

UNIVERSIDADE FEDERAL DE ALAGOAS
INSTITUTO DE COMPUTAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM INFORMÁTICA

JOSÉ RANIERY FERREIRA JUNIOR

**Auxílio Computadorizado ao Diagnóstico do
Câncer de Pulmão Otimizado por GPU**

**Maceió
2015**

José Raniery Ferreira Junior

Auxílio Computadorizado ao Diagnóstico do Câncer de Pulmão Otimizado por GPU

Dissertação apresentada como requisito parcial para obtenção do grau de Mestre pelo Programa de Pós-Graduação em Informática do Instituto de Computação da Universidade Federal de Alagoas.

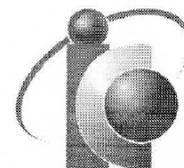
Orientador: Prof. Dr. Marcelo Costa Oliveira

Maceió
2015



UNIVERSIDADE FEDERAL DE ALAGOAS/UFAL
Programa de Pós-Graduação em Informática – PpgI
Instituto de Computação

Campus A. C. Simões BR 104-Norte Km 14 BL 12 Tabuleiro do Martins
Maceió/AL - Brasil CEP: 57.072-970 | Telefone: (082) 3214-1401



Membros da Comissão Julgadora da Dissertação de Mestrado de José Raniery Ferreira Junior, intitulada: “*Auxílio Computadorizado ao Diagnóstico do Câncer de Pulmão Otimizado por GPU*”, apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Informática da Universidade Federal de Alagoas em 11 de maio de 2015, às 10h00min, no Miniauditório do Instituto de Computação da UFAL.

COMISSÃO JULGADORA

Prof. Dr. Marcelo Costa Oliveira
UFAL – Instituto de Computação
Orientador

Prof. Dr. Tiago Figueiredo Vieira
UFAL – Instituto de Computação
Examinador

Prof. Dr. Paulo Mazzoncini de Almeida Marques
USP – Universidade de São Paulo
Examinador

À minha família pelo amor e pela educação que sempre me deram e por me apoiar na carreira profissional que escolhi seguir.

À minha noiva Priscilla por sua “paxão”, carinho e compreensão em todos os momentos difíceis.

AGRADECIMENTOS

Aos meus avós por terem me recebido como um filho em sua casa.

Ao meu orientador Marcelo pela oportunidade dada novamente em seu laboratório e pela paciência nos ensinamentos.

A todos os amigos do LaTIM pelos bons momentos de convivência e pelas contribuições no meu projeto de pesquisa, em especial ao prof. Tércio de Moraes.

Aos profs. André Lage e Paulo Mazzoncini pelo suporte técnico e científico dado durante a realização da minha pesquisa.

A todos os meus professores do PPGI.

A todos que me ajudaram direta ou indiretamente e torceram por mim.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Alagoas (FAPEAL) e Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo apoio financeiro, processo 20130603-002-0040-0063.

RESUMO

O câncer de pulmão é o tipo de câncer que mais causa mortes no mundo e sua principal manifestação ocorre devido ao aparecimento de nódulos pulmonares. A classificação dos nódulos pulmonares é uma tarefa complexa que está sujeita a diversos erros de interpretação. Dessa forma, é importante integrar ferramentas computacionais ao processo de classificação de nódulos pulmonares, pois elas têm potencial de auxiliar no processo de diagnóstico do câncer de pulmão. Técnicas de recuperação de imagens baseada em conteúdo (CBIR - *Content-Based Image Retrieval*) têm sido descritas como ferramentas de diagnóstico diferencial promissoras, pois elas são capazes de recuperar em grandes bases de dados casos similares previamente diagnosticados. Contudo, a CBIR possui algumas limitações, como o processo de extração de características das imagens e o tempo de execução na comparação de uma imagem de referência com uma base de imagens. Neste contexto, o objetivo deste trabalho é desenvolver um algoritmo para o auxílio computadorizado à classificação de nódulos pulmonares utilizando CBIR, com a integração das técnicas: Análise de Textura 3D e Análise de Nitidez de Borda 3D para a caracterização dos nódulos pulmonares, e otimização no tempo de execução da comparação entre os nódulos pulmonares com paralelismo em uma unidade de processamento gráfico (GPU - *Graphics Processing Unit*). As imagens utilizadas neste trabalho são de tomografia computadorizada provenientes do projeto público *Lung Image Database Consortium*, que possui nódulos pulmonares identificados e classificados por especialistas segundo a probabilidade de malignidade da lesão radiológica. Atributos de Textura (AT) foram extraídos a partir da matriz de coocorrência obtida sobre o volume do nódulo. Atributos de Nitidez de Borda (ANB) foram extraídos a partir de linhas ortogonais traçadas sobre as bordas da lesão em todas as fatias do volume. Atributos Integrados (AI) foram criados a partir da concatenação dos AT e ANB. Distância Euclidiana foi utilizada como métrica de similaridade entre os vetores de características. A avaliação do algoritmo de CBIR desenvolvido utilizou as métricas de Precisão vs. Revocação e precisão para os 10 casos mais similares segundo a probabilidade de malignidade dos nódulos, em arquiteturas *single-core*, *multi-core* e *many-core*. Os resultados mostraram que os ANB obtiveram maior eficiência na recuperação dos nódulos pulmonares, na maioria dos cenários da avaliação de precisão, com aumento de precisão de 2 pontos percentuais em relação aos AT e AI na recuperação dos 10 casos mais similares. Os AT obtiveram mesma eficiência que os AI e apresentaram maior precisão média apenas na recuperação de nódulos benignos, com aumento de precisão de 3 pontos percentuais em relação aos ANB, quando empregada Precisão vs. Revocação. Os resultados mostraram também que a GPU conseguiu diminuir o tempo de execução na comparação dos vetores de características e aumentar o desempenho da distância Euclidiana na recuperação dos nódulos pulmonares, com ganhos de performance de até 19x. Com isto, a CBIR aliada aos atributos de nitidez de borda 3D e otimização em GPU possuem grande potencial como ferramenta computacional ao diagnóstico do câncer de pulmão e classificação de nódulos pulmonares.

Palavras-chaves: Nódulo Pulmonar. Recuperação de Imagens Baseada em Conteúdo. Análise de Nitidez de Borda 3D. Análise de Textura 3D. Otimização em Unidade de Processamento Gráfico.

ABSTRACT

Lung cancer is the leading cause of cancer-related deaths in the world and its main manifestation occurs due to the appearance of pulmonary nodules. Pulmonary nodule classification is a complex task because it is a subjective and qualitative process that might be compromised by interpretation errors. Therefore, it is important to integrate computational tools to the pulmonary nodule classification process, since they have the potential to characterize objectively and quantitatively the lesions, so they can aid lung cancer diagnosis process. Content-Based Image Retrieval (CBIR) has been described as one of the most promising differential diagnosis tool, since it is capable of retrieving similar cases from large image databases that were previously diagnosed. However, CBIR has some limitations, like the image feature extraction process and the time to compare one reference image with an image database. In this context, the goal of this work is to develop an algorithm to aid the diagnosis of lung cancer and the pulmonary nodule classification, using CBIR with the integration of three methods: 3D Texture Analysis and 3D Margin Sharpness Analysis for nodule characterization, and optimization on the execution time of the nodule comparison with paralelism on a Graphics Processing Unit (GPU). Images used in this work were computed tomography scans provided by the Lung Image Database Consortium, which has pulmonary nodules identified and classified by specialists according to the lesion's likelihood of malignancy. Texture Attributes (TA) were extracted from a co-occurrence matrix obtained from the nodule volume. Margin Sharpness Attributes (MSA) were extracted from perpendicular lines drawn over the borders on all nodule slices. Integrated Attributes (IA) were created by concatenating TA and MSA. Euclidean distance was employed as similarity metric between feature vectors. CBIR algorithm's precision was evaluated on the 10 most similar cases according to the likelihood of malignancy and with Precision and Recall parameters, on single-core, multi-core and many-core architectures. Results showed that MSA obtained more efficiency on pulmonary nodule retrieval, in the majority of precision evaluation scenarios, with the precision increase of 2% compared with TA. Texture attributes obtained the same efficiency as IA and presented higher mean precision only on benign nodule retrieval with Precision vs. Recall metric, with the precision increase of 3% compared with MSA. Results also showed that GPU, represented by the many-core device, was able to decrease execution time on image feature vector comparison and increase Euclidean distance performance on pulmonary nodule retrieval, with speedups of 16x, 17x and 19x. Therefore, CBIR allied to 3D margin sharpness descriptors and GPU optimization have big potential as a computer-based tool on lung cancer diagnosis and pulmonary nodule classification.

Keywords: Pulmonary Nodule. Content-Based Image Retrieval. 3D Margin Sharpness Analysis. 3D Texture Analysis. Optimization on Graphics Processing Unit.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – Exemplos de nódulos pulmonares (indicados pelo círculo vermelho) renderizados por projeção de intensidade máxima. Subfiguras (a-h) apresentam o tamanho do nódulo e qual estrutura anatômica encontra-se conectada a ele.	15
Figura 2 – Representação da função de uma imagem digital de Tomografia Computadorizada de pulmão que apresenta um nódulo (apontado pela seta vermelha).	19
Figura 3 – Representação de um <i>voxel</i> com espessura de corte ΔZ	20
Figura 4 – Representação de um espaço <i>voxel</i> de dimensões $m \times n \times l$	20
Figura 5 – Aplicações de janelamento e nivelamento em TC de tórax.	21
Figura 6 – Modelo simplificado de um sistema de CBIR.	22
Figura 7 – Processo de extração de n características de uma imagem.	23
Figura 8 – Exemplos de texturas, cada uma delimitada pelo quadrado branco.	24
Figura 9 – Exemplo do cálculo da matriz de coocorrência com orientação em 0° (incluindo 180°) e distância igual a 1.	26
Figura 10 – Cálculo da matriz de coocorrência em um volume de imagens. Na figura, o volume compreende 3 imagens, as distâncias entre pares de <i>pixels</i> e entre fatias é igual a 1 e orientações angulares são 45° e 90°	27
Figura 11 – Geometria em nódulos pulmonares. Figuras (a), (b) e (c) são nódulos benignos esféricos e apresentam forma bem definida. Figuras (d), (e) e (f) são nodulos malignos espiculados e apresentam forma irregular.	30
Figura 12 – Regiões na borda do nódulo pulmonar onde são executados os atributos de Gilhuijs et al., e de Levman e Martel.	31
Figura 13 – Linha ortogonal traçada sobre a borda do nódulo pulmonar.	31
Figura 14 – Representação da Precisão e Revocação na recuperação de nódulos pulmonares.	34
Figura 15 – Exemplo de gráfico <i>Precisão vs. Revocação</i> para medir a performance de um sistema de CBIR. Na figura, a <i>Função 1</i> apresenta maior eficiência do que a <i>Função 2</i>	34
Figura 16 – Exemplo de gráfico <i>Precisão(N)</i> , onde N é igual a 10. Na figura, a <i>Função 2</i> apresenta maior eficiência do que a <i>Função 1</i>	35
Figura 17 – Arquitetura <i>multi-core</i> CPU Intel Core i7 3690X com 6 núcleos de processamento (ilustrados pelo componente <i>Core</i>).	38
Figura 18 – Arquitetura <i>many-core</i> GPU Nvidia Kepler com 2880 núcleos de processamento (ilustrados na cor verde).	38

Figura 19	– Hierarquia de memória de uma GPU.	40
Figura 20	– Arquitetura de uma CPU (à esquerda) e uma GPU (à direita).	40
Figura 21	– GPU em combinação com uma CPU.	41
Figura 22	– Modelo de Plataforma do OpenCL.	42
Figura 23	– Mapeamento dos elementos do modelo de execução (à esquerda) ao do modelo de plataforma (à direita) do OpenCL.	43
Figura 24	– Modelo de Memória do OpenCL.	44
Figura 25	– Exemplo de gráfico <i>Tempo de processamento vs. Número de imagens</i> . <i>Função 1</i> e <i>Função 3</i> apresentam o pior e o melhor desempenhos entre as três funções, respectivamente.	45
Figura 26	– Exemplo de lesões (apontadas pelas setas) de acordo com as categorias do LIDC.	46
Figura 27	– Exemplo de nódulo pulmonar com tamanho entre 3 e 30 milímetros, em um volume de 4 fatias, com as marcações do radiologista do LIDC em vermelho.	47
Figura 28	– Fluxograma do algoritmo proposto de recuperação de nódulos pulmonares similares otimizado por GPU.	49
Figura 29	– Fluxograma da implementação do algoritmo de CBIR de nódulos pulmonares.	50
Figura 30	– Processo de segmentação de um nódulo pulmonar.	51
Figura 31	– Imagens resultantes da Análise de Nitidez de Borda 3D.	52
Figura 32	– Resultados da <i>Precisão(10)</i> para nódulos malignos.	55
Figura 33	– Resultados da <i>Precisão(10)</i> para nódulos benignos.	56
Figura 34	– Resultados da <i>Precisão vs. Revocação</i> para nódulos malignos.	57
Figura 35	– Resultados da <i>Precisão vs. Revocação</i> para nódulos benignos.	57
Figura 36	– Desempenho dos Atributos de Textura.	58
Figura 37	– Desempenho dos Atributos de Nitidez de Borda.	59
Figura 38	– Desempenho dos Atributos Integrados.	59
Figura 39	– Exemplo de aplicação da limiarização com <i>threshold</i> 120.	75
Figura 40	– Exemplo de segmentação por <i>threshold</i> e <i>semi-threshold</i> com limiar 120.	75
Figura 41	– Exemplo de dilatação morfológica de uma imagem binária.	87
Figura 42	– Exemplo de erosão morfológica de uma imagem binária.	88

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Escala de Hounsfield.	21
Tabela 2 – Número de nódulos utilizados no trabalho por probabilidade de malignidade.	50
Tabela 3 – Resultados de precisão média e desvio padrão obtidos neste trabalho. .	60
Tabela 4 – Resultados de tempo de execução e <i>Speedup</i> obtidos neste trabalho. . .	61
Tabela 5 – Precisão na recuperação de nódulos pulmonares similares utilizando análises bi- e tri-dimensionais de nitidez de borda.	63
Tabela 6 – Precisão na recuperação de 10 nódulos pulmonares similares utilizando análises bi- e tri-dimensionais de textura.	63

LISTA DE ABREVIATURAS

APU	do inglês <i>Accelerated Processing Unit</i>
AI	Atributos Integrados
ANB	Atributos de Nitidez de Borda
AT	Atributos de Textura
BD	Banco de Dados
CAD	do inglês <i>Computer-Aided Diagnosis</i>
CBIR	do inglês <i>Content-Based Image Retrieval</i>
CPU	do inglês <i>Central Processing Unit</i>
CUDA	do inglês <i>Compute Unified Device Architecture</i>
DE	Distância Euclidiana
DM	Distância Manhattan
DSP	do inglês <i>Digital Signal Processor</i>
EP	Elemento de Processamento
FPGA	do inglês <i>Field Programmable Gate Array</i>
DICOM	do inglês <i>Digital Imaging and Communications in Medicine</i>
GPGPU	do inglês <i>General Purpose computing on Graphics Processing Unit</i>
GPU	do inglês <i>Graphics Processing Unit</i>
LIDC	do inglês <i>Lung Image Database Consortium</i>
NoSQL	do inglês <i>Not only Structured Query Language</i>
OpenACC	do inglês <i>Open ACCelerators</i>
OpenCL	do inglês <i>Open Computing Language</i>

PACS do inglês *Picture Archiving and Communication Systems*

ROI do inglês *Region of Interest*

SGBD Sistema de Gerenciamento de Banco de Dados

TC Tomografia Computadorizada

UC Unidade Computacional

UH Unidades de Hounsfield

XML do inglês *eXtensible Markup Language*

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	14
1.1	Contextualização	14
1.2	Motivação	16
1.3	Objetivos	17
1.4	Organização do Trabalho	18
2	RECUPERAÇÃO DE NÓDULOS PULMONARES BASEADA EM CONTEÚDO	19
2.1	Nódulos Pulmonares em Imagens de Tomografia Computadorizada	19
2.2	Recuperação de Imagens Médicas Baseada em Conteúdo	21
2.3	Extração de Características de Imagens	23
2.3.1	Atributos de Cor	23
2.3.2	Atributos de Textura	24
2.3.3	Atributos de Forma	29
2.4	Análise de Similaridade de Imagens	32
2.5	Avaliação de Precisão em Recuperação de Imagens	33
2.6	Eficiência em Tempo de Execução na Recuperação de Imagens	35
3	COMPUTAÇÃO PARALELA EM MULTIPROCESSADORES	37
3.1	Processamento Paralelo e Arquiteturas de Multiprocessadores	37
3.2	Computação de Propósito Geral em Unidade de Processamento Gráfico	39
3.3	Linguagem de Computação Aberta	41
3.4	Avaliação de Desempenho em Arquiteturas Paralelas	44
4	MATERIAIS E MÉTODOS	46
4.1	Banco de Imagens de Nódulos Pulmonares	46
4.2	Algoritmo de CBIR de Nódulos Pulmonares	48
4.3	Análise de Textura 3D	51
4.4	Análise de Nitidez de Borda 3D	52
4.5	Avaliação de Precisão	53
4.6	Avaliação de Desempenho Computacional	53
5	RESULTADOS	55
5.1	Resultados da Avaliação de Precisão	55
5.2	Resultados da Avaliação de Desempenho	57
5.3	Resumo dos Resultados Quantitativos	60
6	DISCUSSÃO	62
7	CONCLUSÃO	65
7.1	Considerações Finais	65
7.2	Trabalhos Futuros	65

7.3	Contribuições do Trabalho	66
7.3.1	Contribuições Científicas	66
7.3.2	Contribuições Técnicas	67
	Referências	69
APÊNDICE A	Segmentação de Imagens	74
APÊNDICE B	Arquivo XML do <i>Lung Image Database Consortium</i>	76
APÊNDICE C	Morfologia Matemática	87
APÊNDICE D	Análise Estatística	89

1 INTRODUÇÃO

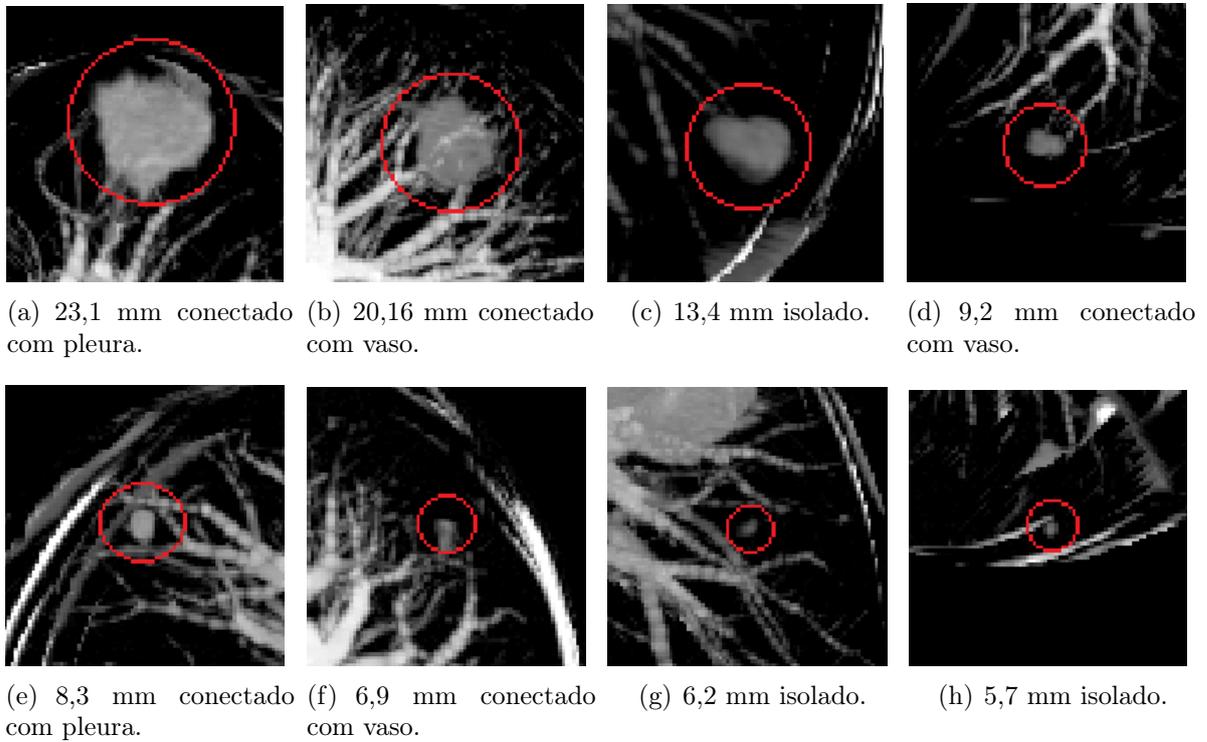
1.1 Contextualização

O câncer é uma doença caracterizada como um crescimento celular anormal e incontrolável, que invade tecidos vizinhos e os destroem. O câncer de pulmão é o que mais causa vítimas relacionadas a câncer em todo mundo e é considerado um dos principais problemas da saúde pública (TARTAR; KILIC; AKAN, 2013). O câncer de pulmão é uma doença agressiva em que geralmente a presença de sintomas é um sinal de prognóstico ruim. Apenas 15% dos pacientes conseguem sobreviver nos primeiros cinco anos pós-diagnóstico (WU et al., 2013). A detecção e a mensuração de nódulos pulmonares são procedimentos importantes porque um nódulo pode ser uma manifestação de câncer (REEVES et al., 2006).

Entretanto, o diagnóstico do câncer de pulmão é uma tarefa complexa e apresenta três grandes desafios: interpretação das imagens, identificação de lesões e classificação dos nódulos. Imagens médicas são extremamente complexas por natureza, e o processo de interpretação de imagens é um desafio reconhecido mesmo para radiologistas experientes (AKGÜL et al., 2011; DOI, 2007; AZEVEDO-MARQUES, 2001). Além disso, radiologistas são limitados pela capacidade humana de análise, sofrendo influências de fatores externos (e.g. ruído e luminosidade) e internos, como o nível de treinamento e condições psicológicas (e.g. fadiga e pressa). Portanto, o especialista está sujeito a erros de detecção (reconhecimento de um padrão não-normal) ou de diagnóstico (identificação da natureza benigna ou maligna do achado radiológico), resultando em variabilidade intra e inter-observador. A identificação de lesões é uma tarefa complicada porque os nódulos pulmonares podem ser pequenos e estar inclusos em estruturas anatômicas complexas (Figura 1) (OLIVEIRA; FERREIRA, 2013; MEHDI et al., 2014). Outra complexidade é a classificação dos nódulos pulmonares em termos de malignidade, devido à dependência de vários fatores, como características morfológicas subjetivas e qualitativas do nódulo nas imagens (e.g. heterogeneidade moderada, alta espiculação, etc) e a mudança no tamanho, forma e textura do nódulo em tempos diferentes (AERTS et al., 2014; WANG et al., 2014; TRUONG et al., 2014).

Diante destes desafios no diagnóstico por imagem do câncer de pulmão, é importante integrar o auxílio computadorizado ao processo de diagnóstico de doenças e interpretação de imagens. O objetivo do CAD (*Computer-Aided Diagnosis*) é melhorar a acurácia diagnóstica, assim como aprimorar a consistência na interpretação do diagnóstico por imagens, mediante o uso da sugestão de resposta fornecida por um computador (DOI, 2007). Sistemas CAD de detecção e diagnóstico diferencial aumentam a capacidade do radiologista na interpretação das imagens médicas e na diferenciação entre tecidos benignos e malignos.

Figura 1: Exemplos de nódulos pulmonares (indicados pelo círculo vermelho) renderizados por projeção de intensidade máxima. Subfiguras (a-h) apresentam o tamanho do nódulo e qual estrutura anatômica encontra-se conectada a ele.



Fonte: Mehdi et al. (2014).

nos (JALALIAN et al., 2013). Logo, a adoção de ferramentas computacionais no auxílio ao diagnóstico não é mais uma opção, mas sim uma tendência (AZEVEDO-MARQUES, 2001).

Sistemas de arquivamento e comunicação de imagens (PACS - *Picture Archiving and Communication Systems*) são responsáveis por receber as imagens no padrão de comunicação de imagem digital em medicina (DICOM - *Digital Imaging and Communications in Medicine*) dos diversos dispositivos de aquisição, deixá-las disponíveis para que especialistas ou outros sistemas computacionais possam acessá-las e ainda armazená-las de maneira organizada em bases ou mídias específicas (SILVA, 2009). Um sistema PACS pode aumentar sua aplicabilidade com a incorporação de técnicas de recuperação de imagens baseada em conteúdo (CBIR - *Content-Based Image Retrieval*), com o objetivo de executar buscas por similaridade e auxiliar a tomada de decisão diagnóstica (SILVA et al., 2013; AZEVEDO-MARQUES; RANGAYYAN, 2013).

A CBIR tem sido descrita como uma das ferramentas CAD de diagnóstico diferencial mais promissoras, pois ela auxilia o processo de decisão clínica, recuperando em grandes bases de dados, casos similares já diagnosticados pertencentes à mesma modalidade, região anatômica e com alterações estruturais provocadas por determinadas doenças (OLIVEIRA; CIRNE; AZEVEDO-MARQUES, 2007). Sistemas CAD baseados em CBIR po-

dem ser muito úteis em um ambiente clínico real, pois podem auxiliar o radiologista na tomada de decisão diagnóstica, ou aumentar sua certeza, valendo-se de um modelo de decisão baseada em exemplo (SILVA et al., 2013). Por exemplo, se um caso desconhecido for considerado muito similar a um caso já diagnosticado como maligno, o radiologista terá mais confiança na decisão diagnóstica do caso desconhecido em maligno (DOI, 2007).

Contudo, a CBIR ainda possui alguns desafios, como por exemplo, o processo de extração de descritores de imagens, desafio também conhecido como *feature gap* (SOUZA, 2012). A precisão na busca por imagens similares depende da escolha de atributos ideais que caracterizem tanto a imagem de referência quanto as imagens a serem recuperadas (KUMAR et al., 2013). Alguns tipos de atributos foram utilizados para caracterizar nódulos pulmonares, como: textura, borda, forma, densidade, entre outros (WU et al., 2013; CHOI; CHOI, 2014; OLIVEIRA; FERREIRA, 2013; ERASMUS et al., 2000). Porém, uma técnica ouro ainda não foi encontrada. No domínio médico, os descritores de textura se tornaram particularmente importantes devido a sua capacidade de refletir os detalhes contidos dentro de uma lesão em uma imagem (AKGÜL et al., 2011). Além disso, a quantificação da nitidez da borda de lesões é necessária para a caracterização da diferença de intensidade entre o tecido do interior do nódulo e os tecidos do seu entorno (XU et al., 2012).

