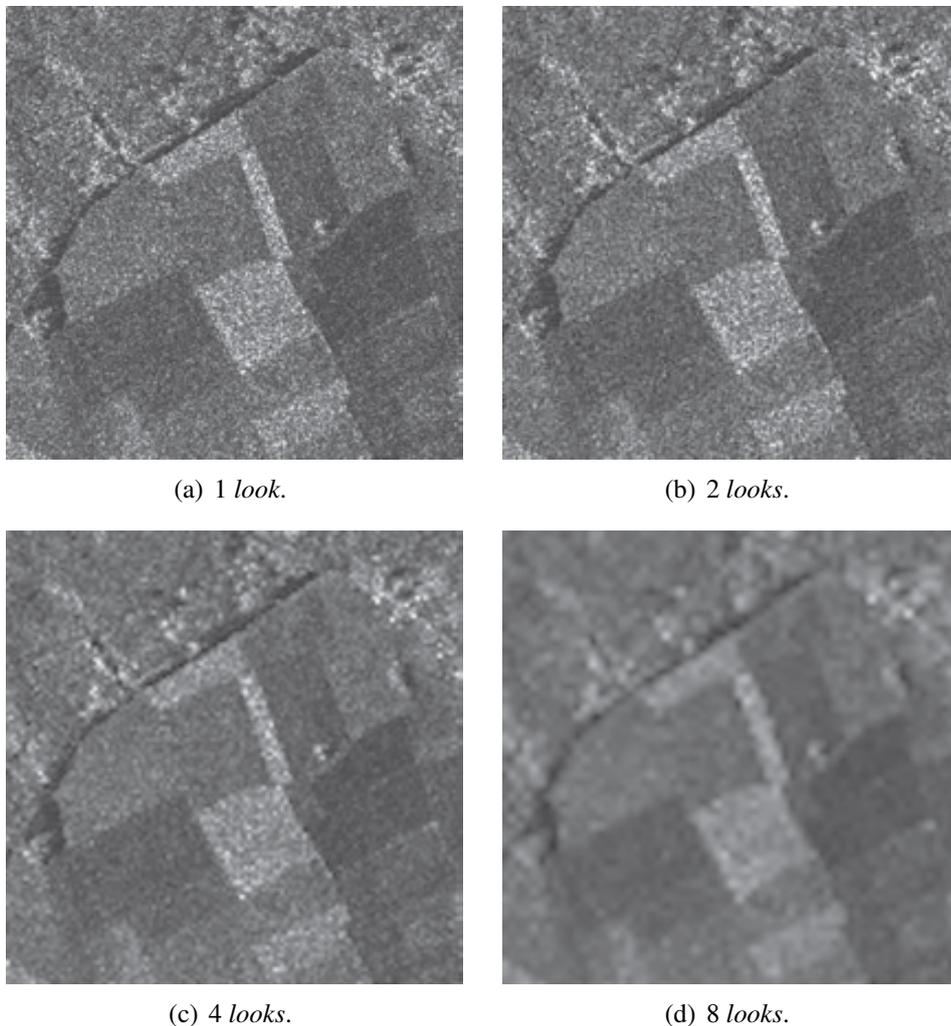


Figura 6 – Imagens SAR com diferentes números de *looks*.

Fonte: Adaptada de Moreira *et al.* (2013).

A aplicação de métodos de filtragem é uma outra alternativa para reduzir ruído presente na imagem. Porém, se por um lado a filtragem do ruído *speckle* pode auxiliar na

interpretação e análise da imagem, por outro pode degradar detalhes relevantes (TORRES *et al.*, 2014). Isto tem motivado a pesquisa e o desenvolvimento de métodos de segmentação que utilizem o conhecimento de modelos a priori atribuídos aos dados com *speckle*, como os propostos por Huang *et al.* (2009), Carvalho *et al.* (2010), Marques *et al.* (2012), Feng *et al.* (2013a), Nobre *et al.* (2016) e Rodrigues *et al.* (2016).

Em Gao (2010), pode-se encontrar uma revisão bibliográfica das distribuições utilizadas para modelar os dados SAR. Dentre as distribuições conhecidas na literatura, merecem destaque as distribuições da família G^0 introduzidas por Frery *et al.* (1997), uma vez que permitem modelar adequadamente regiões homogêneas, heterogêneas e extremamente heterogêneas em imagens SAR.

3.2 Modelos G_I^0 e G_A^0 para Dados SAR

A maioria das distribuições estatísticas dos dados SAR surgiram a partir do modelo do ruído *speckle* e, portanto, do modelo multiplicativo (GAO, 2010). Com isso, o retorno dos dados SAR, Z , segue o modelo multiplicativo dado por:

$$Z = X \cdot Y, \quad (3.3)$$

em que o retroespalhamento do terreno X e o ruído *speckle* Y são variáveis aleatórias independentes.

O processo de iluminação coerente utilizado na aquisição de imagens SAR é capaz de fornecer informações de valor complexo em cada pixel da seguinte forma:

$$S = Re(S) + jIm(S), \quad (3.4)$$

em que Re e Im representam a parte real e a parte imaginária de S , respectivamente, e $j = \sqrt{-1}$. Além do mais, podem ser obtidas outras informações, como a amplitude de S , dada por $A = \sqrt{Re(S)^2 + Im(S)^2}$, e a intensidade de S , dada por $I = A^2$, ou seja, $I = Re(S)^2 + Im(S)^2$. De acordo com Lee e Pottier (2017), tanto A quanto I podem ser consideradas aleatórias. Vale ressaltar que a amplitude ou a intensidade do retorno é o formato mais comum em aplicações (NASCIMENTO *et al.*, 2010). Assim, considerando o modelo multiplicativo da Equação (3.3), Frery *et al.* (1997) propuseram a distribuição G_I^0 para modelar dados SAR em intensidade

$$f_{G_I^0}(z; \alpha, \gamma, L) = \frac{L^L \Gamma(L - \alpha)}{\gamma^\alpha \Gamma(-\alpha) \Gamma(L)} \frac{z^{L-1}}{(\gamma + zL)^{L-\alpha}}, \quad (3.5)$$

em que $-\alpha, \gamma, z, L > 0$, como o produto das variáveis aleatórias $X \sim \Gamma^{-1}(\alpha, \gamma)^1$ e $Y \sim \Gamma(L, L)^2$, com momento não central de ordem r definido como

$$\mathbb{E}_{G_I^0}[Z^r] = \begin{cases} \left(\frac{\gamma}{L}\right)^r \frac{\Gamma(-\alpha-r)\Gamma(L+r)}{\Gamma(-\alpha)\Gamma(L)}, & \alpha < -r \\ \infty, & \text{caso contrário.} \end{cases} \quad (3.6)$$

Para modelar dados SAR em amplitude, distribuição G_A^0 , Frery *et al.* (1997) consideraram as variáveis aleatórias $X \sim \Gamma^{-1/2}(\alpha, \gamma)^3$ e $Y \sim \Gamma^{1/2}(L, L)^4$.

A função densidade de probabilidade para o retorno em amplitude é dada por:

$$f_{G_A^0}(z; \alpha, \gamma, L) = \frac{2L^L \Gamma(L - \alpha)}{\gamma^\alpha \Gamma(-\alpha) \Gamma(L)} \frac{z^{2L-1}}{(\gamma + z^2 L)^{L-\alpha}}, \quad (3.7)$$

em que $-\alpha, \gamma, z, L > 0$, com momento não central de ordem r definido como

$$\mathbb{E}_{G_A^0}[Z^r] = \begin{cases} \left(\frac{\gamma}{L}\right)^{\frac{r}{2}} \frac{\Gamma(-\alpha-\frac{r}{2})\Gamma(L+\frac{r}{2})}{\Gamma(-\alpha)\Gamma(L)}, & \alpha < -\frac{r}{2} \\ \infty, & \text{caso contrário.} \end{cases} \quad (3.8)$$

Tanto para a distribuição G_I^0 quanto para a distribuição G_A^0 , α é o parâmetro de rugosidade, γ é o parâmetro de escala, $\Gamma(\cdot)$ é a função gama e L o número de *looks* da imagem. A Figura 7 mostra a influência dos parâmetros α e γ e do número de *looks* no comportamento da distribuição G_A^0 . Em geral, valores de α próximos a zero representam regiões extremamente heterogêneas enquanto valores de α extremamente baixos ($\alpha \rightarrow -\infty$) representam regiões homogêneas (MARQUES, 2011). Como mencionado na Seção 3.1.1, o aumento do número de *looks* da imagem diminui a variância da intensidade dos pixels (RODRIGUES, 2017), ou seja, reduz o ruído *speckle*. Comparando as Figuras 7 (a) e (b), observa-se que a dispersão (variabilidade) das distribuições apresentadas na Figura 7 (a) ($L = 1$) são maiores que aquelas apresentadas na Figura 7 (b) ($L = 8$). Comportamento semelhante é observado para a distribuição G_I^0 .

¹ X segue a distribuição Gama inversa.

² Y segue a distribuição Gama.

³ X segue a raiz quadrada da distribuição Gama inversa.

⁴ Y segue a raiz quadrada da distribuição Gama.

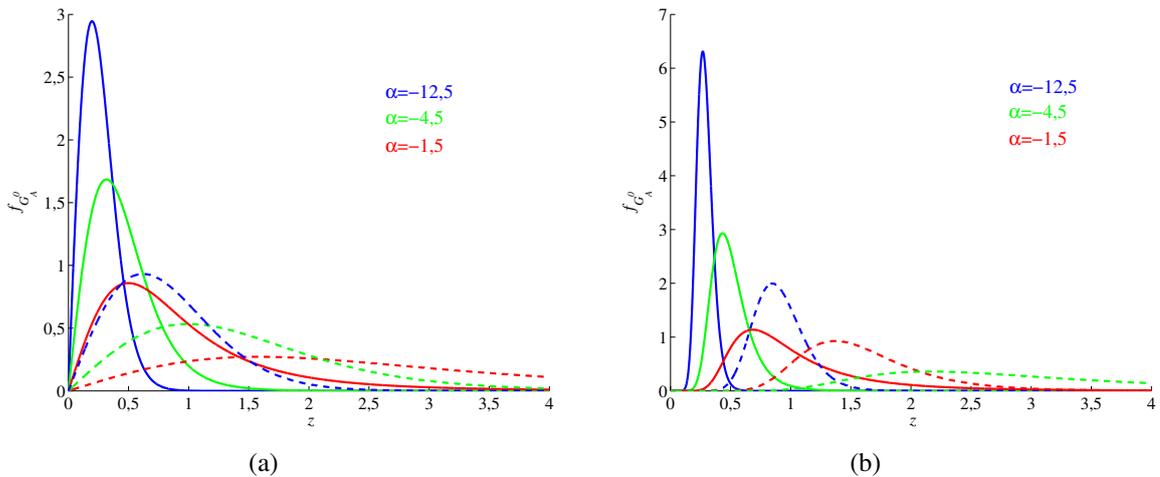


Figura 7 – Padrões da $f_{G_A^0}(z; \alpha, \gamma, L)$ considerando: (a) $L = 1$; e (b) $L = 8$. Distribuição para $\gamma = 1$ (linhas contínuas) e $\gamma = 10$ (linhas tracejadas), com três diferentes padrões de rugosidade homogêneo $\alpha = -12,5$ (azul), heterogêneo $\alpha = -4,5$ (verde) e extremamente heterogêneo $\alpha = -1,5$ (vermelho).

Fonte: Retirada de Marques (2011).

Vale mencionar que as distribuições G_I^0 e G_A^0 apresentam algumas relações importantes. Seja Z_I uma variável aleatória segundo o modelo G_I^0 e Z_A uma variável aleatória segundo o modelo G_A^0 , estas duas variáveis aleatórias apresentam a relação $Z_I = Z_A^2$ (FRERY *et al.*, 1997). Além disso, os momentos não centrais de ordem r estão relacionados da seguinte forma (FRERY *et al.*, 1997):

$$\mathbb{E}_{G_I^0}[Z^r] = \mathbb{E}_{G_A^0}[Z^{2r}]. \quad (3.9)$$

3.3 Estimação dos Parâmetros α e γ e Utilização em Métodos de PDI

Como relatado em Gambini *et al.* (2008), os parâmetros de rugosidade (α) e escala (γ) das distribuições G_I^0 e G_A^0 podem caracterizar dados SAR com diferentes padrões de retroespalhamento. Para realizar a estimação destes parâmetros algumas técnicas podem ser aplicadas como, por exemplo: método dos momentos (MM) (FRERY *et al.*, 1997; MEJAIL *et al.*, 2003; GAMBINI *et al.*, 2008) e máxima verossimilhança (*maximum likelihood estimation*, MLE) (FRERY *et al.*, 2004). Porém, estes métodos apresentam limitações semelhantes devido, principalmente, às soluções analíticas não alcançadas além de problemas de não convergência em métodos numéricos (FRERY *et al.*, 2004; MARQUES *et al.*, 2012).

O estimador MLE apresenta expressões analíticas complexas para modelagem de dados SAR, o que requer procedimentos numéricos intensivos para derivá-los (NICOLAS, 2002;

FENG *et al.*, 2013b; RODRIGUES, 2017). Adicionalmente, Mejail *et al.* (2003) relataram que problemas numéricos surgem nos estimadores MLE quando a estimação é realizada em pequenas amostras, usualmente requeridas em PDI, sobre regiões homogêneas. Além disso, o tempo de computação necessário para realizar a estimação dos parâmetros é outro problema relevante (CHITROUB *et al.*, 2002).

Os estimadores obtidos pelo método dos momentos (MM), apesar das limitações de ordem numérica, são de simples utilização e podem ser aplicados com sucesso na estimação dos parâmetros das distribuições G_I^0 e G_A^0 (MEJAIL *et al.*, 2003; MARQUES *et al.*, 2012), uma vez que, são consistentes (SEN *et al.*, 2010) e computacionalmente rápidos (RODRIGUES *et al.*, 2016). Marques *et al.* (2012) usaram a estratégia adotada por Mejail *et al.* (2003), em que, para cada pixel da imagem, o parâmetro α da distribuição G_A^0 é estimado pela solução numérica da relação:

$$\frac{\Gamma^2(-\hat{\alpha} - 1/4)}{\Gamma(-\hat{\alpha})\Gamma(-\hat{\alpha} - 1/2)} - \frac{\hat{m}_{1/2}^2}{\hat{m}_1} \frac{\Gamma(L)\Gamma(L+1/2)}{\Gamma^2(L+1/4)} = 0, \quad (3.10)$$

em que \hat{m}_1 e $\hat{m}_{1/2}$ são os momentos amostrais estimados de ordem 1 e 1/2, respectivamente. Uma vez estimado o parâmetro α , o parâmetro γ é determinado substituindo α na Equação (3.8) para $r = 1$ e $\mathbb{E}_{G_A^0}[Z^1] = \hat{m}_1$. Marques *et al.* (2012) utilizaram uma janela 3x3, centrada em cada pixel, resultando em dois mapas de parâmetros com as mesmas dimensões da imagem.

De uma forma similar, os parâmetros α e γ da distribuição G_I^0 podem ser obtidos pela relação

$$\frac{\Gamma^2(-\hat{\alpha} - 1/2)}{\Gamma(-\hat{\alpha})\Gamma(-\hat{\alpha} - 1)} - \frac{\mu_{1/2}^2}{\mu_1} \frac{\Gamma(L)\Gamma(L+1)}{\Gamma^2(L+1/2)} = 0, \quad (3.11)$$

em que \hat{m}_1 e $\hat{m}_{1/2}$ são os momentos amostrais estimados de ordem 1 e 1/2, respectivamente. Uma vez estimado o parâmetro α , o parâmetro γ é determinado substituindo α na Equação (3.6) para $r = 1$ e $\mathbb{E}_{G_I^0}[Z^1] = \hat{m}_1$. Nesta tese, assim como em (NOBRE, 2018), para resolver os sistemas das Equações (3.10) e (3.11), utilizamos o método numérico de interpolação com o intuito de garantir velocidade ao processo de estimação, sem que isso comprometa a qualidade dos estimadores. Além do mais, o número de *looks* é conhecido (fornecido pelo sensor gerador da imagem) e considerado constante para todos os pixels da imagem.

Outra alternativa para estimar os parâmetros das distribuições G_I^0 e G_A^0 é o método de log-cumulantes (MLC) apresentado em (NICOLAS, 2002). Este método gera estimadores

fortemente consistentes e envolve operações algébricas mais simples do que o MLE. Embora o método MLC apresente um tempo computacional menor em relação ao método MLE, o tempo de processamento ainda é um fator limitante à sua utilização (RODRIGUES *et al.*, 2016). Porém, o MLC torna-se um boa alternativa em aplicações que o método MLE seja inviável (KRYLOV *et al.*, 2013).

A estratégia do método de log-cumulantes para estimar os parâmetros α e γ se baseia na relação entre os log-momentos \tilde{m}_r e log-cumulantes \tilde{k}_r de ordem $r \in \mathbb{N}$. Por exemplo, a relação entre os log-momentos e log-cumulantes de ordem 1 e 2 é definida em (NICOLAS, 2002; TISON *et al.*, 2004) pela expressão:

$$\begin{cases} \tilde{k}_1 = \tilde{m}_1 \\ \tilde{k}_2 = \tilde{m}_2 - \tilde{m}_1^2. \end{cases} \quad (3.12)$$

Os log-cumulantes de ordem 1 e 2 para a distribuição G_A^0 são dados por (CUI *et al.*, 2014)

$$\begin{cases} 2\tilde{k}_1 = \ln\left(\frac{\hat{\gamma}}{L}\right) + \Psi^0(L) - \Psi^0(-\hat{\alpha}) \\ 4\tilde{k}_2 = \Psi^1(L) + \Psi^1(-\hat{\alpha}), \end{cases} \quad (3.13)$$

e os log-cumulantes de ordem 1 e 2 para a distribuição G_I^0 são dados por (CUI; DATCU, 2011)

$$\begin{cases} \tilde{k}_1 = \ln\left(\frac{\hat{\gamma}}{L}\right) + \Psi^0(L) - \Psi^0(-\hat{\alpha}) \\ \tilde{k}_2 = \Psi^1(L) + \Psi^1(-\hat{\alpha}), \end{cases} \quad (3.14)$$

em que $\Psi^0(\cdot)$ e $\Psi^1(\cdot)$ representam as funções digamma e trigamma, respectivamente. Assim, a estratégia para estimar os parâmetros α e γ da distribuição G_A^0 consiste em resolver o sistema de equações não-lineares da Equação (3.13), considerando as relações na Equação (3.12) e substituindo \tilde{m}_1 e \tilde{m}_2 pelos correspondentes log-momentos amostrais de ordem 1 e 2, os quais podem ser obtidos pela seguinte relação, para $r \in \{1, 2\}$ (NICOLAS, 2002):

$$\hat{m}_r = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \log z_i^r, \quad (3.15)$$

em que z_i , com $i \in \{1, 2, \dots, n\}$, representa uma amostra de uma variável aleatória Z . Similarmemente, os parâmetros α e γ da distribuição G_I^0 podem ser estimados realizando o mesmo procedimento, porém, utilizando a Equação (3.14) ao invés da Equação (3.13).

Um importante aspecto na escolha do método de estimação MLC é que o histograma do mapa de rugosidade, estimado por esse método, é multimodal e com número de modas igual ao número de regiões da imagem. Diferentemente, o histograma obtido diretamente da imagem SAR apresenta uma única moda. A Figura 8 apresenta imagens sintéticas em intensidade (G_I^0) e seus correspondentes histogramas e mapas de rugosidade. O mesmo comportamento é observado nos histogramas de imagens em amplitude (G_A^0). Assim, inspirado no trabalho de Mejail *et al.* (2003) em que, para cada pixel da imagem é obtido um correspondente valor de α e γ , Rodrigues *et al.* (2016) propuseram uma metodologia de segmentação que utiliza uma matriz (ou mapa) de rugosidade, M_α , a qual é estimada pelo método MLC utilizando uma janela 5x5, centrada em cada pixel. Após a estimação, o mapa de rugosidade M_α é utilizado como entrada para algoritmos de segmentação clássicos, como o método de limiarização de Otsu. Portanto, Rodrigues *et al.* (2016) disponibilizaram uma abordagem de segmentação que não utiliza a imagem SAR original com ruído *speckle*, mas, sim, o mapa de rugosidade ou seu histograma, o que facilita o processo de segmentação.

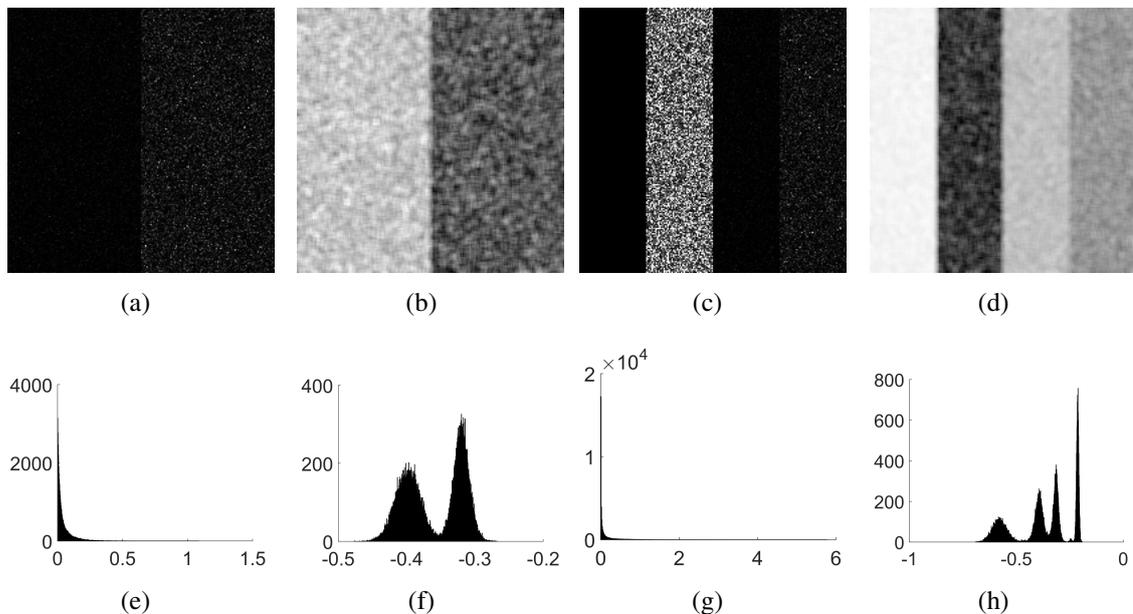


Figura 8 – Imagens sintéticas com distribuição G_I^0 e mapas de rugosidade com os seus respectivos histogramas: (a) imagem sintética com 2 regiões; (b) mapa de rugosidade da imagem em (a); (c) imagem sintética com 4 regiões; e (d) mapa de rugosidade da imagem em (c). (e) - (f) são os respectivos histogramas.

Fonte: Próprio autor.

Seguindo uma ideia similar, Nobre *et al.* (2016) introduziram uma abordagem para segmentação de imagens SAR em amplitude, considerando o modelo G_A^0 , que utiliza o mapa da entropia de Rényi (*map of Rényi's entropy, MoRE*), em vez do mapa de rugosidade (M_α), desde que *MoRE* inclui tanto a informação de rugosidade (α) quanto de escala (γ). Nesta abordagem, primeiramente os parâmetros α e γ são estimados pelo método dos momentos, para cada pixel da imagem, como os trabalhos de Mejail *et al.* (2003) e Marques *et al.* (2012), resultando em dois mapas de parâmetros, M_α (rugosidade) e M_γ (escala). Assim, os parâmetros da distribuição G_A^0 são estimados pela solução numérica da Equação (3.10), em que a escolha deste método de estimação, e não o MLC, foi devido ao tempo computacional envolvido. Em (NOBRE, 2018), também foram realizados experimentos utilizando essa abordagem de segmentação para a distribuição G_I^0 , em que os parâmetros são obtidos resolvendo a Equação (3.11). Nesta tese, da mesma forma como Rodrigues *et al.* (2016) e Nobre *et al.* (2016), empregamos uma janela 5×5 para realizar a estimação dos parâmetros. O uso de janelas pequenas foi sugerido por Frery *et al.* (2004) para evitar borramento nos resultados obtidos.

Em seguida, os mapas M_α e M_γ são utilizados para computar o mapa da entropia de Rényi, *MoRE*, o qual pode ser utilizado como entrada para algoritmos clássicos de segmentação de imagens, como algoritmos de limiarização. Vale mencionar que, assim como o histograma do mapa M_α , o histograma do mapa *MoRE* também indica claramente o número de regiões da imagem. A Figura 9 ilustra imagens sintéticas em amplitude (G_A^0) com diferentes números de *looks* e os histogramas correspondentes indicando a quantidade de regiões. Comportamento similar pode ser observado em imagens em intensidade (G_I^0).

