

# Diagnóstico Automático no Cancro da Mama

Por  
Vera Susana Ribeiro

**Orientador:** Eduardo José Solteiro Pires

**Co-orientador:** José Paulo Barroso de Moura Oliveira

Dissertação submetida à  
UNIVERSIDADE DE TRÁS-OS-MONTES E ALTO DOURO  
para obtenção do grau de  
MESTRE  
em Engenharia Biomédica, de acordo com o disposto no  
DR – I série–N.º 151, Decreto-Lei n.º 115/2013 de 7 de Agosto e no  
Regulamento de Estudos Conducente ao Grau de Mestre da UTAD  
DR, 2.ª série – N.º 133 de 13 de Julho de 2016



# Diagnóstico Automático no Cancro da Mama

Por  
Vera Susana Ribeiro

**Orientador:** Eduardo José Solteiro Pires

**Co-orientador:** José Paulo Barroso de Moura Oliveira

Dissertação submetida à  
UNIVERSIDADE DE TRÁS-OS-MONTES E ALTO DOURO  
para obtenção do grau de  
MESTRE  
em Engenharia Biomédica, de acordo com o disposto no  
DR – I série–N.º 151, Decreto-Lei n.º 115/2013 de 7 de Agosto e no  
Regulamento de Estudos Conducente ao Grau de Mestre da UTAD  
DR, 2.ª série – N.º 133 de 13 de Julho de 2016



*Orientação Científica :*

**Eduardo José Solteiro Pires**

Professor Auxiliar com Agregação do  
Departamento de Engenharia  
Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro

**José Paulo Barroso de Moura Oliveira**

Professor Associado com Agregação do  
Departamento de Engenharia  
Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro



*"Descobrir consiste em olhar para o que todo o mundo está a ver e pensar numa coisa diferente."*

*Roger Von Oech (1948)*

*A quem dedico, Aos meus pais*

*Joaquim Ribeiro e Fátima Ribeiro*



UNIVERSIDADE DE TRÁS-OS-MONTES E ALTO DOURO

Mestrado em Engenharia Biomédica

Os membros do Júri recomendam à Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro a aceitação da dissertação intitulada “ **Diagnóstico Automático no Cancro da Mama**” realizada por **Vera Susana Ribeiro** para satisfação parcial dos requisitos do grau de **Mestre**.

Janeiro 2019

Presidente: **Doutor Luís José Calçada Torres Pereira,**  
Professor Auxiliar da Escola de Ciências e Tecnologia da  
Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro

Vogais do Júri: **Doutora Ana Maria Dias Madureira Pereira,**  
Professora Adjunta do Instituto Superior de Engenharia do Porto  
do Instituto Politécnico do Porto

**Doutor Eduardo José Solteiro Pires,**  
Professor Auxiliar com Agregação da Escola de Ciências e  
Tecnologia da Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro



# Diagnóstico Automático no Cancro da Mama

*Vera Susana Ribeiro*

Submetido na Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro  
para o preenchimento dos requisitos parciais para obtenção do grau de  
Mestre em Engenharia Biomédica

**Resumo** — O presente trabalho tem como objetivo principal o desenvolvimento de uma aplicação que auxilie os profissionais de saúde, no diagnóstico do cancro da mama, através da implementação de técnicas de aprendizagem automática que identifiquem potenciais doentes a partir de um conjunto de características extraídas previamente de mamografias. A implementação de técnicas de aprendizagem automática realiza-se através da elaboração e treino de uma rede neuronal artificial *feedforward* do tipo *Perceptron* Multi Camadas. Neste trabalho a implementação para tal operação foi feita em Python, recorrendo à utilização de duas bibliotecas diferentes (*sklearn* e *keras*). Os resultados experimentais foram obtidos pela realização de simulações em cada uma das aplicações desenvolvidas, e o desempenho do classificador neuronal foi avaliado através de medidas de desempenho dos sistemas de classificação e da curva ROC. Os resultados mostram-se promissores, visto que, o sistema de redes neuronais foi capaz de discriminar dois universos separáveis, para doentes com tumor benigno ou maligno.