Além da problemática da caracterização das imagens, a CBIR possui outro grande desafio, caso ela seja aplicável ao processo diagnóstico (principalmente em tempo real): o custo computacional (tempo) no processamento da análise de similaridade de imagens (KUMAR et al., 2013). Por exemplo, a execução de todas as comparações usando apenas um computador ou CPU (*Central Processing Unit*) demanda muito mais tempo do que o aceitável para a rotina clínica (OLIVEIRA; CIRNE; AZEVEDO-MARQUES, 2007). Logo, é necessário utilizar tecnologias que façam uso de paralelismo para garantir o alto desempenho na execução da similaridade de imagens, como as grades computacionais, *clusters* e computação em nuvem. Apesar de sua natureza gráfica, as unidades de processamento gráfico (GPUs - *Graphics Processing Units*) desenvolveram-se e passaram a possuir características de propósitos gerais de programação e não somente de aplicações gráficas. Além disso, o paralelismo em GPU é uma abordagem confiável para executar a análise de similaridade de imagens médicas por questões de segurança e privacidade do paciente, visto que as imagens não precisam ser enviadas para outros computadores e ambientes remotos (FERREIRA JR; OLIVEIRA; FREITAS, 2014).

1.2 Motivação

O desenvolvimento deste trabalho é motivado pela complexa tarefa de classificação de um nódulo pulmonar em relação a sua malignidade. Métodos CAD devem ser desenvolvidos com o intuito de aumentar a precisão na classificação de nódulos pulmonares, evitar que se espere dias para calcular a mudança das lesões e assim diagnosticar mais

rapidamente o câncer de pulmão. Além disso, é importante aplicar soluções paralelas para otimizar estas ferramentas CAD, em face ao crescimento do volume de imagens médicas geradas a cada ano. Um hospital de grande porte produz milhões de imagens todos os anos, levando a produção total, por exemplo, da União Européia ou dos Estados Unidos à casa dos milhares de *petabytes* (MONTAGNAT et al., 2003).

A caracterização computadorizada de lesões radiológicas é uma etapa importante para o auxílio ao diagnóstico por imagem de doenças (AZEVEDO-MARQUES, 2001). Contudo, a falta de métricas precisas para caracterizar os nódulos pulmonares faz com que seja necessária a integração de atributos já existentes na literatura para aumentar a acurácia descritiva de imagens. Com a quantificação das lesões, será possível realizar a recuperação de nódulos similares baseada em atributos exclusivos das imagens. Desta forma, espera-se aumentar a certeza do especialista na classificação da lesão pulmonar e posteriormente no diagnóstico do câncer de pulmão.

Devido a necessidade de integrar diferentes atributos de imagens para a caracterização dos nódulos pulmonares, é importante avaliar a precisão desta integração com relação a classificação dos nódulos. A integração de atributos de textura e nitidez de borda, voltada para o câncer de pulmão, ainda se encontra imatura, e é preciso fazer uma investigação acerca da precisão destes atributos (isolados e integrados) na recuperação de nódulos similares. Ademais, a performance das métricas de similaridade de imagens deve ser avaliada em infraestruturas multiprocessadoras paralelas. O objetivo desta avaliação é mensurar o ganho de performance que o paralelismo trará a estas métricas e verificar qual arquitetura paralela é a mais adequada para a execução destas métricas.

1.3 Objetivos

O objetivo principal deste trabalho é desenvolver um algoritmo computacional otimizado para a classificação de nódulos pulmonares segundo a malignidade, utilizando recuperação de imagens baseada em conteúdo, com a integração de três técnicas: (1) Análise de Textura 3D; (2) Análise de Nitidez de Borda 3D; e (3) Otimização em GPU.

Os objetivos secundários são a avaliação da precisão de atributos de textura 3D na recuperação de nódulos pulmonares similares; avaliação da precisão de atributos de nitidez de borda 3D na recuperação de nódulos pulmonares similares; avaliação da precisão da integração de atributos de textura 3D e de nitidez de borda 3D na recuperação de nódulos pulmonares similares; e a avaliação da performance de diferentes atributos de imagens em dispositivos multiprocessadores.

Para o cumprimento dos objetivos citados anteriormente, o projeto tem como metas:

- Desenvolver um banco de imagens de nódulos pulmonares;
- Caracterizar os nódulos pulmonares aplicando a Análise de Textura 3D;

- Caracterizar os nódulos pulmonares aplicando a Análise de Nitidez de Borda 3D;
- Recuperar os nódulos mais similares utilizando atributos de textura;
- Recuperar os nódulos mais similares utilizando atributos de nitidez de borda;
- Recuperar os nódulos mais similares utilizando a integração de atributos de textura e nitidez de borda;
- Avaliar a precisão da Análise de Textura 3D na recuperação de nódulos pulmonares;
- Avaliar a precisão da Análise de Nitidez de Borda 3D na recuperação de nódulos pulmonares;
- Avaliar a precisão da integração das Análises de Textura 3D e Nitidez de Borda 3D na recuperação de nódulos pulmonares;
- Avaliar a performance da análise de similaridade de nódulos pulmonares em diferentes arquiteturas paralelas.

1.4 Organização do Trabalho

Esta Dissertação de Mestrado está organizada da seguinte forma: no Capítulo 2 são abordados conceitos de recuperação de nódulos pulmonares similares baseada em diferentes classes de atributos. No Capítulo 3 são descritos os conceitos de paralelismo, computação heterogênea e computação de propósito geral em GPU. O Capítulo 4 apresenta os materiais e métodos utilizados no trabalho, e.g. o banco de nódulos pulmonares e cenários de avaliação dos resultados, assim como detalhes de implementação. No Capítulo 5 são apresentados os resultados obtidos no trabalho. O Capítulo 6 discute os resultados da seção anterior. Por fim, o Capítulo 7 conclui esta Dissertação de Mestrado e destaca as principais contribuições científicas obtidas neste trabalho.

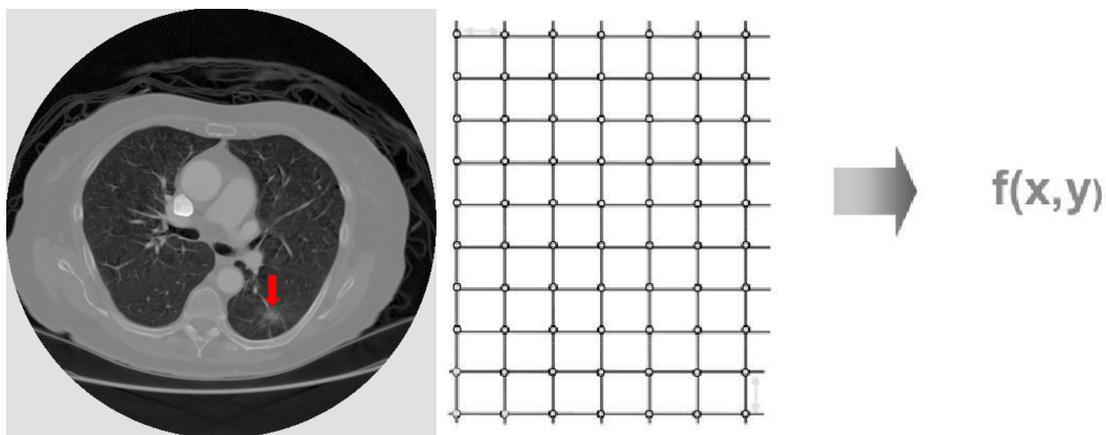
2 RECUPERAÇÃO DE NÓDULOS PULMONARES BASEADA EM CONTEÚDO

2.1 Nódulos Pulmonares em Imagens de Tomografia Computadorizada

Um nódulo pulmonar é definido como uma massa esférica opaca e irregular de até 30 milímetros de diâmetro, presente em imagens de Tomografia Computadorizada (TC) (CHOI; CHOI, 2014). A imagem de TC é a principal técnica visual para detectar nódulos pulmonares e é aplicada como a principal ferramenta de diagnóstico do câncer de pulmão (DI CIOTTI et al., 2010).

Uma imagem digital é uma função $f(x,y)$ em escala de cinza discretizada em coordenadas espaciais, que pode ser considerada uma matriz cujos índices de linhas e de colunas identificam um ponto de imagem (*pixel*). O valor de cada *pixel* na matriz identifica o nível de cinza no ponto (x,y) , em uma escala de valores inteiros entre 0 e 255, que representam preto e branco, respectivamente, e os valores intermediários representam tons de cinza. A Figura 2 ilustra um exemplo de imagem digital, sua função $f(x,y)$ e a correspondente matriz com alguns valores de níveis de cinza.

Figura 2: Representação da função de uma imagem digital de Tomografia Computadorizada de pulmão que apresenta um nódulo (apontado pela seta vermelha).



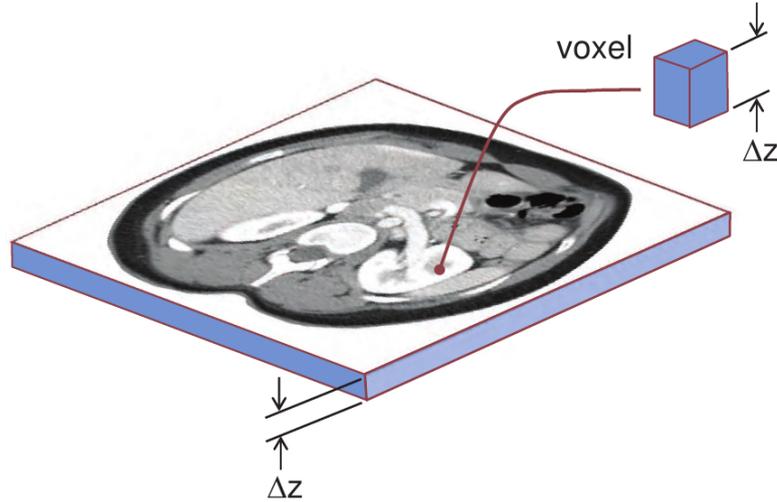
$$f(x,y) = \begin{pmatrix} (0,0) & (0,1) & (0,2) \\ (1,0) & (1,1) & (1,2) \\ (2,0) & (2,1) & (2,2) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} (121) & (133) & (57) \\ (45) & (212) & (134) \\ (0) & (86) & (214) \end{pmatrix}$$

Fonte: Elaborada pelo autor.

Exames de TC são comumente adquiridos em forma de volume de fatias paralelas e uniformemente espaçadas. O empilhamento destas imagens, mantendo o espaço original entre elas, pode ser idealizado de forma que cada *pixel* represente o volume de um *voxel* (ponto volumétrico) (Figura 3). O conjunto de *voxels* forma uma representação digital de

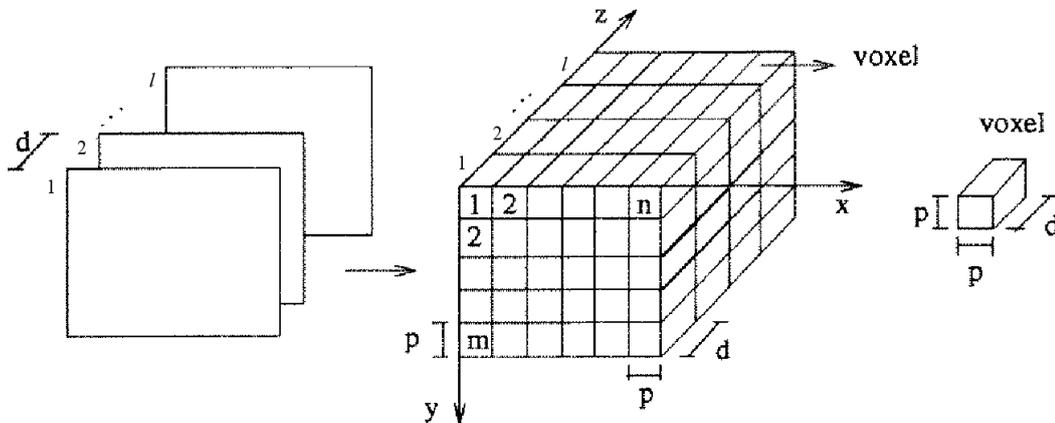
uma região cubóide em estudo no paciente e é denominado espaço *voxel*, onde cada *voxel* tem normalmente associado um número inteiro representado pelo tom de cinza do *pixel* na imagem correspondente (Figura 4) (FALCÃO, 1993).

Figura 3: Representação de um *voxel* com espessura de corte ΔZ .



Fonte: Bushberg et al. (2012).

Figura 4: Representação de um espaço *voxel* de dimensões $m \times n \times l$.



Fonte: Falcão (1993).

Imagens de TC possuem resolução espacial 512×512 *pixels*. *Voxels* são representados por 12 bits, o que pode gerar 4.096 possibilidades de nível de cinza. Os valores de nível de cinza em imagens de TC são definidos pelas Unidades de Hounsfield (UH), conforme a Equação 2.1.

$$UH(x, y, z) = 1000 \frac{(\mu(x, y, z) - \mu_w)}{\mu_w}, \quad (2.1)$$

onde $\mu(x, y, z)$ é a média do coeficiente de atenuação linear de um *voxel* na posição (x, y, z) , $UH(x, y, z)$ representa as imagens de TC em escala de cinza nas mesmas coordenadas

espaciais (x, y, z) , e μ_w é o coeficiente de atenuação linear da água, de acordo com a escala de Hounsfield (Tabela 1) (BUSHBERG et al., 2012).

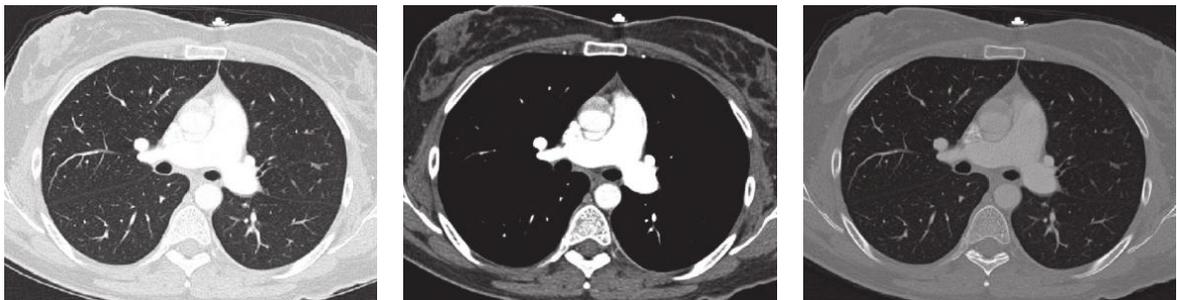
Tabela 1: Escala de Hounsfield.

Ar	Pulmão	Gordura	Água	Substância Branca	Substância Cinzenta	Músculo	Osso Cortical
-1000H	-300H	-90H	0H	30H	40H	50H	1000H

Fonte: Elaborada pelo autor.

As unidades de Hounsfield são utilizadas para a distribuição dos 4.096 níveis de cinza que vai gerar a imagem de TC. Contudo, a sua escala possui grande amplitude e a distribuição dos níveis de cinza entre os limites mínimo (-1.000H) e máximo (1.000H) resulta em uma baixa diferenciação de contraste entre os tecidos. Logo, é necessário realizar o janelamento e o nivelamento na imagem de TC, ou seja, determinar o número máximo de tons de cinza da imagem (janela) e o valor central da escala de Hounsfield (nível) (Figura 5) (BUSHBERG et al., 2012).

Figura 5: Aplicações de janelamento e nivelamento em TC de tórax.



(a) Janela de pulmão de 1.600 tons de cinza e nível de -550H.

(b) Janela de tecido mole de 450 tons de cinza e nível de 70H.

(c) Janela de osso de 3.077 tons de cinza e nível de 570H.

Fonte: Cochard et al. (2011).

2.2 Recuperação de Imagens Médicas Baseada em Conteúdo

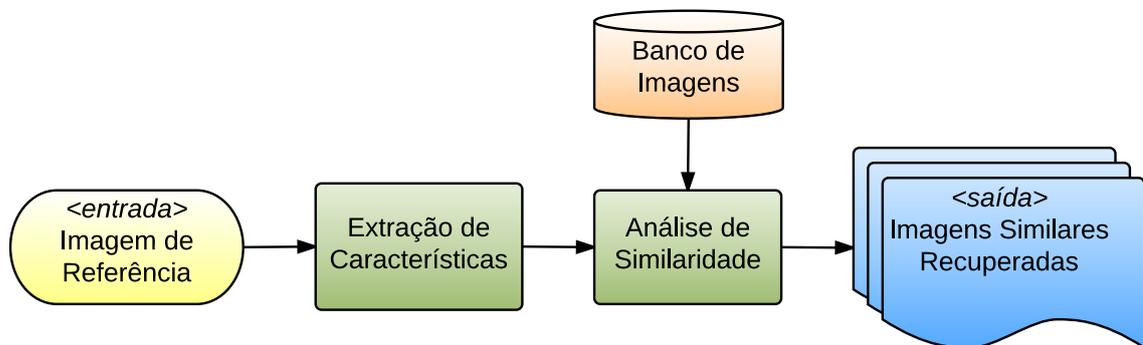
Na medicina, métodos de recuperação de imagens baseada em conteúdo (CBIR - *Content-Based Image Retrieval*) surgiram devido à necessidade de recuperar a informação contida na imagem e não apenas a armazenada nos sistemas de informação, como por exemplo, nome e data de nascimento do paciente (MÜLLER et al., 2004). O conceito de CBIR refere-se à recuperação de imagens cujos conteúdos são similares à uma imagem de referência utilizando informações derivadas das próprias imagens, representadas por seu conteúdo intrínseco (e.g. cor, textura, forma, etc), ao invés de usar índices de textos associados ou anotações externas (SOUZA, 2012).

A CBIR despertou rápido interesse na comunidade médica, em virtude da sua capacidade de recuperar imagens já diagnosticadas para comparar com uma imagem em estudo,

permitindo ao especialista confirmar a sua hipótese diagnóstica (RAHMAN; WANG; DE-SAI, 2003). Além das técnicas de suporte a decisão clínica, a pesquisa e ensino também são grandes beneficiários dos sistemas de CBIR. No ensino, ela auxilia os docentes e discentes na utilização de repositórios de imagens educacionais e na análise visual dos resultados encontrados. Além dos estudos baseados no diagnóstico e região anatômica, a análise de casos visualmente similares, porém com diferentes diagnósticos, resultam no aprimoramento da qualidade educacional (MÜLLER et al., 2004).

Um sistema de CBIR genérico possui dois componentes principais (Figura 6) (AKGÜL et al., 2011). O primeiro componente, chamado de Extração de Características de Imagens, representa a informação visual contida nos *pixels* da imagem em forma de características (descritores ou atributos de imagem). Os descritores de imagem tem como objetivo diminuir a lacuna (conhecido como *gap*) entre o conteúdo visual e sua representação numérica. O segundo componente, chamado de Análise de Similaridade de Imagens, compreende a comparação de pares de imagens baseada no coeficiente de similaridade de cada par (OLIVEIRA, 2006). A similaridade é medida por uma função de distância executada entre os atributos de imagem extraídos pelo primeiro componente.

Figura 6: Modelo simplificado de um sistema de CBIR.



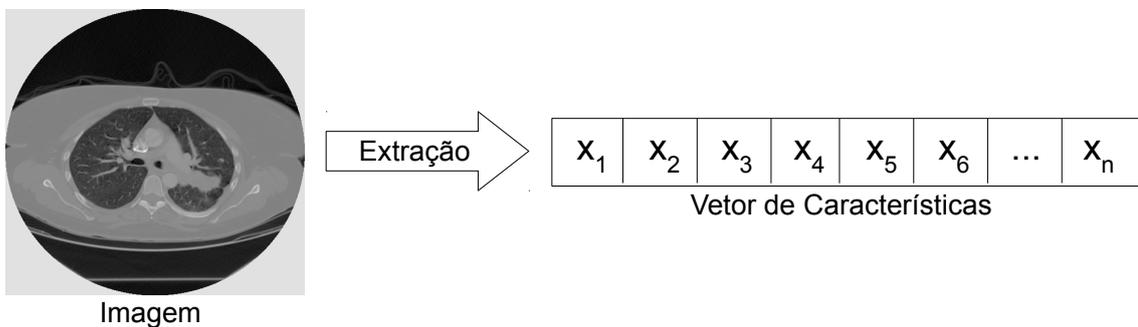
Fonte: Elaborada pelo autor.

Vários trabalhos utilizaram a CBIR como ferramenta de apoio ao diagnóstico clínico. Zhang et al. realizaram a recuperação de imagens histopatológicas microscópicas de tecidos de mamas (ZHANG et al., 2015). Bugatti et al. realizaram a recuperação de doenças difusas de pulmão presentes em TC, como o enfisema pulmonar, e lesões de mamografia classificadas em massa e calcificação (BUGATTI et al., 2014). Marvasti et al. desenvolveram um sistema de CBIR para a recuperação de imagens 3D de TC com lesões do fígado (MARVASTI et al., 2013). Xu et al. também realizaram a recuperação de lesões de fígado e nódulos pulmonares, mas em imagens bidimensionais (XU et al., 2012). Lam et al. desenvolveram um sistema baseado em CBIR para a recuperação de imagens de TC com nódulos pulmonares (LAM et al., 2007b).

2.3 Extração de Características de Imagens

O processo de extração de características de imagens consiste na retirada de valores numéricos que representem o conteúdo visual da imagem (descritores de imagens). Os atributos são conseguidos através da execução de algoritmos, como reconhecimento e classificação de texturas, reconhecimento e classificação de formas e contornos, estimativas de área, volume ou medição de parâmetros anatômicos e fisiológicos (SILVA, 2009). Após a extração dos descritores da imagem a partir destes algoritmos, os atributos são armazenados em um vetor de características (Figura 7).

Figura 7: Processo de extração de n características de uma imagem.



Fonte: Elaborada pelo autor.

Atributos de imagem são basicamente classificados em três grupos principais: cor, textura e forma, que juntos podem oferecer uma melhor discriminação no processo de comparação (TRAINA et al., 2004).

2.3.1 Atributos de Cor

Descritores de cor ou níveis de cinza são utilizados desde a criação dos primeiros sistemas de CBIR e, até hoje, são os mais empregados na recuperação de imagens similares devido a sua facilidade de implementação (SWAIN; BALLARD, 1991). A extração de atributos de cor pode ser realizada diretamente do histograma da imagem. O histograma é a descrição da quantidade de níveis de cinza presentes nesta imagem. O cálculo de um histograma $H(x)$ envolve somente a contagem de *pixels* com um determinado valor x , e é realizado de acordo com a Equação 2.2.

$$H(I(i, j)) = H(I(i, j)) + 1, \quad (2.2)$$

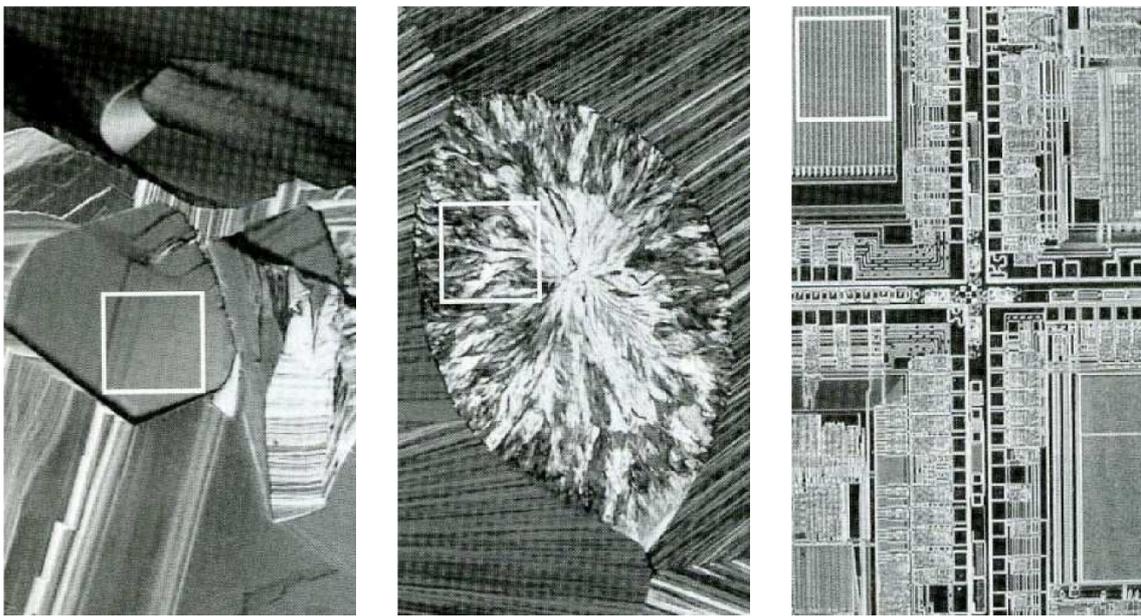
onde (i, j) percorre todos os pontos de uma imagem I (RODRIGUES, 2010).

Entretanto, utilizar somente o histograma de níveis de cinza não fornece informações da distribuição espacial do conteúdo de uma imagem, além de ser sensível a alterações de brilho, contraste e artefatos de compressão de dados (OLIVEIRA, 2006). Desta forma, descritores de cor não serão abordados neste trabalho.

2.3.2 Atributos de Textura

Apesar de não haver um consenso sobre a definição formal de textura, Parker afirma que a maior característica de textura é a repetição de padrões sobre uma região (PARKER, 1997). Este padrão pode ser repetido exatamente igual, ou como um conjunto de pequenas variações no tema, possivelmente uma função da posição. Alguns aspectos da textura podem variar entre as regiões e não devem ser ignorados, como por exemplo: tamanho, forma, cor e orientação dos elementos do padrão. A Figura 8 mostra a diferença entre três tipos de texturas.

Figura 8: Exemplos de texturas, cada uma delimitada pelo quadrado branco.



(a) Textura suave.

(b) Textura rugosa.

(c) Textura regular.

Fonte: Gonzalez e Woods (2009).

Em algumas imagens médicas, regiões que possuem intensidades similares são visualmente possíveis de distinguir por causa das diferentes texturas. Atributos de textura se tornaram particularmente importantes devido a sua capacidade de refletir os detalhes contidos dentro de uma lesão em uma imagem (AKGÜL et al., 2011).