Além de serem utilizados na segmentação de imagens, os parâmetros α e γ também são utilizados para computar medidas estocásticas, as quais são ferramentas adequadas para comparar distribuições de variáveis aleatórias (AVIYENTE, 2003). Na próxima seção serão apresentadas distâncias estocásticas (NASCIMENTO *et al.*, 2010) e a metodologia para avaliação de resultados de segmentação proposta por Marques *et al.* (2012), que analisa o contraste em imagens SAR por meio da distância estocástica entre duas amostras da imagem.

3.4 Distâncias Estocásticas e Medidas para Avaliação de Segmentação

Nascimento *et al.* (2010) apresentaram a formulação de medidas de distâncias estocásticas obtidas a partir da classe de divergências ($h-\phi$) proposta em Salicrú *et al.* (1994). Considere duas variáveis aleatórias Z_1 e Z_2 no mesmo espaço de probabilidade Ω , com funções

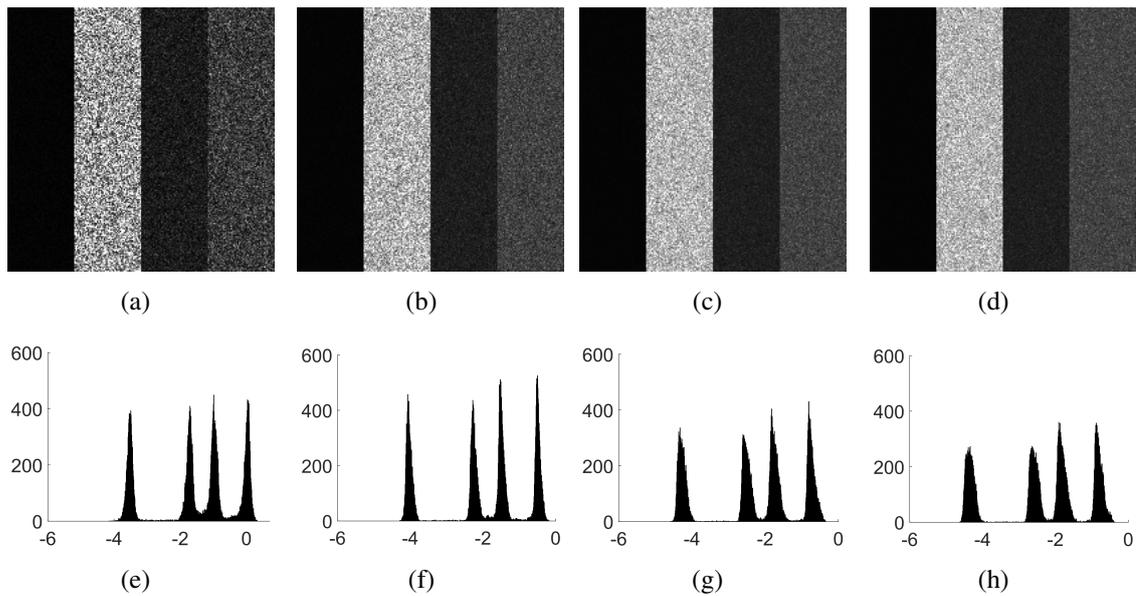


Figura 9 – Imagens sintéticas em amplitude (G_A^0) com 4 regiões e diferentes números de *looks*: (a) 1 *look*; (b) 4 *looks*; (c) 8 *looks*; e (d) 10 *looks*. (e) - (h) são os respectivos histogramas do *MoRE*.

Fonte: Próprio autor.

densidade de probabilidade $f_{Z_1}(z, \theta_1)$ e $f_{Z_2}(z, \theta_2)$, respectivamente, em que θ_1 e θ_2 são os vetores de parâmetros. Assumindo que ambas as funções de densidades compartilham um suporte comum, a divergência D_ϕ^h entre $f_{Z_1}(z, \theta_1)$ e $f_{Z_2}(z, \theta_2)$ é dada por:

$$D_\phi^h(Z_1, Z_2) = h \left(\int_{\Omega} \phi \left(\frac{f_{Z_1}(z, \theta_1)}{f_{Z_2}(z, \theta_2)} \right) f_{Z_2}(z, \theta_2) dx \right), \quad (3.16)$$

em que $\phi : (0, \infty) \rightarrow [0, \infty)$ é uma função convexa, $h : (0, \infty) \rightarrow [0, \infty)$ é uma função estritamente crescente com $h(0) = 0$, e formas indeterminadas recebem o valor zero.

Medidas de divergências são adequadas para comparar distribuições de variáveis aleatórias (AVIYENTE, 2003) e a partir de uma escolha criteriosa das funções h e ϕ pode-se obter várias medidas de divergências conhecidas. Em (NASCIMENTO *et al.*, 2010), os autores apresentaram oito medidas, a saber: 1-Kullback-Leibler; 2-Rényi de ordem β ; 3-Hellinger; 4-Bhattacharyya; 5-Jensen-Shannon; 6-aritmética-geométrica; 7-triangular; e 8-média harmônica. Algumas dessas medidas não apresentam a propriedade de simetria. Para solucionar esta questão, Nascimento *et al.* (2010) introduziram uma nova medida d_ϕ^h definida por

$$d_\phi^h(Z_1, Z_2) = \frac{D_\phi^h(Z_1, Z_2) + D_\phi^h(Z_2, Z_1)}{2}. \quad (3.17)$$

Com isso, a partir da Equação (3.17), as versões simétricas das medidas de divergências são chamadas de distâncias. Segundo Nascimento *et al.* (2010), a distância estocástica aritmética-geométrica apresentou o melhor desempenho para quantificar contraste em imagens SAR e é dada por:

$$d_{AG}(Z_1, Z_2) = \frac{1}{2} \int_{z \in \Omega} \left[(f_{Z_1}(z, \theta_1) + f_{Z_2}(z, \theta_2)) \log \left(\frac{f_{Z_1}(z, \theta_1) + f_{Z_2}(z, \theta_2)}{2\sqrt{f_{Z_1}(z, \theta_1)f_{Z_2}(z, \theta_2)}} \right) \right] dz. \quad (3.18)$$

A integral da Equação (3.18) não apresenta solução analítica e, assim, deve ser solucionada numericamente.

Com base nos estudos de Nascimento *et al.* (2010), Marques *et al.* (2012) propuseram a medida ajuste cruzado de região (*cross-region fitting, CRF*) para avaliar quantitativamente os resultados de segmentação binária em imagens SAR em amplitude utilizando a distância estocástica aritmética-geométrica. A medida *CRF* considera as regiões de *foreground* (Z_f^s) e *background* (Z_b^s) da imagem segmentada e amostras do *foreground* (Z_f^r) e do *background* (Z_b^r) de uma imagem de referência, que pode ser a imagem da verdade terrestre (em imagens sintéticas) ou a imagem em análise (em imagens reais). Esta medida inclui em sua fórmula a medida dificuldade de segmentação (*difficulty of segmentation, DoS*), também proposta em Marques *et al.* (2012), que quantifica o contraste entre o objeto (*foreground*) e o fundo (*background*) em uma imagem SAR, avaliando, assim, a dificuldade do processamento destas regiões (MARQUES *et al.*, 2012). A medida *DoS* é definida por:

$$DoS = \frac{1}{d_{AG}(Z_f^r, Z_b^r)}. \quad (3.19)$$

A medida *CRF* indica a habilidade do método em segmentar corretamente as regiões de uma imagem com valores no intervalo de $[0, 1]$, em que $CRF = 1$ indica a melhor segmentação, e é definida por:

$$CRF = \frac{1}{1 + \sqrt{DoS \left| d_{AG}(Z_f^r, Z_b^s) - d_{AG}(Z_f^s, Z_b^r) \right|}}. \quad (3.20)$$

Nesta tese, utilizamos a medida *CRF* para avaliar os resultados de segmentação tanto para os dados SAR em amplitude (distribuição G_A^0) quanto em intensidade (distribuição G_I^0). Uma vantagem dessa medida é que os resultados de segmentação podem ser avaliados mesmo quando não se conhece a verdade terrestre.

3.5 Conclusão do Capítulo

Este capítulo apresentou os conceitos fundamentais de imagens SAR e as distribuições estatísticas G_A^0 e G_I^0 , as quais são utilizadas para modelar dados SAR em amplitude e intensidade, respectivamente. Além disso, este capítulo abordou algoritmos para estimação dos parâmetros destas distribuições e métodos de segmentação de imagens que utilizam a informação desses parâmetros. Por fim, foi apresentada uma metodologia de avaliação, baseada na distância estocástica aritmética-geométrica, para avaliar o desempenho de métodos de segmentação.

No próximo capítulo serão apresentadas propostas de modelos de propagação a serem utilizados em diferentes aplicações de segmentação de imagens. Adicionalmente, uma proposta de um método de *level set* baseado no filtro da mediana computado em uma banda estreita é apresentada.

4 MÉTODOS *LEVEL SET* PARA SEGMENTAÇÃO DE IMAGENS

Este capítulo apresenta inicialmente a proposta tradicional do método *level set*, o qual tem sido utilizado em aplicações de segmentação de imagens digitais mesmo com a presença de ruídos. Isto se deve ao fato que este método permite a formulação de modelos de propagação que incluam características ou propriedades específicas do problema de segmentação abordado. A formulação tradicional obtém resultados de segmentação binária e tem um alto custo computacional. Neste capítulo, é proposto um método *level set* rápido implementado em banda estreita (*narrow band*). Além disso, modelos de propagação são apresentados e propostos.

4.1 O Método *Level Set*

Considerando uma imagem $Z: \Theta \rightarrow \mathbb{R}$, algoritmos de segmentação dividem a imagem em um conjunto de N regiões $\mathcal{R} = \{\Omega_i; \Omega_i \subset \Theta\}_{i=1,2,\dots,N}$, que cobrem o domínio ($\cup_{i=1}^N \Omega_i = \Theta$) e são disjuntas ($\Omega_i \cap \Omega_j = \emptyset, \forall i \neq j$). O método *level set* tradicional, inicialmente introduzido por Osher e Sethian (1988), obtém resultados de segmentação binária e é baseado na teoria de evolução de curvas e superfícies desenvolvida por Sethian (1985) e na equação de Hamilton-Jacobi. Considere uma frente ou curva fechada $\vec{\phi}$ que se propaga devido a um campo de velocidades ($\pm F$) perpendicular ao vetor unitário ($\vec{\eta}$), como na Figura 10, em que a curva se expande para $F > 0$ e se contrai para $F < 0$.

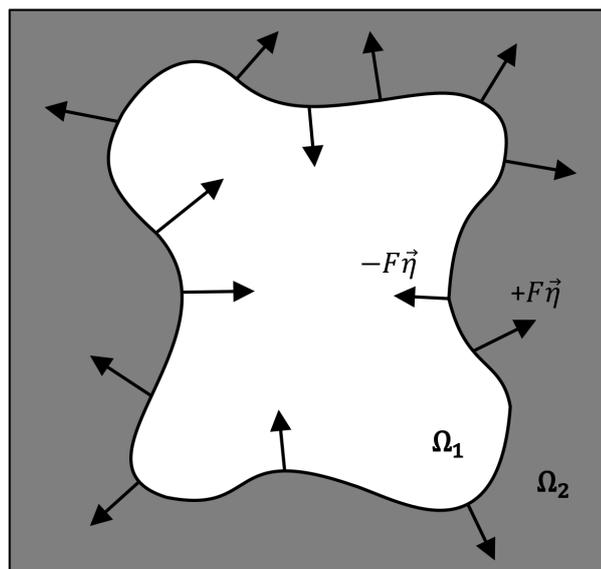


Figura 10 – Frente ou curva fechada $\vec{\phi}$ submetida a um campo de velocidades ($\pm F\vec{\eta}$).

Fonte: Próprio autor.

A idéia principal da técnica *level set* consiste em representar uma curva fechada $\vec{\phi}(s,t)$ implicitamente como o nível zero de uma superfície de maior dimensionalidade, chamada função *level set* $\psi(\mathbf{x},t)$, a qual consiste de um conjunto de curvas de níveis que variam de um nível inferior negativo até um nível superior positivo. Assim, no domínio contínuo, o movimento de uma frente $\vec{\phi}$ é consequência da evolução da superfície ψ , na qual $\vec{\phi}$ está inserida em conformidade com:

$$\vec{\phi}(s,t) = \{\mathbf{x} | \psi(\mathbf{x},t) = 0\}, \quad (4.1)$$

em que $s \in \mathbb{R}^2$ representa as coordenadas da frente $\vec{\phi}$, $t \in \mathbb{R}^+$ é o tempo de evolução e $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^2$ representa as coordenadas da superfície ψ . A Figura 11 ilustra uma superfície de maior dimensionalidade $\psi(\mathbf{x},t)$, composta por níveis positivos e negativos, sendo que a curva $\vec{\phi}(s,t)$ está inserida no nível zero (*level set zero*) e divide a imagem em duas regiões $\Omega_1 = \{\mathbf{x} | \psi(\mathbf{x},t) > 0\}$ e $\Omega_2 = \{\mathbf{x} | \psi(\mathbf{x},t) < 0\}$.

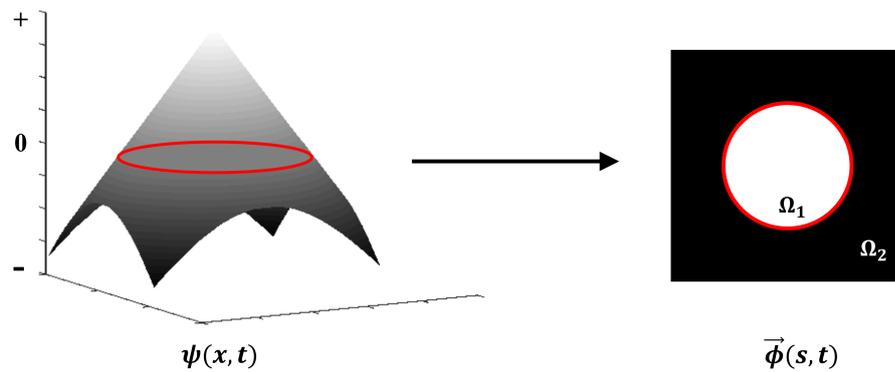


Figura 11 – Representação da superfície $\psi(\mathbf{x},t)$ e da curva $\vec{\phi}(s,t)$.

Fonte: Próprio autor.

Desde que a curva é obtida pelo nível zero da função *level set*, mudanças topológicas podem ocorrer naturalmente, isto é, a fim de delimitar as regiões de interesse, os segmentos da curva podem se unirem ou se dividirem durante a evolução enquanto uma única função $\psi(x,t)$ permanece. Vale ressaltar que essa possibilidade não pode ser implementada de forma trivial por uma representação explícita (MITICHE; AYED, 2010), utilizando, por exemplo, um algoritmo de contorno ativo explícito. A Figura 12 (a) apresenta uma função *level set* em que a curva de propagação (*level set zero*) é composta por dois elementos, os quais se unem fazendo com que a curva passe a ter apenas um elemento, como a Figura 12 (b) mostra. Em ambas as situações existe uma única função *level set*. Adicionalmente, uma vez que mudanças topológicas podem

ocorrer, o método *level set* tem uma flexibilidade maior em relação a escolha da curva inicial, podendo ser inicializado com uma curva contendo vários elementos ou apenas um elemento.

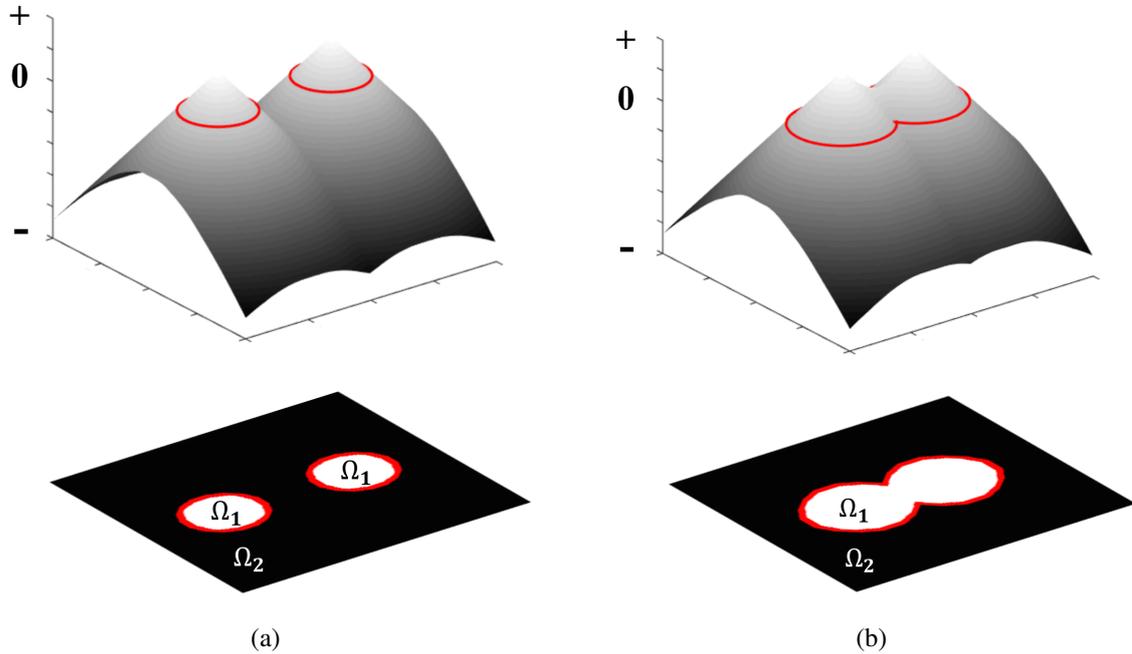


Figura 12 – Frente ou curva de propagação, representada implicitamente no nível zero (*level set* zero) da função *level set*, com: (a) dois elementos; e (b) com apenas um elemento. Em ambas as situações tem-se apenas uma função *level set* e a curva divide a imagem em duas regiões $\Omega_1 = \{\mathbf{x} | \psi(\mathbf{x}, t) > 0\}$ e $\Omega_2 = \{\mathbf{x} | \psi(\mathbf{x}, t) < 0\}$.

Fonte: Próprio autor.

Para que ocorra a evolução, em cada ponto da função *level set* é aplicada uma força, normal à curva, que gera um movimento de propagação na mesma direção. Esse movimento é expresso como (SETHIAN, 1999)

$$F_t = \frac{\partial \mathbf{x}}{\partial t} \vec{\eta}, \quad (4.2)$$

em que o vetor normal $\vec{\eta}$ à superfície é dado por

$$\vec{\eta} = \frac{\nabla \psi}{|\nabla \psi|}, \quad (4.3)$$

sendo $\nabla \psi$ o gradiente espacial da função *level set* e o operador $|\nabla \psi|$ representa a magnitude do gradiente.

Sabendo que a curva é representada implicitamente como o nível zero da função *level set*, pode-se derivar uma equação para evolução desta função aplicando a regra da cadeia na expressão $\psi(\mathbf{x}, t) = 0$. Portanto, tem-se que:

$$\nabla \psi \frac{\partial \mathbf{x}}{\partial t} + \frac{\partial \psi}{\partial t} = 0. \quad (4.4)$$

A representação para evolução temporal da função *level set* pode ser obtida substituindo as Equações (4.2) e (4.3) na Equação (4.4) e é dada por (SETHIAN, 1999)

$$\frac{\partial \psi}{\partial t} + F_t |\nabla \psi| = 0. \quad (4.5)$$

O processo de evolução no domínio discreto pode ser expresso como (SETHIAN, 1999)

$$\psi^{n+1} = \psi^n - \Delta t (F_t |\nabla \psi^n|), \quad (4.6)$$

em que ψ^n é a função *level set*, Δt é o passo de tempo e F_t é a função de evolução. Convencionalmente, ψ^0 é a transformada da distância sinalada (MITICHE; AYED, 2010) da frente inicial $\vec{\phi}(s, t = 0)$, o que gera uma superfície cônica para uma frente inicial circular, como a da Figura 11. Vale ressaltar que a cada iteração do processo, a curva de propagação pode ser obtida como o nível zero da função *level set*.

A Figura 13 ilustra o processo de evolução na técnica *level set*, em que as setas indicam a seqüência ordenada do processo. A partir de uma curva inicial $\vec{\phi}(s, 0)$ é obtida uma superfície inicial ψ^0 , em que $\vec{\phi}(s, 0) = \{\mathbf{x} | \psi^0 = 0\}$. Segundo um modelo de propagação, esta superfície evolui e em cada tempo $n \times \Delta t$ tem-se uma nova superfície ψ^n , sendo que o novo estado da curva pode ser obtido pelo nível zero (*level set zero*) $\vec{\phi}(s, n \times \Delta t) = \{\mathbf{x} | \psi^n = 0\}$.

A função de evolução F_t é composta por um termo de propagação F (velocidade ou modelo de propagação) e um termo de regularização F_{curv} derivado da curvatura de ψ^n e é definida por (SETHIAN, 1999):

$$F_t = F + F_{curv}. \quad (4.7)$$

O termo F_{curv} é dado como

$$F_{curv} = -\varepsilon \mathcal{K}, \quad (4.8)$$

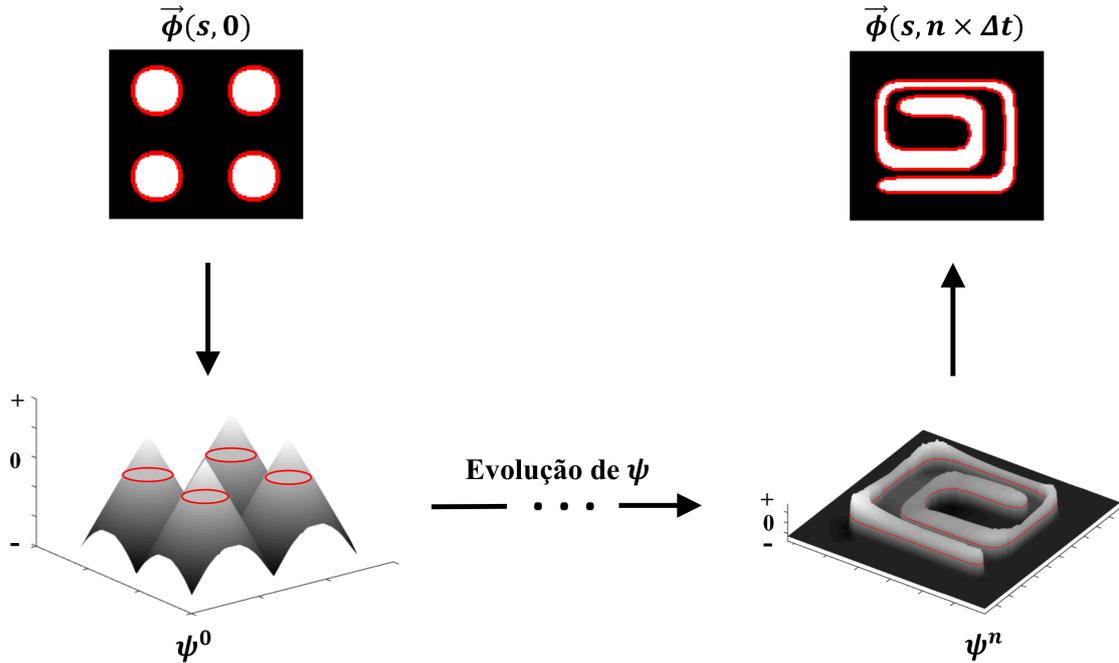


Figura 13 – Evolução da superfície ou função *level set* ψ . A partir de uma curva inicial $\vec{\phi}(s, 0)$ é obtida uma função *level set* inicial ψ^0 , a qual evolui, segundo um modelo de propagação, gerando uma nova superfície ψ^n , em que o novo estado da curva pode ser alcançado pelo nível zero (*level set zero*).

Fonte: Próprio autor.

em que $\varepsilon \in \mathbb{R}$ é uma constante de normalização e a curvatura de ψ^n é definida por

$$\mathcal{K} = \nabla \frac{\nabla \psi}{|\nabla \psi|} = \frac{\psi_{xx}\psi_y^2 - 2\psi_x\psi_y\psi_{xy} + \psi_{yy}\psi_x^2}{\sqrt{(\psi_x^2 + \psi_y^2)^3}}. \quad (4.9)$$

Os índices (x, y) e (xx, yy, xy) denotam as derivadas centrais de primeira e segunda ordem de ψ^n , respectivamente.

Em algoritmos *level set*, o conjunto de regiões \mathcal{R} pode ser alcançado a partir de soluções de modelos variacionais (MUMFORD; SHAH, 1989), em que a energia de um sistema dinâmico é minimizada de acordo com uma função custo (f_c). Com isso, para fins de convergência da curva de propagação, a velocidade $F = \frac{d\vec{\phi}}{dt}$ deve minimizar uma função custo f_c em conformidade com a equação diferencial parcial:

$$\frac{d\vec{\phi}}{dt} = -\frac{\partial f_c}{\partial \vec{\phi}}. \quad (4.10)$$

Desde que o método *level set* tradicional apresenta resultados de segmentação binária, a solução geral da Equação (4.10) é dada em (MITICHE; AYED, 2010) como:

$$F = F_{\Omega_1}(\vec{\eta}) + F_{\Omega_2}(-\vec{\eta}), \quad (4.11)$$

em que F_{Ω_1} e F_{Ω_2} representam as componentes do modelo de propagação F e o sinal do vetor normal ($\vec{\eta}$) indica o sentido destas componentes. Assim, sendo z' e z'' dois pixels da imagem, a Figura 14 exemplifica um processo em que o pixel z' é incluído para a região Ω_1 ($F > 0$) e o pixel z'' é incluído para a região Ω_2 ($F < 0$).