**Palavras Chave:** Cancro da Mama, Diagnóstico, Redes Neuronais Artificiais, Classificador Neuronal, Accuracy.



# Automatic Diagnosis of Breast Cancer

*Vera Susana Ribeiro*

Submitted to the University of Trás-os-Montes and Alto Douro  
in partial fulfillment of the requirements for the degree of  
Master of Biomedical Engineering

**Abstract** — The main objective of this work is the development of an application to assist health professionals in the breast cancer diagnosis through the implementation of machine learning techniques that identify potential patients from a set of previously mammograms. The implementation of machine learning techniques is accomplished through the elaboration and training of an artificial feedforward neural network of the type Multi Layer Perceptron. In this work, the implementation was made in Python, using two different libraries (sklearn and keras). Experimental results were obtained by performing simulations in both developed applications, and the performance of the neuronal classifier was evaluated through the performance measures of the classification systems and the ROC curve. The results were promising, since the neural network was able to discriminate two separable sets for benign or malignant tumor patients.

**Key Words:** Breast Cancer, Diagnosis, Artificial Neural Networks, Neuronal Classifier, Accuracy.



# Agradecimentos

---

Agradeço primeiramente aos professores Eduardo Solteiro Pires e Paulo Moura Oliveira, pela excelente orientação, pela ajuda e incentivo, por toda a sua total disponibilidade e apoio, e pela total colaboração para solucionar as dúvidas e problemas que foram surgindo ao longo da realização deste trabalho, e por todas as palavras de incentivo.

Ao professor Manoel Doblaré Castellano e ao Jacobo Ayensa Jiménez pela orientação e total colaboração, pela disponibilidade e por toda a ajuda e apoio, muito obrigado.

Aos meus admiráveis pais, por serem exemplos de força e perseverança, por todo o amor e carinho, coragem e incentivo em fazer-me acreditar que era possível, pela confiança e pelo apoio incondicional em todos os momentos da minha vida, muito obrigado.

À minha irmã Cátia e ao Joel, por estarem sempre do meu lado, por toda a compreensão e apoio incondicional, pelo incentivo, por todo o amor e amizade, e pela paciência demonstrada ao longo desta caminhada, muito obrigado.

Ao meu Nelson pelo amor incondicional, pelo carinho, por acreditar sempre em mim, pela total ajuda na superação dos obstáculos, pela paciência e por toda a força e palavras de incentivo para nunca desistir, muito obrigado.

À Tina e à Alex por toda a amizade e companheirismo que sempre demonstraram e

por todos os bons momentos que partilhamos, por todas as palhaçadas e gargalhadas, um obrigado muito especial por me deixarem fazer parte desta caminhada.

A toda a minha família, pelo amor, carinho e incentivo ao longo destes anos, em especial à minha Joana, por ser um poço de inspiração nos momentos mais difíceis; e à minha tia Sofia, por todo o carinho, por toda a ajuda e por ser a minha “madre” espanhola.

Ao meu Balty por todo o amor, por estar sempre ao meu lado, e por ser a minha grande companhia durante esta caminhada.

Ao meu tio Manel, por todo o amor e carinho, por ser um exemplo, por me ajudar sempre, e por me incentivar a nunca desistir.

Por fim, agradeço ao meu querido avô Vitorino, pelos ensinamentos, pelo amor e carinho, por ser um exemplo para a vida, de força e superação, e por me fazer acreditar que tudo na vida se deve ao esforço e dedicação empregue, e por estar aí em cima a cuidar e a olhar por mim. Obrigado!

UTAD, Vila Real, 30 de Outubro de 2018

Vera Susana Ribeiro

# Índice geral

---

Resumo	xi
<i>Abstract</i>	xiii
Agradecimentos	xv
Índice de tabelas	xxi
Índice de figuras	xxiii
Listagem	xxv
Glossário, acrónimos e abreviaturas	xxvii
<b>1 Introdução</b>	<b>1</b>
1.1 Motivação e objectivos . . . . .	3
1.2 Organização da dissertação . . . . .	4
<b>2 Cancro da mama</b>	<b>7</b>
2.1 O Cancro da Mama . . . . .	10
2.1.1 Estágios do Cancro da Mama . . . . .	11
2.1.2 Causas do Cancro da Mama . . . . .	13
2.1.3 Prevenção do Cancro da Mama . . . . .	15
2.2 Diagnóstico do Cancro da Mama . . . . .	16
2.2.1 Técnicas de Diagnóstico . . . . .	16