Existem diversas formas de caracterizar a textura de uma imagem. As características de Tamura correspondem a percepção visual humana, como granularidade, contraste, direcionalidade, delineamento, regularidade e rugosidade (TAMURA; MORI; YAMAWAKI, 1978). Geralmente, as três primeiras características de Tamura, granularidade (Equação 2.3), contraste (Equação 2.4) e direcionalidade (Equação 2.5), fornecem uma melhor descrição da textura do objeto (MARVASTI et al., 2013).

$$\text{Granularidade de Tamura} = \frac{1}{n \times m} \sum_{x=1}^n \sum_{y=1}^m S(x, y), \quad (2.3)$$

$$\text{Contraste de Tamura} = \frac{\sigma}{\alpha_4^z}, \quad (2.4)$$

$$\text{Direcionalidade de Tamura} = \frac{\pi}{2} + \tan^{-1} \frac{\Delta_V(x, y)}{\Delta_H(x, y)}, \quad (2.5)$$

onde o valor de $S(x, y)$ é igual a 2^k e k maximiza o valor de E dado pela Equação 2.6 para a horizontal e pela Equação 2.7 para a vertical, dada uma imagem I de tamanho $n \times m$ para a posição (x, y) . O valor de α_4^z é dado pela Equação 2.9. Os valores das diferenças horizontal Δ_H e vertical Δ_V são calculados a partir de operadores com dimensões 3×3 de acordo com as matrizes 2.11 e 2.12, respectivamente.

$$E_{horizontal}(x, y) = |A_k(x + 2^{k-1}, y) - A_k(x - 2^{k-1}, y)|, \quad (2.6)$$

$$E_{vertical}(x, y) = |A_k(x, y + 2^{k-1}) - A_k(x, y - 2^{k-1})|, \quad (2.7)$$

$$A_k(x, y) = \frac{1}{2^k} \sum_{i=1}^{2^k} \sum_{j=1}^{2^k} I(x - 2^{k-1} + i, y - 2^{k-1} + j), \quad (2.8)$$

$$\alpha_4^z = \frac{\mu_4}{\sigma^4}, \quad (2.9)$$

$$\sigma^4 = \frac{1}{XY} \sum_{x=1}^X \sum_{y=1}^Y (I(x, y) - \mu)^4, \quad (2.10)$$

$$\Delta_H = \begin{bmatrix} -1 & 0 & 1 \\ -1 & 0 & 1 \\ -1 & 0 & 1 \end{bmatrix}, \quad (2.11)$$

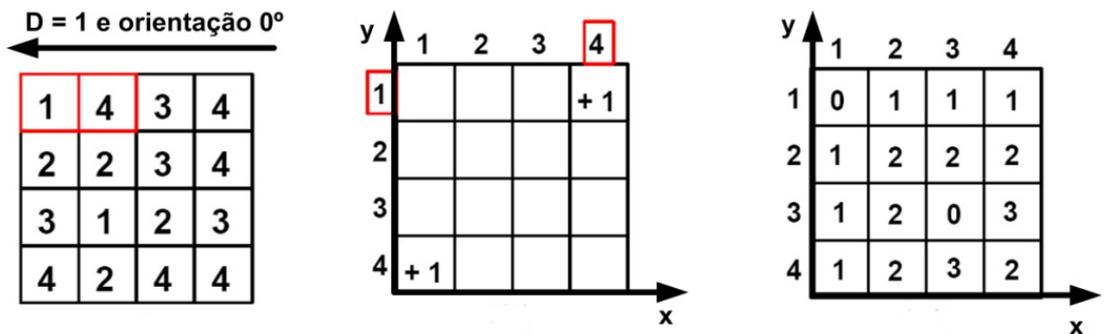
$$\Delta_V = \begin{bmatrix} -1 & -1 & -1 \\ 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 1 \end{bmatrix}. \quad (2.12)$$

2.3.2.1 Atributos Estatísticos de Textura

Um dos métodos de análise textural mais utilizados em recuperação de nódulos pulmonares foi proposto em (HARALICK; SHANMUGAM; DINSTEN, 1973), usando a análise estatística. Os descritores de textura estatísticos de Haralick et al. são classificados como de segunda ordem. Características de textura de segunda ordem ou matriz de coocorrência obtém informações sobre o posicionamento dos *pixels* (OLIVEIRA; CIRNE; AZEVEDO-MARQUES, 2007). A matriz de coocorrência é a representação da distribuição de probabilidade de ocorrência de pares de *pixels* com determinada intensidade e distância em uma direção. Em outras palavras, a matriz de coocorrência envolve a estimativa de uma função de probabilidade de segunda ordem discreta, que representa a probabilidade de ocorrência de um par de *pixels* com níveis de cinza i e j , dada uma distância d e uma orientação θ entre os *pixels* nas dimensões x e y , respectivamente.

O cálculo da matriz de coocorrência é ilustrado na Figura 9. Onde, por exemplo, se desejássemos obter o valor do índice [1,4] da matriz de coocorrência (Figura 9(c)) deveríamos realizar a contagem dos pares de pixels iguais a [1,4] na imagem (Figura 9(a)) que tenham distância entre os índices igual a 1 e orientação em 0° . O mesmo procedimento é realizado para as orientações de 45° , 90° e 135° e os seus respectivos ângulos simétricos (OLIVEIRA, 2006).

Figura 9: Exemplo do cálculo da matriz de coocorrência com orientação em 0° (incluindo 180°) e distância igual a 1.



(a) Representa uma imagem com 4 níveis de cinza onde os pares de *pixels* são analisados.

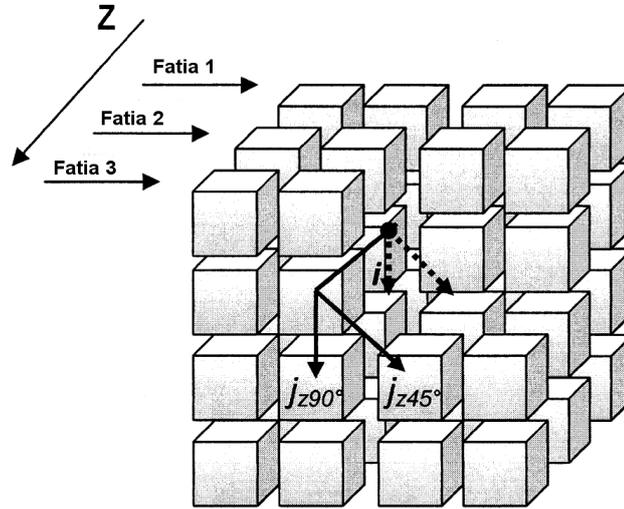
(b) Estágio incremental de ocorrência dos pares de *pixel* na orientação e distância estabelecida.

(c) Resultado final da matriz de coocorrência.

Fonte: Oliveira (2006).

O cálculo da matriz de coocorrência também pode ser realizado em um volume de imagens (Figura 10). A matriz de coocorrência 3D estende a avaliação da função de probabilidade para o eixo z , com o objetivo de examinar a probabilidade de ocorrência de pares de *pixels* entre fatias de um volume de imagens (GHONEIM et al., 2003).

Figura 10: Cálculo da matriz de coocorrência em um volume de imagens. Na figura, o volume compreende 3 imagens, as distâncias entre pares de *pixels* e entre fatias é igual a 1 e orientações angulares são 45° e 90°.



Fonte: Ghoneim et al. (2003).

Funções de segunda ordem são aplicadas na matriz de coocorrência produzindo os atributos de textura. Alguns dos atributos de textura propostos por Haralick et al. são:

$$\text{Energia} = \sum_i \sum_j C^2(i, j), \quad (2.13)$$

$$\text{Entropia} = - \sum_i \sum_j C(i, j) \log C(i, j), \quad (2.14)$$

$$\text{Momento da Diferença Inverso} = \sum_i \sum_j \frac{C(i, j)}{1 + (i - j)^2}, \quad (2.15)$$

$$\text{Contraste} = \sum_i \sum_j (i - j)^2 C(i, j), \quad (2.16)$$

$$\text{Variância} = \sum_i \sum_j (i - \mu)^2 C(i, j), \quad (2.17)$$

$$\text{Matiz} = \sum_i \sum_j (i + j - \mu_x - \mu_y)^3 C(i, j), \quad (2.18)$$

$$\text{Proeminência} = \sum_i \sum_j (i + j - \mu_x - \mu_y)^4 C(i, j), \quad (2.19)$$

$$\text{Correlação} = \sum_i \sum_j \frac{(i - \mu_x)(j - \mu_y)}{\sqrt{\sigma_x \sigma_y}} C(i, j), \quad (2.20)$$

$$\text{Homogeneidade} = \sum_i \sum_j \frac{C(i, j)}{1 + |i - j|}, \quad (2.21)$$

onde $C(i, j)$ são os elementos $[i, j]$ da matriz de coocorrência, μ_x , μ_y são as médias e σ_x e σ_y são os desvios padrões, obtidos segundo as equações abaixo:

$$C_x(i) = \sum_j C(i, j), \quad (2.22)$$

$$C_y(j) = \sum_i C(i, j), \quad (2.23)$$

$$\mu_x = \sum_i i C_x(i), \quad (2.24)$$

$$\mu_y = \sum_j j C_y(j), \quad (2.25)$$

$$\sigma_x = \sum_i (i - \mu_x)^2 \cdot \sum_j C(i, j), \quad (2.26)$$

$$\sigma_y = \sum_j (j - \mu_y)^2 \cdot \sum_i C(i, j). \quad (2.27)$$

Cada atributo de textura possui características intrínsecas. Energia mede a uniformidade da tonalidade dos *pixels* em toda região. Entropia mede o grau de dispersão de ocorrências de níveis de cinza em uma imagem. Momento da Diferença Inverso considera a concentração das ocorrências de níveis de cinza na diagonal da matriz de coocorrência. Contraste mede as variações de intensidade dos *pixels* e resulta em valores maiores quando existem grandes diferenças entre os níveis de cinza. Variância mede a dispersão dos níveis de cinza em relação à intensidade média da imagem. Matiz e Proeminência resultam em altos valores quando a imagem não é simétrica. Correlação calcula a dependência linear da tonalidade de níveis de cinza. Homogeneidade é o inverso do contraste e resulta em grandes valores para níveis de cinza similares (OLIVEIRA, 2006).

Alguns trabalhos utilizaram descritores de textura na recuperação de nódulos pulmonares. Lam et al. realizaram a recuperação de imagens bidimensionais dos nódulos

utilizando três classes diferentes de atributos de textura (LAM et al., 2007a; LAM et al., 2007b): atributos de Haralick et al., filtros de Gabor e características de Markov. Os filtros de Gabor apresentaram precisão média de 68% para os 10 casos mais similares recuperados. As características de Markov apresentaram 66% de precisão média, e os atributos estatísticos de Haralick et al. com 21% de precisão média. Oliveira e Ferreira realizaram uma análise de textura 3D dos nódulos pulmonares com atributos estatísticos de Haralick et al. e apresentaram precisão média de 74% na recuperação dos nódulos similares (OLIVEIRA; FERREIRA, 2013). Ng et al. extraíram características espaciais e hierárquicas de textura a partir de filtros de Gabor nas imagens de TC e conseguiram uma precisão média de 74% na recuperação dos nódulos similares (NG et al., 2014).

2.3.3 Atributos de Forma

O termo forma refere-se a informação que pode ser inferida da imagem e que não pode ser representada por cor e textura (AKGÜL et al., 2011). Representar ou definir formas de objetos contidos em uma imagem é uma tarefa bastante difícil porque depende da execução de algoritmos de segmentação de imagens (Apêndice A) para definir a região de interesse (SILVA, 2009).

Uma maneira de representar formas é através de características geométricas extraídas da imagem ou do objeto segmentado, e.g. bordas, contornos, junções, curvas e regiões poligonais (AKGÜL et al., 2011). Estas características são agrupadas em dois tipos de descritores de forma: contorno ou região. Nos descritores baseados no contorno, as características são obtidas analisando o contorno dos objetos. Enquanto que nos descritores baseados em região, as características são extraídas do interior de contornos fechados (OLIVEIRA, 2006).

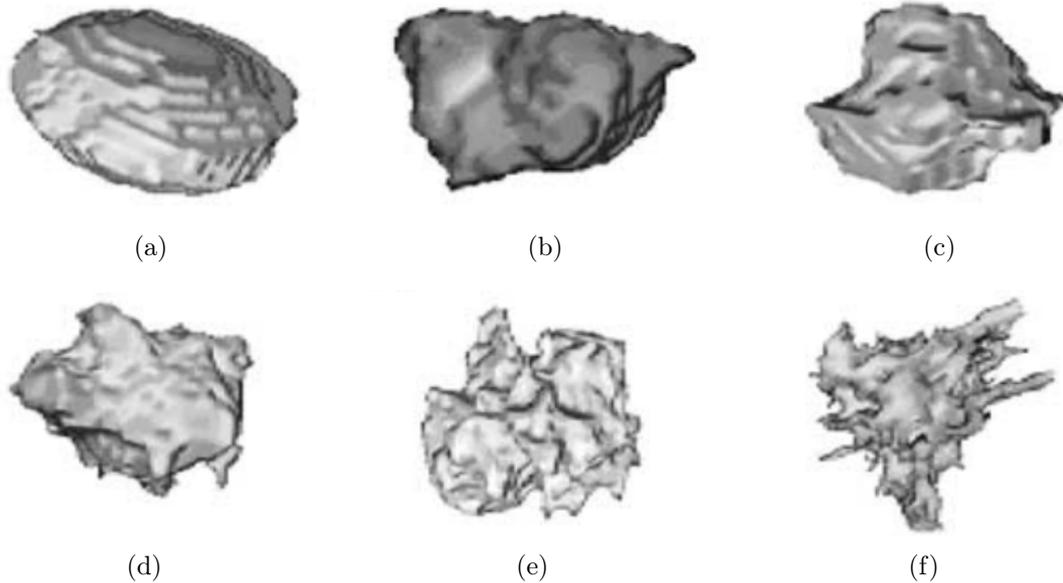
Uma outra maneira de se extrair características de forma é utilizando o chamado descritor de Fourier. Nesta abordagem, cada ponto pertencente ao contorno do objeto é transformado em um coeficiente no espaço da frequência. Este conjunto de coeficientes (ou parte dele) pode ser utilizado para representar o objeto original (SILVA, 2009).

Alguns atributos baseados na forma foram utilizados na caracterização de lesões radiológicas, como volume, área da superfície, esfericidade, convexidade, compacidade, solidez, extensão máxima, relação de aspecto e descritor de Fourier (MARVASTI et al., 2013). Atributos geométricos 3D foram extraídos de nódulos pulmonares (Figura 11) (SILVA; CARVALHO; GATTASS, 2005). Os atributos foram índice de esfericidade, índice de convexidade, índice de curvatura intrínseco e extrínseco e tipo de superfície.

2.3.3.1 Atributos de Nitidez de Borda

Descritores que medem a nitidez da borda de uma lesão radiológica também são categorizados como atributos de forma. Um atributo de nitidez de borda é importante para diferenciar lesões em termos de malignidade porque os nódulos malignos crescem em

Figura 11: Geometria em nódulos pulmonares. Figuras (a), (b) e (c) são nódulos benignos esféricos e apresentam forma bem definida. Figuras (d), (e) e (f) são nodulos malignos espiculados e apresentam forma irregular.



Fonte: Silva, Carvalho e Gattass (2005).

tecidos vizinhos (LEVMAN; MARTEL, 2011). Os primeiros atributos criados para quantificar a margem foram propostos em (GILHUIJS; GIGER; BICK, 1998), em imagens de Ressonância Magnética de mama. Os dois atributos de Gilhuijs et al. são baseados na média gradiente e variância gradiente da borda do nódulo. Estes atributos são listados nas Equações 2.28 e 2.29.

$$\text{Média de Gilhuijs} = \max_{i=0, \dots, M-1} \left\{ \frac{\text{mean}_r \|\nabla I_m(r)\|}{\text{mean}_r I_m(r)} \right\}, \quad (2.28)$$

$$\text{Variância de Gilhuijs} = \frac{\text{var}_r \|\nabla I_m(r)\|}{[\text{mean}_r I_m(r)]^2}, \quad (2.29)$$

onde $I_m(r)$ é a intensidade do sinal do *voxel*, e a amplitude do vetor r em $I_m(\cdot)$ está limitado a superfície do nódulo.

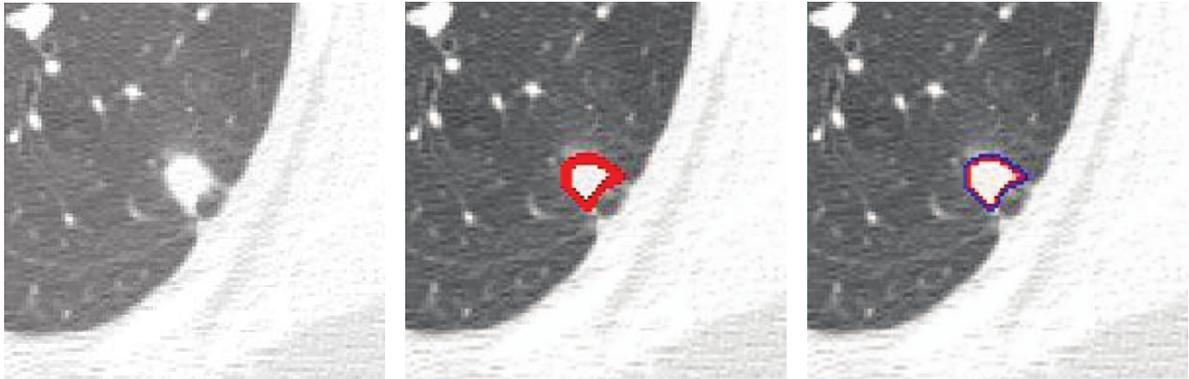
Levman e Martel também desenvolveram um método para quantificar a nitidez da borda de lesões radiológicas da mama (LEVMAN; MARTEL, 2011). Contudo, ao contrário do método de Gilhuijs et al., os *voxels* utilizados por Levman e Martel pertencem tanto ao interior do nódulo quanto ao extremos vizinhos externos a lesão (Figura 12). O atributo de Levman e Martel é definido na Equação 2.30.

$$\text{Atributo de Levman} = \frac{\overline{I(r_i)} - I(N(r_i))}{d}, \quad (2.30)$$

onde r_i representa os *voxels* pertencentes ao interior do nódulo, $I(r_i)$ é a intensidade do sinal do *voxel* localizado na posição r_i , $N(r_i)$ é o operador de vizinhança tridimensional

que fornece as posições dos *voxels* vizinhos a r_i que são externos ao nódulo, e d é o termo de normalização.

Figura 12: Regiões na borda do nódulo pulmonar onde são executados os atributos de Gilhuijs et al., e de Levman e Martel.



(a) Imagem de TC recortada con- tendo um nódulo pulmonar no centro.

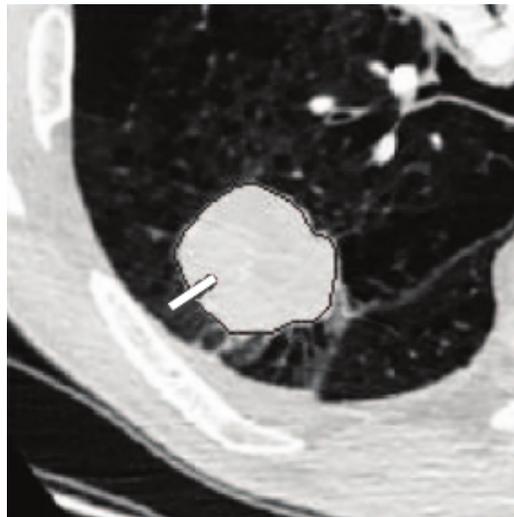
(b) Região marcada em vermelho onde é executado o atributo de Gilhuijs et al.

(c) Região marcada em azul onde é executado o atributo de Levman e Martel.

Fonte: Xu et al. (2012).

Xu et al. definiram a nitidez de borda de nódulos pulmonares em duas características (XU et al., 2012). A primeira mede a diferença de intensidade entre os *pixels* do tecido do pulmão e do tecido do nódulo. A segunda mede a transição de intensidade dos *pixels* sobre a borda do nódulo. As duas características são extraídas de uma função sigmóide aplicada em um vetor de intensidade formado pelos *pixels* presentes em linhas ortogonais traçadas automaticamente na borda do nódulo (Figura 13).

Figura 13: Linha ortogonal traçada sobre a borda do nódulo pulmonar.



Fonte: Xu et al. (2012).

Para cada linha L , o problema pode ser formulado de acordo com a Equação 2.31.

$$\arg \min_{S, W, x_o, L_o} \sum_x \left[L(x) - L_o - \frac{S}{1 + e^{-\frac{x-x_o}{W}}} \right], \quad (2.31)$$

onde x é a distância ao longo da normal, x_o é a intersecção entre o ponto na borda e a normal, $L(x)$ é a intensidade ao longo da normal em x , e L_o é a intensidade do *offset*.

Poucos trabalhos foram encontrados na literatura que caracterizem lesões pulmonares com atributos de nitidez de borda e apliquem esta caracterização na recuperação de nódulos similares. Xu et al. aplicaram três caracterizações de nitidez de borda sobre cada imagem do volume: a caracterização de Gilhuijs et al., a de Levman e Martel e a abordagem proposta no trabalho (XU et al., 2012). Os autores avaliaram os resultados da recuperação de nódulos com o índice NDCG (*normalized discounted cumulative gain*. NDCG serve para manipular múltiplos níveis de relevância, e.g. muito relevante, relevante, pouco relevante e não relevante (BARTH, 2013). Os índices NDCG da caracterização do método de Xu et al. foi 84%, de Levman e Martel foi 79% e de Gilhuijs et al. foi 78%. Ferreira e Oliveira extraíram atributos estatísticos das intensidades de *pixels* de linhas ortogonais sobre a borda dos nódulos nas imagens do volume e conseguiram 81% de precisão média para os 10 primeiros casos recuperados (FERREIRA JR; OLIVEIRA, 2015b).

2.4 Análise de Similaridade de Imagens

Nos sistemas de CBIR, métricas de distância podem ser utilizadas para quantificar a similaridade entre os vetores de características das imagens de uma base de dados e o vetor de característica da imagem de referência (KUMAR et al., 2013). A escolha da métrica de distância depende do tipo de imagem utilizada, dos descritores extraídos e de sua representação (AKGÜL et al., 2011). Técnicas de Inteligência Artificial também podem ser empregadas na análise de similaridade de imagens, e.g. *k-nearest neighbor* (*k-nn*) e *range-query*, porém elas não serão descritas neste trabalho.

As principais medidas de similaridade utilizadas em sistemas de CBIR pertencem a um conjunto de funções distância conhecido como Família de Distâncias Minkowski (SILVA, 2009). A família Minkowski é definida por uma função L_p entre dois vetores x e y de tamanho n , de acordo com a Equação 2.32.

$$L_p(x, y) = \sqrt[p]{\sum_{i=1}^n |x_i - y_i|^p}. \quad (2.32)$$

As distâncias pertencentes a família Minkowski são variantes da função L_p , de acordo com o valor atribuído a p . A função de distância L_1 , conhecida como *City Block* ou *Manhattan*, utiliza a soma das diferenças absolutas entre os vetores de características.

Alguns trabalhos utilizaram a distância Manhattan como métrica de similaridade de imagens (OLIVEIRA; FERREIRA, 2013; OLIVEIRA, 2006; PROCHAZKA; OLIVEIRA, 2012). A distância Manhattan (DM) entre dois vetores x e y de tamanho n está definida na Equação 2.33.

$$DM(x, y) = \sum_{i=1}^n |x_i - y_i|. \quad (2.33)$$

A função de distância L_2 , conhecida como Euclidiana, apresenta uma área de abrangência maior, comparada à L_1 (SILVA, 2009). A distância Euclidiana é o método mais tradicional empregado em CBIR. Alguns trabalhos que utilizaram esta métrica de similaridade foram (FERREIRA JR; OLIVEIRA; FREITAS, 2014; OLIVEIRA; CIRNE; AZEVEDO-MARQUES, 2007; SILVA et al., 2013; TRAINA et al., 2004). A distância Euclidiana (DE) entre dois vetores x e y de tamanho n está definida na Equação 2.34.

$$DE(x, y) = \sqrt{\sum_{i=1}^n (x_i - y_i)^2}. \quad (2.34)$$

2.5 Avaliação de Precisão em Recuperação de Imagens

A avaliação da performance de sistemas de imagens médicas não é uma tarefa trivial devido à subjetividade de imagens (SOUZA, 2012). Logo, o uso de métodos padronizados para avaliar a eficiência na CBIR é importante para se conseguir comparar a performance entre diferentes sistemas de recuperação de imagens.

Existem diversas formas de avaliar a performance de um sistema de CBIR. Os métodos mais comuns utilizados para avaliar a eficiência de um sistema de recuperação da informação são a Precisão e Revocação (MÜLLER et al., 2001). Precisão é a proporção de objetos recuperados que são relevantes para a consulta. Revocação indica a proporção de objetos relevantes na base de dados que foram recuperados ao responder uma consulta. As Equações 2.35 e 2.36 definem as medidas de Precisão e Revocação, respectivamente.

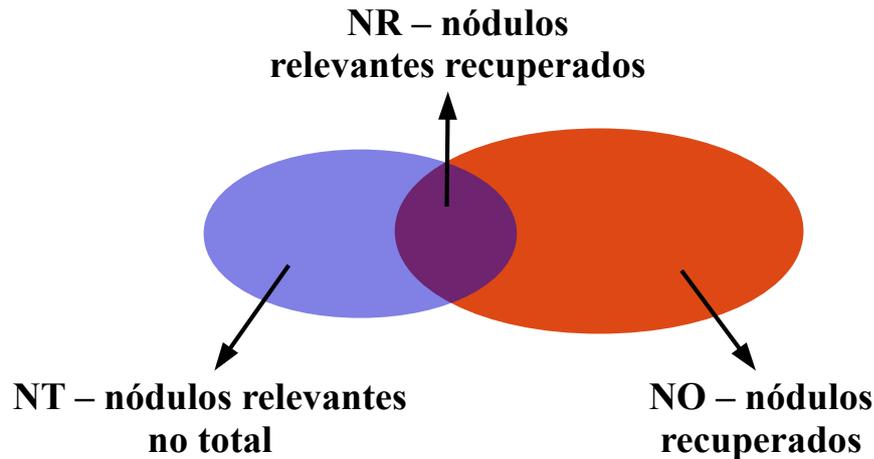
$$\text{Precisão} = \frac{NR}{NO}, \quad (2.35)$$

$$\text{Revocação} = \frac{NR}{NT}, \quad (2.36)$$

onde NR é o número de objetos relevantes recuperados, NO é o número de objetos recuperados e NT é o número de objetos relevantes no total da base de dados. Um objeto relevante é um objeto que pertence a uma classificação específica.

No escopo de recuperação de nódulos pulmonares, um nódulo relevante é um nódulo que pertence a uma classificação, por exemplo em termos de malignidade - maligno ou benigno (Figura 14).

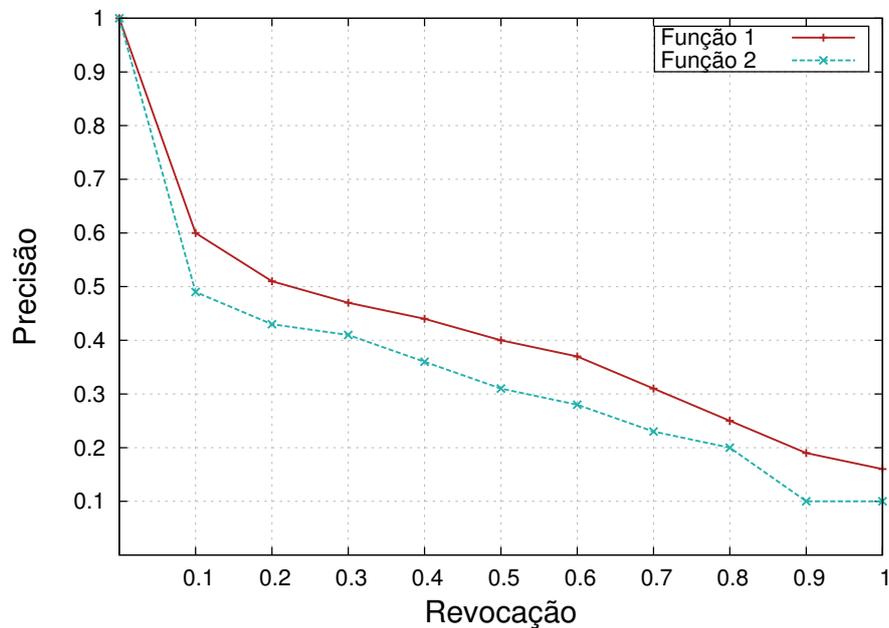
Figura 14: Representação da Precisão e Revocação na recuperação de nódulos pulmonares.



Fonte: Elaborada pelo autor.