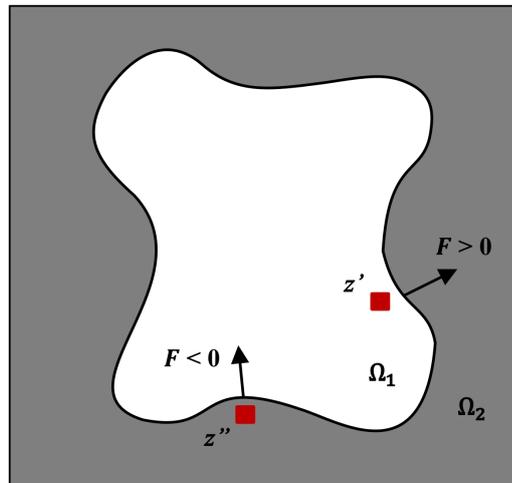


Figura 14 – Exemplo da propagação da curva com base na velocidade F .
Fonte: Próprio autor.

A implementação numérica da Equação (4.6) é dada por (SETHIAN, 1999)

$$\psi^{n+1} = \psi^n - \Delta t [\max(F, 0)\Delta^+ + \min(F, 0)\Delta^- + \varepsilon \mathcal{K} |\nabla \psi^n|], \quad (4.12)$$

sendo Δ^+ e Δ^- calculados a partir dos operadores de derivadas à direita e à esquerda de ψ^n . Sendo $x = (i, j)$ um par de coordenadas de ψ^n , os operadores D_{ij}^{+x} e D_{ij}^{-x} indicam, respectivamente, as derivadas à direita e à esquerda em relação ao eixo horizontal e são calculados segundo as expressões:

$$D_{ij}^{+x} = \psi_{i+1,j}^n - \psi_{i,j}^n \quad (4.13)$$

e

$$D_{ij}^{-x} = \psi_{i,j}^n - \psi_{i-1,j}^n. \quad (4.14)$$

De forma semelhante, os operadores D_{ij}^{+y} e D_{ij}^{-y} denotam, respectivamente, as derivadas à direita e à esquerda em relação ao eixo vertical e são dados por

$$D_{ij}^{+y} = \psi_{i,j+1}^n - \psi_{i,j}^n \quad (4.15)$$

e

$$D_{ij}^{-y} = \psi_{i,j}^n - \psi_{i,j-1}^n. \quad (4.16)$$

Finalmente, Δ^+ e Δ^- da Equação (4.12) são definidos por

$$\Delta^+ = (\max(D_{ij}^{-x}, 0)^2 + \min(D_{ij}^{+x}, 0)^2 + \max(D_{ij}^{-y}, 0)^2 + \min(D_{ij}^{+y}, 0)^2)^{1/2} \quad (4.17)$$

e

$$\Delta^- = (\max(D_{ij}^{+x}, 0)^2 + \min(D_{ij}^{-x}, 0)^2 + \max(D_{ij}^{+y}, 0)^2 + \min(D_{ij}^{-y}, 0)^2)^{1/2}. \quad (4.18)$$

A proposta tradicional do método *level set* apresenta um alto custo computacional. Li *et al.* (2005), Shi e Karl (2005), Bresson *et al.* (2007), Lellmann e Schnorr (2011), Chambolle *et al.* (2012) apresentaram implementações rápidas do método *level set* que fornecem resultados rápidos de segmentação binária. Zhu *et al.* (2007) introduziram um método *level set* binário, que reduz de forma significativa o custo computacional, adotando um filtro Gaussiano para regularizar a função *level set* ψ^n . A evolução da função *level set* em Zhu *et al.* (2007) é dada por

$$\psi^{n+1} = G_\sigma * \left(\psi^n + \Delta t \cdot F \cdot \delta_\varepsilon(\psi^k) \right), \quad (4.19)$$

em que G_σ é um *kernel* Gaussiano 2-D com média zero e desvio padrão σ e $(*)$ denota a operação de convolução. O termo F é definido na Equação (4.11) e δ_ε é uma aproximação da função Delta de Dirac. Esta função é dada como $\delta_\varepsilon(z) = \varepsilon(\pi(\varepsilon^2 + z^2))^{-1}$ e $\varepsilon \in \mathbb{R}^+$ é uma constante de regularização (ZHANG *et al.*, 2010). Vale ressaltar que essas técnicas rápidas mencionadas requerem parâmetros empíricos para tratar a regularização da função *level set* e, conseqüentemente, da curva por meio de filtragem passa-baixa.

Em (ADALSTEINSSON; SETHIAN, 1995), um método *level set* implementado em uma banda estreita (*narrow band level set*) foi proposto para reduzir o tempo computacional

envolvido no algoritmo *level set* tradicional. A ideia central era construir um tubo adaptativo ao redor do nível zero da função *level set*, isto é, uma banda estreita (*narrow band*) na vizinhança da curva de propagação, e realizar a atualização dos dados apenas nessa banda estreita, o que reduzia o tempo computacional. Nesta tese é proposta uma implementação em banda estreita (*narrow-band*) baseada em (ADALSTEINSSON; SETHIAN, 1995) de um método de *level set* que utiliza um filtro não paramétrico para regularização da função *level set*, a qual é apresentada a seguir.

4.2 Algoritmo *Level Set* com Filtro da Mediana e Implementado em uma Banda Estreita (*Narrow-band*)

Como mencionado anteriormente, o método *level set* tradicional tem um custo computacional expressivo. Isso se deve principalmente ao cômputo da curvatura, Equação (4.9), para fins de regularização da função ψ^n que envolve o cálculo de derivadas de primeira e segunda ordem.

Caselles *et al.* (2000) mostraram que o processo de iteração do filtro da mediana é equivalente a resolver a equação diferencial parcial geométrica (CASELLES *et al.*, 2000) $f(\psi) = \mathcal{K}|\nabla\psi|$, em que a curvatura \mathcal{K} é dada pela Equação (4.9) e $|\nabla\psi|$ é a magnitude do gradiente. Com base nesse estudo de Caselles *et al.* (2000), foi introduzido um método *level set* rápido, que utiliza o filtro não paramétrico da mediana para regularização ao invés da curvatura. Além disso, este método *level set* rápido aplica operações morfológicas de dilatação e erosão para realizar a evolução da curva, ao invés de usar derivadas numéricas. Assim, o método evolui de acordo com a equação

$$\psi_{\bar{r}}^{k+1} = \psi^k + \Delta t \times \left(\max(F, 0) \cdot (\psi^k \oplus E) - \min(F, 0) \cdot (\psi^k \ominus E) \right), \quad (4.20)$$

em que $\psi_{\bar{r}}$ indica a função *level set* não regularizada, Δt é o passo de tempo e F é o modelo de propagação. Os símbolos \oplus e \ominus representam os operadores morfológicos de dilatação e erosão, respectivamente, com um elemento estruturante E em forma de disco. Desde que valores altos causam um borramento excessivo da curva $\vec{\phi}$, nesta tese um disco de raio 1 foi utilizado.

Finalmente, a regularização da função *level set* em cada iteração é dada por

$$\psi^{k+1} = \text{MedFilt} \left[\psi_{\bar{r}}^{k+1} \right], \quad (4.21)$$

em que o operador $MedFilt[\cdot]$ denota uma filtragem mediana. Como na regularização clássica por curvatura, que é computada em uma vizinhança com 4 conexões utilizando derivadas verticais e horizontais, o filtro da mediana pode ser executado com conectividade 4, o que reduz o custo computacional e melhora a detecção de pontos de alta curvatura. Por outro lado, tem-se uma regularização mais eficiente com um filtro da mediana com conectividade 8.

Assim, na proposta do método *level set* com o filtro da mediana e implementado em uma banda estreita (*narrow-band*), o filtro da mediana é aplicado apenas na região da banda para a regularização da curva. Da mesma forma, o modelo de propagação F somente é atualizado dentro da banda estreita. A Figura 15 exibe uma banda estreita, que possui uma largura definida pelo usuário W_{BE} , em torno da curva de propagação. Este parâmetro corresponde à largura, em pixels, da curva até cada limite da banda estreita. Com base na proposta de Sethian (1999), foi utilizado $W_{BE} = 3$ e quando a curva toca a borda da banda estreita, o cálculo é interrompido e o algoritmo constrói uma nova banda estreita com a curva no centro.

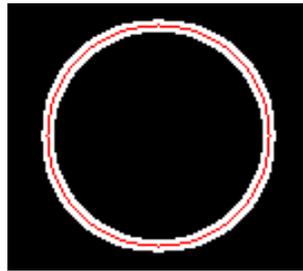


Figura 15 – Exemplo de uma banda estreita (em branco) em torno da curva de propagação (em vermelho).

Fonte: Próprio autor.

4.3 Modelos para Evolução do *Level Set*

4.3.1 Modelos de Verossimilhança - *Gaussiana*, G_I^0 e G_A^0

A segmentação da imagem pode ser definida como uma estimação Bayesiana, em que uma divisão da imagem é alcançada por maximização de verossimilhança. Maximizar \mathcal{L} é equivalente a minimizar $-\log(\mathcal{L})$. Mitiche e Ayed (2010) abordaram a segmentação binária de imagens utilizando estimação Bayesiana como

$$\mathcal{L}(\mathcal{R}|\Theta, P) = \sum_{i=1}^2 \int_{\Omega_i} -\log P(\Theta|\Omega_i) dx, \quad (4.22)$$

em que os índices 1 e 2 representam as regiões interna (Ω_1) e externa (Ω_2) da imagem, respectivamente. \mathcal{R} e Θ foram definidos previamente na Seção 4.1. Então, para $f_c = \mathcal{L}(\mathcal{R}|\Theta, P)$, o problema de minimização da Eq. (4.10) determina uma divisão da imagem que maximiza as funções densidade de probabilidade ou funções de verossimilhança, dada a distribuição estatística utilizada para modelar as regiões.

Portanto, o modelo de verossimilhança para propagação da frente é definido como

$$\frac{d\vec{\phi}}{dt} = -\frac{\partial \mathcal{L}(\mathcal{R}|\Theta, P)}{\partial \vec{\phi}} = \log \left(\frac{P(\Theta|\Omega_1)}{P(\Theta|\Omega_2)} \right) \vec{\eta}. \quad (4.23)$$

De acordo com a Equação (4.11), o modelo de propagação para a distribuição Gaussiana ou Normal é (MITICHE; AYED, 2010)

$$F = \log f_{\mathcal{N}}(z_0; \mu_1, \sigma_1^2) \vec{\eta} - \log f_{\mathcal{N}}(z_0; \mu_2, \sigma_2^2) \vec{\eta}, \quad (4.24)$$

em que os parâmetros $\mu_i (i = 1, 2)$ e $\sigma_i^2 (i = 1, 2)$ indicam a média e a variância de uma região $\Omega_i (i = 1, 2)$.

Os modelos de verossimilhança para as distribuições G_I^0 e G_A^0 são dadas, respectivamente, por (AYED *et al.*, 2005; MARQUES *et al.*, 2012)

$$F = \log f_{G_I^0}(z_0; \alpha_1, \gamma_1, L) \vec{\eta} - \log f_{G_I^0}(z_0; \alpha_2, \gamma_2, L) \vec{\eta} \quad (4.25)$$

e

$$F = \log f_{G_A^0}(z_0; \alpha_1, \gamma_1, L) \vec{\eta} - \log f_{G_A^0}(z_0; \alpha_2, \gamma_2, L) \vec{\eta}, \quad (4.26)$$

em que, como visto no Capítulo 3, $\alpha_i (i = 1, 2)$ e $\gamma_i (i = 1, 2)$ representam, respectivamente, os parâmetros de rugosidade e escala e L é o número de visadas (*looks*) da imagem. Nesta tese, o método dos momentos (MARQUES *et al.*, 2012) é aplicado, em cada iteração, para estimar os parâmetros de rugosidade e escala de cada região e o número de *looks* é conhecido (fornecido pelo sensor gerador da imagem) e considerado constante para todos os pixels da imagem.

4.3.2 Modelo Proposto Baseado no Método de Otsu

4.3.2.1 Método de Limiarização de Otsu

Em algoritmos de segmentação binária baseados em limiarização o resultado de segmentação é obtido por

$$I_s(x,y) = \begin{cases} 1 & \text{se } I(x,y) > T \\ 0 & \text{se } I(x,y) \leq T \end{cases}, \quad (4.27)$$

em que o limiar T separa uma imagem em nível de cinza $I(x,y)$ em duas regiões e $I_s(x,y)$ é o resultado de segmentação ou binarização.

O método de limiarização proposto por Otsu (1979) obtém um valor de limiar ótimo que minimiza a variância intra classes ou maximiza a variância entre classes, medidas bem conhecidas utilizadas na análise estatística discriminante. Além deste componente ótimo, o método de Otsu tem a importante característica de se basear completamente em cálculos realizados no histograma da imagem, um arranjo de uma dimensão (GONZALEZ; WOODS, 2002).

A variância ponderada intra classes (ou regiões) é dada por

$$\sigma_{IC}^2(T) = w_1(T)\sigma_1^2(T) + w_2(T)\sigma_2^2(T), \quad (4.28)$$

em que $w_1(T)$ e $w_2(T)$ representam as probabilidades de um pixel ser atribuído à região 1 ($I(x,y) > T$) ou 2 ($I(x,y) \leq T$), respectivamente, utilizando um limiar T e $\sigma_1^2(T)$ e $\sigma_2^2(T)$ são as respectivas variâncias destas regiões segmentadas.

Com base na Equação (4.28), o algoritmo de Otsu atinge o resultado da segmentação ao minimizar o valor da variância ponderada intra classe ($\sigma_{IC}^2(T)$). Assim, um limiar T que realiza a melhor separação entre as classes em termos de valores de intensidade é considerado o limiar ótimo, $T_{\text{ótimo}}$, que é obtido por

$$\sigma_{IC}^2(T_{\text{ótimo}}) = \min_{0 \leq T < 256} \sigma_{IC}^2(T). \quad (4.29)$$

4.3.2.2 Modelo de Propagação Proposto

Inspirado no método de limiarização de Otsu (OTSU, 1979), a seguinte função custo é proposta para conduzir a propagação da curva no método *level set*:

$$\mathcal{F}_{\text{otsu}} = w_{\Omega_1} \sigma_{\Omega_1}^2 + w_{\Omega_2} \sigma_{\Omega_2}^2 = \sum_{i=\{1,2\}} w_{\Omega_i} \sigma_{\Omega_i}^2, \quad (4.30)$$

em que Ω_1 e Ω_2 denotam as regiões interna e externa à frente de propagação $\vec{\phi}$, respectivamente, $w_{\Omega_i} = \int_{\Omega_i} d\mathbf{x}$ denota a área de Ω_i e $\sigma_{\Omega_i}^2$ é a variância da intensidade dos pixels na região Ω_i .

A variância pode ser definida como (MITICHE; AYED, 2010):

$$\sigma_{\Omega_i}^2 = \frac{\int_{\Omega_i} (I(\mathbf{x}) - \mu_{\Omega_i})^2 d\mathbf{x}}{\int_{\Omega_i} d\mathbf{x}}, \quad (4.31)$$

em que $I(\mathbf{x})$ é a imagem em níveis de cinza normalizada no intervalo $[0, 1]$ e $\mu_{\Omega_i} = \int_{\Omega_i} I(\mathbf{x}) d\mathbf{x} / \int_{\Omega_i} d\mathbf{x}$ é a intensidade média dos pixel na região Ω_i .

Desde que o denominador na Equação (4.31) é a área de cada região $\Omega_i (i = 1, 2)$, a Equação (4.30) pode ser reescrita como:

$$\mathcal{F}_{\text{otsu}} = \int_{\Omega_1} (I(\mathbf{x}) - \mu_{\Omega_1})^2 d\mathbf{x} + \int_{\Omega_2} (I(\mathbf{x}) - \mu_{\Omega_2})^2 d\mathbf{x}. \quad (4.32)$$

Assim, o modelo de propagação baseado no algoritmo de Otsu, $F_{\text{otsu}} = \frac{d\vec{\phi}}{dt}$, deve minimizar a função custo $\mathcal{F}_{\text{otsu}}$ em conformidade com a Equação (4.10):

$$\begin{aligned} \frac{d\vec{\phi}}{dt} &= - \frac{\partial \mathcal{F}_{\text{otsu}}}{\partial \vec{\phi}} = - \left[\sum_{i=1,2} \frac{\partial}{\partial \vec{\phi}} \int_{\Omega_i} (I(\mathbf{x}) - \mu_{\Omega_i})^2 d\mathbf{x} \right] \\ &= - \left[(I(\mathbf{x}) - \mu_{\Omega_1})^2 + (I(\mathbf{x}) - \mu_{\Omega_2})^2 \right] \vec{\eta}, \end{aligned} \quad (4.33)$$

em que $\vec{\eta}$ é o vetor unitário normal à curva.

4.3.3 Modelo Proposto Baseado em uma Série Infinita de Momentos Estatísticos

A função custo baseada no método de Otsu, apresentada na Seção 4.3.2, inclui o momento central de segunda ordem. Portanto, o modelo de propagação obtido a partir da minimização desta função custo incorpora informação estatística da imagem independente da distribuição estatística atribuída aos dados. A fim de obter mais informações estatísticas da imagem para realizar a segmentação, a seguinte generalização da função custo da Equação (4.30), com a inclusão de uma série infinita de momentos estatísticos (COOK *et al.*, 1994; CHANG *et al.*, 2008), é proposta:

$$\mathcal{F}_{\text{gen}} = \sum_{i=\{1,2\}} w_{\Omega_i} \sum_{r=1}^{\infty} k_r m_{i,r}, \quad (4.34)$$

em que $m_{i,r}$ indicam os r -th momentos centrais da região Ω_i e k_r corresponde ao peso do seu respectivo momento na soma final.

Os momentos podem ser definidos como

$$m_{i,r} = \frac{\int_{\Omega_i} (I(\mathbf{x}) - \mu_{\Omega_i})^r d\mathbf{x}}{\int_{\Omega_i} d\mathbf{x}}. \quad (4.35)$$

O modelo de propagação proposto $F_{\text{gen}} = \frac{d\vec{\phi}}{dt}$ deve minimizar a função custo \mathcal{F}_{gen} de acordo com a Equação (4.10) e é calculado como

$$\begin{aligned} \frac{d\vec{\phi}}{dt} &= -\frac{\partial \mathcal{F}_{\text{gen}}}{\partial \vec{\phi}} = -\frac{\partial}{\partial \vec{\phi}} \left(\sum_{i=\{1,2\}} w_{\Omega_i} \sum_{r=1}^{\infty} k_r m_{i,r} \right), \\ &= -\sum_{i=\{1,2\}} \sum_{r=1}^{\infty} \frac{\partial}{\partial \vec{\phi}} \int_{\Omega_i} k_r (I(\mathbf{x}) - \mu_{\Omega_i})^r d\mathbf{x}, \\ &= -\sum_{i=\{1,2\}} \sum_{r=1}^{\infty} [k_r (I(\mathbf{x}) - \mu_{\Omega_i})^r] \eta. \end{aligned} \quad (4.36)$$

Utilizando a identidade $\ln[1/(1-x)] = \sum_{r=1}^{\infty} x^r/r$, $x \in (-1, 1)$ e fazendo $k_r = 1/r$ na Equação (4.36), o modelo de propagação proposto é definido como

$$\frac{d\vec{\phi}}{dt} = -\sum_{i=\{1,2\}} \ln[1/(\mu_{\Omega_i} - I(\mathbf{x}) + 1)] \eta. \quad (4.37)$$

4.4 Conclusão do Capítulo

Neste capítulo, inicialmente foi apresentado o método *level set* tradicional que obtém resultados satisfatórios em segmentação de imagens. Desde que a formulação tradicional tem um custo computacional alto, neste capítulo, foi proposta uma implementação em banda estreita (*narrow-band*) de um método rápido de *level set* que utiliza o filtro da mediana para regularização da curva. Além disso, foram propostos dois modelos de propagação, os quais utilizam informações estatísticas da imagem independente do modelo estatístico atribuído aos dados, e foram apresentados modelos de verossimilhança para propagação da curva. Como

na abordagem tradicional, o algoritmo *level set* com o filtro da mediana e implementado em uma banda estreita gera resultados de segmentação binária. Assim, no próximo capítulo, são apresentadas implementações hierárquicas do método *level set* em banda estreita proposto a fim de segmentar imagens com várias regiões.

5 SEGMENTAÇÃO HIERÁRQUICA DE IMAGENS

O Capítulo 4 apresentou a formulação do método *level set* tradicional e uma proposta de *level set* rápido, o qual é implementado em uma banda estreita e que utiliza o filtro da mediana para regularização da curva. Essa abordagem evita a solução tradicional por equações diferenciais, regularização por curvatura e atualização dos dados em toda a imagem. Além disso, modelos de propagação de curvas foram apresentados e propostos. Neste capítulo são apresentadas implementações hierárquicas, com base nas pesquisas de Jeon *et al.* (2005) e Ni *et al.* (2009), do método *level set* binário proposto para segmentação de núcleos em imagens do exame de Papanicolau e segmentação de imagens SAR, que requerem algoritmos de segmentação multi-regiões.

5.1 *Level Set* Hierárquico para Segmentação de Núcleos de Células Cervicais

A abordagem hierárquica para segmentação de núcleos segue o esquema apresentado na Figura 16. Inicialmente, a imagem de entrada, isto é, uma imagem com células cervicais é dividida em duas regiões aplicando o método *level set* binário, proposto na Seção 4.2. A região interna à curva de propagação corresponde ao *foreground* (massas celulares) e a região externa à curva corresponde ao *background* (ou fundo da imagem). Essas regiões são, recursivamente, divididas em novas regiões, as quais são novamente entradas para o *level set* binário. Adicionalmente, foram realizados testes de hipótese estatística de Kolmogorov-Smirnov com dados das regiões do núcleo, citoplasma e *background* de imagens do exame de Papanicolau considerando as distribuições Gaussiana, Weibull e Gama, e as regiões da imagem se ajustaram melhor a uma distribuição Gaussiana. Assim, para este tipo de imagem, o método *level set* binário utiliza a função de verossimilhança com a distribuição Gaussiana, Equação (4.24), para a propagação da curva em cada passo do processo hierárquico. Essa abordagem hierárquica utiliza informações de um algoritmo de detecção de grupos multiescala, o qual é apresentado na seção seguinte, no critério de parada e para iniciar o *level set* em banda estreita.

5.1.1 Algoritmo para Detecção de Grupos

Inspirado por Sita e Ramakrishnan (2000) e Paula Jr. *et al.* (2012), neste trabalho empregamos um algoritmo que estima o número de agrupamentos de pixels de uma imagem e seus centróides com base no número de picos no histograma original da imagem, para incorporá-

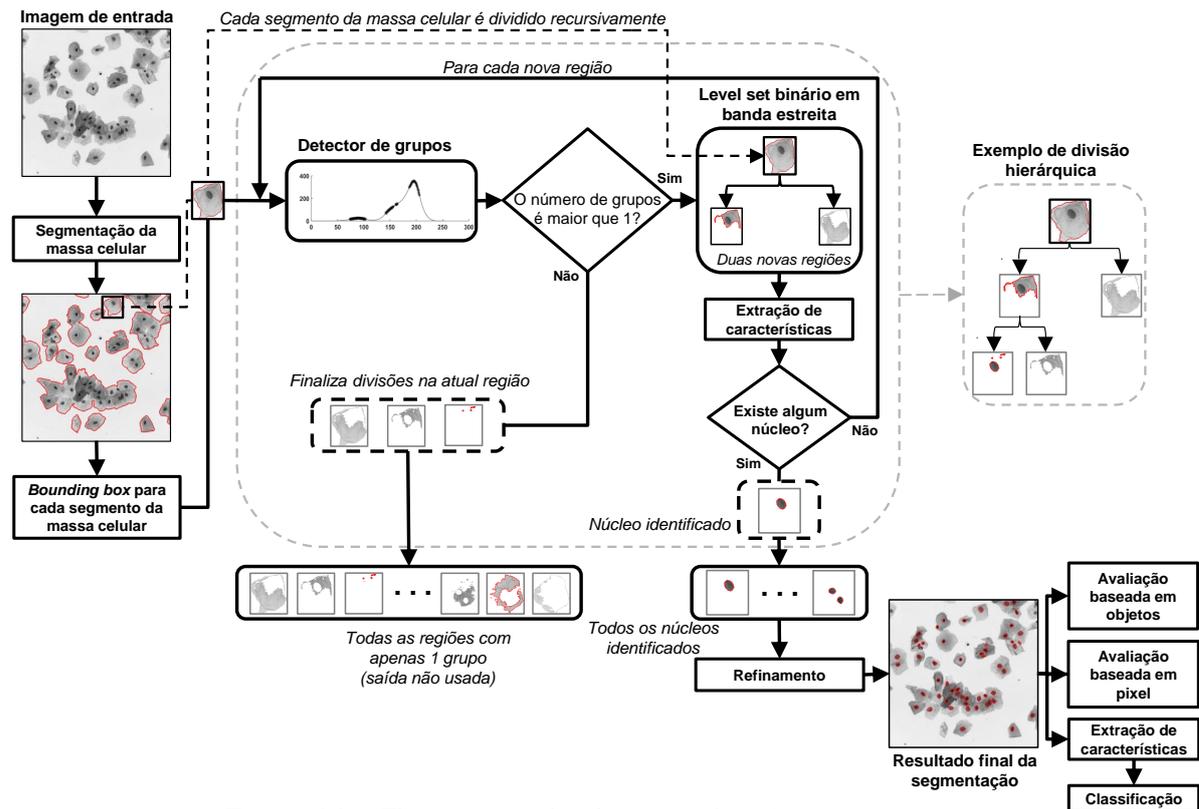


Figura 16 – Fluxograma do algoritmo hierárquico proposto.