Normalmente, as medidas de Precisão e Revocação são apresentadas como um gráfico *Precisão vs. Revocação* (Figura 15). Quanto mais próximo do topo do gráfico a função se encontra, maior precisão ela terá.

Figura 15: Exemplo de gráfico *Precisão vs. Revocação* para medir a performance de um sistema de CBIR. Na figura, a *Função 1* apresenta maior eficiência do que a *Função 2*.

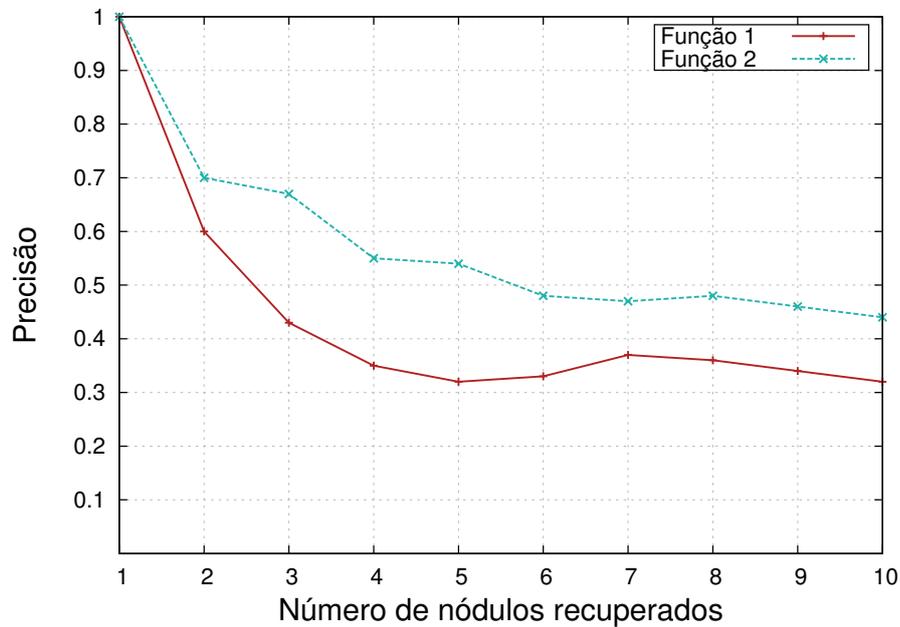


Fonte: Elaborada pelo autor.

A precisão de um sistema de CBIR também pode ser avaliada para os primeiros casos retornados. A técnica é conhecida como *Precisão(N)*, onde N é o número de casos retornados (Figura 16) (MÜLLER et al., 2001). A razão para avaliar a performance apenas nos primeiros casos retornados é que são os primeiros casos (mais similares) que podem ajudar o especialista no diagnóstico (MÜLLER et al., 2004). O cálculo da precisão para

os N primeiros casos mais similares retornados é realizado segundo o exemplo que segue: dadas duas classificações A e B , e um caso de referência classificado como A , se o primeiro caso retornado pertencer também à classificação A , logo a precisão para o primeiro caso é 100% (de acordo com a Equação 2.35, 1 objeto relevante retornado dividido por 1 objeto retornado). Se o segundo caso retornado pertencer à classificação B , logo a precisão para o segundo caso é 50% (1 objeto relevante retornado dividido por 2 objetos retornados). Se o terceiro caso retornado pertencer à classificação A , logo a precisão para o terceiro caso é 66,6% (2 objetos relevantes retornados dividido por 3 objetos retornados), e assim por diante, até que os N casos mais similares sejam retornados.

Figura 16: Exemplo de gráfico $Precisão(N)$, onde N é igual a 10. Na figura, a *Função 2* apresenta maior eficiência do que a *Função 1*.



Fonte: Elaborada pelo autor.

2.6 Eficiência em Tempo de Execução na Recuperação de Imagens

O custo computacional é um dos desafios da CBIR, caso ela seja aplicável ao processo diagnóstico de doenças (WOODS et al., 2007) (FERREIRA JR; OLIVEIRA; FREITAS, 2014). A eficiência no tempo de execução dos processos de extração de atributos de imagens e da análise de similaridade de imagens é importante para sistemas baseados em similaridade de casos (KUMAR et al., 2013).

Recuperação de imagens em grandes bases de dados utilizando técnicas automáticas de extração de atributos requer um tempo considerável de processamento. Cálculos volumétricos e temporais podem requerer muito mais recursos computacionais do que cálculos em imagens bidimensionais. Logo, sistemas de CBIR devem previamente obter os atributos e armazená-los em bancos de dados (OLIVEIRA, 2006).

Além disso, é importante prover suporte à computação paralela a fim de garantir tempos de resposta aceitáveis na análise de similaridade de imagens. A execução de todas as comparações usando apenas um computador (CPU) demanda muito mais tempo do que o aceitável para a rotina clínica (OLIVEIRA; CIRNE; AZEVEDO-MARQUES, 2007). Ademais, sistemas de CBIR aplicados à educação também devem garantir respostas rápidas ao usuário, pois caso contrário, o sistema irá atrapalhar o andamento da aula.

Logo, é necessário utilizar tecnologias que fazem uso de paralelismo, como as unidades de processamento gráfico (GPU - *Graphics Processing Unit*), grades computacionais, *clusters* e computação em nuvem, ou de métodos de indexação métrica, para garantir o alto desempenho na execução da recuperação de nódulos pulmonares similares.

3 COMPUTAÇÃO PARALELA EM MULTIPROCESSADORES

3.1 Processamento Paralelo e Arquiteturas de Multiprocessadores

O termo “computação heterogênea” tem sido empregado para designar o uso de diferentes arquiteturas em um mesmo dispositivo para se obter melhores desempenhos das aplicações que executarão neste dispositivo (STRINGHINI; GONÇALVES; GOLDMAN, 2012). Os ambientes computacionais heterogêneos atuais são compostos principalmente pelas unidades de processamento central (CPU - *Central Processing Unit*), processadores de sinais digitais (DSP - *Digital Signal Processing*), *hardware’s* reconfiguráveis (FPGA - *Field Programmable Gate Array*) e unidades de processamento gráfico (GPU - *Graphics Processing Unit*) (GASTER et al., 2012).

Para fazer uso do máximo poder computacional de um arquitetura heterogênea, é necessário aplicar o conceito de paralelismo. Uma aplicação é paralela quando pode ser dividida em uma ou várias unidades de execução, chamadas de *threads* ou tarefas, que executam simultaneamente em núcleos de processamento distintos. O objetivo desta divisão é que a aplicação terá um tempo menor de execução do que se executasse uma única grande tarefa (OLIVEIRA, 2006).

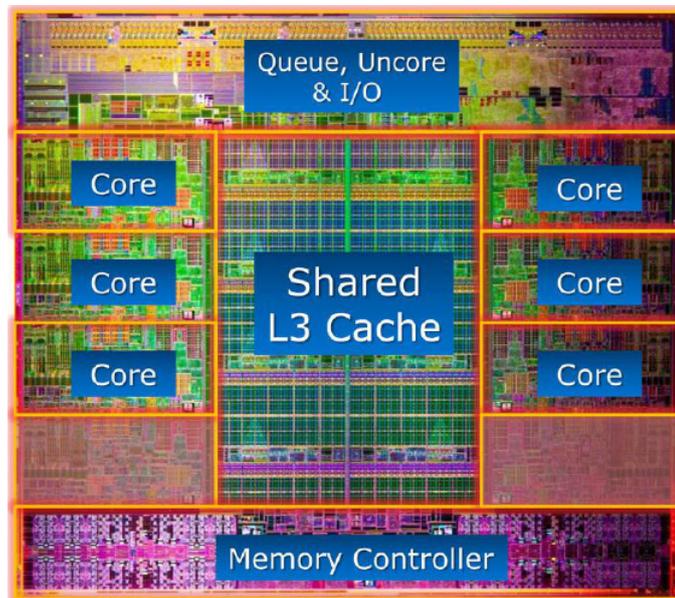
A exploração do processamento paralelo se dá através de dispositivos que não seguem o modelo de arquitetura *single-core*, visto que eles possuem apenas um núcleo de processamento (STRINGHINI; GONÇALVES; GOLDMAN, 2012). Logo, dispositivos *single-core* executam múltiplas funções de forma sequencial. Em outras palavras, para executar n tarefas em um dispositivo *single-core*, este dispositivo deve realizar a execução das n tarefas uma após a outra.

As *threads* em uma aplicação paralela devem ser executadas em diferentes núcleos de processamento, de modo que suas execuções ocorram em simultâneo. Dispositivos *multi-core* fazem uso de paralelismo para executar suas funções, devido a pluralidade no número de processadores (Figura 17). Logo, arquiteturas *multi-core* atingem melhores índices de desempenho do que arquiteturas *single-core* em aplicações paralelas.

Arquiteturas *many-core* diferem de arquiteturas *multi-core* pelo grande número de núcleos de processamento que as primeiras tem sobre as segundas. Enquanto a arquitetura *multi-core* é conhecida pelo reduzido número de processadores de seus dispositivos, e.g. *dual-core*, *quad-core*, *octa-core* etc, a arquitetura *many-core* possui centenas ou milhares de núcleos de processamento (Figura 18).

Existem duas abordagens de paralelismo para se alcançar o alto desempenho: paralelismo de dados e paralelismo de tarefa. Paralelismo de dados é a execução simultânea de uma mesma função sobre os elementos de um conjunto de dados. Paralelismo de tarefa é a execução simultânea de diferentes funções sobre um ou mais conjuntos de dados (LIU,

Figura 17: Arquitetura *multi-core* CPU Intel Core i7 3690X com 6 núcleos de processamento (ilustrados pelo componente *Core*).



Fonte: Ujaldon (2013).

Figura 18: Arquitetura *many-core* GPU Nvidia Kepler com 2880 núcleos de processamento (ilustrados na cor verde).



Fonte: Ujaldon (2013).

2013). Contudo, arquiteturas recentes, como a GPU Nvidia Kepler, são capazes de aplicar tanto o paralelismo de dados quanto de tarefa. Esta abordagem híbrida é chamada Paralelismo Dinâmico, onde uma *thread* pode realizar a chamada de outra *thread* com diferente função paralela (UJALDON, 2013).

3.2 Computação de Propósito Geral em Unidade de Processamento Gráfico

Apesar de sua natureza gráfica, a GPU desenvolveu-se e tornou-se um dispositivo com dezenas, centenas ou milhares de núcleos com maior poder de processamento paralelo do que a CPU (LIU, 2013). Este poder de processamento paralelo evoluiu e passou a atingir computações de propósito geral e não apenas do escopo gráfico. O paradigma de programação paralela realizado nas unidades de processamento gráfico é chamado de Computação de Propósito Geral em GPU (GPGPU - *General Purpose computing on Graphics Processing Unit*).

O modelo de programação padrão da GPU utiliza a abordagem de paralelismo de dados, onde milhares de *threads* executam simultaneamente nas centenas de núcleos presentes na GPU (STRINGHINI; GONÇALVES; GOLDMAN, 2012). GPUs são dispositivos paralelos que atuam em conjunto com as CPUs. Contudo, as GPUs possuem sua própria hierarquia de memória e os dados devem ser transferidos através de um barramento entre GPU e CPU. Existem arquiteturas mais recentes que conseguem integrar GPU e CPU em um mesmo barramento, e.g. AMD APU (*Accelerated Processing Unit*), Intel HD Graphics e Nvidia Denver Project, porém elas não são abordadas neste trabalho.

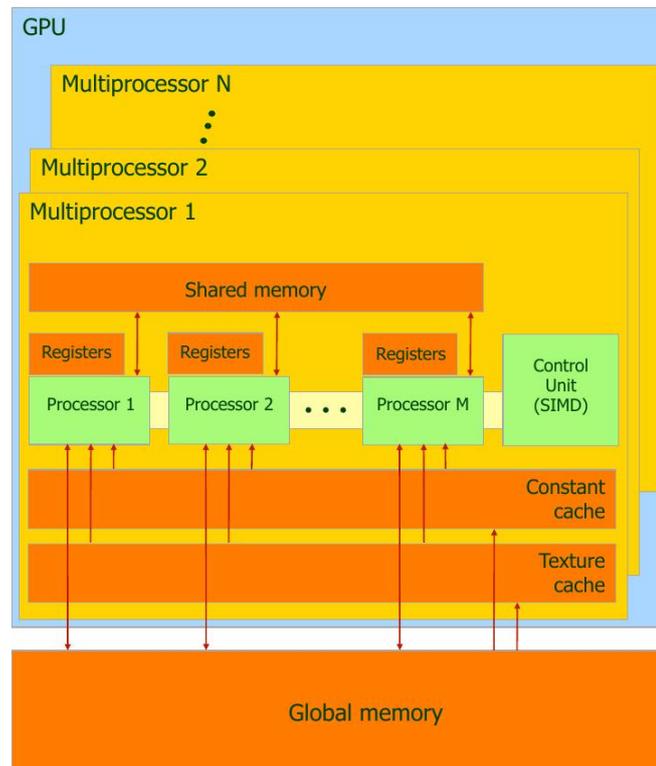
Uma GPU é constituída por um conjunto de multiprocessadores (*multiprocessors*), onde cada multiprocessador possui um conjunto de processadores (*processors*) e uma memória compartilhada (*shared memory*). Apenas processadores de um mesmo multiprocessador podem acessar sua memória compartilhada, sendo impossível que processadores de diferentes multiprocessadores possam se comunicar através da memória compartilhada (UJALDON, 2013). Outra característica é que todos os processadores de todos os multiprocessadores tem acesso a uma memória global (*global memory*) (Figura 19).

Uma das vantagens da GPU em relação a CPU é que a primeira possui um número alto de *threads*, decorrente do grande número de processadores, o que favorece o alto desempenho na execução das funções paralelas. Dado o alto número de *threads*, há a diminuição da longa latência no acesso à memória, o que minimiza a lógica de controle requerido por cada *thread*. Contudo, a CPU provê grandes memórias temporárias do tipo *cache* afim de reduzir a latência no acesso aos dados das aplicações (LIU, 2013). Logo, a CPU possui um pequeno número de processadores e grande memória *cache*, o que favorece a execução sequencial de tarefas. Por outro lado, a GPU possui um grande número de processadores, estes divididos em multiprocessadores, onde cada multiprocessador possui uma pequena memória *cache*, para favorecer a execução paralela das funções (Figura 20).

Um sistema paralelo desenvolvido para GPU, seguindo o modelo padrão de GPGPU, necessita executar o seguinte fluxo de processamento (Figura 21):

1. Transferência de dados CPU-GPU: há a cópia dos dados de entrada da memória RAM da CPU (representada pelo componente *Main Memory* na Figura 21) para a memória global da GPU (*GPU Memory*) através de um barramento (*PCI express*);

Figura 19: Hierarquia de memória de uma GPU.



Fonte: Ujaldon (2013).

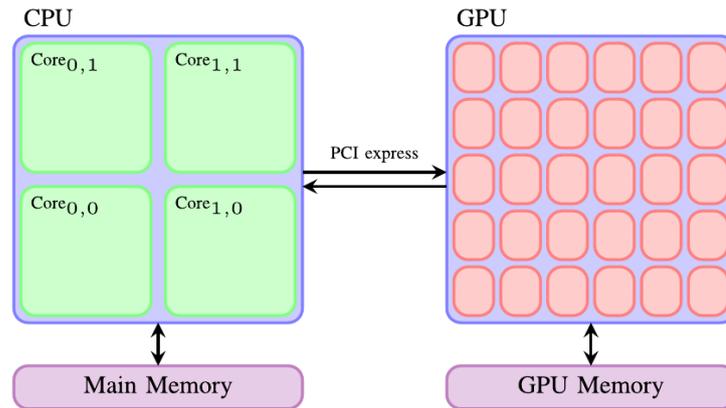
Figura 20: Arquitetura de uma CPU (à esquerda) e uma GPU (à direita).



Fonte: Kirk e Wen-meí (2010).

2. Transferência e execução da função paralela: transferência da função paralela para os processadores da GPU e execução das *threads* com os dados de entrada transferidos anteriormente;
3. Transferência de dados GPU-CPU: após a execução de todas as *threads*, há a transferência dos dados de saída (resultados) da memória global da GPU para a memória RAM da CPU.

Figura 21: GPU em combinação com uma CPU.



Fonte: Brodtkorb et al. (2010).

As principais plataformas de programação para GPU são CUDA (*Compute Unified Device Architecture*), OpenACC (*Open Accelerators*) e OpenCL (*Open Computing Language*). Enquanto CUDA pode ser utilizada apenas em GPUs da fabricante Nvidia, os padrões abertos OpenACC e OpenCL atingem diversos modelos e fabricantes tanto de GPUs quanto de CPUs. Contudo, o OpenACC faz uso apenas de diretivas (chamadas) de programação, que são de fácil implementação. Porém, o programador não possui total controle sobre as funções e há perda de performance. Já o OpenCL pode ser utilizado em uma vasta gama de dispositivos de computação paralela, através de diferentes ambientes de desenvolvimento, e.g. *frameworks*, bibliotecas ou diretivas. Além disso, ele possui uma grande comunidade de desenvolvimento, material, etc, que a torna uma das plataformas paralelas mais utilizadas. Porém, um dos seus principais problemas é manter o alto desempenho enquanto preserva a portabilidade entre os diferentes dispositivos.

3.3 Linguagem de Computação Aberta

Nos últimos anos, diversos processadores *multi-core* e *many-core* foram criados, e vários métodos de desenvolvimento foram propostos. Diante disso, programadores tiveram que aprender uma nova linguagem para cada nova arquitetura criada. Logo, este fato causou uma grande necessidade de criar uma linguagem capaz de lidar com diversas arquiteturas e métodos de programação (TSUCHIYAMA et al., 2010). Com isso, o grupo Khronos desenvolveu a Linguagem de Computação Aberta (OpenCL - *Open Computing Language*), com o objetivo de facilitar a programação heterogênea e permitir a interação entre os vários dispositivos de computação paralela.

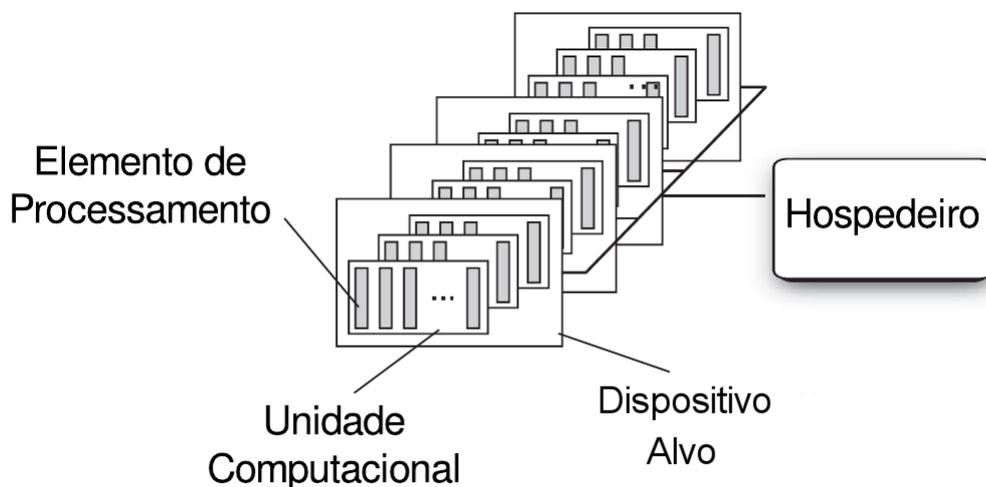
O OpenCL é um *framework* para o desenvolvimento de aplicações paralelas em sistemas heterogêneos. Ele foi criado como uma especificação padrão para a computação paralela para suportar os diversos níveis de paralelismo. A sua principal habilidade é mapear eficientemente sistemas homogêneos e heterogêneos, dispositivos *single-* e *multiple-core*, arquiteturas e fabricantes diversos, em um único sistema de computação paralela.

A especificação abstrata realizada pelo OpenCL pode ser traduzida em quatro modelos fundamentais:

1. Modelo de Plataforma: descreve os dispositivos que compõem o sistema;
2. Modelo de Execução: representa os elementos do programa paralelo a serem executados na plataforma computacional;
3. Modelo de Memória: define a hierarquia de memória usada pelo sistema, independente das arquiteturas dos dispositivos;
4. Modelo de Programação: define como o paralelismo é aplicado de acordo com os modelos anteriores.

O modelo de plataforma provê uma abstração de *hardware* para que os dispositivos executem o *kernel*. O *kernel* é a função executada paralelamente em um dispositivo OpenCL. O modelo de plataforma é composto por um hospedeiro e um ou mais dispositivos alvo (Figura 22). O hospedeiro é conectado aos dispositivos e é responsável pela inicialização e envio dos *kernels* para a execução nestes mesmos dispositivos. Geralmente o hospedeiro é uma CPU. Um dispositivo possui uma ou mais Unidades Computacionais (UC), que correspondem ao processador na CPU e ao multiprocessador na GPU, por exemplo. Uma UC é composta por um conjunto de Elementos de Processamento (EP), que correspondem aos processadores da GPU (KIRK; WEN-MEI, 2010).

Figura 22: Modelo de Plataforma do OpenCL.



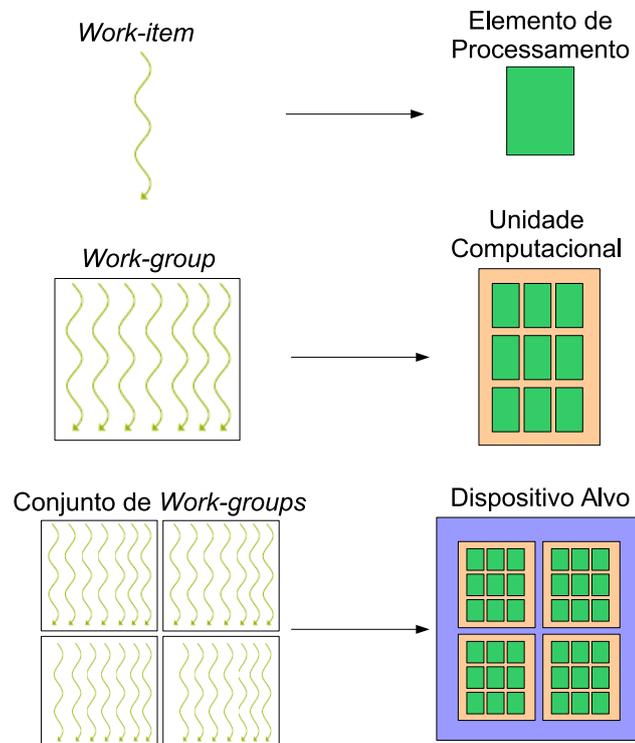
Fonte: Tsuchiyama et al. (2010).

O modelo de execução baseia-se nos elementos *work-item* e *work-group*. *Work-item* é uma instância do *kernel* em execução. Um *work-item* é equivalente ao conceito de *thread* da programação paralela. De acordo com o modelo de plataforma, *work-items* são executados em EPs (GASTER et al., 2012). *Work-items* possuem identificadores local

(dentro de uma UC) e global (entre todas as UCs) em um domínio de índices. Desta forma, um *work-item* pode ser identificado tanto por um Elemento de Processamento quanto por uma Unidade Computacional.

Work-items são organizados em *work-groups*, que por sua vez, são executados em UCs (Figura 23). *Work-groups* oferecem uma maneira de estabelecer granularidades diferentes aos grupos de *work-items*, o que normalmente facilita a divisão de trabalho e a sincronização (STRINGHINI; GONÇALVES; GOLDMAN, 2012). Múltiplos *work-groups* podem ser alocados numa mesma UC, porém eles são dispostos em uma fila de execução. *Work-items* de um mesmo *work-group* podem se comunicar eficientemente e sincronizar, devido aos recursos compartilhados presentes na Unidade Computacional.

Figura 23: Mapeamento dos elementos do modelo de execução (à esquerda) ao do modelo de plataforma (à direita) do OpenCL.

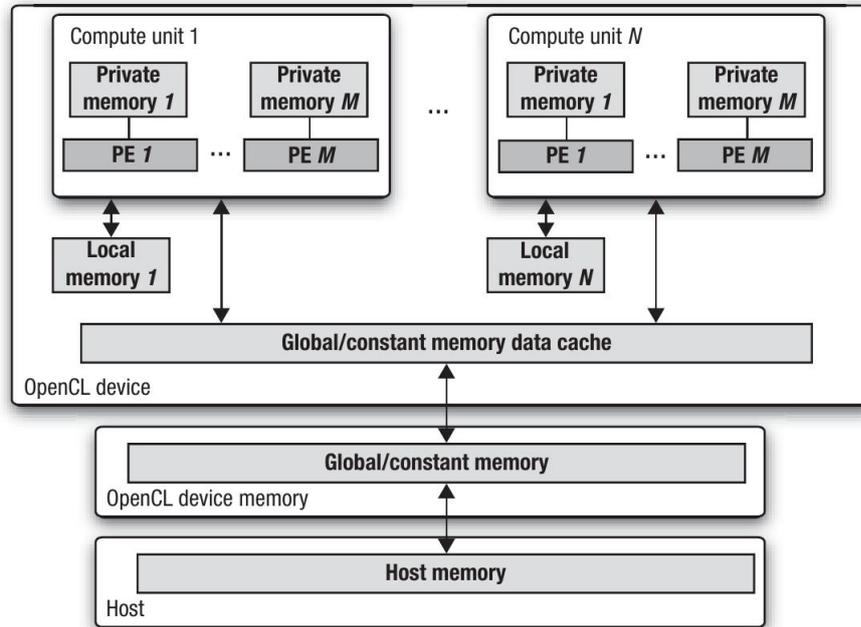


Fonte: Elaborada pelo autor.

O modelo de memória estabelece a hierarquia de memória presente no dispositivo que executa o *kernel*. O modelo de memória define quatro regiões diferentes (Figura 24): privada (*private memory*), local (*local memory*), constante (*constant memory*) e global (*global memory*). A memória privada é reservada ao Elemento de Processamento. Dados armazenados na memória privada são visíveis apenas ao *work-item* em execução. A memória local pode ser acessada por todos os EPs de uma mesma Unidade Computacional. A memória local é equivalente a memória compartilhada da GPU. A memória constante é reservada ao acesso somente leitura dos *work-items*. A memória global é o espaço reservado ao acesso de todos os EPs e UCs do dispositivo. A memória global é equivalente a

memória RAM de uma CPU e a memória homônima da GPU. A memória global é usada para a conexão entre a memória do hospedeiro e o dispositivo.

Figura 24: Modelo de Memória do OpenCL.



Fonte: Tsuchiyama et al. (2010).

O modelo de programação descreve as abordagens possíveis de paralelismo para um código em OpenCL. Os *kernels* podem ser executados nas três abordagens de paralelismo (Seção 3.1). No paralelismo de dados são instanciados múltiplos *work-items* para a execução do *kernel*. No paralelismo de tarefas, um único *work-item* é instanciado para a execução do *kernel*. Isto permite a execução de múltiplos *kernels* diferentes sobre um mesmo conjunto de dados, ou sobre conjuntos de dados distintos (SILVEIRA; SILVEIRA JR; CAVALHEIRO, 2010). O paralelismo dinâmico também permite a execução de diferentes *kernels* em um mesmo *work-item*.