Fonte: Próprio autor.

lo à abordagem hierárquica proposta. A Figura 17 exhibe os passos deste método de detecção de grupos.

Primeiramente, o algoritmo realiza uma filtragem passa-baixa, com o filtro Gaussiano, no histograma da imagem original e, em seguida, decompõe o histograma suavizado (W_0) (Figura 17 (a)) e correlaciona W_0 com W_1 (Figura 17 (b)), que é o primeiro nível de coeficientes de detalhes da *wavelet à trous* (STARCK *et al.*, 1998). O sinal de correlação ($corr_0$) (Figura 17 (c)) é obtido do produto entre W_0 e W_1 (PAULA JR. *et al.*, 2012). O algoritmo compara o sinal de correlação com a magnitude do primeiro nível de coeficientes de detalhes da *wavelet* e mapeia os pontos que satisfazem a condição $corr_0 > |W_1|$ (PAULA JR. *et al.*, 2012) no histograma filtrado. A Figura 17 (d) apresenta pontos (marcados com asteriscos) no histograma suavizado, os quais representam os grupos que suportam a estimativa dos centróides. Por fim, os centróides são estimados no histograma original adotando o máximo local de cada grupo. A Figura 17 (e) ilustra os centróides.

Como exposto em (GONZALEZ; WOODS, 2002), o comprimento do filtro gaussiano 1-D é definido como $L = 6\sigma$, em que σ é o desvio padrão. Sabendo que quanto maior o valor de σ menor o número de grupos, inicialmente, é definido $\sigma = 1$ e depois o valor desta variável σ é

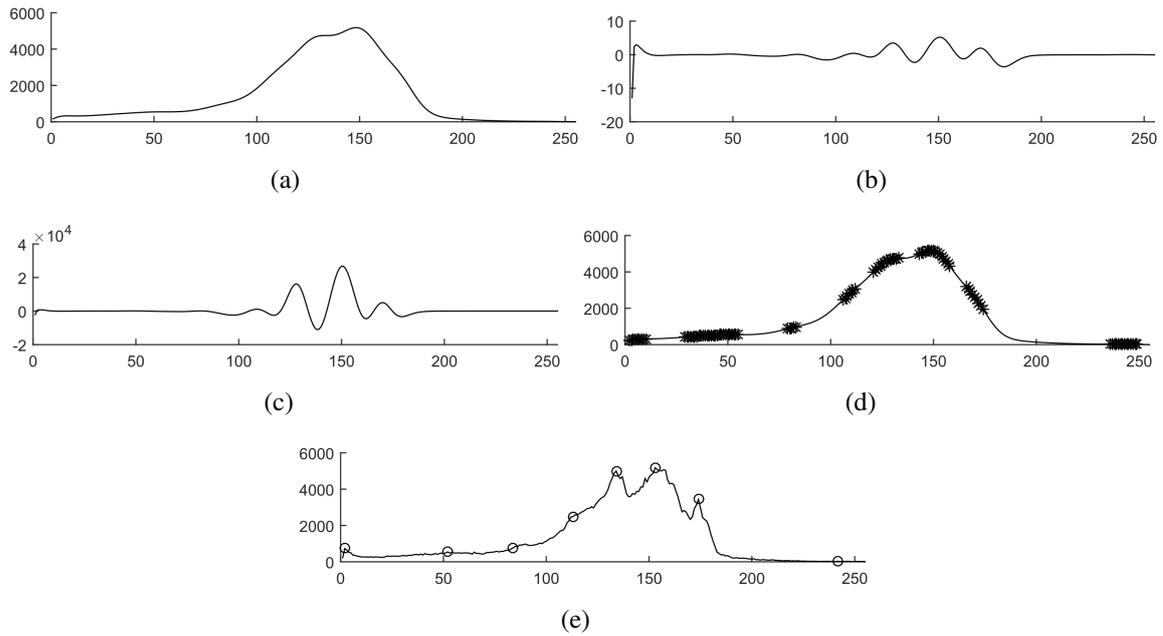


Figura 17 – Procedimento de detecção de grupos: a) o histograma da imagem suavizada (W_0); b) primeiro nível de coeficientes de detalhes da *wavelet à trous* (W_1); c) sinal de correlação ($corr_0$); d) grupos detectados indicados por (*); e e) histograma da imagem original com indicação dos centróides dos grupos (o).

Fonte: Próprio autor.

incrementado automaticamente, com passo 1, até o algoritmo alcançar apenas os dois principais grupos, cujos centróides são utilizados como entrada para o método *level set* em banda estreita. Essa estratégia garante que o nosso algoritmo para segmentação de núcleos de células cervicais sempre convirja para o mesmo resultado.

5.1.2 Implementação Hierárquica

O algoritmo *level set* rápido implementado em banda estreita, descrito na Seção 4.2, requer uma superfície ou função *level set* inicial. Esta iniciação consiste em uma imagem, com as mesmas dimensões da imagem a ser segmentada, composta de duas regiões (*background* e *foreground*), em que o limite entre as regiões representa a curva de propagação. Nesta tese, a superfície inicial é obtida aplicando uma técnica de limiarização na imagem em níveis de cinza, como a Figura 18 (a) mostra. A Figura 18 (b) exhibe o valor do limiar que é o ponto médio entre os centróides dos dois grupos detectados. A Figura 18 (c) mostra a superfície inicial que é a imagem de saída da técnica de limiarização. Esta superfície, que está próxima do resultado final da segmentação, conduz o algoritmo *level set* a convergir em poucas iterações.

Para obter os núcleos nas imagens com células cervicais, ou seja, para realizar uma segmentação multi-região, é introduzida uma implementação hierárquica baseada no *level set*

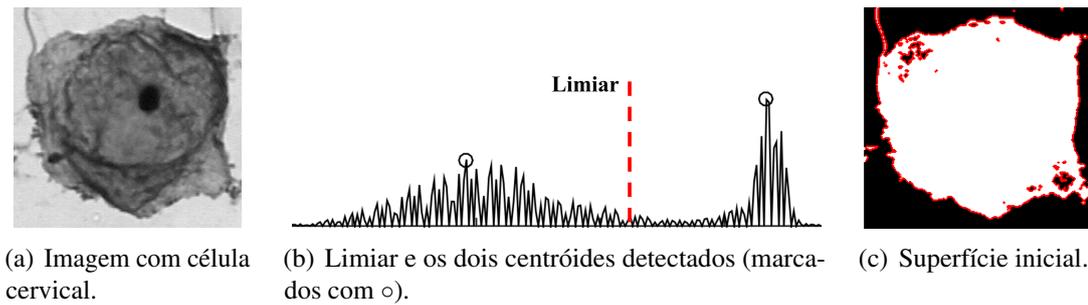


Figura 18 – Obtenção da superfície inicial por limiarização da imagem.

Fonte: Próprio autor.

binário, que utiliza o filtro da mediana e implementado em banda estreita. Primeiramente, as regiões de *foreground* (massa celular) e *background* são obtidas segmentando a imagem inteira. Os segmentos da massa celular são, individualmente, considerados como novas regiões e, depois, divididos em novas regiões, recursivamente. Mais especificamente, para cada segmento de massa celular, uma caixa delimitadora (*bounding box*) é obtida como o retângulo mínimo que contém o segmento e, em seguida, essa região é, recursivamente, dividida em novas regiões. Vale ressaltar que o algoritmo de detecção de grupos, incluído nesta implementação proposta, promove a divisão hierárquica. Assim, a implementação hierárquica proposta realiza uma nova divisão apenas se a região atual apresenta dois ou mais grupos e o processo hierárquico é finalizado quando todas as regiões não puderem ser mais divididas.

Embora o objetivo principal desta implementação hierárquica seja identificar os núcleos das células cervicais, os segmentos da massa celular e o *background* também podem ser obtidos durante o processo hierárquico. Portanto, para identificar os núcleos, em cada passo do processo hierárquico, são calculadas características de cada segmento das novas regiões, como tamanho (S_n), circularidade (C_n), relação entre o menor e maior eixo (AR_n), média dos níveis de cinza (μ_n) e a diferença entre a média dos níveis de cinza e a média dos níveis de cinza da vizinhança do segmento (D_n), desde que as regiões dos núcleos são menores, mais escuras e circulares quando comparadas com as regiões do citoplasma e *background* (ou fundo da imagem) (GENÇTAV *et al.*, 2012).

Para atribuir um segmento como núcleo, as características calculadas devem estar em determinados intervalos. Como as imagens de diferentes bancos de dados têm resoluções diferentes, usamos os valores mínimo e máximo em μm ($16,26 < S_n < 551,96$) (WESOŁA *et al.*, 2014). Assim, dada a resolução da imagem ($\mu\text{m}/\text{pixels}$), os valores correspondentes em pixels são obtidos. A característica μ_n deve ser menor que um valor máximo ($\mu_n < 200$) (MAT-ISA *et al.*, 2008) e D_n maior que um valor mínimo de diferença ($D_n > 35$), que foi

obtido empiricamente. Variando de 0 a 100, com passo incremental igual a 5, um maior número de núcleos detectados corretamente foi alcançado com um valor mínimo igual a 35. Para ignorar estruturas lineares, a circularidade deve ser maior que um valor mínimo ($C_n > 0,2$) (RAGHAVAN; RAO, 2015) e a relação entre o menor e o maior eixo deve ser maior que um valor mínimo ($AR_n > 0,3$), em que este valor mínimo foi obtido empiricamente. Variando de 0,1 a 1, com um passo incremental igual a 0,1, um maior número de núcleos falsos foi eliminado com o valor mínimo 0,3. Adicionalmente, foi calculada a relação entre o núcleo e sua massa citoplasmática (ou massa celular) (R_n), em que um segmento de núcleo deve ter ($R_n < 0,77$), de acordo com Wesola *et al.* (2014). A fim de refinar os resultados da segmentação, cada núcleo identificado é considerado uma nova região e, caso apresente dois ou mais grupos, uma nova divisão é realizada. Uma das novas regiões obtidas também pode ser identificada como núcleo. Neste caso, como a Figura 19 ilustra, a região com maior circularidade é considerada como núcleo.

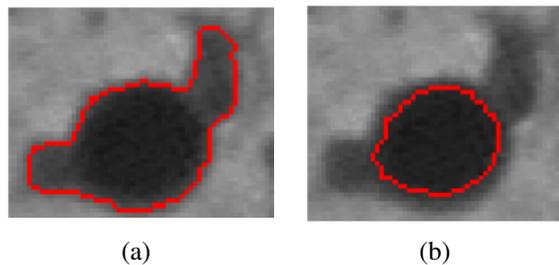


Figura 19 – Refinamento de um objeto identificado como núcleo: (a) primeiro núcleo identificado; e (b) segundo núcleo identificado, obtido a partir da divisão do núcleo em (a), com maior circularidade, o qual é considerado no resultado final da segmentação.

Fonte: Próprio autor.

5.2 Implementações Hierárquicas de *Level Set* para Segmentação de Imagens SAR

A seguir são apresentadas propostas de implementações hierárquicas, que utilizam o algoritmo *level set* rápido binário proposto, a fim de obter segmentação multi-regiões em imagens SAR. Inicialmente é apresentada uma implementação com os modelos de verossimilhança para as distribuições G_I^0 e G_A^0 (Seção 4.3.1) e depois uma implementação hierárquica com os modelos propostos baseados no método de Otsu (Seção 4.3.2) e em uma série infinita de momentos estatísticos (Seção 4.3.3).

5.2.1 Com Modelos de Verossimilhança Baseados em G_I^0 e G_A^0

Inspirado por Jeon *et al.* (2005), o algoritmo hierárquico para segmentação de imagens SAR, modeladas com as distribuições G_I^0 e G_A^0 , divide o dado de entrada em duas outras novas regiões, as quais são recursivamente divididas em duas novas regiões aplicando o método *level set* binário. Os modelos de verossimilhança das Equações (4.25) e (4.26) foram utilizados para realizar a segmentação das imagens SAR em intensidade e amplitude, respectivamente.

Nascimento *et al.* (2010) reportaram nesse trabalho que a distância estocástica aritmética-geométrica (d_{AG}) apresenta um bom desempenho na medição de contraste em imagens SAR. Portanto, a distância aritmética-geométrica (NASCIMENTO *et al.*, 2010) é utilizada para quantificar o contraste entre amostras das regiões a fim de verificar a necessidade ou não de uma nova divisão no processo hierárquico. Para isso, tem-se que o máximo contraste de uma região Ω_m é definido como

$$C_m = \max d_{AG}(Z_i, Z_j); 1 < i, j < N, i \neq j, \quad (5.1)$$

em que Z_i e Z_j são duas variáveis aleatórias (amostras de Ω_m), seguindo a distribuição G_I^0 ou G_A^0 , com parâmetros $(\hat{\alpha}, \hat{\gamma})$ e $d_{AG}(Z_i, Z_j)$ denota a distância estocástica aritmética-geométrica entre as duas amostras de pixels. Essas amostras são coletadas em uma grade de N células, como a Figura 20 mostra. Os limites da grade são definidos de acordo com o resultado da segmentação anterior, e o tamanho dos quadrados, ou seja, o tamanho das amostras, pode ser definido de acordo com as dimensões do objeto a ser segmentado. Nesta tese, foram utilizados quadrados de 30×30 pixels.

Cada passo de segmentação m gera regiões de *foreground* e *background*, que são entradas para os próximos passos. Porém, o algoritmo *level set* binário só é executado se C_m for maior que o limite de decisão $C_0 \times T_h$, em que o contraste máximo da imagem C_0 é calculado antes da primeira etapa de segmentação ($m = 0$) com a grade sobre toda a imagem. Aqui, foi adotado um $T_h = 10^{-2}$, em que este valor foi obtido empiricamente.

O processo hierárquico é finalizado quando todas as regiões não puderem ser mais divididas ou se um número máximo de regiões é alcançado. Nesta tese, essa implementação hierárquica, a qual utiliza o método *level set* rápido proposto implementado em banda estreita (*Hierarchical Median Narrow Band Level Set*, HMNB) com os modelos de verossimilhança para G_I^0 e G_A^0 e aplicada na imagem SAR original, é nomeada como HMNB_{ver}.

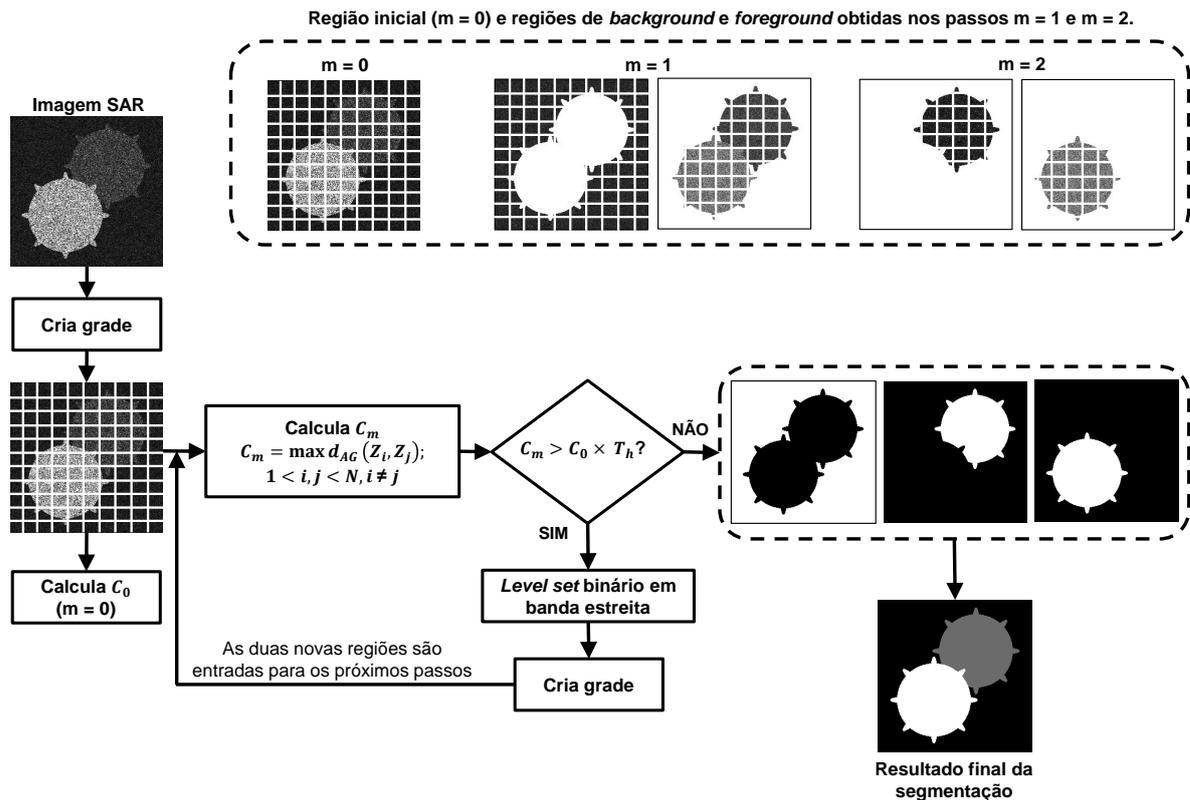


Figura 20 – Fluxograma do algoritmo hierárquico proposto, com os modelos de verossimilhança baseados em G_I^0 ou G_A^0 , para segmentação de imagem SAR.

Fonte: Próprio autor.

5.2.2 Com os Modelos Propostos Baseados no Otsu e em uma Série Infinita de Momentos Estatísticos

Como mencionado no Capítulo 3, Seção 3.3, os parâmetros de rugosidade (α) e escala (γ) das distribuições G_I^0 e G_A^0 podem caracterizar os dados SAR com diferentes padrões de retroespalhamento (GAMBINI *et al.*, 2008). Entre as abordagens estatísticas para segmentação de imagens SAR, Rodrigues *et al.* (2016) e Nobre *et al.* (2016) introduziram abordagens inovadoras que convertem os dados com *speckle* em mapas estatísticos, que beneficia o processamento da imagem. Rodrigues *et al.* (2016) propuseram um método de segmentação que utiliza uma matriz (ou mapa) de rugosidade, M_α , que consiste em uma matriz com um valor correspondente de α para cada pixel da imagem. Assim, Rodrigues *et al.* (2016) empregaram um método de segmentação que utiliza o mapa de rugosidade ou seu histograma ao invés da imagem SAR original com ruído *speckle*. Seguindo uma ideia similar, Nobre *et al.* (2016) introduziram mapas de entropia de Rényi (*MoRE*), em que estes mapas incluem informações de rugosidade e escala.

Embora técnicas de segmentação clássicas, como a limiarização, tenham alcançado resultados satisfatórios nos mapas M_α e *MoRE*, o uso de algoritmos de segmentação mais

eficientes, que requerem o conhecimento prévio da distribuição estatística, é limitado visto que distribuições que se ajustem aos dados desses mapas ainda estão sendo estudadas. Como mencionado na Seção 4.3.3, os modelos de propagação propostos, baseados em Otsu e em uma série infinita de momentos, incorporam informação estatística da imagem independente da distribuição estatística atribuída aos dados. Portanto, como esses modelos de propagação podem ser utilizados na segmentação de imagens sem um conhecimento prévio da distribuição estatística atribuída aos dados, é proposto o uso do método *level set* com estes modelos de propagação para segmentação dos mapas M_α e *MoRE*. Nesta tese, assim como em (RODRIGUES *et al.*, 2016), o método de log-cumulantes foi utilizado para obter a matriz de rugosidade e, como em (NOBRE *et al.*, 2016), o método dos momentos foi utilizado para estimar os parâmetros α e γ para, depois, calcular o mapa da entropia de Rényi de ordem 4, como em (NOBRE *et al.*, 2016). Ambos os métodos de estimação utilizaram uma janela 5×5 , centrada em cada pixel.

Como visto no Capítulo 4, os histogramas desses mapas estatísticos indicam, claramente, o número de grupos ou regiões da imagem, o que não é observado no histograma da imagem SAR original. Assim, o algoritmo de detecção de grupos, apresentado na Seção 5.1.1, é utilizado para obter o número de regiões em cada passo do processo hierárquico, em que uma nova divisão só é realizada se dois ou mais grupos forem detectados. Para isso, o algoritmo detector de grupos é aplicado nos mapas estatísticos, M_α ou *MoRE*, normalizados no intervalo $[0, 255]$. As Figuras 21 (a) e (c) apresentam, respectivamente, os mapas estatísticos, M_α e *MoRE*, de uma imagem SAR sintética com 3 regiões, simulada com a distribuição G_A^0 , com parâmetros $\alpha \in \{-4, 5; -5; -6\}$, $\gamma \in \{0,005; 0,2; 1\}$ e 1 *look*. As Figuras 21 (b) e (d) ilustram os grupos detectados nos respectivos histogramas.

Na implementação hierárquica, a entrada é uma imagem ou mapa, neste caso M_α ou *MoRE*, normalizada no intervalo $[0, 1]$. Assim a entrada é inicialmente segmentada em duas novas regiões, as quais são divididas recursivamente até o número de grupos de todas as regiões no processo ser igual a 1, ou seja, quando não for mais possível realizar divisões. Além disso, o processo hierárquico também pode ser finalizado quando uma quantidade máxima de regiões é alcançada. A Figura 22 exibe o fluxograma dessa implementação hierárquica proposta, a qual utiliza o método *level set* rápido proposto implementado em banda estreita (*Hierarchical Median Narrow Band Level Set*, HMNB). Nesta tese, quando executada com o modelo de propagação baseado em uma série infinita de momentos estatísticos e aplicada no mapa M_α , essa metodologia de segmentação é nomeada como HMNB $_\alpha$. Da mesma forma, quando aplicada no mapa *MoRE*,

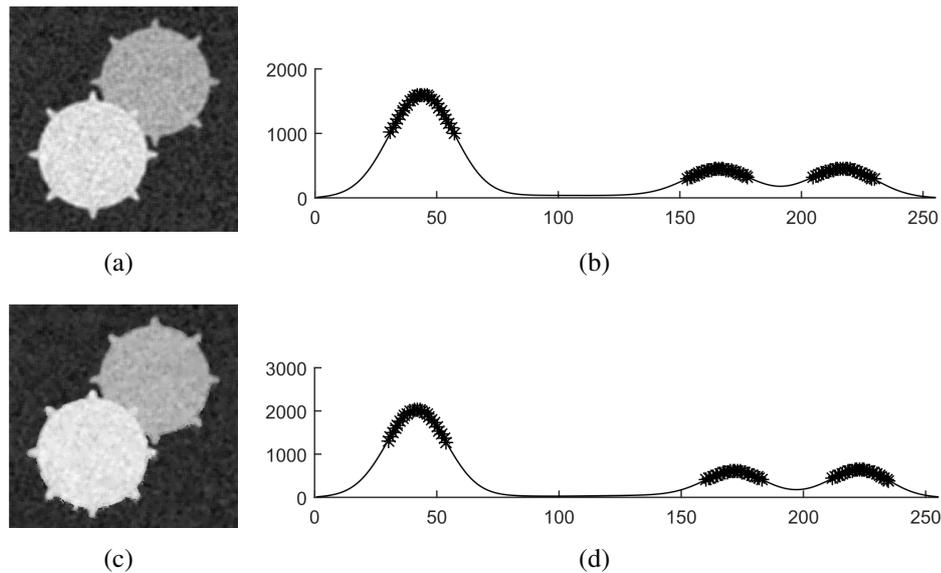


Figura 21 – Mapas estatísticos, M_α (a) e $MoRE$ (c), de uma imagem SAR sintética com 3 regiões, gerada usando a distribuição G_A^0 , $\alpha \in \{-4,5; -5; -6\}$, $\gamma \in \{0,005; 0,2; 1\}$ e 1 look. (b) - (d) são os histogramas dos mapas M_α e $MoRE$, respectivamente.

Fonte: Próprio autor.

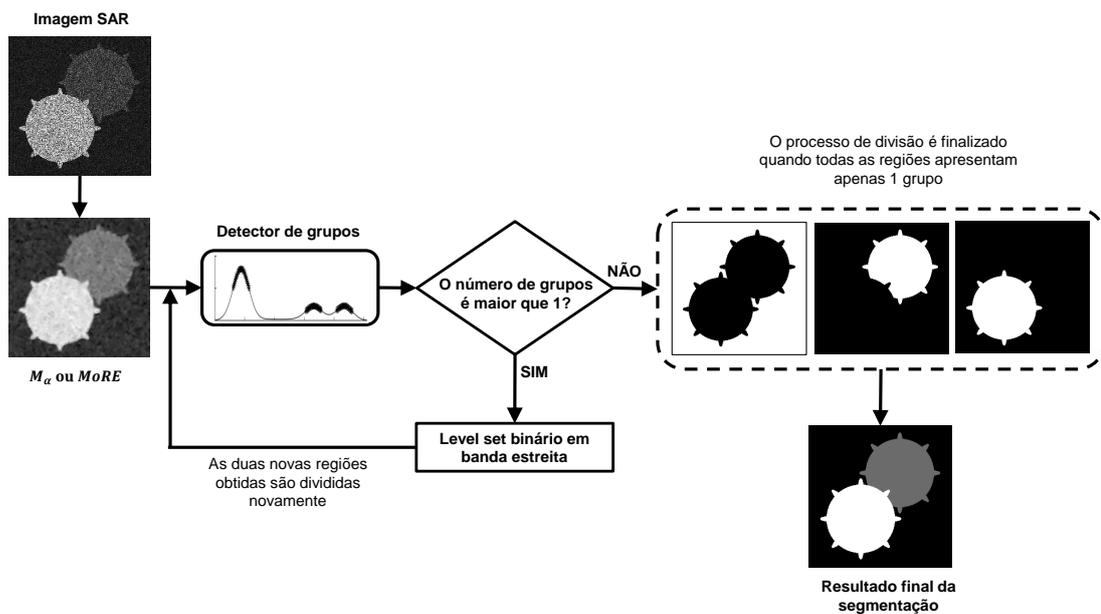


Figura 22 – Fluxograma do algoritmo hierárquico proposto, com os modelos de propagação propostos baseados no Otsu e em uma série infinita de momentos estatísticos, para segmentação de imagem SAR.

Fonte: Próprio autor.

a metodologia de segmentação é nomeada como $HMNB_E$. Já a implementação hierárquica do *level set* rápido proposto com o modelo de propagação baseado no Otsu (*Hierarchical Otsu Narrow Band Level Set*, $HONB$) quando aplicada no mapa M_α é mencionada como $HONB_\alpha$. Similarmente, quando aplicada no mapa $MoRE$ é mencionada como $HONB_E$.

5.3 Conclusão do Capítulo

Neste capítulo foi proposta uma implementação hierárquica baseada no método *level set* binário, proposto no Capítulo 4, para segmentação de núcleos de células cervicais, tanto em imagens com apenas uma célula como em imagens com várias células. Também foi apresentado um método de detecção de grupos, o qual é utilizado para iniciar o *level set* binário nesta abordagem de segmentação e para verificar a necessidade ou não de uma nova divisão no processo hierárquico. Além disso, foram propostas implementações hierárquicas para segmentação de imagens SAR, em que uma delas aplica o método *level set* rápido, com o modelo de verossimilhança com a distribuição G_I^0 ou G_A^0 , diretamente na imagem SAR original e a outra aplica o método *level set* rápido, com os modelos de propagação propostos baseados no Otsu e em uma série infinita de momentos, nos mapas estatísticos M_α e $MoRE$.

No próximo capítulo são apresentados os resultados experimentais realizados nesta tese, além de uma análise comparativa dos resultados de segmentação das abordagens hierárquicas propostas e outros algoritmos encontrados na literatura para segmentação de núcleos de células cervicais e imagens SAR.

6 EXPERIMENTOS, RESULTADOS E DISCUSSÕES

Neste capítulo são apresentados os resultados experimentais em imagens de citologia cervical e em imagens SAR obtidos pelas abordagens de segmentação propostas no Capítulo 5. Inicialmente são apresentados os experimentos nas imagens de citologia cervical e em seguida os experimentos nas imagens SAR. Todos os experimentos foram realizados em um processador Intel Core i5 com 3,2 GHz e 8 GB RAM, usando Matlab.

6.1 Experimentos nas Imagens com Células Cervicais

Para avaliação de desempenho do algoritmo *level set* hierárquico proposto para segmentação de núcleos de células cervicais, nomeado por HMNB (*Hierarchical Median Narrow Band Level Set*), foram realizados experimentos de segmentação em três bancos de dados de imagens, que possuem a verdade terrestre das imagens. O primeiro banco de dados tem 16 imagens EDF (*Extended Depth of Field*) (LU *et al.*, 2015), com dimensões 1024×1024 pixels, e compreende 645 células cervicais. O segundo é um banco de dados, disponibilizado em um desafio de segmentação de células cervicais promovido pelo *IEEE International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI) 2014* (BRADLEY *et al.*, 2014), com imagens sintéticas de citologia cervical (512×512 pixels). Este banco de dados contém 45 imagens para treino e 900 imagens para teste. O terceiro é o banco de dados Herlev (JANTZEN; DOUNIAS, 2006) que contém 917 imagens, com apenas uma célula cervical, organizadas em 7 classes: 1-escamosa superficial, 2-escamosa intermediária, 3-colunar, 4-displasia leve, 5-displasia moderada, 6-displasia severa e 7-carcinoma *in situ*.

A avaliação quantitativa da segmentação dos núcleos foi realizada e com base nos resultados de segmentação, foram calculadas características de forma e textura para experimentos de classificação e avaliação de desempenho. A principal razão para a realização destes experimentos é validar a acurácia e o impacto dos resultados de segmentação na classificação das células usando o banco de dados Herlev, que contém as verdades terrestres das células.

6.1.1 Medidas de Avaliação

A análise quantitativa dos resultados de segmentação dos núcleos é baseada nos relatos de Gençtav *et al.* (2012) e Lu *et al.* (2015), que afirmam que o resultado está correto se pelo menos τ por cento do objeto detectado sobrepõe a verdade terrestre e vice-versa. Como em

(LU *et al.*, 2015), foi adotado nesta tese um valor de $\tau = 0,6$ como o limiar de sobreposição. As medidas baseadas em objeto, ou seja, *precisão* (PRE_O) e *revocação* (REV_O), foram calculadas, respectivamente, como

$$PRE_O = \frac{\text{N}^\circ \text{ de objetos detectados corretamente}}{\text{N}^\circ \text{ de todos objetos segmentados}}, \quad (6.1)$$

$$REV_O = \frac{\text{N}^\circ \text{ de objetos detectados corretamente}}{\text{N}^\circ \text{ de todos objetos na verdade terrestre}}.$$

Além dessas medidas, a acurácia da segmentação de cada núcleo detectado corretamente é calculada utilizando as medidas *precisão* (PRE_P) and *revocação* (REV_P) baseadas em pixel (GENÇTAV *et al.*, 2012) de acordo com:

$$PRE_P = \frac{VP}{VP + FP}; \quad (6.2)$$

$$REV_P = \frac{VP}{VP + FN}, \quad (6.3)$$

em que VP (Verdadeiro Positivo) é o número de pixels segmentados corretamente, FP (Falso Positivo) é o número de pixels segmentados que não estão na verdade terrestre e FN (Falso Negativo) é o número de pixels na verdade terrestre que não estão no resultado de segmentação. Adicionalmente, a medida baseada em pixel ZSI (*Zijdenbos Similarity Index*) (ZIJDENBOS *et al.*, 1994), também conhecida como coeficiente de similaridade Dice, foi utilizada para medir a acurácia da segmentação. A medida ZSI é definida como

$$ZSI = 2 \frac{\#\{O_{VT} \cap O_{RS}\}}{\#\{O_{VT}\} + \#\{O_{RS}\}} = \frac{2VP}{2VP + FP + FN}, \quad (6.4)$$

em que O_{VT} denota a região da verdade terrestre, O_{RS} a região segmentada e $\#\{\cdot\}$ o número de pixels de uma região. De acordo com Zijdenbos *et al.* (1994), valores de ZSI maiores que 0,7 indicam uma correspondência adequada entre a região da verdade terrestre e a região segmentada.

Para avaliar os resultados dos experimentos de classificação, como em (BORA *et al.*, 2017), as medidas *Valor Preditivo Positivo* (VPP), *Sensibilidade* ($SENS$), *Especificidade* (SPE), *F-score* (FS) e *Acurácia* (AC), foram computadas, respectivamente, como (SOKOLOVA; LAPALME, 2009)

$$VPP = \frac{\sum_{i=1}^N \frac{vp_i}{vp_i + fp_i}}{N}; \quad (6.5)$$

$$SENS = \frac{\sum_{i=1}^N \frac{vp_i}{vp_i + fn_i}}{N}; \quad (6.6)$$

$$SPE = \frac{\sum_{i=1}^N \frac{vn_i}{vn_i + fp_i}}{N}; \quad (6.7)$$

$$FS = 2 \frac{VPP * SENS}{VPP + SENS}; \quad (6.8)$$

e

$$AC = \frac{\sum_{i=1}^N \frac{vp_i + vn_i}{vp_i + vn_i + fp_i + fn_i}}{N}, \quad (6.9)$$

em que vp_i (verdadeiro-positivo) é o número de amostras reconhecidas corretamente da classe C_i , vn_i (verdadeiro-negativo) é o número de amostras reconhecidas corretamente que não pertence à classe C_i , fp_i (falso-positivo) é o número de amostras que foram atribuídas incorretamente à classe C_i , fn_i (falso-negativo) é o número de amostras que não foram reconhecidas como sendo da classe C_i e N denota o número de classes.

6.1.2 Experimento de Segmentação 1: Imagens EDF e Banco de Dados do ISBI 2014

Para avaliar o desempenho do algoritmo HMNB, foram realizados experimentos nas 16 imagens EDF e nas 900 imagens de teste do banco de dados do ISBI 2014. Ambos os bancos de dados contêm células sobrepostas, o que acrescenta dificuldades para a segmentação dos núcleos. Além disso, o método de segmentação de núcleos de células cervicais proposto foi comparado com o MSERLS (LU *et al.*, 2015) e o LTSN (USHIZIMA *et al.*, 2014) nas 16 imagens EDF. Além desses dois métodos de segmentação, o método proposto foi comparado com o Deep I (TAREEF *et al.*, 2017) nas imagens de teste do banco de dados do ISBI 2014, em que os valores das medidas de avaliação foram obtidas diretamente de (TAREEF *et al.*, 2017). A etapa de treinamento do Deep I foi conduzida nas 45 imagens de treinamento do banco de dados do ISBI 2014, cada uma com 441 *patches*. O código disponível publicamente por Lu *et al.* (2015), implementado em Matlab, foi usado para executar o MSERLS. O código desenvolvido por Ushizima *et al.* (2014) foi utilizado para executar o método de segmentação

LTSN, implementado usando o Fiji⁶. A Figura 23 ilustra imagens EDF e imagens de teste do banco de dados do ISBI 2014.

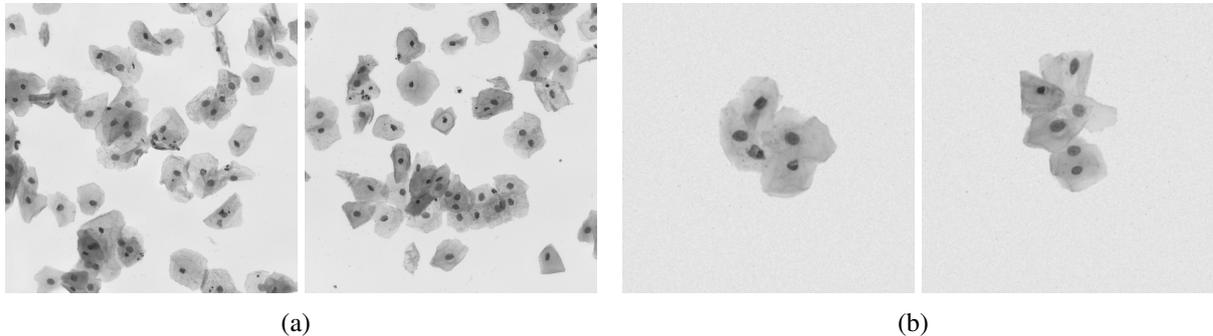


Figura 23 – Imagens com células cervicais: (a) imagens EDF (1024×1024); e (b) imagens de teste (512×512) do banco de dados do desafio do ISBI 2014.

Fonte: Próprio autor.

A Tabela 3 exibe os valores obtidos com as medidas de avaliação dos experimentos realizados nas 16 imagens EDF, em que os valores em negrito indicam os melhores resultados. Com relação à detecção de núcleos baseada em objetos, o método proposto alcançou melhor desempenho que os métodos MSERLS e LTSN em termos das medidas PRE_O e REV_O . Os bons resultados alcançados pelo HMNB foram decorrentes do maior número de núcleos segmentados corretamente e menor número de falsos núcleos. O HMNB foi mais eficiente em regiões com baixo contraste entre o núcleo e citoplasma que pode ocorrer, por exemplo, devido à coloração inconsistente, baixo contraste ou sobreposição de células. Os resultados baseados em pixel foram avaliados em termos de PRE_P , REV_P e ZSI . O método proposto alcançou valores superiores de *revocação* e ZSI em comparação com o método de Ushizima *et al.* (2014) e resultados similares ao método de Lu *et al.* (2015) enquanto o método LTSN alcançou o maior valor de PRE_P . Isso ocorreu devido ao maior número de pixels segmentados corretamente (VP) obtido pelos métodos HMNB e MSERLS e menor valor de falso-positivo (FP) obtido pelo método LTSN. Em relação ao tempo computacional médio, o algoritmo proposto e os algoritmos introduzidos por Lu *et al.* (2015) e Ushizima *et al.* (2014) alcançaram 28,62 s, 36,56 s e 3 s, respectivamente.

A Tabela 4 mostra a comparação dos resultados de segmentação de núcleos nas imagens de teste do banco de dados do ISBI 2014. Os valores em negrito destacam os melhores resultados. O método HMNB apresentou o maior número de núcleos segmentados corretamente e, assim, obteve um melhor desempenho que os métodos MSERLS, LTSN e Deep I em termos da medida REV_O , apesar do menor valor de precisão PRE_O . Um alto valor de REV_O , indicando

⁶ <https://imagej.net/Fiji>

Tabela 3 – Comparação dos resultados de segmentação dos núcleos nas 16 imagens EDF.

Algoritmo	PRE_O	REV_O	PRE_P	REV_P	ZSI
HMNB	0,81	0,86	$0,95 \pm 0,07$	$0,90 \pm 0,08$	$0,92 \pm 0,05$
MSERLS	0,73	0,85	$0,96 \pm 0,06$	$0,90 \pm 0,08$	$0,92 \pm 0,05$
LTSN	0,72	0,79	$0,97 \pm 0,05$	$0,86 \pm 0,09$	$0,91 \pm 0,05$

alta taxa de verdadeiro-positivo (VP), é mais importante que um alto valor de PRE_O desde que cada núcleo pode representar uma célula em uma possível próxima etapa para segmentação do citoplasma. Por exemplo, os métodos introduzidos por Ushizima *et al.* (2014), Lu *et al.* (2015) e Tareef *et al.* (2017) utilizam a informação do núcleo para obter o citoplasma. Na avaliação baseada em pixel, o método HMNB alcançou valores superiores de *revocação* e ZSI que o método LTSN e um valor de *revocação* maior e similar de ZSI comparado ao método MSERLS, apesar dos valores altos de precisão dos métodos MSERLS e LTSN. Os melhores resultados foram obtidos pelo método Deep I e os resultados do método proposto foram comparáveis. Como mencionado no Capítulo 2, o método Deep I primeiramente divide uma imagem em fragmentos de tamanho fixo e, em seguida, realiza um treinamento e classificação baseados em CNN nos fragmentos para identificar os núcleos, massa celular e *background*. Para gerar os fragmentos da imagem, o Deep I usa o algoritmo SLIC (SHAH-HOSSEINI, 2002), em que sua configuração de parâmetros (S e r) é muito importante e deve ser cuidadosamente ajustado para obter os melhores resultados. Assim, valores diferentes de S (tamanho do *superpixel*) e r (regularidade da forma) podem ser requeridos para diferentes bancos de dados. Em (TAREEF *et al.*, 2017), os parâmetros S e r foram configurados para 25 e 0,01, respectivamente, os quais foram obtidos empiricamente. Uma vantagem do algoritmo proposto nesta tese para segmentação de núcleos de células cervicais é que diferentes bancos de dados podem ser segmentados sem a necessidade de uma etapa de treinamento. Com relação ao custo computacional médio, os métodos HMNB, MSERLS, LTSN e Deep I alcançaram 3 s, 8, 10 s, 1,98 s e 8 s, respectivamente.

Tabela 4 – Comparação da segmentação dos núcleos no banco de dados do ISBI 2014.

Algoritmo	PRE_O	REV_O	PRE_P	REV_P	ZSI
HMNB	0,95	0,93	$0,93 \pm 0,08$	$0,93 \pm 0,07$	$0,92 \pm 0,04$
MSERLS	0,98	0,88	$0,94 \pm 0,08$	$0,91 \pm 0,08$	$0,92 \pm 0,05$
LTSN	0,96	0,90	$0,97 \pm 0,06$	$0,87 \pm 0,07$	$0,91 \pm 0,04$
Deep I	0,99	0,91	$0,94 \pm 0,06$	$0,95 \pm 0,06$	$0,94 \pm 0,04$

6.1.3 Experimento de Segmentação 2: Banco de Dados Herlev

Experimentos foram realizados em imagens com apenas uma célula cervical e os resultados de segmentação do método proposto foram comparados com os resultados obtidos pelos métodos RGVF (LI *et al.*, 2012) e MFCM (CHANKONG *et al.*, 2014), os quais foram projetados para segmentar imagens com apenas uma célula e também aplicados para o banco de dados Herlev em seus artigos originais. O código disponibilizado por Li *et al.* (2012), implementado em Matlab, foi utilizado para executar o método RGVF enquanto para o método MFCM, um filtro da mediana 7×7 foi aplicado na imagem em níveis de cinza e a função do Matlab *fcm*, com seus parâmetros padrões, foi usada para dividir a imagem filtrada em 7 grupos baseados nos níveis de cinza. Cada grupo é representado pelo valor de seu centróide (média do nível de cinza) e os grupos cujos valores dos centróides são menores que o limiar de núcleo (80% da média dos centróides dos grupos) são considerados núcleo. Os grupos com os valores dos centróides entre o limiar de núcleo e o limiar do citoplasma (120% da média dos centróides dos grupos) são considerados citoplasma. Os grupos restantes são considerados fundo ou *background*. Finalmente, operações morfológicas, isto é, abertura e fechamento, foram aplicadas sucessivamente (10 iterações) com um elemento estruturante em forma de disco com raio de 7 pixels, de acordo com Chankong *et al.* (2014).

O método HMNB obteve um maior número de núcleos detectados corretamente para as classes 1, 2, 3 e 7. A Tabela 5 sumariza estes resultados, em que os valores em negrito indicam os melhores resultados. Vale ressaltar que a detecção de núcleos é uma tarefa crucial para outras etapas de processamento, como extração de características e classificação. Os resultados nas imagens da Figura 24 demonstraram que os métodos RGVF e MFCM alcançaram resultados de segmentação menos precisos em imagens com mais de três grupos e quando núcleo, citoplasma e *background* não estão bem definidos. É importante notar que áreas do citoplasma com baixa intensidade de cinza tendem a ser segmentadas erroneamente como núcleos. Isso é devido ao limite de 3 grupos imposto pelos métodos RGVF e MFCM para segmentar as imagens. Na verdade, para obter resultados de segmentação adequados, algumas imagens precisam ser segmentadas em mais de 3 grupos. Diferentemente, o método HMNB não requer um conhecimento prévio sobre o número de grupos e não especifica um número fixo de grupos para a segmentação da imagem.

A Tabela 6 apresenta as medidas de avaliação baseadas em pixel dos experimentos realizados nas imagens do banco de dados Herlev. Os valores em negrito destacam os melhores

Tabela 5 – Número de núcleos detectados corretamente no banco de dados Herlev.

Classe	Nome da classe	Quantidade	Algoritmo		
			HMNB	RGVF	MFCM
1	Escamosa superficial	74	73	57	58
2	Escamosa intermediária	70	70	53	64
3	Colunar	98	84	81	70
4	Displasia leve	182	153	156	127
5	Displasia moderada	146	127	135	105
6	Displasia severa	197	178	182	143
7	Carcinoma <i>in situ</i>	150	138	134	92
	Total	917	823	798	659

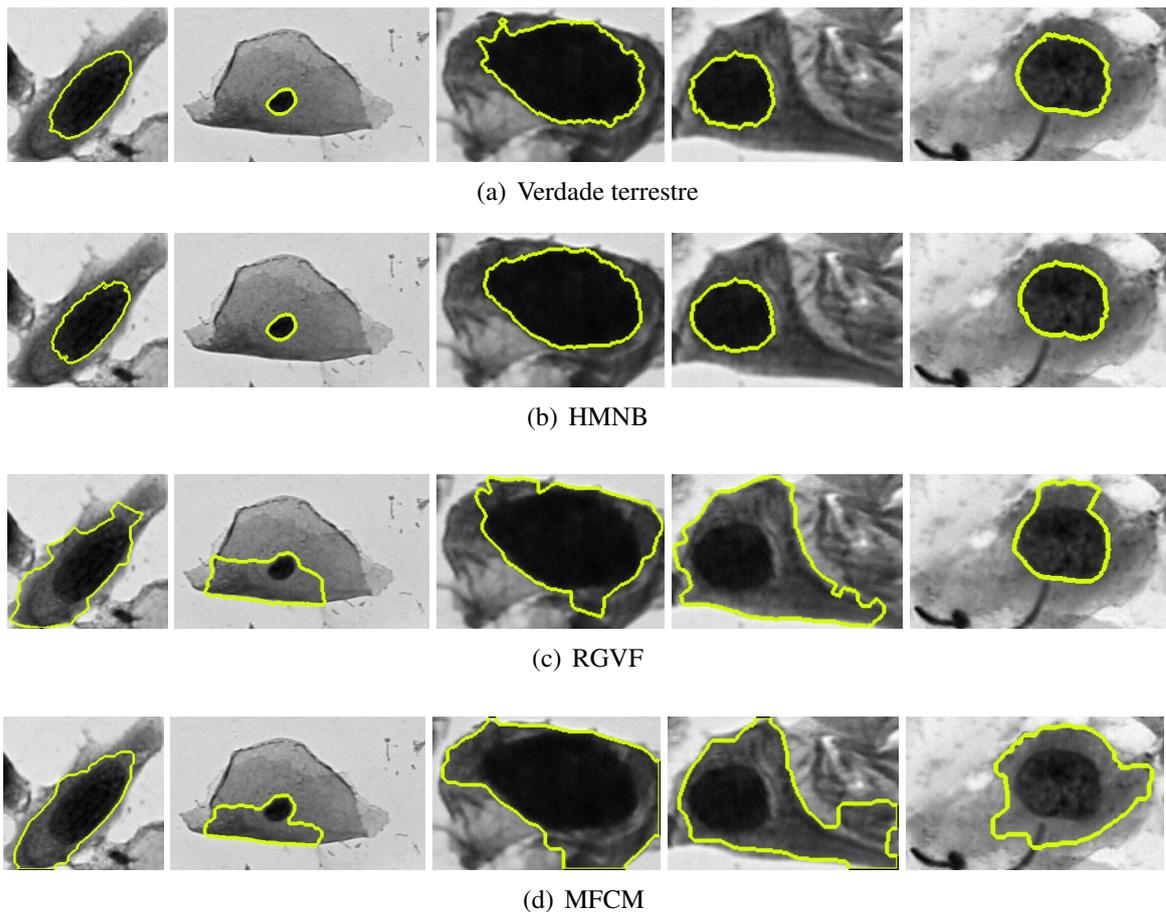


Figura 24 – Imagens com células cervicais do banco de dados Herlev e os resultados de segmentação para cada método.

Fonte: Próprio autor.

resultados de cada classe. De acordo com os resultados, o método proposto alcançou valores médios superiores das medidas *precisão* e *ZSI* em comparação aos valores obtidos pelos métodos RGVF e MFCM, apesar do algoritmo RGVF ter obtido um melhor desempenho em termos da medida *revocação*. Isto foi devido ao fato que o método hierárquico proposto alcançou um maior número de pixels segmentados corretamente (*VP*). No entanto, o algoritmo RGVF apresentou menores valores de falso-negativo (*FN*). Em relação ao tempo computacional médio, os métodos HMNB, RGVF e MFCM alcançaram 0,99 s, 11,41 s e 1,62 s, respectivamente.

Tabela 6 – Comparação dos resultados de segmentação dos núcleos no banco de dados Herlev. As medidas baseadas em pixel foram calculadas dos núcleos detectados corretamente para $\tau = 0,6$ e as classes são numeradas como na Tabela 5. μ e σ representam o valor médio e o desvio padrão, respectivamente.