3.4 Avaliação de Desempenho em Arquiteturas Paralelas

É esperado que multiprocessadores apresentem maior desempenho do que processadores únicos em aplicações paralelas. Normalmente, a melhor forma de conseguir o melhor desempenho de uma aplicação é dividir a carga de trabalho igualmente entre os núcleos, sem adicionar trabalho extra a eles (PACHECO, 2011). Nestes casos, o tempo de execução paralela da aplicação utilizando p processadores, *threads*, *work-items* ou processos é p vezes mais rápido que a execução sequencial, ou em outras palavras:

$$T_p = \frac{T_s}{p}, \quad (3.1)$$

onde T_p é o tempo da execução paralela e T_s é o tempo da execução sequencial. Nestes casos, o programa paralelo possui ganho de desempenho (*speedup*) linear.

Contudo, o *speedup* linear é muito difícil de se conseguir devido ao problema do *overhead*. Por exemplo, a execução de *kernels* em GPU gera *overhead* porque há a transferência dos dados da memória da CPU para GPU e vice-versa (Seção 3.2). Desta forma, o tempo de execução da aplicação paralela em GPU não será de acordo com o da Equação 3.1, devido ao acréscimo do tempo de transferência dos dados.

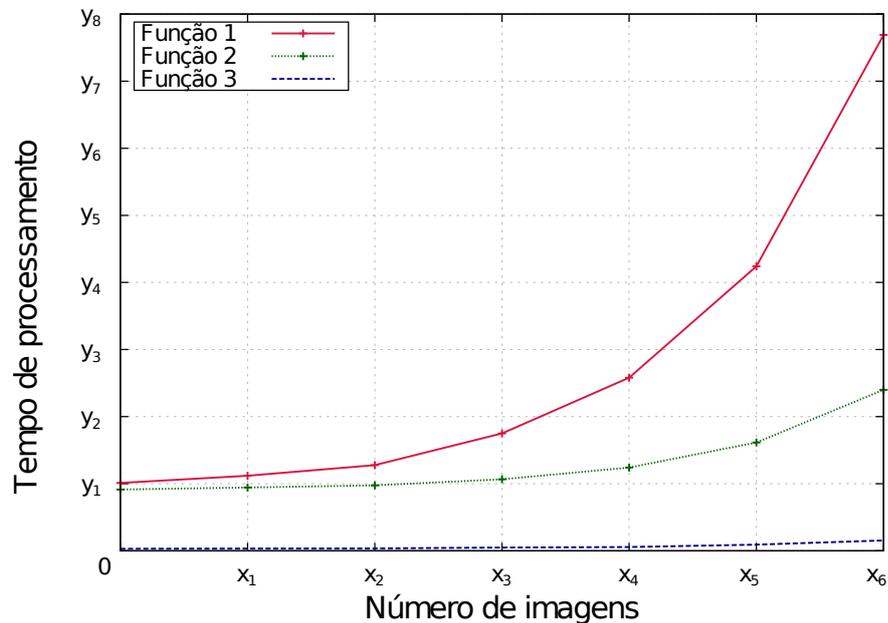
Logo, o ganho de desempenho de uma aplicação paralela em relação a sua execução sequencial pode ser medido pela métrica *Speedup* (PACHECO, 2011):

$$Speedup = \frac{T_s}{T_p}, \quad (3.2)$$

onde T_s é o tempo da execução sequencial e T_p é o tempo da execução paralela.

Para visualizar o aumento de performance que as soluções paralelas trazem ao problema do baixo desempenho dos algoritmos sequenciais, é utilizado um gráfico do aumento no tempo de execução em função do aumento da carga de trabalho. No contexto de recuperação de imagens similares, a carga de trabalho é o aumento no número de imagens a serem comparadas (Figura 25).

Figura 25: Exemplo de gráfico *Tempo de processamento vs. Número de imagens*. *Função 1* e *Função 3* apresentam o pior e o melhor desempenhos entre as três funções, respectivamente.



Fonte: Elaborada pelo autor.

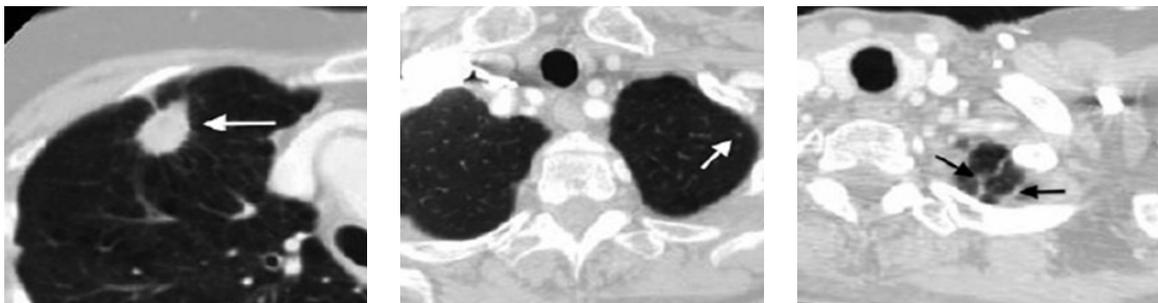
4 MATERIAIS E MÉTODOS

4.1 Banco de Imagens de Nódulos Pulmonares

As imagens utilizadas neste trabalho foram de TC de tórax no padrão DICOM (*Digital Imaging and Communications in Medicine*) provenientes do projeto público LIDC (*Lung Image Database Consortium*) (ARMATO III et al., 2011). As lesões em cada imagem do LIDC foram identificadas e marcadas por 4 radiologistas experientes, em um processo de interpretação de imagens que requisitou dos especialistas a leitura dos exames de TC e marcação das lesões utilizando uma interface gráfica. As lesões foram classificadas pelos especialistas em três categorias (Figura 26):

- Nódulos ≥ 3 mm: lesões que possuem tamanho entre 3 e 30 milímetros, classificadas independente de histologia. Assim, os nódulos podem ser câncer de pulmão primário, metástase, processo não cancerígeno ou de natureza indeterminada;
- Nódulos < 3 mm: lesões que possuem tamanho menor que 3 milímetros e não são claramente benignos ou malignos;
- Não-nódulos ≥ 3 mm: lesões que possuem tamanho maior que 3 milímetros e não possuem características consistentes de um nódulo pulmonar. Não-nódulos < 3 mm foram desconsiderados.

Figura 26: Exemplo de lesões (apontadas pelas setas) de acordo com as categorias do LIDC.



(a) Nódulo ≥ 3 mm.

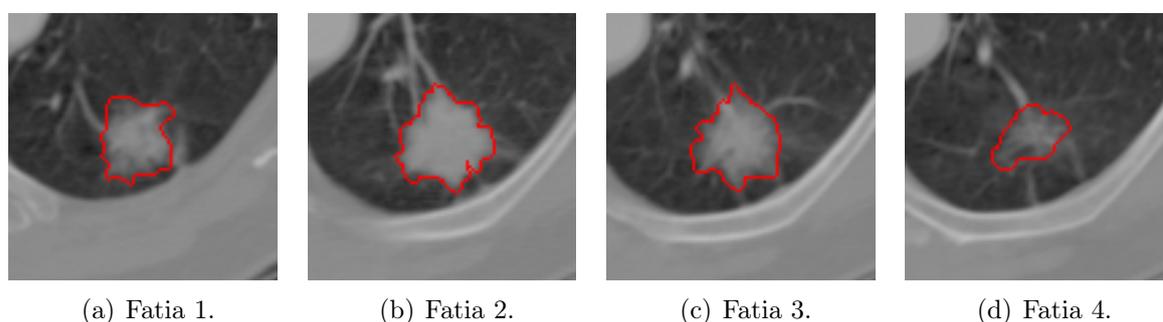
(b) Nódulo < 3 mm.

(c) Não-nódulo ≥ 3 mm.

Fonte: Armato III et al. (2011).

Nódulos ≥ 3 mm foram marcados manualmente pelos radiologistas em cada fatia do volume (Figura 27). Esta marcação corresponde ao primeiro *pixel* externo à lesão, não sobrepondo a borda do nódulo. Nódulos < 3 mm e não-nódulos ≥ 3 mm tiveram apenas o centro de massa tridimensional marcado.

Figura 27: Exemplo de nódulo pulmonar com tamanho entre 3 e 30 milímetros, em um volume de 4 fatias, com as marcações do radiologista do LIDC em vermelho.



Fonte: Elaborada pelo autor.

Além da identificação e marcação das regiões de interesse (ROI - *Region of Interest*), os nódulos ≥ 3 mm também foram classificados pelos especialistas segundo as características subjetivas de calcificação, estrutura interna, lobulação, margem, esfericidade, espiculação, sutileza, textura e probabilidade de malignidade. Para esta última característica, os radiologistas atribuíram um valor inteiro de 1 a 5 para cada nódulo, de acordo com as seguintes condições:

- Malignidade 1: probabilidade alta para ser benigno;
- Malignidade 2: probabilidade moderada para ser benigno;
- Malignidade 3: probabilidade indeterminada;
- Malignidade 4: probabilidade moderada para ser maligno;
- Malignidade 5: probabilidade alta para ser maligno.

Todas as informações de cada exame do LIDC foram armazenadas em um arquivo XML (*eXtensible Markup Language*), que descreve as ROIs dos nódulos identificados, com as posições cartesianas (x, y) traçadas manualmente pelos especialistas, as classificações das lesões de acordo com as três categorias do LIDC, as nove classificações subjetivas dos nódulos ≥ 3 mm e as informações do exame de TC. O Apêndice B apresenta em detalhes o arquivo XML referente a um exame do LIDC.

Como a coleção de imagens do LIDC não está organizada em um esquema de banco de dados (BD), foi realizada a conversão dos dados contidos no arquivo XML em um BD. Nesta base, também foram inseridas as imagens de TC dos nódulos para facilitar o acesso às informações. As leituras de 3 radiologistas de cada exame do LIDC foram descartadas, com o objetivo de evitar repetição de um mesmo nódulo na recuperação dos casos similares. Apenas a leitura do radiologista que identificou mais nódulos ≥ 3 mm foi armazenada no BD. Após a implementação do banco de dados, as informações do nódulo e do exame, as marcações e classificações feitas pelo radiologista, e as imagens de TC do LIDC, foram armazenadas em um único banco de nódulos pulmonares.

Foi utilizada uma abordagem NoSQL (*Not only Structured Query Language*) ou Não-Relacional para o esquema de BD para facilitar a manutenção e evolução da base no futuro. NoSQL é um termo utilizado para bancos de dados que não seguem os princípios estabelecidos pelos populares SGBD (Sistema de Gerenciamento de Banco de Dados) relacionais. Ele representa uma coleção de diversos (e às vezes relacionados) conceitos sobre armazenamento e manipulação de dados (TIWARI, 2011). A abordagem NoSQL utilizada no trabalho foi orientada a documentos, devido à sua consolidação como a estrutura de dados não-relacional mais robusta e por possuir um esquema mais adequado ao armazenamento das informações do XML do LIDC (STRAUCH; SITES; KRIHA, 2011). O SGBD (Sistema de Gerenciamento de Banco de Dados) utilizado foi o MongoDB v2.4.6, devido ao grande poder de processamento paralelo, alta performance na recuperação dos dados do banco, grande escalabilidade em instâncias de BDs e por possuir a especificação GridFS, necessária para armazenar as imagens no banco desenvolvido (TIWARI, 2011).

O banco de nódulos pulmonares foi disponibilizado publicamente com o objetivo de promover a pesquisa reprodutível e auxiliar no desenvolvimento, treinamento e avaliação de ferramentas de auxílio computadorizado ao diagnóstico do câncer de pulmão e na pesquisa em detecção e classificação de nódulos pulmonares (FERREIRA JR; OLIVEIRA, 2014; FERREIRA JR; OLIVEIRA, 2015a). Duas versões do BD foram disponibilizadas: uma para acesso local e outra para acesso remoto em uma nuvem pública.

Para o acesso local, foi realizada a operação *dump* do MongoDB, onde vários arquivos de *backup* foram criados. Estes arquivos estão disponíveis no endereço <http://bit.ly/1NISgs9> (verificado em 04/04/2015). Para fazer uso do banco, basta realizar a operação *restore* do MongoDB (FERREIRA JR; OLIVEIRA, 2014).

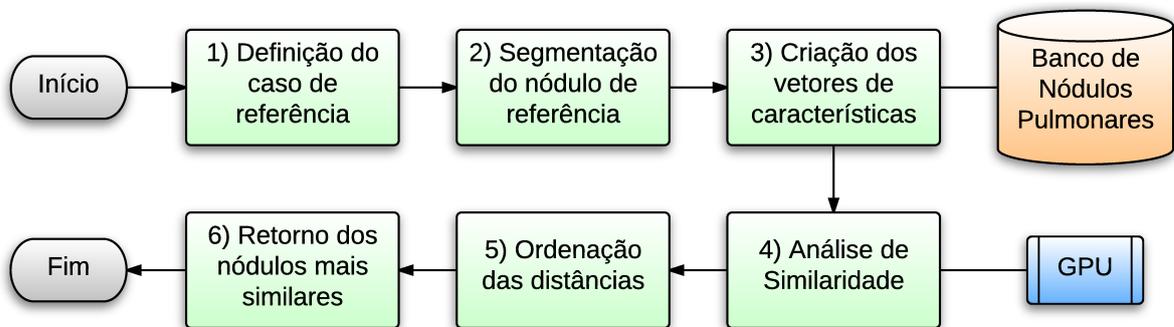
Para o acesso remoto, o BD foi implantado em uma infraestrutura de computação em nuvem para garantir a disponibilidade dos dados. A plataforma utilizada para armazenar o BD foi a Morpheus (disponível em www.gomorpheus.com/public-cloud, verificado em 08/04/2015), um serviço de banco de dados em nuvem que permite aos usuários o desenvolvimento, armazenamento e compartilhamento de BDs em MongoDB. A leitura dos dados pode ser feito pelo MongoDB Shell, API ou por uma ferramenta de gerenciamento de bancos de dados em MongoDB. As configurações para acesso ao banco são (verificado em 04/04/2015): *readonly* é o nome do usuário com privilégios de somente-leitura, *gH@h6NL38V* é a senha do usuário, *162.252.108.127* é o IP, *12279* é a porta, e *publicDB* é o nome da base de dados (FERREIRA JR; OLIVEIRA, 2015a).

4.2 Algoritmo de CBIR de Nódulos Pulmonares

O algoritmo de recuperação de casos similares de nódulos pulmonares proposto no trabalho possui 6 passos (Figura 28). No primeiro passo é definido um exame de TC de tórax com diagnóstico desconhecido como caso de referência. No segundo passo, o nódulo pulmonar presente no exame de TC deve ser segmentado manualmente por um

especialista em cada fatia do volume ou automaticamente por um algoritmo de segmentação de nódulos pulmonares. No terceiro passo são criados os vetores de características com os atributos do nódulo de referência segmentado no passo anterior e dos nódulos armazenados no banco. No quarto passo do algoritmo ocorre a análise de similaridade entre os nódulos, ou seja, a execução de uma medida de distância entre os vetores de características do nódulo de referência e dos nódulos do banco. A medida de distância deve ser executada em uma GPU para otimizar o processo de comparação dos vetores de características. No quinto passo é executada a ordenação dos valores de distância. Por último, o sexto passo retorna os nódulos pulmonares mais similares para o usuário.

Figura 28: Fluxograma do algoritmo proposto de recuperação de nódulos pulmonares similares otimizado por GPU.

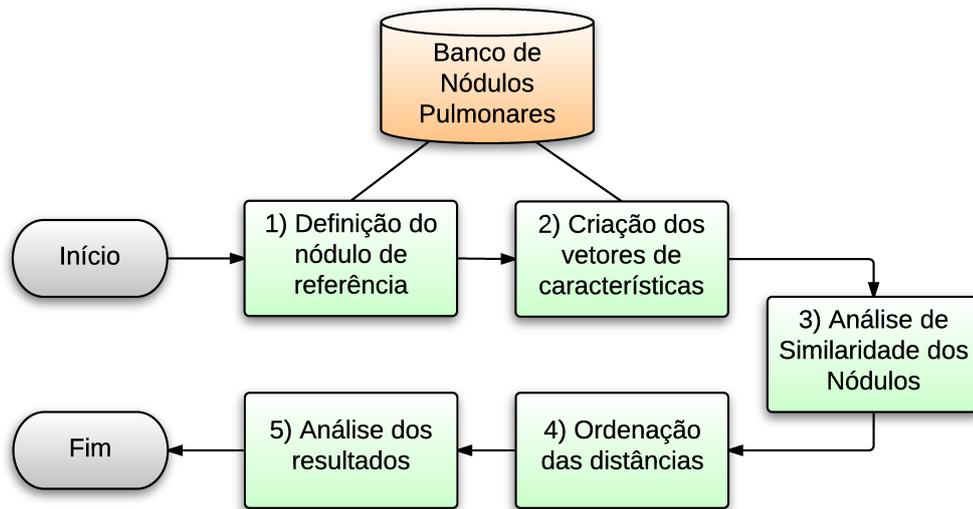


Fonte: Elaborada pelo autor.

Para validar o algoritmo proposto, a seguinte implementação foi realizada (Figura 29): primeiro foi escolhido o nódulo de referência aleatoriamente entre todos os nódulos pulmonares do banco. O caso de referência foi definido do próprio banco de nódulos por já ter sido marcado manualmente por um especialista. Atributos de imagens foram previamente extraídos de todos os casos e armazenados no banco de nódulos pulmonares desenvolvido. Desta forma, não foi necessário realizar a extração dos atributos a cada execução do algoritmo de CBIR. Após a definição do caso de referência, três vetores de características de imagem foram criados. O primeiro vetor contém Atributos de Textura (AT), provenientes da Análise de Textura 3D (Seção 4.3), e possui 36 dimensões. O segundo vetor contém os Atributos de Nitidez de Borda (ANB), provenientes da Análise de Nitidez de Borda 3D (Seção 4.4), e possui 12 dimensões. O terceiro vetor de características contém os Atributos Integrados (AI), que compreende os atributos de textura e nitidez de borda concatenados e possui 48 dimensões. A Análise de Textura 3D foi empregada por ser uma técnica tradicional em sistemas de CBIR. A Análise de Nitidez de Borda 3D foi utilizada por ter grande potencial em caracterizar nódulos segundo a malignidade (LEVMAN; MARTEL, 2011). A concatenação dos AT e ANB foi aplicada porque, idealmente, descritores de imagens devem ser integrados para oferecer uma melhor caracterização no processo de comparação (TRAINA et al., 2004). A métrica de similaridade empregada entre os vetores de características dos nódulos foi a distância Euclidiana (Equação 2.34), por ser

largamente utilizada em sistemas de CBIR. Dessa forma, após a ordenação crescente dos valores de distância, os primeiros casos foram sempre os mais similares por possuir menor distância Euclidiana. Por último ocorreu a análise dos resultados da avaliação da precisão e desempenho do algoritmo de CBIR (Seções 4.5 e 4.6, respectivamente).

Figura 29: Fluxograma da implementação do algoritmo de CBIR de nódulos pulmonares.



Fonte: Elaborada pelo autor.

O banco de nódulos pulmonares desenvolvido possui 752 exames e 1.944 nódulos pulmonares nas 5 classificações de probabilidade de malignidade (Seção 4.1). Contudo, nódulos com probabilidade no valor 3 foram descartados por possuírem probabilidade de malignidade indeterminada. Para este trabalho, nódulos com probabilidade de malignidade 1 e 2 foram considerados benignos, e nódulos com probabilidade de malignidade 4 e 5 foram considerados malignos (Tabela 2).

Tabela 2: Número de nódulos utilizados no trabalho por probabilidade de malignidade.

Classificação do Nódulo	Benigno		Maligno	
	1	2	4	5
Probabilidade de Malignidade	1	2	4	5
Número de Nódulos	273	472	266	160
Soma no Número de Nódulos	745		426	
Total	1.171			

Fonte: Elaborada pelo autor.

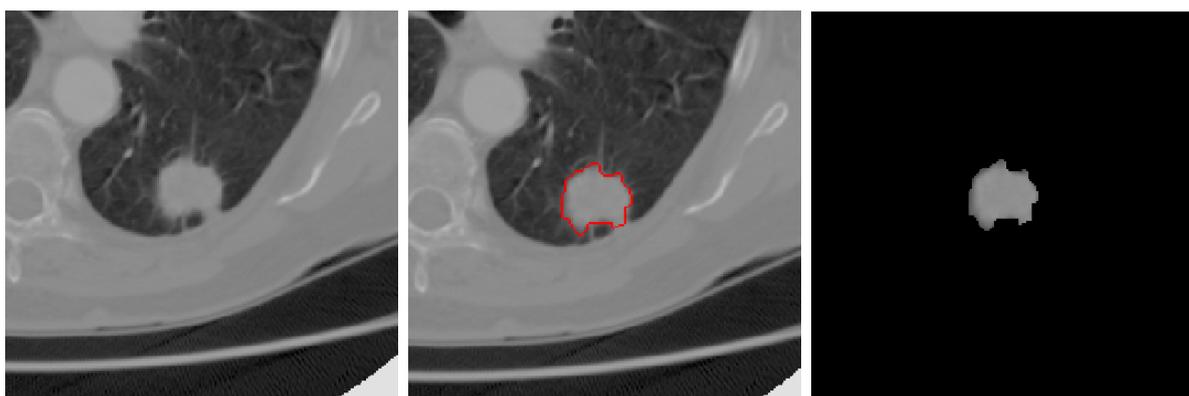
Os dispositivos multiprocessadores utilizados nos experimentos foram uma GPU Nvidia GeForce GT 640 com 954 Mhz, 1 Gb de memória global e 384 núcleos de processamento, e uma CPU Intel Core i5-3350P com 3.10 GHz, 8 Gb de memória RAM e 4 núcleos de processamento. O ambiente de desenvolvimento para ambos os dispositivos foi um sistema operacional Linux Ubuntu v13.04 e linguagem de programação Java v1.8. A plataforma de desenvolvimento paralelo foi o OpenCL v1.2 para garantir a portabilidade de código-fonte entre as diferentes arquiteturas (Seção 3.3), com *binding* para a

linguagem Java, jOCL v0.1.9. A biblioteca gráfica utilizada nos algoritmos de extração de características dos nódulos pulmonares foi a OpenCV v2.4, com *binding* para Java, JavaCV v0.1.

4.3 Análise de Textura 3D

Para realizar a Análise de Textura 3D, todos os nódulos da base foram segmentados manualmente utilizando as marcações realizadas pelo radiologista (Figura 30). Cada fatia do nódulo possui o número n de coordenadas cartesianas (x, y) que correspondem a marcação do nódulo. Em cada fatia do nódulo um polígono de n lados foi criado, sendo cada lado a união de duas coordenadas cartesianas. *Pixels* que não estavam inseridos no polígono foram marcados como preto. *Pixels* inseridos no polígono permaneceram com o tom de cinza da coordenada cartesiana na imagem original.

Figura 30: Processo de segmentação de um nódulo pulmonar.



(a) Nódulo presente em imagem de TC.

(b) Marcação manual do radiologista.

(c) Resultado final.

Fonte: Elaborada pelo autor.

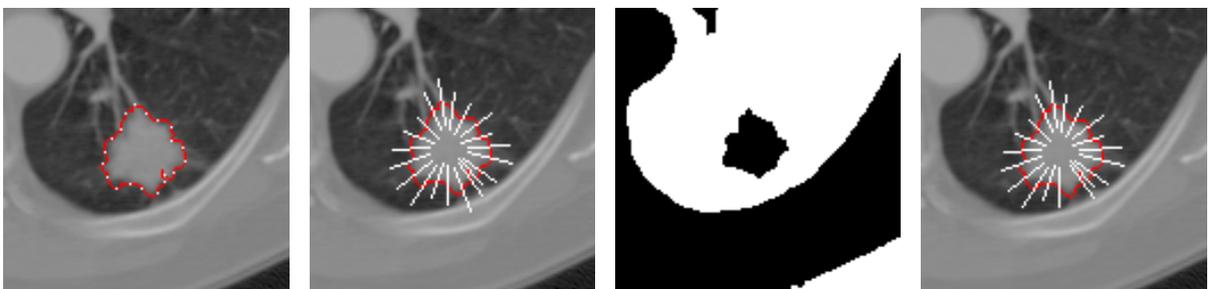
Após a segmentação, Atributos de Textura (AT) foram extraídos a partir da matriz de coocorrência calculada sobre o volume de imagens (Seção 2.3.2.1). O cálculo da matriz de coocorrência utilizou distância 1 entre os *pixels* de uma imagem e entre as fatias do volume, e orientações angulares iguais a 0° , 45° , 90° e 135° (sentido anti-horário). Os AT extraídos da matriz de coocorrência foram energia, entropia, matiz, momento da diferença inverso, contraste, proeminência, correlação, variância e homogeneidade, propostos em (HARALICK; SHANMUGAM; DINSTEIN, 1973). A utilização de nove atributos e quatro orientações angulares permitiu a criação de um vetor de características para cada nódulo com 36 posições. Por fim, o vetor de características de textura de cada nódulo foi armazenado no BD desenvolvido no MongoDB.

4.4 Análise de Nitidez de Borda 3D

A Análise de Nitidez de Borda 3D foi realizada nas imagens originais de TC, adotando a criação de linhas ortogonais na borda do nódulo, como proposto em (XU et al., 2012), e extraindo atributos estatísticos sobre as intensidades dos *pixels* das linhas ortogonais em todas as imagens do volume.

Para implementar a Análise de Nitidez de Borda 3D foram realizados os seguintes passos: vinte pontos de controle foram selecionados, a partir do primeiro *pixel* marcado pelo radiologista, automaticamente na marcação manual da borda em cada fatia do nódulo (Figura 31(a)). Se a borda contiver n *pixels*, então um ponto de controle é marcado a cada $n/20$ *pixels*. Em seguida, segmentos de reta foram desenhados em cada um dos 20 pontos de controle perpendicularmente a borda da lesão (Figura 31(b)). Uma máscara foi criada para eliminar os segmentos de reta que cruzavam a parede do pulmão e, assim, incluir apenas *pixels* que pertenciam ao tecido do nódulo e do pulmão. A máscara foi gerada usando um algoritmo de segmentação por *threshold* (Apêndice A) com aplicação da operação morfológica matemática de dilatação (Apêndice C), realizada na imagem de TC (Figura 31(c)). Após a exclusão dos segmentos de reta que não pertenciam ao pulmão (Figura 31(d)), todos os *pixels* dos segmentos de reta contidos no volume do nódulo tiveram seus valores guardados em um *array* de níveis de cinza, e este *array* foi ordenado em ordem crescente. Em seguida, atributos estatísticos foram calculados sobre o *array* de *pixels*. Os atributos estatísticos foram diferença entre os extremos, soma dos valores, soma dos quadrados, soma dos *logs*, média aritmética, média geométrica, variância da população, variância da amostra, desvio padrão, medida de *kurtosis*, medida de *skewness* e segundo momento central (Apêndice D). Por fim, os Atributos de Nitidez de Borda (ANB) foram carregados em um vetor de características de tamanho 12 para cada nódulo e este, armazenado na base de nódulos do MongoDB.

Figura 31: Imagens resultantes da Análise de Nitidez de Borda 3D.



(a) Pontos de controle da borda.

(b) Segmentos de reta normais.

(c) Máscara obtida pelos algoritmos de *threshold* e dilatação na imagem original.

(d) Imagem de saída.

Fonte: Elaborada pelo autor.