Classes		<i>Precisão (PRE_p)</i>			<i>Revocação (REV_p)</i>			<i>ZSI</i>		
		HMNB	RGVF	MFCM	HMNB	RGVF	MFCM	HMNB	RGVF	MFCM
1	μ	0,87	0,87	0,89	0,98	0,98	0,96	0,92	0,92	0,92
	σ	0,10	0,09	0,12	0,05	0,02	0,06	0,05	0,05	0,06
2	μ	0,91	0,88	0,92	0,98	0,99	0,97	0,94	0,93	0,94
	σ	0,07	0,06	0,09	0,04	0,01	0,04	0,04	0,03	0,04
3	μ	0,92	0,83	0,89	0,94	0,98	0,91	0,92	0,90	0,89
	σ	0,10	0,09	0,11	0,08	0,02	0,10	0,06	0,06	0,07
4	μ	0,96	0,90	0,95	0,95	0,99	0,92	0,95	0,94	0,93
	σ	0,07	0,08	0,08	0,08	0,04	0,10	0,05	0,05	0,07
5	μ	0,96	0,89	0,94	0,93	0,97	0,90	0,94	0,93	0,91
	σ	0,08	0,09	0,10	0,08	0,06	0,12	0,06	0,06	0,07
6	μ	0,96	0,91	0,95	0,93	0,96	0,89	0,94	0,93	0,91
	σ	0,07	0,08	0,09	0,08	0,06	0,10	0,05	0,05	0,06
7	μ	0,93	0,91	0,94	0,93	0,94	0,85	0,92	0,92	0,88
	σ	0,10	0,08	0,09	0,08	0,08	0,12	0,06	0,06	0,08
Média	μ	0,93	0,88	0,93	0,95	0,97	0,92	0,93	0,92	0,91
	σ	0,08	0,08	0,10	0,07	0,04	0,09	0,05	0,05	0,06

6.1.4 Experimentos de Classificação

Experimentos de classificação foram realizados nas imagens do banco de dados Herlev, as quais possuem as imagens de referência ou verdades terrestres, segmentadas por especialistas. Além disso, cada uma das imagens é rótulada por especialistas em uma das 7

classes, como já mencionado neste capítulo, o que possibilita a realização dos experimentos de classificação. As entradas dos algoritmos de classificação são características baseadas em forma e textura, como apresentam Bora *et al.* (2017). A partir dos resultados de segmentação, 5 características de forma são extraídas dos núcleos, a saber, área, perímetro, excentricidade, compactidade e circularidade que compõem o vetor f_{Forma} . Assim, o vetor f_{Forma} foi gerado para a verdade terrestre dos núcleos (VT) e para os resultados de segmentação obtidos pelos métodos HMNB, RGVF, e MFCM. Adicionalmente, 6 características de textura foram extraídas usando as medidas estatísticas de primeira ordem do histograma (GONZALEZ; WOODS, 2002), a saber, média, variância, curtose, assimetria, energia e entropia que compõem o vetor $f_{Histograma}$.

Os algoritmos LSSVM (*Least Square Support Vector Machine*), MLP (*Multilayer Perceptron*) e RF (*Random Forest*) classificaram as células cervicais em duas e três classes, com base em 11 características $f_{Final} = \{f_{Forma}, f_{Histograma}\}$. Para os experimentos com três classes, os dados foram divididos em normal (escamosa superficial, escamosa intermediária e colunar), LSIL (displasia leve), e HSIL (displasia moderada, displasia severa e carcinoma *in situ*) em conformidade com o sistema Bethesda, que é usado para o diagnóstico de lesões que precedem o câncer cervical. Para os experimentos com duas classes, as últimas duas classes (LSIL e HSIL) unidas formaram uma classe anormal. Para calcular os valores médios das medidas de classificação, apresentadas na Seção 6.1.1, foram realizadas 100 execuções e para cada execução, o banco de dados foi dividido aleatoriamente em dois subconjuntos independentes, isto é, o subconjunto de teste com 30% dos dados e o subconjunto de treinamento com 70% dos dados.

A Tabela 7 mostra as medidas de avaliação para os resultados de classificação em duas classes e a Tabela 8 apresenta as medidas de avaliação para os experimentos de classificação em três classes. Os valores com preenchimento em cinza apontam os resultados alcançados pelos classificadores LSSVM, MLP e RF utilizando a verdade terrestre dos núcleos. Nesta tese, estes resultados foram assumidos como uma referência para comparação e avaliação de desempenho dos algoritmos. Os valores em negrito indicam os melhores resultados para cada medida e correspondem aos resultados mais próximos daqueles obtidos com a verdade terrestre dos núcleos. De acordo com os valores médios das medidas VPP , $SENS$, SPE , FS e AC nas Tabelas 7 e 8, os melhores resultados nos experimentos de classificação, tanto em duas como em três classes, foram alcançados utilizando as características extraídas dos resultados de segmentação dos núcleos pelo método proposto. Além disso, os resultados de classificação obtidos pelo método proposto foram os mais próximos dos resultados obtidos com os núcleos

da verdade terrestre. Isso se deve ao melhor desempenho do método hierárquico proposto para segmentação de núcleos, uma vez que as etapas seguintes de extração de características e classificação dependem da eficiência da segmentação.

Tabela 7 – Comparação dos resultados de classificação no banco de dados Herlev para 2 classes (normal e anormal).

Métodos		<i>SPE</i>	<i>SENS</i>	<i>VPP</i>	<i>FS</i>	<i>AC</i>
LSSVM	VT	0,86±0,03	0,92±0,02	0,92±0,02	0,92±0,02	0,92±0,02
	HMNB	0,81±0,03	0,88±0,02	0,88±0,02	0,88±0,02	0,88±0,02
	RGVF	0,76±0,03	0,85±0,02	0,85±0,02	0,85±0,02	0,85±0,02
	MFCM	0,74±0,04	0,84±0,02	0,83±0,02	0,83±0,02	0,84±0,02
MLP	VT	0,92±0,03	0,93±0,01	0,94±0,01	0,94±0,01	0,93±0,01
	HMNB	0,86±0,05	0,89±0,02	0,90±0,02	0,89±0,02	0,89±0,02
	RGVF	0,83±0,05	0,84±0,02	0,89±0,02	0,85±0,02	0,84±0,02
	MFCM	0,82±0,05	0,85±0,01	0,88±0,02	0,86±0,01	0,85±0,01
RF	VT	0,90±0,03	0,93±0,01	0,93±0,01	0,93±0,01	0,93±0,01
	HMNB	0,87±0,04	0,89±0,02	0,90±0,02	0,90±0,02	0,89±0,02
	RGVF	0,82±0,04	0,87±0,02	0,88±0,02	0,87±0,02	0,87±0,02
	MFCM	0,83±0,04	0,86±0,02	0,89±0,02	0,87±0,02	0,86±0,02

Tabela 8 – Comparação dos resultados de classificação no banco de dados Herlev para 3 classes (normal, LSIL e HSIL).

Métodos		<i>SPE</i>	<i>SENS</i>	<i>VPP</i>	<i>FS</i>	<i>AC</i>
LSSVM	VT	0,84±0,01	0,76±0,02	0,78±0,02	0,75±0,02	0,76±0,02
	HMNB	0,81±0,02	0,72±0,02	0,74±0,02	0,72±0,03	0,72±0,02
	RGVF	0,80±0,02	0,70±0,02	0,72±0,02	0,70±0,02	0,70±0,02
	MFCM	0,79±0,02	0,69±0,02	0,70±0,02	0,68±0,02	0,69±0,02
MLP	VT	0,84±0,02	0,77±0,02	0,79±0,02	0,78±0,02	0,77±0,02
	HMNB	0,81±0,03	0,73±0,03	0,76±0,03	0,74±0,03	0,73±0,03
	RGVF	0,78±0,04	0,68±0,04	0,74±0,03	0,70±0,03	0,68±0,04
	MFCM	0,80±0,05	0,70±0,04	0,75±0,04	0,72±0,04	0,70±0,04
RF	VT	0,85±0,02	0,79±0,02	0,80±0,02	0,79±0,02	0,79±0,02
	HMNB	0,84±0,02	0,76±0,02	0,79±0,02	0,77±0,02	0,76±0,02
	RGVF	0,82±0,02	0,74±0,02	0,76±0,02	0,75±0,02	0,74±0,02
	MFCM	0,81±0,03	0,73±0,02	0,76±0,02	0,74±0,02	0,73±0,02

6.2 Experimentos com Imagens SAR

Para avaliar o desempenho dos algoritmos propostos para segmentação de imagens SAR foram realizados experimentos em imagens SAR sintéticas e reais, seguindo as distribuições G_I^0 e G_A^0 . Aqui, as abordagens hierárquicas propostas, as quais utilizam o método *level set* rápido proposto implementado em banda estreita (*Hierarchical Median Narrow Band Level Set*, HMNB) para segmentação de imagens SAR, foram nomeadas como HMNB $_{\alpha}$ e HMNB $_E$, quando executadas com o modelo baseado em uma série infinita de momentos e aplicadas nos mapas estatísticos de rugosidade (M_{α}) e entropia ($MoRE$), respectivamente. Já a implementação hierárquica com os modelos de verossimilhança para G_I^0 e G_A^0 e aplicada na imagem SAR original é nomeada como HMNB $_{ver}$. As implementações hierárquicas do *level set* rápido proposto com o modelo de propagação baseado no Otsu (*Hierarchical Otsu Narrow Band Level Set*, HONB) e aplicadas nos mapas M_{α} e $MoRE$, são mencionadas como HONB $_{\alpha}$ e HONB $_E$, respectivamente.

O método *level set* regularizado com o filtro da Gaussiana (ZHU *et al.*, 2007) implementado de forma hierárquica como o HMNB $_{ver}$, utilizando os modelos de verossimilhança para G_I^0 e G_A^0 e aplicado na imagem SAR original, também é utilizado na análise comparativa e foi nomeado como HGLS (*Hierarchical Gaussian Level Set*).

6.2.1 Medidas de Avaliação para Imagens SAR

Para avaliar o desempenho dos algoritmos em imagens sintéticas, foram calculados o tempo computacional e as medidas EoS (erro de segmentação) e ZSI (ou *Dice*). A medida EoS é a razão entre o número de pixels que não foram segmentados corretamente e o número total de pixels com valores no intervalo de $[0, 1]$, em que $EoS = 0$ indica a melhor segmentação. A medida ZSI é dada pela Equação (6.4).

Para os experimentos com imagens SAR reais, foi adotada a medida ajuste cruzado de região (*cross-region fitting*, CRF) (MARQUES *et al.*, 2012), Equação (3.20), para quantificar a acurácia das segmentações. Para a avaliação de segmentação binária foi adotado $CRF_{1,2}$ e para imagens com mais de duas regiões foi calculada a média das medidas CRF entre cada uma das regiões obtidas na segmentação. Por exemplo, a média CRF para três regiões é calculada como

$$CRF_{medio} = \frac{1}{3}(CRF_{1,2} + CRF_{1,3} + CRF_{2,3}). \quad (6.10)$$

6.2.2 Experimentos de Segmentação em Imagens Sintéticas

Os experimentos de segmentação com imagens SAR sintéticas foram conduzidos com dados em intensidade G_I^0 e amplitude G_A^0 com duas regiões (*foreground* e *background*), como as da Figura 25. As imagens foram geradas com diferentes números de pétalas $N \in \{4, 8, 12\}$ e diferentes raios do disco central $R \in \{10, 30, 60\}$. No total foram geradas 432 imagens, 256×256 pixels, com os seguintes valores para $\alpha \in \{-1, 5; -4; -8\}$, $\gamma \in \{0, 005; 0, 2\}$ e $L \in \{1; 2; \dots; 8\}$. O processo de geração das imagens sintéticas em amplitude foi conduzido utilizando o método de transformação inversa, como realizado por Marques *et al.* (2012), Rodrigues (2017) e Nobre (2018). Para obter as imagens sintéticas em intensidade foi aplicada a relação $Z_I = Z_A^2$ (FRERY *et al.*, 1997), apresentada na Seção (3.2) do Capítulo 3, em que Z_I é uma variável aleatória segundo o modelo G_I^0 e Z_A é uma variável aleatória segundo o modelo G_A^0 .

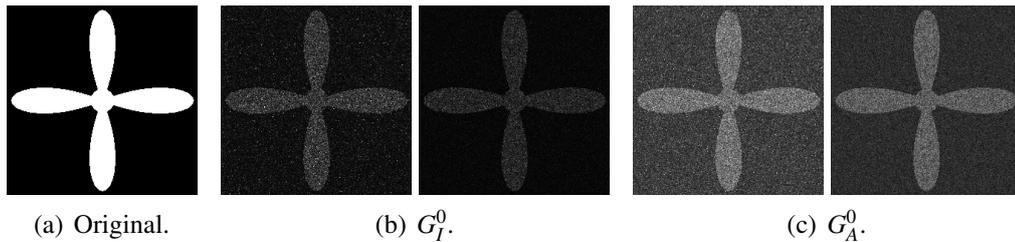


Figura 25 – Imagens sintéticas em intensidade e amplitude.

Fonte: Próprio autor.

Para conduzir uma avaliação de desempenho justa dos algoritmos, todos os métodos *level set* foram executados com $\Delta t = 0,5$, seguindo a sugestão de Sethian (1999) e Zhang *et al.* (2010). A segmentação final é obtida quando as curvas estacionam ou quando o número máximo de iterações é alcançado, $k_{max} = 300$, em que este valor foi escolhido empiricamente. Para as abordagens HMNB_{ver}, HONB _{α} , HONB_E, HMNB _{α} , HMNB_E, que utilizam o algoritmo *level set* proposto regularizado com o filtro da mediana e implementado em *narrow band*, foi adotado o filtro da mediana de conectividade 8 e uma banda estreita $W_{BE} = 3$. Foram utilizadas janelas 5×5 , como os experimentos realizados por Rodrigues *et al.* (2016) e Nobre *et al.* (2016), para obter os mapas estatísticos de rugosidade (M_α) e entropia (*MoRE*). O método HGLS foi executado com uma janela Gaussiana de ordem 3, $G_\sigma = 3$, com desvio padrão $\sigma = G_\sigma/6$ (GONZALEZ; WOODS, 2002), e com a constante de regularização $\varepsilon = 0,5$, em que estes valores foram obtidos empiricamente.

A Tabela 9 apresenta os resultados de segmentação em imagens SAR sintéticas

com duas regiões com as distribuições G_I^0 e G_A^0 . Os valores em negrito destacam os melhores resultados. Os métodos propostos $HMNB_\alpha$ e $HMNB_E$ alcançaram os menores valores da medida EoS e os maiores valores da medida ZSI para a distribuição G_I^0 enquanto os métodos $HONB_\alpha$ e $HMNB_\alpha$ alcançaram os melhores desempenhos em termos das medidas EoS e ZSI para a distribuição G_A^0 . Embora a abordagem que utiliza o modelo de propagação baseado em Otsu tenha alcançado um bom desempenho no mapa M_α para a distribuição G_A^0 , esta mesma abordagem, aplicada no mapa M_α para a distribuição G_I^0 e no mapa $MoRE$ para G_I^0 e G_A^0 , não alcançou um bom desempenho de segmentação. Isto se deu em razão da baixa capacidade de generalização do modelo baseado em Otsu, que utiliza apenas a informação do segundo momento amostral, para obter características estatísticas dos mapas que sejam suficientes para diferenciar, em uma segmentação binária, as regiões de *foreground* e *background*. Diferentemente, as abordagens que utilizam o modelo de propagação baseado em uma série infinita de momentos estatísticos, $HMNB_\alpha$ e $HMNB_E$, alcançaram um bom desempenho nos mapas estatísticos M_α e $MoRE$ para as distribuições G_I^0 e G_A^0 , uma vez que este modelo de propagação incorpora mais informações estatísticas desses mapas para realizar a propagação da curva.

Tabela 9 – Comparação dos resultados de segmentação em imagens SAR sintéticas com duas regiões.

	Modelo	HGLS	$HMNB_{ver}$	$HONB_\alpha$	$HONB_E$	$HMNB_\alpha$	$HMNB_E$
EoS	G_I^0	0,15 ± 0,28	0,14 ± 0,26	0,47 ± 0,35	0,67 ± 0,29	0,01 ± 0,01	0,03 ± 0,01
	G_A^0	0,05 ± 0,10	0,16 ± 0,27	0,02 ± 0,01	0,79 ± 0,10	0,01 ± 0,01	0,04 ± 0,02
ZSI	G_I^0	0,83 ± 0,24	0,84 ± 0,25	0,53 ± 0,30	0,41 ± 0,22	0,96 ± 0,03	0,93 ± 0,04
	G_A^0	0,90 ± 0,12	0,82 ± 0,27	0,95 ± 0,04	0,32 ± 0,07	0,97 ± 0,03	0,89 ± 0,06
Tempo (s)		5,46	2,4	1,34	1,31	2,23	2,06

O método $HMNB_{ver}$ apresentou um valor de ZSI superior e EoS inferior comparado ao método HGLS em G_I^0 . Já para a G_A^0 , o HGLS alcançou um desempenho melhor que o $HMNB_{ver}$. O método HGLS foi executado com o mesmo nível de suavização, para a regularização da curva, nas imagens SAR sintéticas seguindo as distribuições G_I^0 e G_A^0 . Porém, esse nível de suavização fez com que a curva delimitasse a região de interesse com uma maior precisão nas imagens cujo modelo era G_A^0 ao invés de G_I^0 e, dessa forma, o método HGLS apresentou um valor de ZSI igual a 0,90 que é superior ao obtido pelo método $HMNB_{ver}$. A Tabela 9 também apresenta o tempo computacional médio para cada método de segmentação e os resultados indicam que as abordagens que segmentam os mapas estatísticos e utilizam o modelo de propagação

baseado no Otsu, $HONB_{\alpha}$ e $HONB_E$, alcançaram um tempo de execução menor que os outros métodos. O método $HMNB_{ver}$, embora utilize o mesmo modelo de verossimilhança do HGLS, apresentou um tempo computacional menor devido ao uso do algoritmo *level set* rápido proposto.

As Figuras 26 e 27 apresentam as medidas ZSI e EoS em função do número de *looks* da imagem para as distribuições G_I^0 e G_A^0 , respectivamente. A abordagem $HMNB_{\alpha}$ alcançou melhor desempenho que os outros métodos e seus valores de ZSI e EoS permaneceram praticamente constantes com o aumento do número de *looks*. Para G_I^0 , a abordagem $HMNB_E$ alcançou melhor desempenho que os métodos HGLS e $HMNB_{ver}$ e, para G_A^0 , apresentou, a partir de 2 *looks*, um desempenho inferior ao HGLS. Vale ressaltar que o método HGLS, embora tenha sido superior ao $HMNB_{ver}$ na maioria dos casos em G_A^0 , apresenta a desvantagem de necessitar de parâmetros empíricos para a regularização da curva.

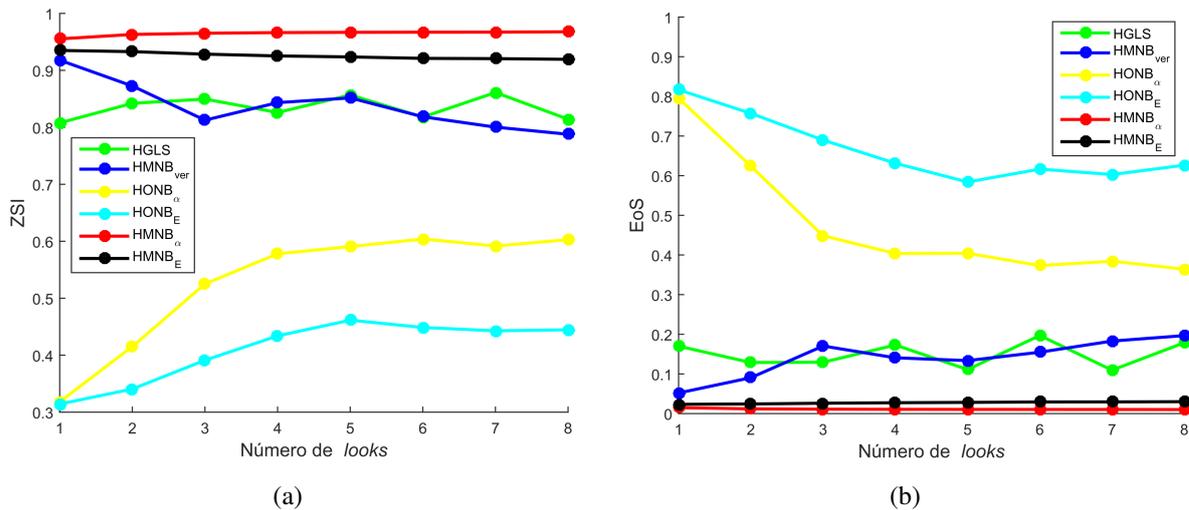


Figura 26 – Resultados de segmentação nas imagens SAR sintéticas, em G_I^0 , em função do número de *looks*: (a) valores da medida ZSI ; e (b) valores da medida EoS .

Fonte: Próprio autor.

6.2.3 Experimentos de Segmentação em Imagens Reais

Os experimentos de segmentação com imagens SAR reais foram conduzidos em dados em intensidade G_I^0 e amplitude G_A^0 com duas e três regiões e, assim como nos experimentos com imagens sintéticas, todos os métodos *level set* foram executados com $\Delta t = 0,5$ (SETHIAN, 1999; ZHANG *et al.*, 2010) e uma segmentação é alcançada quando as curvas estacionam ou quando o número máximo de iterações é atingido, $k_{max} = 300$, o qual foi obtido empiricamente. Além disso, os métodos $HMNB_{ver}$, $HMNB_{\alpha}$ e $HMNB_E$, que usam o método *level set* proposto

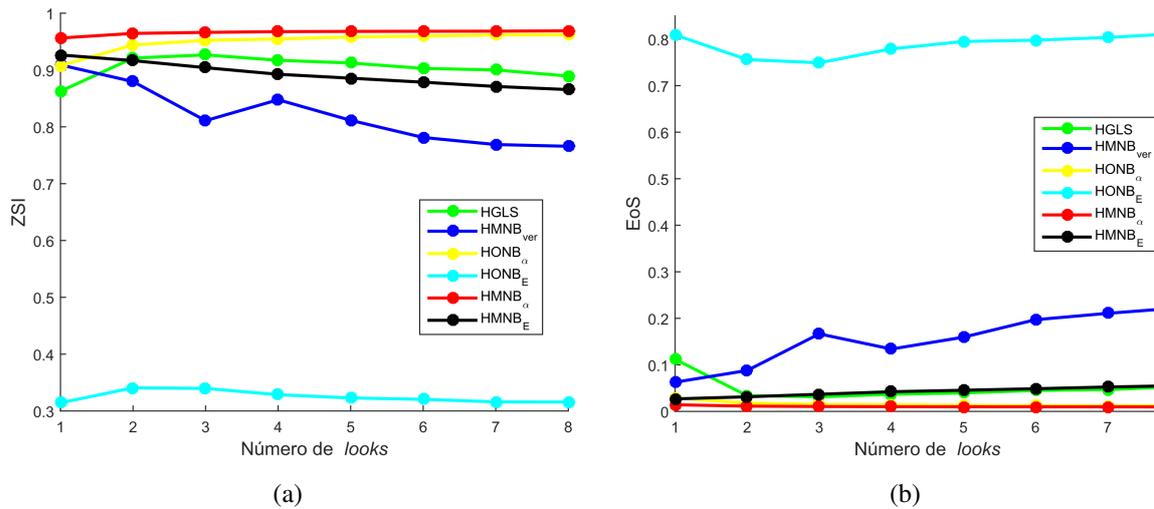


Figura 27 – Resultados de segmentação nas imagens SAR sintéticas, em G_A^0 , em função do número de *looks*: (a) valores da medida *ZSI*; e (b) valores da medida *EoS*.

Fonte: Próprio autor.

regularizado com o filtro da mediana e implementado em banda estreita (*narrow band*), foram executados com um filtro da mediana de conectividade 8 e uma banda estreita $W_{BE} = 3$. Para obter os mapas estatísticos M_α e $MoRE$, foram utilizadas janelas de tamanho 5×5 , como nos experimentos realizados por Rodrigues *et al.* (2016) e Nobre *et al.* (2016). Nos experimentos com imagens SAR reais, as abordagens $HONB_\alpha$ e $HONB_E$ alcançaram um desempenho inferior quando comparado aos outros métodos e, portanto, os resultados dessas abordagens não foram apresentados. Esse baixo desempenho se deve ao fato que o modelo de propagação baseado no método de Otsu, utilizado por essas abordagens, não incorpora informação suficiente dos mapas estatísticos para diferenciar uma região da outra no processo de segmentação binária e, assim, realizar a propagação da curva.