4.5 Avaliação de Precisão

Vinte nódulos foram escolhidos da base de nódulos para servir como nódulos de referência utilizando a técnica *leave-one-out*, sendo dez malignos e dez benignos (FERREIRA JR; OLIVEIRA, 2015b). Para os dez nódulos malignos, cinco possuem probabilidade de malignidade 5 e cinco possuem probabilidade de malignidade 4. Para os dez nódulos benignos, cinco possuem probabilidade de malignidade 1 e cinco possuem probabilidade de malignidade 2. Os cinco nódulos nas quatro probabilidades de malignidade foram escolhidos de forma aleatória.

A precisão da recuperação dos nódulos pulmonares foi medida usando duas técnicas: *Precisão(N)*, neste trabalho o valor de N é 10, e *Precisão vs. Revocação* (Seção 2.5). Um nódulo retornado foi considerado similar ao nódulo de referência quando os dois pertenceram à mesma classificação (maligno ou benigno).

O objetivo desta avaliação foi medir quais atributos de imagem possuem melhores índices de precisão na recuperação de nódulos pulmonares. Desta forma, diferentes cenários foram propostos para os vetores de AT, ANB e AI:

- *Precisão(10)* para nódulos malignos: este cenário avaliou quais atributos de imagem possuem maior eficiência na recuperação dos 10 primeiros casos malignos mais similares a um nódulo maligno de referência;
- *Precisão(10)* para nódulos benignos: este cenário avaliou quais atributos de imagem possuem maior eficiência na recuperação dos 10 primeiros casos benignos mais similares a um nódulo benigno de referência;
- *Precisão vs. Revocação* para nódulos malignos: este cenário avaliou quais atributos de imagem possuem maior eficiência na recuperação dos casos malignos da base, dado um nódulo maligno de referência;
- *Precisão vs. Revocação* para nódulos benignos: este cenário avaliou quais atributos de imagem possuem maior eficiência na recuperação dos casos benignos da base, dado um nódulo benigno de referência;

4.6 Avaliação de Desempenho Computacional

Três dispositivos foram utilizados para executar o *kernel* (distância Euclidiana) na comparação dos nódulos: *single-core*, *multi-core* e *many-core*. O *single-core* é representado por um núcleo da CPU e executará a solução sequencial do *kernel*. O *multi-core* é representado por todos os núcleos da CPU e executará a solução paralela do *kernel*. O *many-core* é representado pela GPU, também executando a solução paralela do *kernel*. O mesmo código-fonte foi utilizado nas três arquiteturas devido a interoperabilidade provida pelo OpenCL. A abordagem paralela utilizada foi paralelismo de dados porque o

mesmo *kernel* foi executado nas instâncias de *thread*, com a alteração apenas dos dados de entrada (Seção 3.1).

Os resultados de desempenho (tempo de execução) dos dispositivos *single-*, *multi-* e *many-core* foram obtidos em função do aumento da carga de trabalho (Seção 3.4), considerando como a carga de trabalho o número de nódulos a serem comparados com um nódulo de referência. O mesmo nódulo pulmonar foi utilizado como caso de referência para todos os testes, visto que a probabilidade de malignidade do nódulo não influencia nos resultados do desempenho. A avaliação do desempenho levou em consideração os 1.171 nódulos disponíveis do BD desenvolvido. O número de nódulos comparados variou da seguinte forma: 1, 2, 4, 8, 16, 32, 64, 128, 256, 512, 1.024 e 1.171. O aumento de desempenho da solução paralela em relação à solução sequencial foi calculado pela métrica *Speedup* (Equação 3.2).

O objetivo desta avaliação foi medir quais dispositivos possuem melhores índices de desempenho na comparação dos atributos dos nódulos pulmonares. Desta forma, os cenários para a avaliação de desempenho entre as diferentes arquiteturas foram os seguintes:

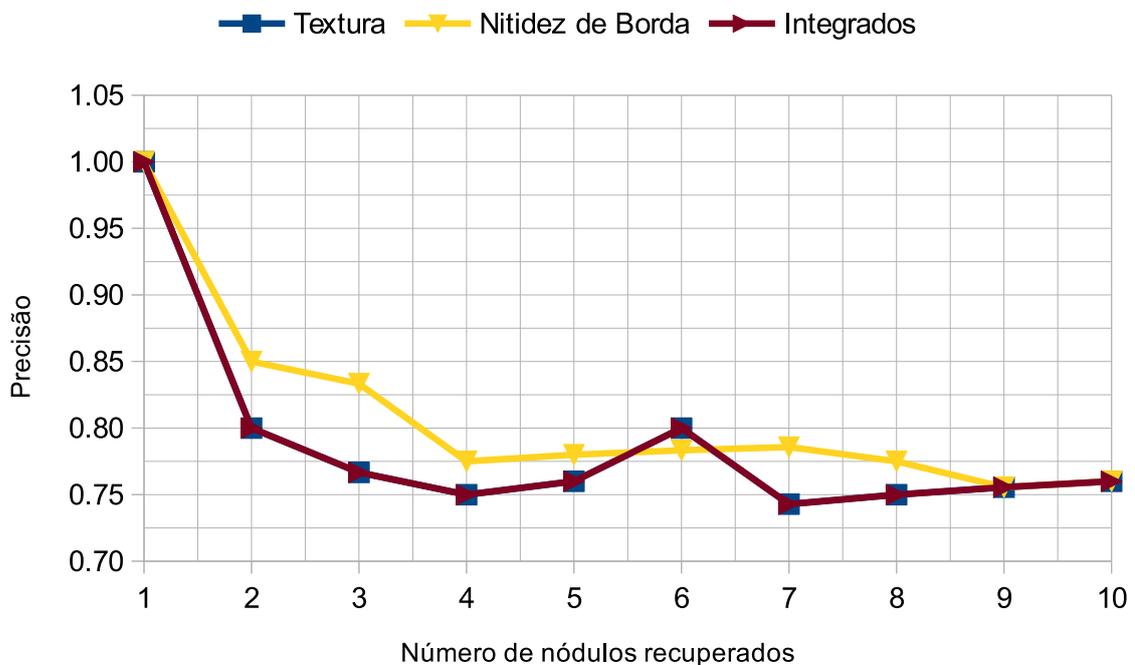
- Desempenho para AT (36 dimensões): este cenário avaliou qual dispositivo apresenta melhor desempenho na comparação dos atributos de textura;
- Desempenho para ANB (12 dimensões): este cenário avaliou qual dispositivo apresenta melhor desempenho na comparação dos atributos de nitidez de borda;
- Desempenho para AI (48 dimensões): este cenário avaliou qual dispositivo apresenta melhor desempenho na comparação dos atributos de textura e nitidez de borda integrados.

5 RESULTADOS

5.1 Resultados da Avaliação de Precisão

As Figuras 32 e 33 apresentam a eficiência na recuperação de nódulos pulmonares malignos e benignos, respectivamente, e $Precisão(10)$ como métrica de avaliação, utilizando Atributos de Textura (AT), Atributos de Nitidez de Borda (ANB) e Atributos Integrados (AI), sendo estes últimos a concatenação dos AI e ANB. Cada valor de precisão é a média para dez nódulos. O primeiro nódulo recuperado é sempre o nódulo de referência.

Figura 32: Resultados da $Precisão(10)$ para nódulos malignos.

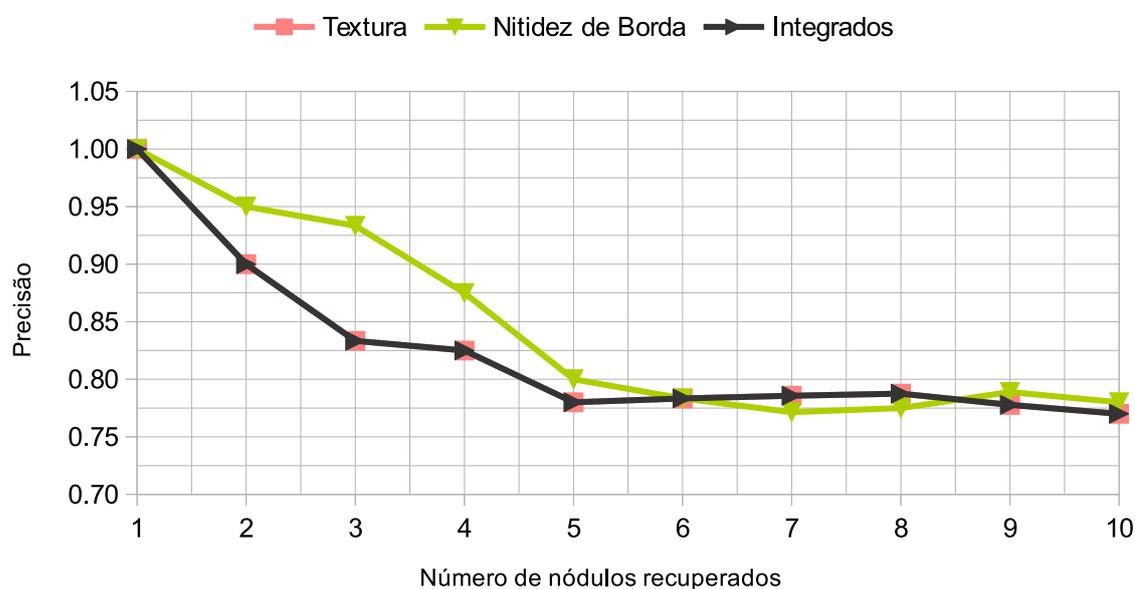


Fonte: Elaborada pelo autor.

De acordo com a Figura 32, os ANB isolados apresentaram maior precisão média para os 10 primeiros casos malignos recuperados, em comparação com os AT e AI. A precisão média dos ANB foi $0,810 \pm 0,073$, enquanto que para os AT e AI a precisão média foi $0,789 \pm 0,077$. A maior diferença de precisão foi registrada nos 3 primeiros casos mais similares, quando os ANB obtiveram 6 pontos percentuais a mais de precisão do que os AT e AI.

Os resultados da Figura 33 mostram que os ANB também apresentaram maior precisão média para os 10 primeiros casos recuperados, porém usando nódulos benignos como referência. A precisão média dos ANB foi $0,846 \pm 0,086$, enquanto que para os AT e AI a precisão média foi $0,824 \pm 0,073$. Contudo, após a recuperação dos 5 primeiros casos

Figura 33: Resultados da *Precisão(10)* para nódulos benignos.



Fonte: Elaborada pelo autor.

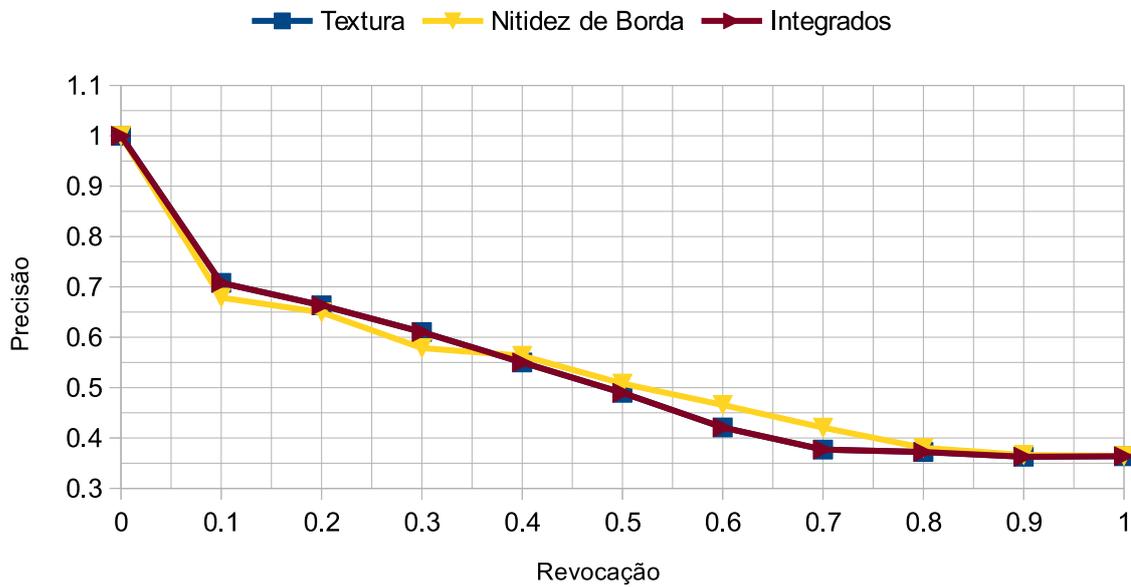
benignos mais similares, a precisão média dos três vetores de características foi praticamente a mesma. A maior diferença de precisão foi registrada nos 3 primeiros casos mais similares, quando os ANB conseguiram 4 pontos percentuais a mais de precisão do que os AT e AI.

As Figuras 34 e 35 apresentam a eficiência na recuperação de nódulos pulmonares malignos e benignos, respectivamente, e *Precisão vs. Revocação* como métrica de avaliação, utilizando AT, ANB e AI. Cada valor de precisão é a média para dez nódulos.

Os resultados apresentados na Figura 34 mostram que os três vetores de características obtiveram precisão aproximada com o aumento do valor de revocação, ou seja, com o aumento no número de nódulos malignos recuperados. Os Atributos de Nitidez de Borda apresentaram um ligeiro aumento de precisão em relação aos Atributos de Textura e Atributos Integrados entre os valores 0,5 e 0,7 de revocação. A precisão média dos ANB foi de $0,543 \pm 0,188$ e dos AT e AI foi de $0,538 \pm 0,198$ na recuperação de todos os nódulos malignos da base.

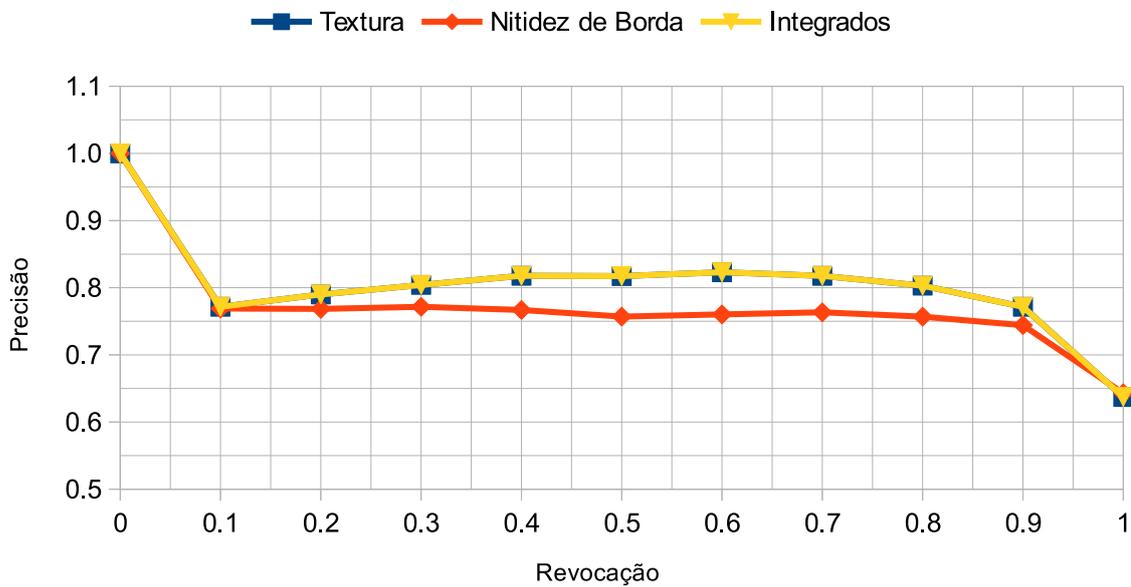
De acordo com a Figura 35, os Atributos de Textura apresentaram maior precisão em relação aos Atributos de Nitidez de Borda com o aumento do valor da revocação, ou seja, com o aumento no número de nódulos benignos recuperados. Este foi o primeiro cenário em que os AT obtiveram melhores resultados do que os ANB. Os Atributos Integrados obtiveram precisão igual aos AT. A precisão média dos AT e AI foi a mesma de $0,805 \pm 0,083$ e dos ANB foi de $0,773 \pm 0,084$.

Figura 34: Resultados da *Precisão vs. Revocação* para nódulos malignos.



Fonte: Elaborada pelo autor.

Figura 35: Resultados da *Precisão vs. Revocação* para nódulos benignos.

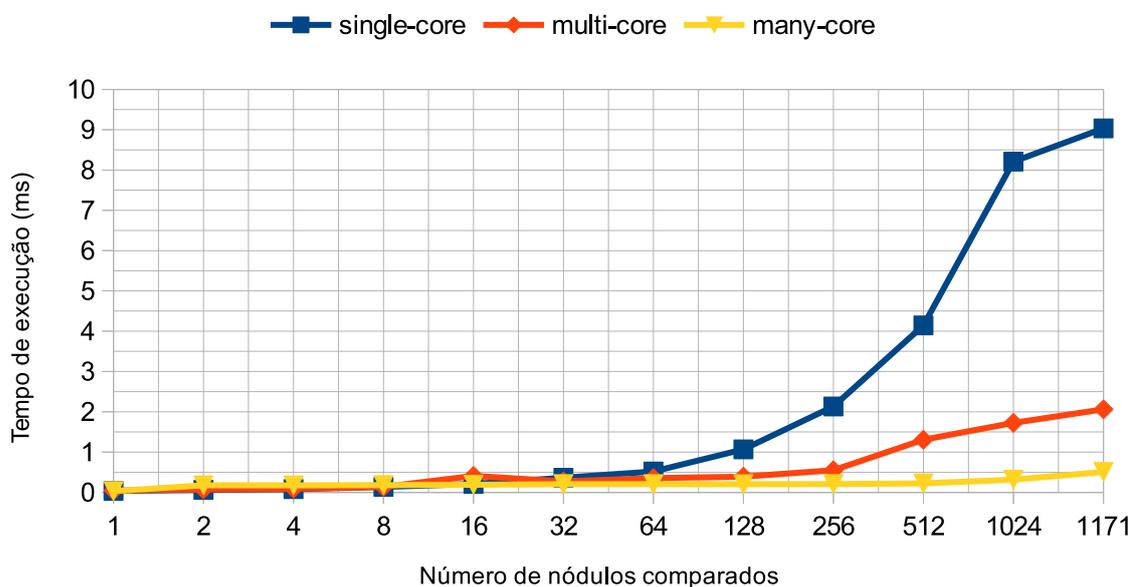


Fonte: Elaborada pelo autor.

5.2 Resultados da Avaliação de Desempenho

Os resultados de desempenho dos Atributos de Textura nos dispositivos *single-core*, *multi-core* e *many-core* podem ser visto na Figura 36. Os valores de tempo de processamento são a média de 10 execuções.

Figura 36: Desempenho dos Atributos de Textura.



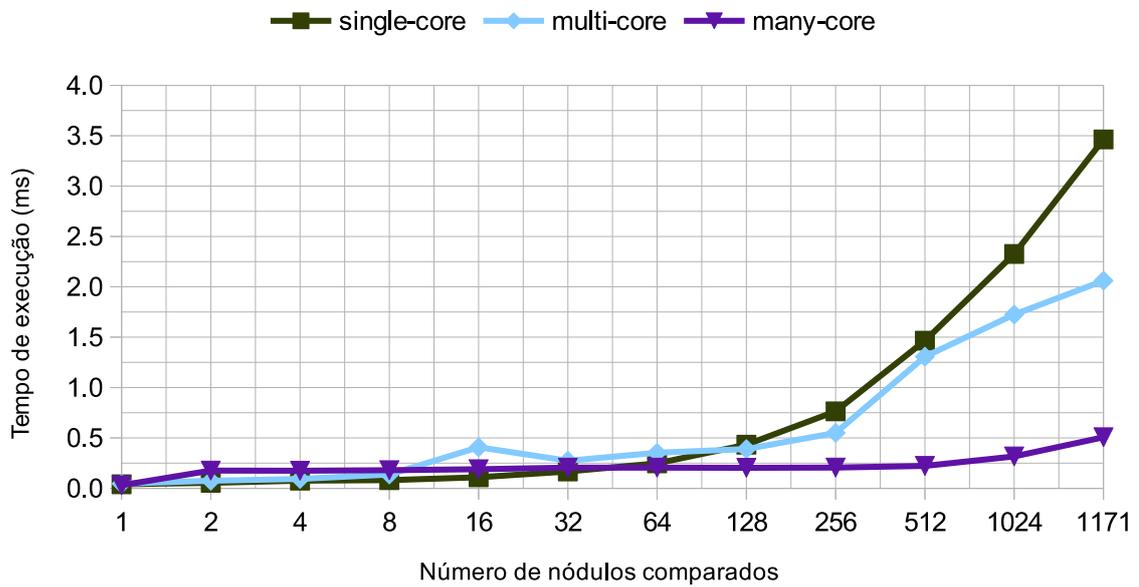
Fonte: Elaborada pelo autor.

A Figura 36 destaca o aumento de performance que as arquiteturas paralelas *multi-core* e *many-core* possuíram em relação a arquitetura com apenas um núcleo de processamento. Até a comparação de 32 nós, o desempenho se mostrou aproximado entre os três dispositivos. Porém, a partir da comparação de 32 nós, o tempo de execução da arquitetura *single-core* aumentou consideravelmente. Os dispositivos *multi-core* e *many-core* obtiveram desempenhos semelhantes até 256 comparações. A partir disso, a arquitetura *many-core* se mostrou mais estável e apresentou melhor desempenho do que a *multi-core*. O *Speedup* da solução paralela da arquitetura *multi-core* em relação a solução sequencial da arquitetura *single-core* foi 4,382x. Já o *Speedup* da arquitetura *many-core* em relação a *single-core* foi 17,831x.

Os resultados de desempenho dos Atributos de Nitidez de Borda nos dispositivos *single-core*, *multi-core* e *many-core* podem ser visto na Figura 37. Os valores de tempo de processamento são a média de 10 execuções.

A Figura 37 mostra que os ANB obtiveram os melhores índices de desempenho entre todos os atributos de imagem. Os tempos de execução nas três arquiteturas foram aproximados até a comparação de 128 nós. Após este valor, os tempos de execução da solução sequencial no dispositivo *single-core* e solução paralela no dispositivo *multi-core* aumentaram consideravelmente. A solução paralela do dispositivo *many-core* permaneceu estável até a comparação de todos os nós pulmonares disponíveis. Os *Speedups* dos dispositivos *multi-core* e *many-core* foram de 3,831x e 19,812x, respectivamente.

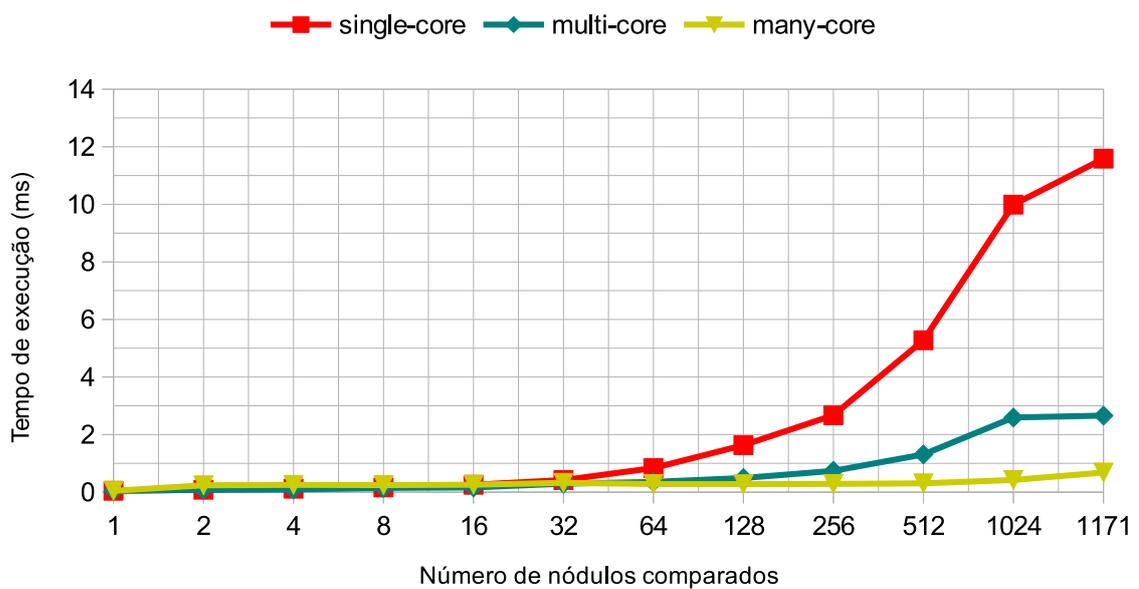
Figura 37: Desempenho dos Atributos de Nitidez de Borda.



Fonte: Elaborada pelo autor.

Os resultados de desempenho dos Atributos Integrados nos dispositivos *single-core*, *multi-core* e *many-core* podem ser visto na Figura 38. Os valores de tempo de processamento são a média de 10 execuções.

Figura 38: Desempenho dos Atributos Integrados.



Fonte: Elaborada pelo autor.

Os resultados da Figura 38 mostram que o desempenho obtido pelos AI foi o pior entre todos atributos de imagem. Os tempos de execução das três arquiteturas foram aproximados até a comparação de 32 nódulos pulmonares. Após isto, o dispositivo *single-core* apresentou o pior desempenho, seguido da arquitetura *multi-core*. Os ganhos de desempenho em relação a arquitetura *single-core* foi 4,361x e 16,985x para as arquiteturas *multi-core* e *many-core*, respectivamente.

5.3 Resumo dos Resultados Quantitativos

Um resumo com todos os resultados quantitativos dos cenários de precisão do trabalho pode ser visto na Tabela 3.

Tabela 3: Resultados de precisão média e desvio padrão obtidos neste trabalho.

	<i>Precisão(10)</i>	<i>Precisão vs. Revocação</i>
Maligno + Textura	0,789 ± 0,077	0,538 ± 0,198
Maligno + Nitidez de Borda	0,810 ± 0,073	0,543 ± 0,188
Maligno + Integrados	0,789 ± 0,077	0,538 ± 0,198
Benigno + Textura	0,824 ± 0,073	0,805 ± 0,083
Benigno + Nitidez de Borda	0,846 ± 0,086	0,773 ± 0,084
Benigno + Integrados	0,824 ± 0,073	0,805 ± 0,083

Fonte: Elaborada pelo autor.

Os cenários onde foi adotada a métrica *Precisão(10)* apresentaram os melhores resultados para a recuperação de nódulos pulmonares, independentemente da probabilidade de malignidade da lesão e dos atributos de imagem empregados. O melhor caso obteve 0,846 de precisão média na recuperação de nódulos benignos com ANB. Os cenários onde foi adotada a métrica *Precisão vs. Revocação* não apresentaram resultados favoráveis a eficiência da recuperação de nódulos similares, principalmente quando o nódulo de referência possui grande probabilidade em ser maligno. O pior caso obteve 0,538 de precisão média na recuperação de nódulos malignos com AT ou AI.

Os Atributos de Nitidez de Borda apresentaram os melhores índices na recuperação dos nódulos similares na maioria dos cenários de precisão. O maior aumento de eficiência dos ANB em relação aos AT foi visto na recuperação de nódulos benignos, adotando *Precisão(10)*, com aumento de precisão de 2,2 pontos percentuais. Os Atributos de Textura apresentaram maior precisão que os ANB apenas no cenário onde era empregado a *Precisão vs. Revocação* na recuperação de nódulos benignos, com aumento de precisão de 3,2 pontos percentuais. Os Atributos Integrados apresentaram a mesma precisão média que os AT em todos os cenários da avaliação de precisão na recuperação dos nódulos pulmonares similares. Os AI só apresentaram resultados divergentes aos AT nos cenários da avaliação de desempenho, o que já era esperado devido ao tamanho dos vetores de características.