Inicialmente foram processadas duas imagens SAR reais de alta resolução com duas regiões, adquiridas pelo OrbiSAR-2 sobre a cidade de Santos, Brasil, em polarização HH e banda P, $L = 1$, com tamanho de 400×400 pixels e resolução de um metro por pixel. Para essas duas imagens, o método HGLS foi executado com uma janela Gaussiana de ordem 7, $G_\sigma = 7$, com desvio padrão $\sigma = G_\sigma/6$ (GONZALEZ; WOODS, 2002) e com $\varepsilon = 0,75$, em que esses valores foram obtidos empiricamente. As Figuras 28 e 29 ilustram os resultados de segmentação, para os modelos G_I^0 e G_A^0 , das imagens reais com duas regiões e a Tabela 10 apresenta a medida *CRF* e o tempo computacional para cada método de segmentação, em que os valores em negrito indicam os melhores resultados. Para a imagem da Figura 28, em G_I^0 e G_A^0 , o método HGLS alcançou o menor valor de *CRF*, comparado aos outros métodos, uma vez

que obteve contornos menos precisos em razão do excessivo nível de suavização empregada na regularização da curva. Apesar disso, com este mesmo nível de suavização, na imagem da Figura 29, o método HGLS foi superior aos métodos HMNB_{ver} e HMNB_α para o modelo G_I^0 e superior aos métodos HMNB_{ver} , HMNB_α e HMNB_E para o modelo G_A^0 . O método HMNB_E detectou as regiões centrais (rios) com uma melhor precisão enquanto descartou a maioria dos pequenos artefatos e, assim, apresentou valores maiores ou similares da medida CRF nas duas imagens.

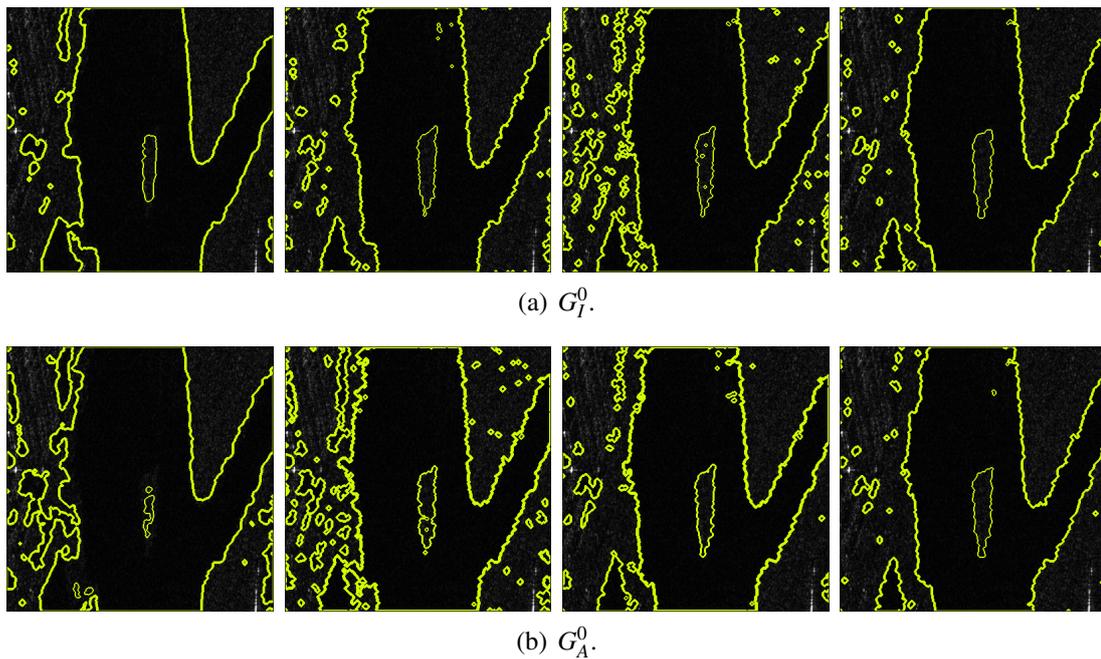


Figura 28 – Resultados de segmentação em imagens SAR reais com duas regiões. Em (a) e (b), da esquerda para a direita: HGLS, HMNB_{ver} , HMNB_α e HMNB_E .

Fonte: Próprio autor.

Tabela 10 – Valores médios de CRF e tempo computacional (em segundos) dos resultados de segmentação em imagens SAR reais com duas regiões.

		Figura 28				Figura 29			
Modelo		HGLS	HMNB_{ver}	HMNB_α	HMNB_E	HGLS	HMNB_{ver}	HMNB_α	HMNB_E
CRF	G_I^0	0,54	0,59	0,55	0,63	0,78	0,59	0,71	0,97
	G_A^0	0,47	0,52	0,59	0,64	0,90	0,61	0,73	0,89
Tempo	G_I^0	22,05	12,98	10,92	8,15	19,64	12,78	11,59	10,43
	G_A^0	20,87	16,23	8,28	7,02	19,24	12,21	9,55	10,70

As Figuras 30 e 31 mostram os resultados de segmentação em imagens SAR reais com três regiões. Essas duas imagens são de alta resolução e foram adquiridas pelo OrbisAR-2

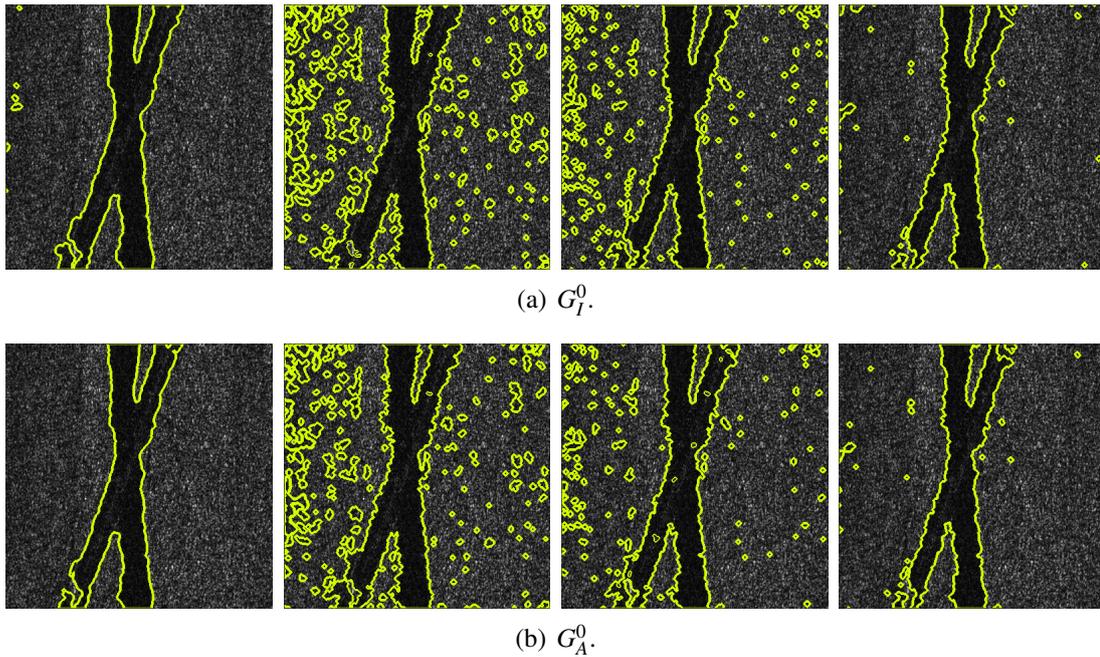


Figura 29 – Resultados de segmentação em imagens SAR reais com duas regiões. Em (a) e (b), da esquerda para a direita: HGLS, $HMNB_{ver}$, $HMNB_{\alpha}$ e $HMNB_E$.

Fonte: Próprio autor.

sobre a cidade de Santos, Brasil, com $L = 1$, em banda P e polarização HH, resolução de 1 metro por pixel e possuem dimensões 400×400 pixels. O método HGLS foi executado com uma janela Gaussiana de ordem 3, $G_{\sigma} = 3$, desvio padrão $\sigma = G_{\sigma}/6$ (GONZALEZ; WOODS, 2002) e com constante de regularização $\varepsilon = 0,5$ na imagem da Figura 30, em G_I^0 . Para G_A^0 , a imagem da Figura 30 foi segmentada utilizando uma janela Gaussiana de ordem 7, $G_{\sigma} = 7$, desvio padrão $\sigma = G_{\sigma}/6$ (GONZALEZ; WOODS, 2002) e $\varepsilon = 0,75$. Já na Figura 31, em G_I^0 e G_A^0 , o método HGLS foi aplicado com uma janela Gaussiana de ordem 5, $G_{\sigma} = 5$, desvio padrão $\sigma = G_{\sigma}/6$ (GONZALEZ; WOODS, 2002) e com constante de regularização $\varepsilon = 0,5$.

A Tabela 11 apresenta os valores da medida CRF e os tempos computacionais alcançados nas segmentações das imagens das Figuras 30 e 31. Os valores em negrito destacam os melhores resultados. Para o modelo G_I^0 , o método $HMNB_{ver}$ alcançou o maior valor de CRF na imagem da Figura 30 enquanto que, na imagem da Figura 31, o método $HMNB_{ver}$ alcançou um valor similar ao $HMNB_{\alpha}$. O método HGLS obteve os menores valores nas duas imagens. Para o modelo G_A^0 , o método $HMNB_{\alpha}$ alcançou o maior valor de CRF na segmentação da imagem da Figura 30. Já na imagem da Figura 31, o método $HMNB_E$ obteve o melhor resultado. O método $HMNB_{\alpha}$ obteve o menor valor de CRF e os métodos HGLS e $HMNB_{ver}$ alcançaram valores similares.

Em relação ao tempo computacional médio nos experimentos com imagens SAR

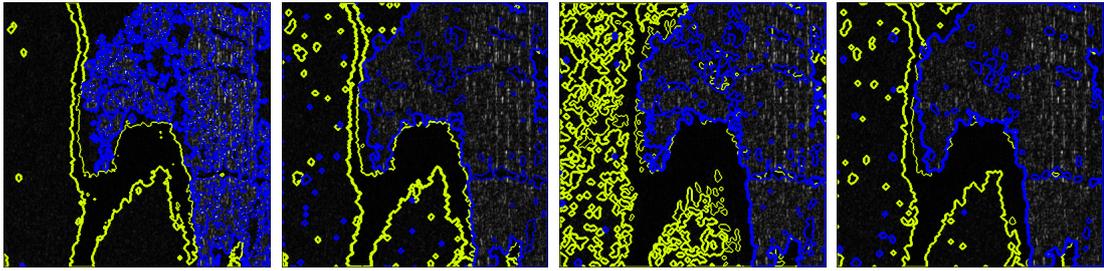
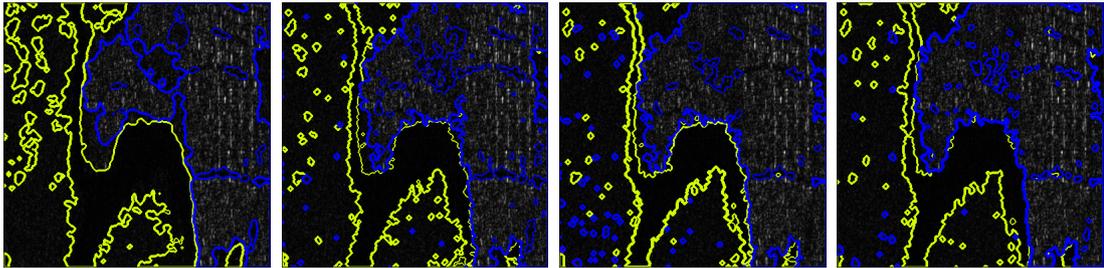
(a) G_7^0 .(b) G_A^0 .

Figura 30 – Resultados de segmentação em imagens SAR reais com três regiões. Em (a) e (b), da esquerda para a direita: HGLS, $HMNB_{ver}$, $HMNB_{\alpha}$ e $HMNB_E$.

Fonte: Próprio autor.

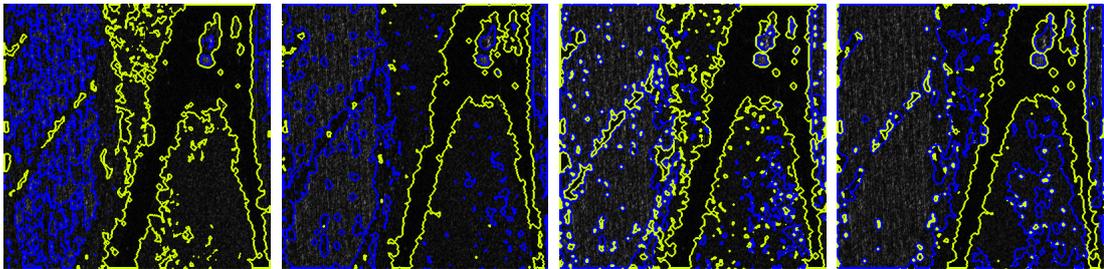
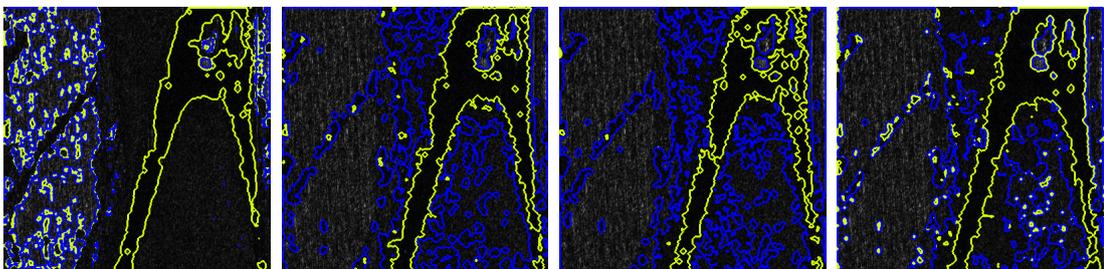
(a) G_7^0 .(b) G_A^0 .

Figura 31 – Resultados de segmentação em imagens SAR reais com três regiões. Em (a) e (b), da esquerda para a direita: HGLS, $HMNB_{ver}$, $HMNB_{\alpha}$ e $HMNB_E$.

Fonte: Próprio autor.

Tabela 11 – Valores médios de CRF e tempo computacional (em segundos) dos resultados de segmentação em imagens SAR reais com três regiões.

		Figura 30				Figura 31			
Modelo		HGLS	HMNB _{ver}	HMNB _α	HMNB _E	HGLS	HMNB _{ver}	HMNB _α	HMNB _E
CRF	G_I^0	0,39	0,72	0,63	0,66	0,39	0,69	0,70	0,60
	G_A^0	0,66	0,72	0,73	0,66	0,53	0,53	0,51	0,60
Tempo	G_I^0	40,29	19,07	20,91	18,97	39,62	22,50	24,14	22,57
	G_A^0	37,39	18,26	16,95	16,85	43,09	22,57	27,84	22,86

reais, os métodos HGLS, HMNB_{ver}, HMNB_α e HMNB_E alcançaram 30,27 s, 17,07 s, 16,27 s e 14,69 s, respectivamente. Os métodos propostos HMNB_α e HMNB_E foram os mais rápidos, uma vez que os parâmetros de uma dada distribuição não precisam ser estimados. O método HMNB_{ver}, embora utilize o mesmo modelo de verossimilhança que o método HGLS, obteve um tempo computacional médio menor que o HGLS, visto que utiliza, como os métodos HMNB_α e HMNB_E, o algoritmo rápido de *level set* proposto regularizado com o filtro da mediana e implementado em *narrow band*.

6.3 Conclusão do Capítulo

Este capítulo apresentou os experimentos em imagens com células cervicais realizados em três bancos de dados públicos de imagens com uma única célula e imagens com várias células sobrepostas. Os resultados de segmentação alcançados pela implementação hierárquica proposta foram comparados com os resultados de outros cinco algoritmos de segmentação de células cervicais. As medidas utilizadas baseadas em objeto e baseadas em pixel indicaram que a implementação hierárquica proposta obteve, na maioria dos casos, resultados superiores ou similares aos dos outros algoritmos mostrando, assim, ser eficaz para segmentação de núcleos tanto em imagens com uma única célula quanto em imagens com várias células sobrepostas.

Este capítulo também apresentou os resultados de segmentação dos experimentos em imagens SAR sintéticas e reais. As medidas utilizadas EoS , ZSI e CRF indicaram que as abordagens propostas para segmentação de imagens SAR apresentaram um bom desempenho na segmentação de imagens com duas e três regiões.

7 CONCLUSÕES E TRABALHOS FUTUROS

Neste capítulo são apresentadas as conclusões desta tese, obtidas a partir da consideração dos objetivos, dos aspectos metodológicos, e da análise e discussão dos resultados de segmentação obtidos nos experimentos em imagens de citologia cervical e em imagens SAR. Por fim, as perspectivas de trabalhos são apresentadas.

7.1 Conclusões

Tarefas de processamento de imagens e classificação automática de imagens digitais de citologia cervical e de radar de abertura sintética, em geral requerem métodos de segmentação multi-regiões, pois estes facilitam a análise e interpretação das imagens. Nas imagens do exame citológico cervical (teste de Papanicolau), embora as três principais regiões de interesse sejam *background*, núcleo e citoplasma das células cervicais, podem ser encontradas células inflamatórias e outros tipos de achados como células do sangue, fragmentos de células e sobreposição de células. Nas imagens SAR, por sua vez, a segmentação de múltiplas regiões permite a identificação de regiões urbanas, áreas de monocultura, áreas desmatadas, cobertura de solo por florestas, regiões de costa e oceanos, bem como alvos pontuais, como navios e plataformas.

O método de *level set* tradicional fornece resultados de segmentação binária e tem um alto custo computacional. Assim, a primeira proposta apresentada nesta tese consiste em um método rápido de *level set* binário, o qual é regularizado com o filtro da mediana e implementado em *narrow band*. Esta proposta é uma alternativa computacionalmente eficiente e matematicamente consistente para solução da equação de *level set*.

A segmentação de núcleos de forma automática é adequada para integrar sistemas de triagem de células cervicais e de apoio ao diagnóstico de lesões que precedem o câncer cervical. Vale mencionar mais uma vez que, para processar imagens de citologia cervical são necessários métodos capazes de realizar segmentação multi-regiões. Assim, foi proposta uma implementação hierárquica, baseada no algoritmo rápido de *level set* binário proposto, para segmentação de núcleos de células cervicais. Uma vantagem dessa abordagem hierárquica é que nenhuma informação inicial sobre a quantidade de grupos da imagem é necessária. Além disso, o processo de identificação dos núcleos não requer uma etapa de treinamento, o que possibilita o uso da abordagem de segmentação proposta em diferentes bancos de dados de imagens com células cervicais, independente se possuem as verdades-terrestres ou não. Porém, regiões escuras da

imagem, como partes de citoplasmas sobrepostos e artefatos, algumas vezes são detectadas como núcleos. Ainda assim, o método proposto foi superior nos experimentos realizados em três bancos de dados públicos e cinco algoritmos de segmentação de células cervicais do estado-da-arte foram utilizados na comparação de desempenho. As medidas de avaliação quantitativa indicaram que o método hierárquico proposto apresentou um bom desempenho na segmentação de núcleos em imagens com apenas uma célula assim como em imagens com várias células sobrepostas. No geral, o método hierárquico obteve resultados satisfatórios quanto ao número de núcleos segmentados corretamente e da medida ZSI . O desempenho dos algoritmos de classificação também melhorou com o uso das características extraídas das segmentações dos núcleos obtidas pelo método proposto e, portanto, alcançaram o menor número de falsos negativos e os mais altos valores médios de acurácia para problemas de duas e três classes.

Nesta tese, também foram propostos dois modelos de propagação, para o método *level set*, baseados no método de Otsu e em uma série infinita de momentos, que incorporam informação estatística da imagem independente da distribuição estatística atribuída aos dados. Adicionalmente, foram propostas abordagens hierárquicas para segmentação de imagens SAR com múltiplas regiões. Uma delas aplica o algoritmo *level set* rápido proposto, com o modelo de verossimilhança com a distribuição G_I^0 ou G_A^0 , diretamente na imagem SAR original e a outra abordagem hierárquica executa o algoritmo *level set* rápido, com os modelos de propagação propostos baseados no método de Otsu e em uma série infinita de momentos, nos mapas estatísticos de rugosidade e entropia.

Nos experimentos com imagens SAR reais foram utilizadas imagens com duas e três regiões e a medida ajuste cruzado de região (*cross-region fitting, CRF*) foi utilizada para avaliar quantitativamente os resultados dos métodos de segmentação. Os métodos hierárquicos, com o modelo de propagação baseado em Otsu, não apresentaram resultados satisfatórios nas imagens SAR reais. Diferentemente, os métodos que utilizam o modelo de propagação baseado em uma série infinita de momentos estatísticos, uma vez que incorporam mais informações estatísticas dos mapas de rugosidade e entropia, alcançaram valores maiores ou similares de *CRF* na maioria dos casos comparado aos métodos que utilizam os modelos de verossimilhança. Em geral, as abordagens propostas apresentaram um bom desempenho na segmentação de imagens SAR com duas ou três regiões, em intensidade e amplitude, sendo, portanto, alternativas a outros métodos da literatura que realizam esse tipo de processamento.

Diante dos resultados apresentados, pode-se concluir que implementações hierárqui-

cas, como as propostas nesta tese para segmentação de núcleos em imagens com células cervicais e segmentação de imagens SAR, são alternativas eficientes para segmentação de imagens com várias regiões, principalmente quando o número de regiões da imagem não é conhecido. Além disso, pode-se afirmar que o objetivo de propor, implementar e avaliar um algoritmo *level set* rápido implementado em banda estreita (*narrow band*) e modelos de propagação para métodos *level set* para segmentação hierárquica de imagens digitais com múltiplas regiões foi alcançado com sucesso.

7.2 Trabalhos Futuros

Dentre as sugestões para trabalhos futuros, destacam-se:

- desenvolver um programa computacional que segmente e classifique as células cervicais de uma lâmina completa para auxiliar os especialistas no diagnóstico de lesões que precedem o câncer cervical;
- aplicar a abordagem hierárquica proposta para a segmentação de núcleos em imagens com outros tipos de células;
- aplicar o método *level set* rápido proposto implementado em *narrow band* considerando outros modelos estatísticos para segmentação de imagens SAR e PolSAR (*Polarimetric SAR*);
- estender o uso das abordagens hierárquicas propostas para segmentação de dados PolSAR;
- verificar a aplicabilidade do modelo de propagação proposto baseado em uma série infinita de momentos estatísticos em outros tipos de imagens digitais;
- otimizar o *level set* zero, obtendo estados iniciais mais próximos das regiões de interesse, reduzindo o número de iterações necessárias para a convergência.

REFERÊNCIAS

- ADALSTEINSSON, D.; SETHIAN, J. A. A fast level set method for propagating interfaces. **Journal of Computational Physics**, v. 118, n. 2, p. 269–277, 1995.
- ALARIFI, A.; ALWADAIN, A. Computer-aided cancer classification system using a hybrid level-set image segmentation. **Measurement**, Elsevier, v. 148, p. 106864, 2019.
- ALLEHAIBI, K. H. S.; NUGROHO, L. E.; LAZUARDI, L.; PRABUWONO, A. S.; MANTORO, T. *et al.* Segmentation and classification of cervical cells using deep learning. **IEEE Access**, IEEE, v. 7, p. 116925–116941, 2019.
- ARAÚJO, F. H.; SILVA, R. R.; USHIZIMA, D. M.; REZENDE, M. T.; CARNEIRO, C. M.; BIANCHI, A. G. C.; MEDEIROS, F. N. Deep learning for cell image segmentation and ranking. **Computerized Medical Imaging and Graphics**, Elsevier, v. 72, p. 13–21, 2019.
- AVIYENTE, S. Divergence measures for time-frequency distributions. In: IEEE. **Seventh International Symposium on Signal Processing and Its Applications, 2003. Proceedings**. [S.l.], 2003. v. 1, p. 121–124.
- AYED, I. B.; MITICHE, A.; BELHADJ, Z. Multiregion level-set partitioning of synthetic aperture radar images. **IEEE Transactions on Pattern Analysis Machine Intelligence**, v. 27, n. 5, p. 793–800, 2005.
- BENTZ, C. M. **Reconhecimento Automático de Eventos Ambientais Costeiros e Oceânicos em Imagens de Radares Orbitais**. 128 p. Tese (Doutorado) — Programa de Pós-graduação de Engenharia da Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2006.
- BORA, K.; CHOWDHURY, M.; MAHANTA, L. B.; KUNDU, M. K.; DAS, A. K. Automated classification of Pap smear images to detect cervical dysplasia. **Computer Methods and Programs in Biomedicine**, Elsevier, v. 138, p. 31–47, 2017.
- BRADLEY, A. P.; CARNEIRO, G.; LU, Z. **Overlapping Cervical Cytology Image Segmentation Challenge - ISBI 2014**. 2014. Disponível em: <https://cs.adelaide.edu.au/~carneiro/isbi14_challenge/>
- BRESSON, X.; ESEDOGLU, S.; VANDERGHEYNST, P.; THIRAN, J.-P.; OSHER, S. Fast global minimization of the active contour/snake model. **Journal of Mathematical Imaging and Vision**, v. 28, n. 2, p. 151–167, 2007.
- CARVALHO, E. A.; USHIZIMA, D. M.; MEDEIROS, F. N.; MARTINS, C. I. O.; MARQUES, R. C.; OLIVEIRA, I. N. SAR imagery segmentation by statistical region growing and hierarchical merging. **Digital Signal Processing**, v. 20, n. 5, p. 1365–1378, 2010.
- CASELLES, V.; SAPIRO, G.; CHUNG, D. Vector median filters, vector morphology, and coupled pde's: Theoretical connections. **Journal of Mathematical Imaging and Vision**, v. 12, p. 109–120, 2000.
- CHAMBOLLE, A.; CREMERS, D.; POCK, T. A convex approach to minimal partitions. **SIAM Journal on Imaging Sciences**, v. 5, n. 4, p. 1113–1158, 2012.
- CHANG, L.; TANG, Z.; CHANG, S.; CHANG, Y.-L. A region-based GLRT detection of oil spills in SAR images. **Pattern Recognition Letters**, Elsevier, v. 29, n. 14, p. 1915–1923, 2008.