Um resumo com todos os resultados quantitativos dos cenários de desempenho do trabalho pode ser visto na Tabela 4. Todos os valores de tempo estão em milisegundos e correspondem ao tempo levado para comparar todos os nódulos do banco.

Tabela 4: Resultados de tempo de execução e *Speedup* obtidos neste trabalho.

	<i>single-core</i>	<i>multi-core</i>		<i>many-core</i>	
	Tempo	Tempo	<i>Speedup</i>	Tempo	<i>Speedup</i>
Textura	9,033	2,062	4,382	0,507	17,831
Nitidez de Borda	3,463	0,904	3,831	0,175	19,812
Integrados	11,587	2,657	4,361	0,682	16,985

Fonte: Elaborada pelo autor.

A distância Euclidiana teve seu desempenho aumentado ao apresentar execuções paralelas, principalmente empregando um dispositivo massivamente multiprocessado como da arquitetura *many-core*. Os altos *Speedups* de 16x, 17x e 19x da arquitetura *many-core* superam com grande vantagem os ganhos de performance dos dispositivos *multi-core*, com valores de apenas 3x e 4x.

6 DISCUSSÃO

A importância da CBIR no processo clínico de diagnóstico por imagem de doenças é inegável e vem crescendo com o passar dos anos. A quantidade de trabalhos voltados para os sistemas de CBIR justifica a sua importância como ferramenta computacional para o diagnóstico diferencial (ZHANG et al., 2015; BUGATTI et al., 2014; KUMAR et al., 2013; AZEVEDO-MARQUES; RANGAYYAN, 2013).

Contudo, a CBIR continua evoluindo e desenvolvendo novos métodos para diminuir suas limitações. Neste trabalho, foi destacado o problema da extração de características de nódulos pulmonares presentes em imagens de TC. A extração de descritores de imagens precisos é uma etapa crítica para a CBIR e para o diagnóstico auxiliado por computador (AKGÜL et al., 2011; AZEVEDO-MARQUES, 2001).

Outra limitação da CBIR destacada no trabalho foi o tempo de execução da comparação dos atributos dos nódulos pulmonares. A comparação das imagens utilizando uma métrica de similaridade exige um dispendioso custo computacional. Na rotina clínica de um hospital ou em uma sala de aula, é importante a resposta rápida de um *software* baseado em CBIR para que o usuário (especialista ou docente) do sistema não perca seu tempo que poderia ser gasto na classificação de outro caso ou resulte no desinteresse do usuário pelo *software*.

Neste trabalho, foi destacado que a caracterização da nitidez da borda aumentou a precisão da recuperação dos nódulos pulmonares em relação a tradicional técnica de textura. Os aumentos de 6 pontos percentuais na precisão média da recuperação dos 3 primeiros nódulos malignos mais similares, 4 pontos na recuperação dos 3 primeiros nódulos benignos mais similares e 2 pontos na recuperação dos nódulos malignos e benignos podem significar que com uma melhor caracterização da nitidez de borda a eficiência aumente ainda mais na classificação dos nódulos pulmonares, e.g. extraindo parâmetros de uma função sigmóide das linhas ortogonais da borda da lesão (XU et al., 2012). Além disso, é importante avaliar o impacto na eficiência da recuperação dos nódulos similares com a alteração no número de linhas ortogonais traçadas sobre a borda do nódulo e no tamanho destas linhas, como foram apresentadas neste trabalho.

A Análise de Nitidez de Borda 3D desenvolvida no trabalho aumentou a precisão na caracterização dos nódulos pulmonares em relação à Análise de Nitidez de Borda 2D, utilizando as mesmas imagens de TC do LIDC, porém apenas para nódulos considerados benignos (Tabela 5) (FERREIRA JR; OLIVEIRA, 2015b). A precisão média na recuperação dos nódulos benignos aumentou 15 pontos percentuais utilizando *Precisão vs. Revocação* e 8 pontos percentuais utilizando *Precisão(10)*. Já os nódulos considerados malignos obtiveram uma diminuição na precisão da recuperação de casos similares utilizando a caracterização volumétrica. Isto pode ter ocorrido devido a maior irregularidade

da estrutura volumétrica do nódulo pulmonar em relação a estrutura bidimensional da fatia. Contudo, é necessário realizar maiores investigações a respeito disso. A precisão média diminuiu 10 pontos percentuais com *Precisão vs. Revocação* e 5 pontos percentuais para a métrica *Precisão(10)*.

Tabela 5: Precisões na recuperação de nódulos pulmonares similares utilizando análises bi- e tri-dimensionais de nitidez de borda.

	<i>Precisão vs. Revocação</i>		<i>Precisão(10)</i>	
	2D	3D	2D	3D
Benignos	62%	77%	76%	84%
Malignos	64%	54%	86%	81%

Fonte: Elaborada pelo autor.

A Análise de Textura 3D desenvolvida no trabalho permitiu uma melhor caracterização do nódulo pulmonar em relação às implementações bidimensionais de textura encontradas na literatura (Tabela 6). A análise volumétrica textural conseguiu um aumento médio, utilizando *Precisão(10)*, de 9 pontos percentuais em relação aos filtros de Gabor, 14 pontos percentuais em relação às características de Markov e 6 pontos percentuais em relação aos atributos de Haralick et al. em duas dimensões.

Tabela 6: Precisões na recuperação de 10 nódulos pulmonares similares utilizando análises bi- e tri-dimensionais de textura.

Atributos de Imagem	Banco de Nódulos Pulmonares	Precisão
Filtros de Gabor (NG et al., 2014)	<i>Early Lung Cancer Action Program</i>	68% e 74%
Características de Markov (LAM et al., 2007b)	<i>Lung Image Database Consortium</i>	66%
Haralick et al. 2D (OLIVEIRA; FERREIRA, 2013)	<i>Lung Image Database Consortium</i>	74%
Haralick et al. 3D (Proposta neste trabalho)	<i>Lung Image Database Consortium</i>	78% e 82%

Fonte: Elaborada pelo autor.

A integração dos atributos de imagem não apresentou melhora na precisão da recuperação dos nódulos pulmonares. Os Atributos de Textura exerceram uma forte influência sobre os Atributos de Nitidez de Borda no vetor de características integrado, o que fez com que as precisões médias e desvios padrões na recuperação de nódulos com AT e AI fossem iguais em todos os cenários. A forte influência dos AT sobre os ANB no vetor integrado é justificada pelos tamanhos dos vetores de características (AT possuem 36 descritores e ANB possuem apenas 12 descritores) e pela não normalização nos valores dos atributos. Contudo, o aumento no número de atributos de nitidez de borda, a normalização dos valores dos atributos no vetor de características e a seleção dos atributos mais relevantes podem aumentar a eficiência da recuperação dos nódulos similares baseada em descritores de nitidez de borda e textura.

Os resultados da integração dos atributos foram mais evidentes na avaliação de desempenho da recuperação de nódulos similares. Quanto maior o tamanho do vetor de características, mais tempo era necessário para executar a distância Euclidiana (e.g. 3,463ms

para executar a DE com ANB e 11,587ms com AI). Contudo, as soluções paralelas conseguiram otimizar o tempo de execução em no mínimo 3x. A GPU foi representada neste trabalho pelo dispositivo *many-core* e conseguiu os menores tempos de execução, com aumento de desempenho de 16x (AI), 17x (AT) e 19x (ANB).

Os *Speedups* não foram maiores porque o número de nódulos a serem comparados foi pequeno (1.171 nódulos pulmonares). Em alguns trabalhos, o ganho de desempenho da solução paralela da CBIR em relação a sequencial foi maior do que os apresentados neste trabalho porque o número de imagens a serem comparadas era maior. Isto aconteceu porque o tempo de execução da solução sequencial aumentou significativamente com o número maior de imagens a serem comparadas. Porém, o tempo da execução paralela na GPU permaneceu estável. Logo, os *Speedups* são maiores com o aumento no número de imagens comparadas. Por exemplo, em (FERREIRA JR; OLIVEIRA; FREITAS, 2014), os autores utilizaram atributos de textura e 131.072 imagens de TC do LIDC e de um banco local, e obtiveram *Speedups* para GPU de 36x e 64x.

Além dos ganhos de desempenho, pode-se destacar o fato da GPU ser uma solução paralela mais confiável e segura em relação às soluções distribuídas, e.g. computação em nuvem e grades computacionais. Alguns sistemas de CBIR foram desenvolvidos nestas infraestruturas (TSYMBAL et al., 2014; OLIVEIRA; CIRNE; AZEVEDO-MARQUES, 2007; ROBLES et al., 2005), porém, como os dados dos pacientes precisam ser transferidos via rede e trafegados em ambientes remotos, estas soluções são suscetíveis a ataques externos, comprometendo a privacidade do paciente.

7 CONCLUSÃO

7.1 Considerações Finais

Este trabalho apresentou o desenvolvimento de um algoritmo computacional de classificação de nódulos pulmonares, utilizando recuperação de imagens baseada em conteúdo, com a integração de três técnicas: Análise de Textura 3D, Análise de Nitidez de Borda 3D e Otimização em GPU. O objetivo do algoritmo é auxiliar a tomada de decisão diagnóstica do câncer de pulmão em relação à malignidade do nódulo pulmonar. A caracterização volumétrica da nitidez de borda mostrou-se mais eficiente do que a tradicional técnica de textura volumétrica na recuperação dos nódulos pulmonares. A GPU conseguiu aumentar o desempenho da recuperação dos nódulos com a diminuição no tempo de execução da comparação dos vetores de características das imagens. Logo, a CBIR aliada aos Atributos de Nitidez de Borda 3D e otimização em GPU possuem grande potencial como ferramenta computacional ao diagnóstico do câncer de pulmão e classificação de nódulos pulmonares.

O diagnóstico por imagem do câncer de pulmão leva em consideração características subjetivas e qualitativas da lesão radiológica (WANG et al., 2014; AERTS et al., 2014). Essa subjetividade pode levar a variabilidade diagnóstica entre especialistas em um caso desconhecido. Contudo, a análise computadorizada da nitidez de borda dos nódulos pulmonares pôde caracterizar de maneira objetiva e quantitativa as lesões, de forma a poder auxiliar no processo de classificação do câncer de pulmão.

A classificação dos nódulos pulmonares em relação à malignidade feita por um especialista também analisa o tempo que a lesão dobra de tamanho. Nódulos malignos normalmente levam entre 20 e 400 dias para dobrar o tamanho do volume (TRUONG et al., 2014). A partir da análise de casos similares utilizando a nitidez de borda dos nódulos pulmonares, espera-se que o especialista consiga diagnosticar precocemente o câncer de pulmão, sem a necessidade de esperar dias para que o nódulo dobre de tamanho.

A otimização do tempo de processamento da recuperação dos nódulos pulmonares utilizando paralelismo em GPU permite que o algoritmo de classificação dos nódulos seja aplicado na rotina clínica e no ensino ao diagnóstico por imagem do câncer de pulmão.

7.2 Trabalhos Futuros

Algumas melhorias do algoritmo desenvolvido são propostas como trabalhos futuros:

- Normalização dos vetores de características e seleção dos atributos mais relevantes;
- Caracterização dos nódulos pulmonares com análise volumétrica de nitidez de borda com os métodos de Xu et al, Gilhuijs et al. e Levman e Martel, etc;

- Caracterização dos nódulos pulmonares com análise de textura utilizando diferentes descritores, e.g. atributos de Tamura, características de Markov, filtros de Gabor, *wavelets*, etc;
- Recuperação dos nódulos pulmonares com diferentes métricas de similaridade, e.g. distâncias Manhattan, Mahalanobis e Chebyshev;
- Recuperação dos nódulos pulmonares com técnicas de Inteligência Artificial, e.g. *k-nn* e *range-query*;
- Otimização do tempo de execução com diferentes dispositivos *multi-core* e *many-core*, e.g. CPU Xeon Phi com 61 processadores e GPU GeForce GTX TITAN com 2.668 núcleos de processamento;
- Otimização do tempo de execução com uma APU (*Accelerated Processing Unit*), que integra tanto CPU quanto GPU no mesmo barramento, para eliminar o tempo de transferência dos dados de entrada da memória da CPU para a GPU.

7.3 Contribuições do Trabalho

7.3.1 Contribuições Científicas

O projeto a qual trata esta Dissertação de Mestrado foi aprovado no Programa de Bolsas de Pós-Graduação *stricto sensu* da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Alagoas (FAPEAL), em parceria com a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) - processo 20130603-002-0040-0063.

Os resultados parciais deste trabalho foram aceitos em eventos de relevância internacional e nacional com Qualis CAPES durante todo o período de vigência da bolsa. Os trabalhos científicos aceitos para apresentação foram:

- Ferreira Jr, J. R., Oliveira, M. C. (2015). “Evaluating Margin Sharpness Analysis on Similar Pulmonary Nodule Retrieval (to appear)”. Em *28th IEEE International Symposium on Computer-Based Medical Systems (IEEE CBMS 2015)*;
- Ferreira Jr, J. R., Oliveira, M. C., Azevedo-Marques, P. M. (2015). “Design of a Graph-Based System for Similar Case Retrieval of Pulmonary Nodules (to appear)”. Em *15th World Congress on Health and Biomedical Informatics (MEDINFO 2015)*;
- Ferreira Jr, J. R., Oliveira, M. C. (2015). “Cloud-Based NoSQL Open Database of Pulmonary Nodules for Computer-Aided Lung Cancer Diagnosis and Reproducible Research”. Em *2015 Annual Meeting of the Society for Imaging Informatics in Medicine (SIIM)*;

- Ferreira Jr, J. R., Oliveira, M. C., Freitas, A. L. (2014). “Performance Evaluation of Medical Image Similarity Analysis in a Heterogeneous Architecture”. Em *27th IEEE International Symposium on Computer-Based Medical Systems (IEEE CBMS 2014)*;
- Ferreira Jr, J. R., Oliveira, M. C. (2014). “Banco de Dados NoSQL Público de Nódulos Pulmonares para Auxílio à Pesquisa e Diagnóstico do Câncer de Pulmão”. Em *XXIV Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica (CBEB 2014)*;
- Lima, L. L., Ferreira Jr, J. R., Oliveira, M. C. (2014). “Performance Comparison of Medical Image Similarity Measures in a Heterogeneous Architecture”. Em *XIV Congresso Brasileiro de Informática em Saúde (CBIS 2014)*;
- Lucena, D. J. F., Ferreira Jr, J. R., Oliveira, M. C. (2014). “Avaliação da Precisão de Atributos de Textura 3D Normalizados Aplicados à Recuperação de Nódulos Pulmonares Similares”. Em *XIV Congresso Brasileiro de Informática em Saúde (CBIS 2014)*;
- Lucena, D. J. F., Ferreira Jr, J. R., Oliveira, M. C. (2014). “Caracterização de Nódulos Pulmonares Através de um Vetor de Atributos Ideal”. Em *XIV Congresso Brasileiro de Informática em Saúde (CBIS 2014)*;
- Silva Filho, J. O. C., Ferreira Jr, J. R., Oliveira, M. C. (2014). “Segmentação de Nódulos Pulmonares Usando Mapas de Conexidade Fuzzy 3D”. Em *XIV Congresso Brasileiro de Informática em Saúde (CBIS 2014)*;
- Oliveira, M. C., Ferreira, J. R. (2013). “A Bag-of-Tasks Approach to Speed Up the Lung Nodules Retrieval in the BigData Age”. Em *15th IEEE International Conference on E-Health Networking, Application and Services (IEEE HealthCom 2013)*.

7.3.2 Contribuições Técnicas

O banco de dados de nódulos desenvolvido foi disponibilizado publicamente com o objetivo de promover a pesquisa reprodutível e ajudar a comunidade de imagens médicas no desenvolvimento, treinamento e avaliação de ferramentas de auxílio computadorizado ao diagnóstico do câncer de pulmão e na pesquisa em detecção e classificação de nódulos pulmonares. A base foi disponibilizada em plataformas diferentes e podem ser acessadas em um banco:

- Local: os arquivos referentes ao banco de dados estão disponíveis no endereço <http://bit.ly/1NISgs9> (verificado em 04/04/2015). Para fazer uso do banco, basta realizar a operação *restore* do MongoDB (FERREIRA JR; OLIVEIRA, 2014);

- Remoto (nuvem): leitura dos dados pode ser feito pelo MongoDB Shell, API ou por uma ferramenta de gerenciamento de bancos de dados em MongoDB. As configurações para acesso ao banco são (verificado em 04/04/2015): *readonly* é o nome do usuário com privilégios de somente-leitura, *gH@h6NL38V* é a senha do usuário, *162.252.108.127* é o IP, *12279* é a porta, e *publicDB* é o nome da base de dados (FERREIRA JR; OLIVEIRA, 2015a).

O algoritmo desenvolvido possui código-fonte aberto e está sob licença GNU *General Public License*. O código-fonte pode ser acessado somente-leitura no repositório GIT com o comando `git clone git://git.code.sf.net/p/nodulere retrieval/git nodulere retrieval-git`.

REFERÊNCIAS

- AERTS, H. J. et al. Decoding Tumour Phenotype by Noninvasive Imaging Using a Quantitative Radiomics Approach. *Nature Communications*, v. 5, p. 4006, 2014.
- AKGÜL, C. B. et al. Content-based image retrieval in radiology: current status and future directions. *Journal of Digital Imaging*, v. 24, n. 2, p. 208–222, 2011.
- ARMATO III, S. G. et al. The Lung Image Database Consortium (LIDC) and Image Database Resource Initiative (IDRI): A Completed Reference Database of Lung Nodules on CT Scans. *Medical Physics*, v. 38, p. 915–931, 2011.
- AZEVEDO-MARQUES, P. M. Diagnóstico auxiliado por computador na radiologia. *Radiologia Brasileira*, v. 34, n. 5, p. 285–293, 2001.
- AZEVEDO-MARQUES, P. M.; RANGAYYAN, R. M. *Content-based Retrieval of Medical Images: Landmarking, Indexing, and Relevance Feedback*. [S.l.]: Morgan & Claypool Publishers, 2013. 1–143 p.
- BARTH, F. J. Uma introdução ao tema Recuperação de Informações Textuais. *Revista de Informática Teórica e Aplicada*, v. 20, n. 2, p. 247–272, 2013.
- BRODTKORB, A. R. et al. State-of-the-art in heterogeneous computing. *Scientific Programming*, v. 18, n. 1, p. 1–33, 2010.
- BUGATTI, P. H. et al. PRoSPer: Perceptual similarity queries in medical CBIR systems through user profiles. *Computers in Biology and Medicine*, v. 45, p. 8–19, 2014.
- BUSHBERG, J. et al. *The Essential Physics of Medical Imaging*. [S.l.]: Lippincott Williams & Wilkins, 2012.
- CHOI, W. J.; CHOI, T. S. Automated pulmonary nodule detection based on three-dimensional shape-based feature descriptor. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, v. 113, n. 1, p. 37–54, 2014.
- COCHARD, L. R. et al. *Netter's Introduction to Imaging*. [S.l.]: Elsevier Health Sciences, 2011.
- DICIOTTI, S. et al. The LoG Characteristic Scale: A Consistent Measurement of Lung Nodule Size in CT Imaging. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, v. 29, n. 2, p. 397–409, 2010.
- DOI, K. Computer-aided diagnosis in medical imaging: historical review, current status and future potential. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, v. 31, n. 4-5, p. 198–211, 2007.
- ERASMUS, J. J. et al. Solitary pulmonary nodules: Part I. Morphologic evaluation for differentiation of benign and malignant lesions 1. *Radiographics*, v. 20, n. 1, p. 43–58, 2000.
- FALCÃO, A. X. *Visualização de volumes aplicada à área médica*. Dissertação (Mestrado) — Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP), 1993.

- FERREIRA JR, J. R.; OLIVEIRA, M. C. Banco de dados NoSQL público de nódulos pulmonares para auxílio à pesquisa e diagnóstico do câncer de pulmão. In: *Anais do XXIV Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica (CBEB)*. [S.l.: s.n.], 2014. p. 177–180.
- FERREIRA JR, J. R.; OLIVEIRA, M. C. Cloud-Based NoSQL Open Database of Pulmonary Nodules for Computer-Aided Lung Cancer Diagnosis and Reproducible Research. In: *Proceedings of the 2015 Annual Meeting of the Society for Imaging Informatics in Medicine (SIIM)*. [S.l.: s.n.], 2015. p. 1–4.
- FERREIRA JR, J. R.; OLIVEIRA, M. C. Evaluating Margin Sharpness Analysis on Similar Pulmonary Nodule Retrieval (to appear). In: *Proceedings of 28th IEEE International Symposium on Computer-Based Medical Systems (IEEE CBMS)*. [S.l.: s.n.], 2015. p. 1–6.
- FERREIRA JR, J. R.; OLIVEIRA, M. C.; FREITAS, A. L. Performance Evaluation of Medical Image Similarity Analysis in a Heterogeneous Architecture. In: *Proceedings of 27th IEEE International Symposium on Computer-Based Medical Systems (IEEE CBMS)*. [S.l.: s.n.], 2014. p. 159–164.
- GASTER, B. et al. *Heterogeneous Computing with OpenCL: Revised OpenCL 1*. [S.l.]: Newnes, 2012.
- GHONEIM, D. M. et al. Three dimensional texture analysis in MRI: a preliminary evaluation in gliomas. *Magnetic Resonance Imaging*, v. 21, n. 9, p. 983–987, 2003.
- GILHUIJS, K. G.; GIGER, M. L.; BICK, U. Computerized analysis of breast lesions in three dimensions using dynamic magnetic-resonance imaging. *Medical Physics*, v. 25, n. 9, p. 1647–1654, 1998.
- GONZALEZ, R. C.; WOODS, R. E. *Processamento de Imagens Digitais*. [S.l.]: Editora Blucher, 2009.
- HARALICK, R. M.; SHANMUGAM, K.; DINSTEN, I. H. Textural features for image classification. *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics*, n. 6, p. 610–621, 1973.
- JALALIAN, A. et al. Computer-aided detection/diagnosis of breast cancer in mammography and ultrasound: a review. *Clinical Imaging*, v. 37, n. 3, p. 420–426, 2013.
- KIRK, D. B.; WEN-MEI, W. H. *Programming massively parallel processors: a hands-on approach*. [S.l.]: Morgan Kaufmann, 2010.
- KUMAR, A. et al. Content-based medical image retrieval: A survey of applications to multidimensional and multimodality data. *Journal of Digital Imaging*, v. 26, n. 6, p. 1025–1039, 2013.
- LAM, M. et al. Content-based image retrieval for pulmonary computed tomography nodule images. *Medical Imaging*, v. 6516, p. 65160N–65160N–12, 2007.
- LAM, M. O. et al. Brisc - an open source pulmonary nodule image retrieval framework. *Journal of Digital Imaging*, v. 20, n. 1, p. 63–71, 2007.

- LEVMAN, J. E.; MARTEL, A. L. A margin sharpness measurement for the diagnosis of breast cancer from magnetic resonance imaging examinations. *Academic Radiology*, v. 18, n. 12, p. 1577–1581, 2011.
- LIU, L. Computing infrastructure for big data processing. *Frontiers of Computer Science*, v. 7, n. 2, p. 165–170, 2013.
- MARVASTI, N. B. et al. Clinical experience sharing by similar case retrieval. In: *Proceedings of the 1st ACM International Workshop on Multimedia Indexing and Information Retrieval for Healthcare*. [S.l.: s.n.], 2013. p. 67–74.
- MEHDI, A. et al. A comprehensive framework for automatic detection of pulmonary nodules in lung CT images. *Image Analysis & Stereology*, v. 33, n. 1, p. 13–27, 2014.
- MONTAGNAT, J. et al. Using grid technologies to face medical image analysis challenges. In: *Proceedings of the First International Workshop on Biomedical Computations on the Grid (BioGrid)*. [S.l.: s.n.], 2003. p. 588–593.
- MÜLLER, H. et al. A review of content-based image retrieval systems in medical applications—clinical benefits and future directions. *International Journal of Medical Informatics*, v. 73, n. 1, p. 1–23, 2004.
- MÜLLER, H. et al. Performance evaluation in content-based image retrieval: overview and proposals. *Pattern Recognition Letters*, v. 22, n. 5, p. 593–601, 2001.
- NG, G. et al. Hierarchical and binary spatial descriptors for lung nodule image retrieval. In: *36th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (IEEE EMBC)*. [S.l.: s.n.], 2014. p. 6463–6466.
- OLIVEIRA, M. C. *Grids Computacionais para recuperação de imagens médicas a partir de conteúdo: um estudo de viabilidade*. Tese (Doutorado) — Universidade de São Paulo (USP), 2006.
- OLIVEIRA, M. C.; CIRNE, W.; AZEVEDO-MARQUES, P. M. Towards applying content-based image retrieval in the clinical routine. *Future Generation Computer Systems*, v. 23, n. 3, p. 466–474, 2007.
- OLIVEIRA, M. C.; FERREIRA, J. R. A Bag-of-Tasks Approach to Speed Up the Lung Nodules Retrieval in the BigData age. In: *Proceedings of the 15th IEEE International Conference on E-Health Networking, Application & Services (IEEE HealthCom)*. [S.l.: s.n.], 2013. p. 632–636.
- PACHECO, P. *An introduction to parallel programming*. [S.l.]: Elsevier, 2011.
- PARKER, J. R. *Algorithms for Image Processing and Computer Vision*. [S.l.]: Wiley Computer Publishing, 1997.
- PROCHAZKA, F.; OLIVEIRA, M. C. Aplicabilidade de GPUs de baixo custo na otimização da análise de similaridade de imagens. In: *Proceedings of the XXV Conference on Graphics, Patterns and Images (SIBGRAPI)*. [S.l.: s.n.], 2012. p. 18–23.
- RAHMAN, M. M.; WANG, T.; DESAI, B. C. Medical image retrieval and registration: towards computer assisted diagnostic approach. In: *Proceedings of the Fourth International Workshop on Design of Reliable Communication Network (DRCN)*. [S.l.: s.n.], 2003. p. 78–89.

- REEVES, A. P. et al. On measuring the change in size of pulmonary nodules. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, v. 25, n. 4, p. 435–450, 2006.
- ROBLES, O. D. et al. Performance analysis of a CBIR system on shared-memory systems and heterogeneous clusters. In: *Proceedings of the Seventh International Workshop on Computer Architecture for Machine Perception (CAMP)*. [S.l.: s.n.], 2005. p. 309–314.
- RODRIGUES, E. P. *Avaliação de métricas para o correto registro não rígido de imagens médicas*. Tese (Doutorado) — Universidade de São Paulo (USP), 2010.
- SILVA, A. C.; CARVALHO, P. C. P.; GATTASS, M. Diagnosis of lung nodule using semivariogram and geometric measures in computerized tomography images. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, v. 79, n. 1, p. 31–38, 2005.
- SILVA, M. P. d. *Processamento de Consultas por Similaridade em Imagens Médicas Visando à Recuperação Perceptual Guiada pelo Usuário*. Dissertação (Mestrado) — Universidade São Paulo (USP), 2009.
- SILVA, M. P. d. et al. Does a CBIR system really impact decisions of physicians in a clinical environment? In: *Proceedings of 26th IEEE International Symposium on Computer-Based Medical Systems (IEEE CBMS)*. [S.l.: s.n.], 2013. p. 41–46.
- SILVEIRA, C. L. B.; SILVEIRA JR, L. G.; CAVALHEIRO, G. G. H. Programação paralela em ambientes computacionais heterogêneos com opencl. In: *Anais da XI Simpósio em Sistemas Computacionais de Alto Desempenho (WSCAD)*. [S.l.: s.n.], 2010. p. 1–28.
- SONKA, M.; HLAVAC, V.; BOYLE, R. *Image Processing, Analysis, and Machine Vision*. [S.l.]: Editora CL-Engineering, 2008.
- SOUZA, J. P. *Modelo de Qualidade para Desenvolvimento e Avaliação da Viabilidade Clínica de Sistemas de Recuperação de Imagens Médicas Baseada em Conteúdo*. Tese (Doutorado) — Universidade de São Paulo (USP), 2012.
- STRAUCH, C.; SITES, U.; KRIHA, W. NoSQL databases. *Stuttgart Media University*, 2011.
- STRINGHINI, D.; GONÇALVES, R. A.; GOLDMAN, A. Introdução à computação heterogênea. In: *Anais da XXXI Jornada de Atualização em Informática (JAI) do XXXII Congresso da Sociedade Brasileira de Computação (CSBC)*. [S.l.: s.n.], 2012. p. 1–48.
- SWAIN, M. J.; BALLARD, D. H. Color indexing. *International Journal of Computer Vision*, v. 7, n. 1, p. 11–32, 1991.
- TAMURA, H.; MORI, S.; YAMAWAKI, T. Textural features corresponding to visual perception. *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics*, v. 8, n. 6, p. 460–473, 1978.
- TARTAR, A.; KILIC, N.; AKAN, A. Classification of pulmonary nodules by using hybrid features. *Computational and Mathematical Methods in Medicine*, v. 2013, p. 1–11, 2013.
- TIWARI, S. *Professional NoSQL*. [S.l.]: John Wiley and Sons, Inc., 2011.

- TRAINA, A. J. et al. Content-based image retrieval using approximate shape of objects. In: *Proceedings of the 17th IEEE International Symposium on Computer-Based Medical Systems (IEEE CBMS)*. [S.l.: s.n.], 2004. p. 91–96.
- TRUONG, M. T. et al. Update in the evaluation of the solitary pulmonary nodule. *Radiographics*, v. 34, n. 6, p. 1658–1679, 2014.
- TSUCHIYAMA, R. et al. The opengl programming book. *Fixstars Corporation*, v. 63, 2010.
- TSYMBAL, A. et al. Towards Cloud-Based Image-Integrated Similarity Search in Big Data. In: *Proceedings of the 2014 IEEE-EMBS International Conference on Biomedical and Health Informatics (BHI)*. [S.l.: s.n.], 2014. p. 593–596.
- UJALDON, M. *Programming the GPU with CUDA*. [S.l.]: University of Malaga, 2013.
- WANG, Y.-X. J. et al. Evidence based imaging strategies for solitary pulmonary nodule. *Journal of Thoracic Disease*, v. 6, n. 7, p. 872, 2014.
- WANGENHEIM, A. v.; SOUZA, A. I. d.; SANTOS, C. A. d. *Introdução à Visão Computacional*. [S.l.]: Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), 2000.
- WOODS, B. J. et al. Malignant-lesion segmentation using 4D co-occurrence texture analysis applied to dynamic contrast-enhanced magnetic resonance breast image data. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, v. 25, n. 3, p. 495–501, 2007.
- WU, H. et al. Combination of radiological and gray level co-occurrence matrix textural features used to distinguish solitary pulmonary nodules by computed tomography. *Journal of Digital Imaging*, v. 26, n. 4, p. 797–802, 2013.
- XU, J. et al. Quantifying the margin sharpness of lesions on radiological images for content-based image retrieval. *Medical Physics*, v. 39, p. 5405–5418, 2012.
- ZHANG, X. et al. Towards large-scale histopathological image analysis: Hashing-based image retrieval. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2015.

APÊNDICE A – SEGMENTAÇÃO DE IMAGENS

Segmentação de imagens é uma das principais etapas no processamento de imagens. Seu principal objetivo é dividir a imagem em partes que tenham uma grande correlação com objetos ou áreas do mundo real contidos na imagem (SONKA; HLAVAC; BOYLE, 2008). Em outras palavras, a segmentação subdivide uma imagem em suas partes ou objetos constituintes. Ou ainda identifica os *pixels* que pertencem à uma área de interesse. O nível até o qual esta subdivisão deve ser realizada depende do problema a ser resolvido, ou seja, a segmentação deve parar quando os objetos de interesse na aplicação tiverem sido isolados (GONZALEZ; WOODS, 2009).

Segmentação por *Threshold* ou Limiarização é a mais simples e antiga técnica de segmentação. Seu custo computacional é inexpressivo, veloz e continua sendo utilizada em larga escala em simples aplicações (SONKA; HLAVAC; BOYLE, 2008). Limiarização é definida como a transformação de uma imagem de entrada f para uma imagem binária de saída (segmentada) g , como segue a função:

$$g(i, j) = \begin{cases} 1 & \text{se } f(i, j) \geq T, \\ 0 & \text{se } f(i, j) < T. \end{cases} \quad (\text{A.1})$$

onde T é o valor do *threshold* (limiar), $g(i, j)$ é igual a 1 para elementos da imagem de objetos, e $g(i, j)$ é igual a 0 para elementos da imagem do fundo (ou vice-versa). O valor de limiar entende-se como o valor de nível de cinza que o usuário determina como sendo a referência para a comparação entre os *pixels*. Na fórmula acima, foi dito que os *pixels* que correspondem ao objeto terão nível de cinza igual 1 quando esses *pixels* tiverem valor acima ou igual ao do *threshold*, e para o fundo, menor que o do *threshold* (Figura 39). O valor de *threshold* é obtido manualmente e a escolha correta do valor dele é crucial para a segmentação bem sucedida (SONKA; HLAVAC; BOYLE, 2008).

O limiar também pode corresponder a um intervalo de valores, ou seja, para os níveis que estiverem compreendidos entre T_1 e T_2 , eles serão alterados para 1, e para os que não estiverem no intervalo, serão 0. A função abaixo corresponde a esse intervalo:

$$g(i, j) = \begin{cases} 1 & \text{se } T_1 \leq f(i, j) \leq T_2, \\ 0 & \text{se } f(i, j) < T_1 \text{ ou } f(i, j) > T_2. \end{cases} \quad (\text{A.2})$$

Figura 39: Exemplo de aplicação da limiarização com *threshold* 120.



(a) Imagem original.

(b) Imagem em escala de cinza.

(c) Imagem binária.

Fonte: Elaborada pelo autor.

Uma outra forma de aplicar a limiarização é utilizando o chamado *semi-threshold*, bastante utilizado na análise assistida a humano. A diferença entre as duas abordagens é que a primeira abordagem torna a imagem binária e a segunda conserva o valor original do *pixel* do objeto, como ilustra a função A.3 (Figura 40).

$$g(i, j) = \begin{cases} f(i, j) & \text{se } f(i, j) \geq T, \\ 0 & \text{se } f(i, j) < T. \end{cases} \quad (\text{A.3})$$

Figura 40: Exemplo de segmentação por *threshold* e *semi-threshold* com limiar 120.



(a) Imagem em escala de cinza.

(b) Imagem segmentada com *threshold*.

(c) Imagem segmentada com *semi-threshold*.

Fonte: Elaborada pelo autor.

APÊNDICE B – ARQUIVO XML DO *LUNG IMAGE DATABASE CONSORTIUM*

O arquivo XML abaixo é referente a um dos exames de TC do LIDC (*Lung Image Database Consortium*). O arquivo teve que ser resumido por razões de espaço.

```
<?xmlversion="1.0" encoding="UTF-8"?>
<LidcReadMessageuid="1.3.6.1.4.1.1307390687803.0"
xmlns="http://www.nih.gov"
xmlns:xsi="http://www.w3.org/2001/XMLSchema-instance"
xsi:schemaLocation="http://www.nih.gov">
<ResponseHeader>
<Version>1.8.1</Version>
<MessageId>-421198203</MessageId>
<DateRequest>2007-11-01</DateRequest>
<TimeRequest>12:30:44</TimeRequest>
<RequestingSite>removed</RequestingSite>
<ServicingSite>removed</ServicingSite>
<TaskDescription>Secondunblindedread</TaskDescription>
<CtImageFile>removed</CtImageFile>
<SeriesInstanceUid>1.3.6.1.4.1.14519.03192</SeriesInstanceUid>
<DateService>2008-08-18</DateService>
<TimeService>02:05:51</TimeService>
<ResponseDescription>1-Readingcomplete</ResponseDescription>
<StudyInstanceUID>1.3.6.1.4.1.14519.30178</StudyInstanceUID>
</ResponseHeader>
<readingSession>
<annotationVersion>3.12</annotationVersion>
<servicingRadiologistID>540461523</servicingRadiologistID>
<unblindedReadNodule>
<noduleID>Nodule001</noduleID>
<characteristics>
<subtlety>5</subtlety>
<internalStructure>1</internalStructure>
<calcification>6</calcification>
<sphericity>3</sphericity>
<margin>3</margin>
<lobulation>3</lobulation>
```

```
<spiculation>4</spiculation>
<texture>5</texture>
<malignancy>5</malignancy>
</characteristics>
<roi>
<imageZposition>-125.000000</imageZposition>
<imageSOP_UID>1.3.6.1.4.1.14519.6001.08719</imageSOP_UID>
<inclusion>TRUE</inclusion>
<edgeMap>
<xCoord>312</xCoord>
<yCoord>355</yCoord>
</edgeMap>
...
<edgeMap>
<xCoord>312</xCoord>
<yCoord>355</yCoord>
</edgeMap>
</roi>
<roi>
<imageZposition>-122.500000</imageZposition>
<imageSOP_UID>1.3.6.1.4.1.14519.6001.53475</imageSOP_UID>
<inclusion>TRUE</inclusion>
<edgeMap>
<xCoord>314</xCoord>
<yCoord>346</yCoord>
</edgeMap>
...
<edgeMap>
<xCoord>314</xCoord>
<yCoord>346</yCoord>
</edgeMap>
</roi>
<roi>
<imageZposition>-120.000000</imageZposition>
<imageSOP_UID>1.3.6.1.4.1.14519.5.2.1.34793</imageSOP_UID>
<inclusion>TRUE</inclusion>
<edgeMap>
<xCoord>312</xCoord>
<yCoord>346</yCoord>
```

```
</edgeMap>
...
<edgeMap>
<xCoord>312</xCoord>
<yCoord>346</yCoord>
</edgeMap>
</roi>
<roi>
<imageZposition>-117.500000</imageZposition>
<imageSOP_UID>1.3.6.1.4.1.14519.5.2.1.88091</imageSOP_UID>
<inclusion>TRUE</inclusion>
<edgeMap>
<xCoord>308</xCoord>
<yCoord>340</yCoord>
</edgeMap>
...
<edgeMap>
<xCoord>308</xCoord>
<yCoord>340</yCoord>
</edgeMap>
</roi>
</unblindedReadNodule>
<unblindedReadNodule>
<noduleID>Nodule002</noduleID>
<roi>
<imageZposition>-150.000000</imageZposition>
<imageSOP_UID>1.3.6.1.4.1.98497029348077255</imageSOP_UID>
<inclusion>TRUE</inclusion>
<edgeMap>
<xCoord>187</xCoord>
<yCoord>166</yCoord>
</edgeMap>
</roi>
</unblindedReadNodule>
<nonNodule>
<nonNoduleID>_Non-nodule001</nonNoduleID>
<imageZposition>-185.000000</imageZposition>
<imageSOP_UID>1.3.6.1.4.1.2657524067855634242</imageSOP_UID>
<locus>
```

```
<xCoord>396</xCoord>
<yCoord>216</yCoord>
</locus>
</nonNodule>
</readingSession>
<readingSession>
<annotationVersion>3.12</annotationVersion>
<servicingRadiologistID>1428348137</servicingRadiologistID>
<unblindedReadNodule>
<noduleID>IL057_127364</noduleID>
<characteristics>
<subtlety>5</subtlety>
<internalStructure>1</internalStructure>
<calcification>6</calcification>
<sphericity>4</sphericity>
<margin>4</margin>
<lobulation>5</lobulation>
<spiculation>5</spiculation>
<texture>5</texture>
<malignancy>5</malignancy>
</characteristics>
<roi>
<imageZposition>-107.5</imageZposition>
<imageSOP_UID>1.3.6.1.4.1.28141667906503</imageSOP_UID>
<inclusion>TRUE</inclusion>
<edgeMap>
<xCoord>310</xCoord>
<yCoord>378</yCoord>
</edgeMap>
...
<edgeMap>
<xCoord>310</xCoord>
<yCoord>378</yCoord>
</edgeMap>
</roi>
<roi>
<imageZposition>-110.0</imageZposition>
<imageSOP_UID>1.3.6.1.4.1.2027094237779</imageSOP_UID>
<inclusion>TRUE</inclusion>
```

```

<edgeMap>
<xCoord>329</xCoord>
<yCoord>379</yCoord>
</edgeMap>
...
<edgeMap>
<xCoord>329</xCoord>
<yCoord>379</yCoord>
</edgeMap>
</roi>
<roi>
<imageZposition>-112.5</imageZposition>
<imageSOP_UID>1.3.6.1.4.1.2611512339602</imageSOP_UID>
<inclusion>TRUE</inclusion>
<edgeMap>
<xCoord>315</xCoord>
<yCoord>384</yCoord>
</edgeMap>
...
<edgeMap>
<xCoord>315</xCoord>
<yCoord>384</yCoord>
</edgeMap>
</roi>
<roi>
<imageZposition>-115.0</imageZposition>
<imageSOP_UID>1.3.6.1.4.1.297813206491522</imageSOP_UID>
<inclusion>TRUE</inclusion>
<edgeMap>
<xCoord>311</xCoord>
<yCoord>385</yCoord>
</edgeMap>
...
<edgeMap>
<xCoord>311</xCoord>
<yCoord>385</yCoord>
</edgeMap>
</roi>
</unblindedReadNodule>

```

```

<nonNodule>
<nonNoduleID>IL057_127367</nonNoduleID>
<imageZposition>-195.0</imageZposition>
<imageSOP_UID>1.3.6.1.4.1.19545811240897787</imageSOP_UID>
<locus>
<xCoord>408</xCoord>
<yCoord>209</yCoord>
</locus>
</nonNodule>
</readingSession>
<readingSession>
<annotationVersion>3.12</annotationVersion>
<servicingRadiologistID>-750896469</servicingRadiologistID>
<unblindedReadNodule>
<noduleID>MI014_12118</noduleID>
<roi>
<imageZposition>-175.0</imageZposition>
<imageSOP_UID>1.3.6.1.4.1.315606855383999143703</imageSOP_UID>
<inclusion>TRUE</inclusion>
<edgeMap>
<xCoord>392</xCoord>
<yCoord>317</yCoord>
</edgeMap>
</roi>
</unblindedReadNodule>
<unblindedReadNodule>
<noduleID>MI014_12119</noduleID>
<roi>
<imageZposition>-175.0</imageZposition>
<imageSOP_UID>1.3.6.1.4.1.3156068553839991437</imageSOP_UID>
<inclusion>TRUE</inclusion>
<edgeMap>
<xCoord>404</xCoord>
<yCoord>273</yCoord>
</edgeMap>
</roi>
</unblindedReadNodule>
<unblindedReadNodule>
<noduleID>MI014_12120</noduleID>

```

```

<roi>
<imageZposition>-150.0</imageZposition>
<imageSOP_UID>1.3.6.1.4.1.313544823773855095</imageSOP_UID>
<inclusion>TRUE</inclusion>
<edgeMap>
<xCoord>189</xCoord>
<yCoord>167</yCoord>
</edgeMap>
</roi>
</unblindedReadNodule>
<unblindedReadNodule>
<noduleID>MI014_12127</noduleID>
<characteristics>
<subtlety>5</subtlety>
<internalStructure>1</internalStructure>
<calcification>6</calcification>
<sphericity>3</sphericity>
<margin>2</margin>
<lobulation>3</lobulation>
<spiculation>3</spiculation>
<texture>5</texture>
<malignancy>5</malignancy>
</characteristics>
<roi>
<imageZposition>-107.5</imageZposition>
<imageSOP_UID>1.3.6.1.4.1.28141667906503662</imageSOP_UID>
<inclusion>TRUE</inclusion>
<edgeMap>
<xCoord>306</xCoord>
<yCoord>381</yCoord>
</edgeMap>
...
<edgeMap>
<xCoord>306</xCoord>
<yCoord>381</yCoord>
</edgeMap>
</roi>
<roi>
<imageZposition>-110.0</imageZposition>

```

```

<imageSOP_UID>1.3.6.1.4.1.202709423777326874</imageSOP_UID>
<inclusion>TRUE</inclusion>
<edgeMap>
<xCoord>321</xCoord>
<yCoord>381</yCoord>
</edgeMap>
...
<edgeMap>
<xCoord>321</xCoord>
<yCoord>381</yCoord>
</edgeMap>
</roi>
<roi>
<imageZposition>-112.5</imageZposition>
<imageSOP_UID>1.3.6.1.4.1.2611512339602690987</imageSOP_UID>
<inclusion>TRUE</inclusion>
<edgeMap>
<xCoord>311</xCoord>
<yCoord>383</yCoord>
</edgeMap>
...
<edgeMap>
<xCoord>311</xCoord>
<yCoord>383</yCoord>
</edgeMap>
</roi>
<roi>
<imageZposition>-115.0</imageZposition>
<imageSOP_UID>1.3.6.1.4.1.2978132064915229131</imageSOP_UID>
<inclusion>TRUE</inclusion>
<edgeMap>
<xCoord>309</xCoord>
<yCoord>388</yCoord>
</edgeMap>
...
<edgeMap>
<xCoord>309</xCoord>
<yCoord>388</yCoord>
</edgeMap>

```

```

</roi>
</unblindedReadNodule>
<nonNodule>
<nonNoduleID>MI014_12121</nonNoduleID>
<imageZposition>-165.0</imageZposition>
<imageSOP_UID>1.3.6.1.4.1.4835143194725792701</imageSOP_UID>
<locus>
<xCoord>213</xCoord>
<yCoord>157</yCoord>
</locus>
</nonNodule>
<nonNodule>
</readingSession>
<readingSession>
<annotationVersion>3.12</annotationVersion>
<servicingRadiologistID>2103845659</servicingRadiologistID>
<unblindedReadNodule>
<noduleID>0</noduleID>
<characteristics>
<subtlety>5</subtlety>
<internalStructure>1</internalStructure>
<calcification>6</calcification>
<sphericity>5</sphericity>
<margin>4</margin>
<lobulation>1</lobulation>
<spiculation>5</spiculation>
<texture>4</texture>
<malignancy>4</malignancy>
</characteristics>
<roi>
<imageZposition>-105.0</imageZposition>
<imageSOP_UID>1.3.6.1.4.1.257699431143</imageSOP_UID>
<inclusion>TRUE</inclusion>
<edgeMap>
<xCoord>311</xCoord>
<yCoord>361</yCoord>
</edgeMap>
...
<edgeMap>

```

```

<xCoord>311</xCoord>
<yCoord>361</yCoord>
</edgeMap>
</roi>
<roi>
<imageZposition>-107.5</imageZposition>
<imageSOP_UID>1.3.6.1.4.1.2814166799872</imageSOP_UID>
<inclusion>TRUE</inclusion>
<edgeMap>
<xCoord>313</xCoord>
<yCoord>355</yCoord>
</edgeMap>
...
<edgeMap>
<xCoord>313</xCoord>
<yCoord>355</yCoord>
</edgeMap>
</roi>
<roi>
<imageZposition>-110.0</imageZposition>
<imageSOP_UID>1.3.6.1.4.1.2027094237774</imageSOP_UID>
<inclusion>TRUE</inclusion>
<edgeMap>
<xCoord>316</xCoord>
<yCoord>356</yCoord>
</edgeMap>
...
<edgeMap>
<xCoord>316</xCoord>
<yCoord>356</yCoord>
</edgeMap>
</roi>
<roi>
<imageZposition>-112.5</imageZposition>
<imageSOP_UID>1.3.6.1.4.1.6115123396023</imageSOP_UID>
<inclusion>TRUE</inclusion>
<edgeMap>
<xCoord>322</xCoord>
<yCoord>355</yCoord>

```

```
</edgeMap>
...
<edgeMap>
<xCoord>322</xCoord>
<yCoord>355</yCoord>
</edgeMap>
</roi>
</unblindedReadNodule>
<unblindedReadNodule>
<noduleID>1</noduleID>
<roi>
<imageZposition>-175.0</imageZposition>
<imageSOP_UID>1.3.6.1.4.1.31560685538392</imageSOP_UID>
<inclusion>TRUE</inclusion>
<edgeMap>
<xCoord>392</xCoord>
<yCoord>316</yCoord>
</edgeMap>
</roi>
</unblindedReadNodule>
</readingSession>
</LidcReadMessage>
```

APÊNDICE C – MORFOLOGIA MATEMÁTICA

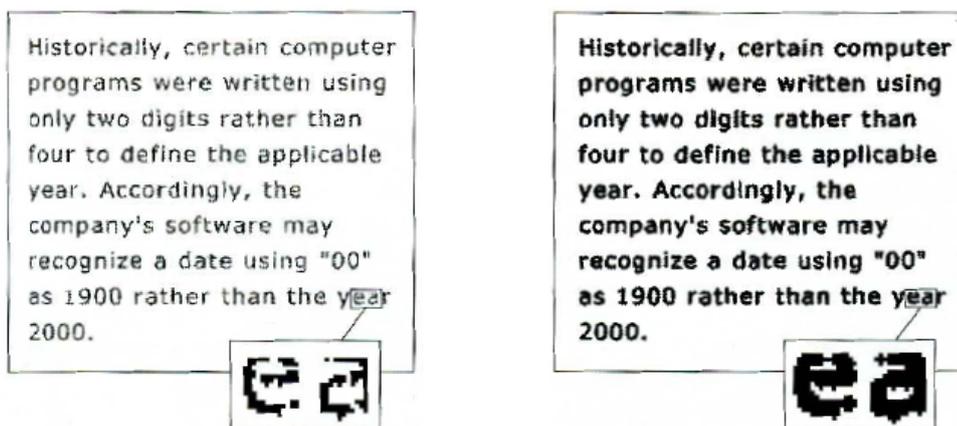
Morfologia Matemática consiste em extrair componentes das imagens que são úteis na representação e na descrição da forma de uma região. O conceito básico de morfologia matemática é proveniente da Teoria dos Conjuntos. O conjunto de todos os *pixels* pretos em uma imagem binária é uma descrição completa dessa imagem (GONZALEZ; WOODS, 2009).

A base da morfologia consiste em extrair de uma imagem desconhecida a sua geometria utilizando a transformação de uma outra imagem completamente definida. Em outras palavras, a morfologia matemática extrai informações relativas à geometria e topologia de uma imagem desconhecida pela transformação através de outro conjunto bem-definido (WANGENHEIM; SOUZA; SANTOS, 2000). Este conjunto bem-definido é chamado de elemento estruturante.

As duas operações básicas da morfologia matemática são dilatação e erosão. A operação de dilatação ou dilatação é uma função não linear que “aumenta” ou “engrossa” os objetos em uma imagem binária (Figura 41) (GONZALEZ; WOODS, 2009). A dilatação é uma transformação morfológica que combina dois conjuntos usando adição vetorial (WANGENHEIM; SOUZA; SANTOS, 2000). Dado um conjunto A que representa a imagem original e um conjunto B que representa o elemento estruturante, a dilatação \oplus de A por B é definida pela Função C.1.

$$A \oplus B = \{c \mid c = a + b, a \in A, b \in B\} \quad (\text{C.1})$$

Figura 41: Exemplo de dilatação morfológica de uma imagem binária.



(a) Imagem original.

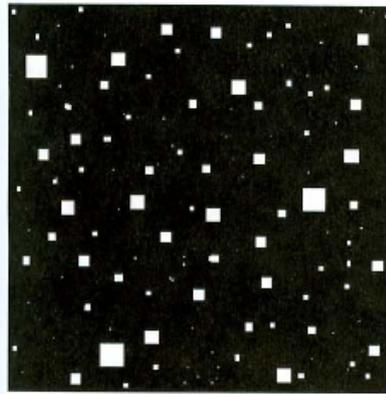
(b) Imagem após a dilatação.

Fonte: Gonzalez e Woods (2009).

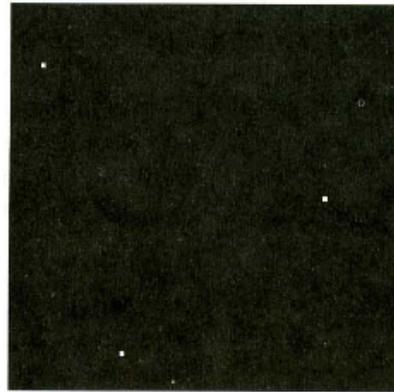
A operação de erosão “diminui” ou “afina” um objeto em uma imagem binária, sendo que detalhes menores que o elemento estruturante são removidos (Figura 42) (GONZALEZ; WOODS, 2009). A erosão é uma transformação morfológica que combina dois conjuntos usando vetores de subtração e é expressa como a interseção de A e B pela Função C.2 (WANGENHEIM; SOUZA; SANTOS, 2000).

$$A \ominus B = \{x \mid x + b \in A \text{ para todo } b \in B\} \quad (\text{C.2})$$

Figura 42: Exemplo de erosão morfológica de uma imagem binária.



(a) Imagem original.



(b) Imagem após a erosão.

Fonte: Gonzalez e Woods (2009).

APÊNDICE D – ANÁLISE ESTATÍSTICA

Os atributos estatísticos utilizados neste trabalho na Análise de Nitidez de Borda 3D estão listados nas Equações D.1-D.12, onde x é o conjunto de elementos, e n é o tamanho deste conjunto.

$$\text{diferença entre os extremos} = x_n - x_1 \quad (\text{D.1})$$

$$\text{soma dos valores} = \sum_{i=1}^n x_i \quad (\text{D.2})$$

$$\text{soma dos quadrados} = \sum_{i=1}^n x_i^2 \quad (\text{D.3})$$

$$\text{soma dos logs} = \sum_{i=1}^n \log x_i \quad (\text{D.4})$$

$$\text{média aritmética } (\mu) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i \quad (\text{D.5})$$

$$\text{média geométrica} = \sqrt[n]{\prod_{i=1}^n x_i} \quad (\text{D.6})$$

$$\text{variância da população} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \mu)^2 \quad (\text{D.7})$$

$$\text{variância da amostra } (v) = \frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (x_i - \mu)^2 \quad (\text{D.8})$$

$$\text{desvio padrão } (s) = \sqrt{v} \quad (\text{D.9})$$

$$\text{medida de kurtosis} = \frac{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \mu)^4}{s^4} \quad (\text{D.10})$$

$$\text{medida de skewness} = \frac{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \mu)^3}{s^3} \quad (\text{D.11})$$

$$\text{segundo momento central} = \frac{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \mu)^2}{s^2} \quad (\text{D.12})$$