- CHANKONG, T.; THEERA-UMPON, N.; AUEPHANWIRIYAKUL, S. Automatic cervical cell segmentation and classification in Pap smears. **Computer Methods and Programs in Biomedicine**, Elsevier, v. 113, n. 2, p. 539–556, 2014.
- CHATURVEDI, S. K. Study of synthetic aperture radar and automatic identification system for ship target detection. **Journal of Ocean Engineering and Science**, Elsevier, v. 4, n. 2, p. 173–182, 2019.
- CHITROUB, S.; HOUACINE, A.; SANSAL, B. Statistical characterisation and modelling of SAR images. **Signal Processing**, Elsevier, v. 82, n. 1, p. 69–92, 2002.
- COOK, R.; MCCONNELL, I.; OLIVER, C. J.; WELBOURNE, E. MUM (Merge Using Moments) segmentation for SAR images. In: INTERNATIONAL SOCIETY FOR OPTICS AND PHOTONICS. **SAR Data Processing for Remote Sensing**. [S.l.], 1994. v. 2316, p. 92–104.
- CUI, S.; DATCU, M. Coarse to fine patches-based multitemporal analysis of very high resolution satellite images. In: IEEE. **2011 6th International Workshop on the Analysis of Multi-Temporal Remote Sensing Images (Multi-Temp)**. [S.l.], 2011. p. 85–88.
- CUI, S.; SCHWARZ, G.; DATCU, M. A comparative study of statistical models for multilook SAR images. **IEEE Geoscience and Remote Sensing Letters**, IEEE, v. 11, n. 10, p. 1752–1756, 2014.
- DABBOOR, M.; BRISCO, B. Wetland monitoring and mapping using synthetic aperture radar. **Wetlands Management: Assessing Risk and Sustainable Solutions**, v. 1, p. 13, 2018.
- DUAN, Y.; TAO, X.; XU, M.; QIN, X.; YANG, R.; HAN, C.; LU, J. Hierarchical multinomial latent model with G^0 distribution for synthetic aperture radar image semantic segmentation. **IEEE Access**, IEEE, v. 6, p. 31783–31797, 2018.
- ELEUTÉRIO JR., J. **Noções Básicas de Citologia Ginecológica**. 1. ed. São Paulo: Editora Santos, 2003.
- FENG, J.; CAO, Z.; PI, Y. Multiphase SAR image segmentation with G^0 -statistical-model-based active contours. **IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing**, v. 51, n. 7, p. 4190–4199, 2013.
- FENG, J.; CAO, Z.; PI, Y. Multiphase SAR image segmentation with \mathcal{G}^0 statistical model based active contours. **IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing**, v. 51, n. 7, p. 4190–4199, 2013.
- FRERY, A.; MULLER, H.; YANASSE, C.; SANT’ANNA, S. A model for extremely heterogeneous clutter. **IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing**, v. 35, n. 3, p. 648–659, 1997.
- FRERY, A. C.; CRIBARI-NETO, F.; SOUZA, M. O. de. Analysis of minute features in speckled imagery with maximum likelihood estimation. **EURASIP Journal on Applied Signal Processing**, p. 2476–2491, 2004.
- GAMBINI, J.; MEJAIL, M. E.; JACOBO-BERLLES, J.; FRERY, A. C. Accuracy of edge detection methods with local information in speckled imagery. **Statistics and Computing**, Springer, v. 18, n. 1, p. 15–26, 2008.

- GAO, G. Statistical modeling of SAR images: A survey. **Sensors**, v. 10, n. 1, p. 775–795, 2010.
- GAUTAM, S.; BHAVSAR, A.; SAO, A. K.; HARINARAYAN, K. CNN based segmentation of nuclei in PAP-smear images with selective pre-processing. In: SPIE. **Medical Imaging 2018: Digital Pathology**. [S.l.], 2018. v. 10581, p. 1–9.
- GENÇTAV, A.; AKSOY, S.; ÖNDER, S. Unsupervised segmentation and classification of cervical cell images. **Pattern Recognition**, v. 45, p. 4151–4168, 2012.
- GONZALEZ, R. C.; WOODS, R. E. **Digital Image Processing**. 2. ed. Nova Jersey: Prentice Hall, 2002.
- HUANG, X.; HUANG, B.; LI, H. A fast level set method for synthetic aperture radar ocean image segmentation. **Sensors**, v. 9, n. 2, p. 814–829, 2009.
- INSTITUTO NACIONAL DE CÂNCER. Nomenclatura brasileira para laudos cervicais e condutas preconizadas: recomendações para profissionais de saúde. **Revista Brasileira de Cancerologia**, v. 52, n. 3, p. 213–236, 2006.
- INSTITUTO NACIONAL DE CÂNCER. **Câncer do colo do útero**. 2020. <<https://www.inca.gov.br/tipos-de-cancer/cancer-do-colo-do-utero>>. [Online; acessado em 30-03-2020].
- JANTZEN, J.; DOUNIAS, G. Analysis of Pap-smear image data. In: **Nature-Inspired Smart Information Systems 2nd Annual Symposium**. Tenerife, Spain: [s.n.], 2006. p. 1–10.
- JEON, M.; ALEXANDER, M.; PEDRYCZ, W.; PIZZI, N. Unsupervised hierarchical image segmentation with level set and additive operator splitting. **Pattern Recognition Letters**, v. 26, p. 1461–1469, 2005.
- KRYLOV, V. A.; MOSER, G.; SERPICO, S. B.; ZERUBIA, J. On the method of logarithmic cumulants for parametric probability density function estimation. **IEEE Transactions on Image Processing**, IEEE, v. 22, n. 10, p. 3791–3806, 2013.
- LEE, J.-S.; POTTIER, E. **Polarimetric radar imaging: from basics to applications**. [S.l.]: CRC press, 2017.
- LELLMANN, J.; SCHNORR, C. Continuous multiclass labeling approaches and algorithms. **SIAM Journal on Imaging Sciences**, v. 4, n. 4, p. 1049–1096, 2011.
- LI, C.; XU, C.; GUI, C.; FOX, M. D. Level set evolution without re-initialization: a new variational formulation. In: IEEE. **Proc. of IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition**. San Diego, 2005. p. 430–436.
- LI, K.; LU, Z.; LIU, W.; YIN, J. Cytoplasm and nucleus segmentation in cervical smear images using Radiating GVF Snake. **Pattern Recognition**, v. 45, p. 1255–1264, 2012.
- LIMA, D. N. de O. **Atlas de citopatologia ginecológica**. 1. ed. Brasília: Ministério da Saúde, 2012.
- LIN, S.; WEN, X.; XU, H.; YUAN, L.; MENG, Q. A precise and stable segmentation algorithm of SAR images based on random weighting method and modified level set. **IEEE Access**, IEEE, v. 7, p. 8039–8047, 2018.

LOWY, D. R.; SCHILLER, J. T. Prophylactic human papillomavirus vaccines. **The Journal of Clinical Investigation**, Am Soc Clin Investig, v. 116, n. 5, p. 1167–1173, 2006.

LU, Z.; CARNEIRO, G.; BRADLEY, A. An improved joint optimization of multiple level set functions for the segmentation of overlapping cervical cells. **IEEE Transactions on Image Processing**, v. 24, n. 4, p. 1261–1272, 2015.

LUO, S.; SARABANDI, K.; TONG, L. An unsupervised segmentation method based on the variational model for fully polarimetric SAR images. In: IEEE. **2017 IEEE International Geoscience and Remote Sensing Symposium (IGARSS)**. [S.l.], 2017. p. 795–798.

MARQUES, R. C. P. **Filtragem de Ruído Speckle em Imagens de Radar de Abertura Sintética e Avaliação dos Efeitos sobre a Segmentação**. Dissertação (Mestrado) — Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2004.

MARQUES, R. C. P. **Caracterização de Regiões em Imagens de Radar de Abertura Sintética com Aplicações de Segmentação por *Level set***. 107 p. Tese (Doutorado) — Programa de Pós-graduação em Engenharia de Teleinformática, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2011.

MARQUES, R. C. P.; MEDEIROS, F. N. S.; NOBRE, J. S. SAR image segmentation based on level set approach and G_A^0 model. **IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence**, v. 34, n. 10, p. 2046–2057, 2012.

MARQUES, R. C. P.; MEDEIROS, F. N. S.; USHIZIMA, D. M. Target detection in SAR images based on a level set approach. **IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, Part C (Applications and Reviews)**, v. 39, n. 2, p. 214–222, 2009.

MARTONE, M. **Onboard Quantization for Interferometric and Multichannel Synthetic Aperture Radar (SAR) Systems**. 208 p. Tese (Doutorado) — Fakultät für Elektrotechnik und Informationstechnik des Karlsruher Instituts für Technologie (KIT), Karlsruhe, 2019.

MAT-ISA, N. A.; MASHOR, M. Y.; OTHMAN, N. H. An automated cervical pre-cancerous diagnostic system. **Artificial Intelligence in Medicine**, Elsevier, v. 42, n. 1, p. 1–11, 2008.

MDAKANE, L. W.; KLEYNHANS, W. An image-segmentation-based framework to detect oil slicks from moving vessels in the southern african oceans using SAR imagery. **IEEE Journal of Selected Topics in Applied Earth Observations and Remote Sensing**, IEEE, v. 10, n. 6, p. 2810–2818, 2017.

MEJAIL, M. E.; JACOBO, J.; FRERY, A. C.; BUSTOS, O. H. Classification of SAR images using a general and tractable multiplicative model. **International Journal of Remote Sensing**, v. 24, n. 18, p. 3565–3582, 2003.

MENG, Q.; WEN, X.; YUAN, L.; LIU, J.; XU, H. Local region-based level set approach for fast synthetic aperture radar image segmentation. **Journal of Applied Remote Sensing**, Society of Photo-Optical Instrumentation Engineers, v. 12, n. 1, p. 015002–015002, 2018.

MINISTÉRIO DA SAÚDE. **Falando Sobre Câncer do Colo do Útero**. Rio de Janeiro: Ministério da Saúde, 2002.

MITICHE, A.; AYED, I. B. **Variational and Level Set Methods in Image Segmentation**. Berlin: Springer-Verlag, 2010.

- MOREIRA, A.; PRATS-IRAOLA, P.; YOUNIS, M.; KRIEGER, G.; HAJNSEK, I.; PAPATHANASSIOU, K. P. A tutorial on synthetic aperture radar. **IEEE Geoscience and Remote Sensing Magazine**, IEEE, v. 1, n. 1, p. 6–43, 2013.
- MUMFORD, D.; SHAH, J. Optimal approximations by piecewise smooth functions and associated variational problems. **Communications on Pure and Applied Mathematics**, Wiley Online Library, v. 42, n. 5, p. 577–685, 1989.
- NAPOLITANO, L. M. B. **Implementação Numérica do Método *Level Set* para Propagação de Curvas e Superfícies**. 85 p. Dissertação (Mestrado) — Departamento de Física e Ciência dos Materiais, Universidade de São Paulo, São Carlos, 2004.
- NASCIMENTO, A. D.; CINTRA, R. J.; FRERY, A. C. Hypothesis testing in speckled data with stochastic distances. **IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing**, IEEE, v. 48, n. 1, p. 373–385, 2010.
- NAYAR, R.; WILBUR, D. C. The Pap test and Bethesda 2014. **Acta Cytologica**, Karger Publishers, v. 59, n. 2, p. 121–132, 2015.
- NI, K.; HONG, B.-W.; SOATTO, S.; CHAN, T. Unsupervised multiphase segmentation: A recursive approach. **Computer Vision and Image Understanding**, v. 113, p. 502–510, 2009.
- NICOLAS, J.-M. Introduction aux statistiques de deuxième espèce: Applications des logs-moments et des logs-cumulants à l'analyse des lois d'images radar. **Traitement du signal**, v. 19, n. 3, p. 139–167, 2002.
- NIELSEN, B.; ALBREGTSEN, F.; DANIELSEN, H. E. Statistical nuclear texture analysis in cancer research: a review of methods and applications. **Critical Reviews in Oncogenesis**, Begel House Inc., v. 14, n. 2-3, p. 89–164, 2008.
- NOBRE, R. H. **Mapas de Entropia e Esperança Logarítmica em Processamento de Imagens SAR**. 140 p. Tese (Doutorado) — Programa de Pós-graduação em Engenharia de Teleinformática, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2018.
- NOBRE, R. H.; RODRIGUES, F. A. A.; MARQUES, R. C. P.; NOBRE, J. S.; ROCHA NETO, J. F. S.; MEDEIROS, F. N. SAR image segmentation with Renyi's entropy. **IEEE Signal Processing Letters**, IEEE, v. 23, n. 11, p. 1551–1555, 2016.
- NOGUEIRA, F. E. A.; MARQUES, R. C. P.; MEDEIROS, F. N. S. SAR image segmentation based on unsupervised classification of log-cumulants estimates. **IEEE Geoscience and Remote Sensing Letters**, v. 17, n. 7, p. 1287–1289, 2020.
- NORUP, J. **Classification of Pap-smear Data by Transductive Neuro-fuzzy Methods**. 82 p. Dissertação (Mestrado) — Universidade Técnica da Dinamarca, Dinamarca, 2005.
- OLIVEIRA, P. H. C.; MOREIRA, G.; USHIZIMA, D. M.; CARNEIRO, C. M.; MEDEIROS, F. N. S. de; ARAÚJO, F. H. D. de; SILVA, R. R. V. e; BIANCHI, A. G. C. A multi-objective approach for calibration and detection of cervical cells nuclei. In: **2017 IEEE Congress on Evolutionary Computation, CEC 2017, Donostia, San Sebastián, Spain, June 5-8, 2017**. [s.n.], 2017. p. 2321–2327. Disponível em: <<https://doi.org/10.1109/CEC.2017.7969586>>.
- ORGANIZAÇÃO PAN-AMERICANA DA SAÚDE. **Controle integral do câncer do colo do útero. Guia de práticas essenciais**. Washington, DC: Organização Pan-Americana da Saúde, 2016.

OSHER, S.; SETHIAN, J. A. Fronts propagating with curvature-dependent speed: algorithms based on Hamilton-jacobi formulations. **Journal of Computational Physics**, Elsevier, v. 79, n. 1, p. 12–49, 1988.

OTSU, N. A threshold selection method from gray-level histograms. **IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics**, IEEE, v. 9, n. 1, p. 62–66, 1979.

PAULA JR., I. C.; MEDEIROS, F. N. S.; BEZERRA, F. N.; USHIZIMA, D. M. Multiscale corner detection in planar shapes. **Journal of Mathematical Imaging and Vision**, v. 45, p. 251–263, 2012.

PLISSITI, M. E.; NIKOU, C.; CHARCHANTI, A. Automated detection of cell nuclei in Pap smear images using morphological reconstruction and clustering. **IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine**, v. 15, n. 2, p. 233–241, 2011.

PLISSITI, M. E.; NIKOU, C.; CHARCHANTI, A. Combining shape, texture and intensity features for cell nuclei extraction in Pap smear images. **Pattern Recognition Letters**, v. 32, p. 838–853, 2011.

RAGHAVAN, V.; RAO, K. R. An imagej based semi-automated morphometric assessment of nuclei in oncopathology. **International Journal of Scientific Study**, v. 3, n. 7, p. 189–194, 2015.

REBOUÇAS, E. S.; MARQUES, R. C. P.; BRAGA, A. M.; OLIVEIRA, S. A. F.; ALBUQUERQUE, V. H. C.; REBOUÇAS FILHO, P. P. New level set approach based on parzen estimation for stroke segmentation in skull CT images. **Soft Computing**, Springer, v. 23, n. 19, p. 9265–9286, 2019.

REBOUÇAS, E. S.; BRAGA, A. M.; MARQUES, R. C. P.; REBOUÇAS FILHO, P. P. A new approach to calculate the nodule density of ductile cast iron graphite using a level set. **Measurement**, Elsevier, v. 89, p. 316–321, 2016.

REN, P.; XU, M.; YU, Y.; CHEN, F.; JIANG, X.; YANG, E. Energy minimization with one dot fuzzy initialization for marine oil spill segmentation. **IEEE Journal of Oceanic Engineering**, IEEE, v. 44, n. 4, p. 1102–1115, 2018.

REZENDE, M. T. **Comparação dos Exames Citopatológicos do Colo do Útero do Município de Ouro Preto-MG, Submetidos ao Monitoramento Externo da Qualidade**. Dissertação (Mestrado) — Universidade Federal de Ouro Preto, 2016.

RODRIGUES, F. A. A.; ROCHA NETO, J. F. S.; MARQUES, R. C. P.; MEDEIROS, F. N. S.; NOBRE, J. S. SAR image segmentation using the roughness information. **IEEE Geoscience and Remote Sensing Letters**, IEEE, v. 13, n. 2, p. 132–136, 2016.

RODRIGUES, F. A. Ávila. **Método de Log-cumulantes em Processamento de Imagens SAR**. 61 p. Tese (Doutorado) — Programa de Pós-graduação em Engenharia de Teleinformática, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2017.

SALICRÚ, M.; MORALES, D.; MENÉNDEZ, M.; PARDO, L. On the applications of divergence type measures in testing statistical hypotheses. **Journal of Multivariate Analysis**, Elsevier, v. 51, n. 2, p. 372–391, 1994.

- SELLORS, J. W.; SANKARANARAYANAN, R. **Colposcopy and Treatment of Cervical Intraepithelial Neoplasia: A Beginners' Manual**. Lyon, 2003.
- SEN, P. K.; SINGER, J. M.; LIMA, A. C. P. **From finite sample to asymptotic methods in statistics**. 1a. ed. Cambridge: Cambridge University Press, 2010.
- SETHIAN, J. A. Curvature and the evolution of fronts. **Communications in Mathematical Physics**, Springer, v. 101, n. 4, p. 487–499, 1985.
- SETHIAN, J. A. **Level Set Methods and Fast Merging Methods: Evolving Interfaces in Computational Geometry, Fluid Mechanics, Comput. Vision and Materials Science**. 1. ed. Cambridge: Cambridge University Press, 1999.
- SHAH-HOSSEINI, H. SLIC superpixels compared to state-of-the-art superpixel methods. **IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence**, v. 24, p. 1388–1393, 2002.
- SHI, Y.; KARL, W. C. Real-time tracking using level sets. In: **IEEE. Proc. of IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition**. San Diego, 2005. p. 34–41.
- SITA, G.; RAMAKRISHNAN, A. G. Wavelet domain nonlinear filtering for evoked potential signal enhancement. **Computers and Biomedical Research**, Elsevier, v. 33, n. 6, p. 431–446, 2000.
- SOKOLOVA, M.; LAPALME, G. A systematic analysis of performance measures for classification tasks. **Information Processing & Management**, Elsevier, v. 45, n. 4, p. 427–437, 2009.
- STARCK, J.-L.; MURTAGH, F. D.; BIJAOU, A. **Image Processing and Data Analysis: the Multiscale Approach**. [S.l.]: Cambridge University Press, 1998.
- TANG, J. R.; ISA, N. A. M.; CH'NG, E. S. A fuzzy-c-means-clustering approach: Quantifying chromatin pattern of non-neoplastic cervical squamous cells. **PLoS ONE**, Public Library of Science, v. 10, n. 11, p. 1–15, 2015.
- TAREEF, A.; SONG, Y.; HUANG, H.; WANG, Y.; FENG, D.; CHEN, M.; CAI, W. Optimizing the cervix cytological examination based on deep learning and dynamic shape modeling. **Neurocomputing**, Elsevier, v. 248, p. 28–40, 2017.
- TISON, C.; MARIE, J.; TUPIN, F. A new statistical model for markovian classification of urban areas in high-resolution SAR images. **IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing**, v. 42, n. 10, p. 2046–2057, Oct 2004.
- TORRES, L.; SANT'ANNA, S. J. S.; COSTA, C. F. da; FRERY, A. C. Speckle reduction in polarimetric SAR imagery with stochastic distances and nonlocal means. **Pattern Recognition**, v. 47, n. 1, p. 141–157, 2014.
- USHIZIMA, D. M.; BIANCHI, A. G. C.; CARNEIRO, C. Segmentation of subcellular compartments combining superpixel representation with Voronoi diagrams. **IEEE International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI) - 1st place in Code Competition**, Beijing, CH, abr. 2014.
- WAN, T.; XU, S.; SANG, C.; JIN, Y.; QIN, Z. Accurate segmentation of overlapping cells in cervical cytology with deep convolutional neural networks. **Neurocomputing**, Elsevier, v. 365, p. 157–170, 2019.

WANG, P.; WANG, L.; LI, Y.; SONG, Q.; LV, S.; HU, X. Automatic cell nuclei segmentation and classification of cervical Pap smear images. **Biomedical Signal Processing and Control**, Elsevier, v. 48, p. 93–103, 2019.

WANG, R.; KAMATA, S.-I. Nuclei segmentation of cervical cell images based on intermediate segment qualifier. In: IEEE. **2018 24th International Conference on Pattern Recognition (ICPR)**. [S.l.], 2018. p. 3941–3946.

WANG, T.; HUANG, J.; ZHENG, D.; HE, Y. Nucleus segmentation of cervical cytology images based on depth information. **IEEE Access**, IEEE, v. 8, p. 75846–75859, 2020.

WANG, W.; SHENG, H.; CHEN, Y.; LIU, S.; MAO, J.; ZENG, Z.; WAN, J. A fast, edge-preserving, distance-regularized model with bilateral filtering for oil spill segmentation of SAR images. **Journal of Oceanology and Limnology**, Springer, v. 39, n. 4, p. 1198–1210, 2021.

WATANABE, S.; IWASAKA, T.; YOKOYAMA, M.; UCHIYAMA, M.; KAKU, T.; MATSUYAMA, T. Analysis of nuclear chromatin distribution in cervical glandular abnormalities. **Acta Cytologica**, v. 48, p. 505–513, 2004.

WESOŁA, M.; LIPIŃSKI, A.; JELEŃ, M. Morphometry in the cytological diagnosis of cervical smears. **Advances in Clinical and Experimental Medicine: Official Organ Wroclaw Medical University**, v. 23, n. 2, p. 289–293, 2014.

WORLD HEALTH ORGANIZATION. **WHO guidance note: comprehensive cervical cancer prevention and control: a healthier future for girls and women**. Geneva, Switzerland: World Health Organization Press, 2013.

WORLD HEALTH ORGANIZATION. **Comprehensive Cervical Cancer Control: A guide to Essential Practice**. 2. ed. Geneva, Switzerland: World Health Organization Press, 2014.

WU, Y.; HE, C.; LIU, Y.; SU, M. A backscattering-suppression-based variational level-set method for segmentation of SAR oil slick images. **IEEE J Sel Top Appl Earth Obs Remote Sens**, IEEE, v. 10, n. 12, p. 5485–5494, 2017.

ZHANG, H.; ZHU, H.; LING, X. Polar coordinate sampling-based segmentation of overlapping cervical cells using attention U-Net and random walk. **Neurocomputing**, Elsevier, v. 383, p. 212–223, 2020.

ZHANG, J.; LIU, Z.; DU, B.; HE, J.; LI, G.; CHEN, D. Binary tree-like network with two-path fusion attention feature for cervical cell nucleus segmentation. **Computers in Biology and Medicine**, Elsevier, v. 108, p. 223–233, 2019.

ZHANG, K.; SONG, H.; ZHANG, L. Active contours driven by local image fitting energy. **Pattern Recognition**, v. 43, p. 1199–1206, 2010.

ZHU, G.; ZHANG, S.; ZENG, Q.; WANG, C. Boundary-based image segmentation using binary level set method. **Optical Engineering Letters**, v. 46, n. 5, p. 1–3, 2007.

ZIJDENBOS, A. P.; DAWANT, B. M.; MARGOLIN, R. A.; PALMER, A. C. Morphometric analysis of white matter lesions in MR images: method and validation. **IEEE Transactions on Medical Imaging**, v. 13, n. 4, p. 716–724, 1994.

ZYL, J. van; KIM, Y. **Synthetic aperture radar polarimetry**. [S.l.]: John Wiley & Sons, 2011.
v. 2.