2.3	Tratamento do Cancro da Mama . . . . .	24
2.3.1	Radioterapia . . . . .	26
2.3.2	Quimioterapia . . . . .	26
2.3.3	Terapêutica Hormonal . . . . .	26
2.3.4	Terapêuticas Dirigidas . . . . .	27
2.3.5	Mastectomia . . . . .	27
2.4	Notas Finais do Capítulo . . . . .	29
<b>3</b>	<b>Cérebro e Sistema Nervoso</b>	<b>31</b>
3.1	Sistema Nervoso . . . . .	32
3.1.1	O Cérebro Humano . . . . .	33
3.1.2	Os Neurónios . . . . .	34
3.2	Notas Finais do Capítulo . . . . .	39
<b>4</b>	<b>Redes Neurais Artificiais</b>	<b>41</b>
4.1	Vantagens das Redes Neurais Artificiais . . . . .	43
4.2	Modelos de Neurónios Artificiais . . . . .	46
4.2.1	Modelo de McCulloch e Pitts . . . . .	46
4.2.2	Modelo <i>Perceptron</i> . . . . .	48
4.2.3	Modelo de Múltiplas Camadas . . . . .	53
4.3	Arquitetura das Redes Neurais Artificiais . . . . .	56
4.3.1	Redes Não Recorrentes . . . . .	57
4.3.2	Redes Recorrentes . . . . .	59
4.4	Algoritmos de Treino . . . . .	61
4.4.1	Treino Supervisionado . . . . .	62
4.4.2	Treino Não-Supervisionado . . . . .	64
4.5	Método <i>Backpropagation</i> . . . . .	66
4.5.1	Estrutura e Aprendizagem do Método <i>Backpropagation</i> . . . . .	68
4.5.2	Aplicação do Algoritmo de Treino <i>Backpropagation</i> . . . . .	68
4.6	Funções de Ativação . . . . .	69
4.6.1	Função Sigmóide . . . . .	69
4.6.2	Função Tangente Hiperbólica . . . . .	71
4.6.3	Funções Lineares . . . . .	71
4.6.4	Função Degrau . . . . .	75
4.7	Etapas de Modelagem de uma Rede Neuronal . . . . .	75
4.8	Validação da Rede Neuronal . . . . .	78
4.9	Regularização . . . . .	80
4.9.1	Regularização L1 . . . . .	80
4.9.2	Regularização L2 . . . . .	81
4.9.3	<i>Dropout</i> . . . . .	81

4.10	Aplicações das Redes Neuronais Artificiais . . . . .	82
4.11	Notas Finais do Capítulo . . . . .	83
<b>5</b>	<b>Ferramentas e Métodos</b>	<b>85</b>
5.1	Metodologia . . . . .	86
5.2	Medidas de Classificação . . . . .	89
5.3	Etapas de Implementação da Rede Neuronal . . . . .	94
5.4	Base de Dados . . . . .	95
5.4.1	Dados Utilizados para Treino e Validação da Rede Neuronal . . . . .	96
5.4.2	Interface e Pré-Processamento . . . . .	97
5.5	Arquitetura da Rede Neuronal Artificial . . . . .	98
5.5.1	Implementação da Arquitetura da RNA . . . . .	99
5.5.2	Configuração da camada de entrada e da camada de saída da RNA . . . . .	100
5.5.3	Configuração da Camada Intermédia, Funções de Ativação e Implementação da RNA . . . . .	102
5.5.4	Treino e Validação da Rede Neuronal e Critério de Paragem . . . . .	104
5.6	Notas Finais . . . . .	105
<b>6</b>	<b>Resultados</b>	<b>109</b>
6.1	Análise Quantitativa dos Dados . . . . .	110
6.2	Análise Quantitativa dos Resultados Contínuos . . . . .	116
6.3	Análise Quantitativa dos Resultados Dicotómicos . . . . .	117
6.4	Conclusão . . . . .	126
<b>7</b>	<b>Conclusão e trabalho futuro</b>	<b>129</b>
	<b>Referências bibliográficas</b>	<b>133</b>



# Índice de tabelas

---

2.1	Estágios do cancro da mama . . . . .	12
5.1	Atributos e Domínios das variáveis da base de dados WBCD. . . . .	97
6.1	Medidas de desempenho da rede neuronal. . . . .	111
6.2	Resultados obtidos com 21 simulações da RNA implementada em <i>sklearn</i> . . . . .	112
6.3	Resultados obtidos com 21 simulações da RNA implementada em <i>keras</i> . . . . .	113
6.4	Resultados obtidos da tabela de simulações da rede implementada em <i>sklearn</i> . . . . .	114
6.5	Resultados obtidos da tabela de simulações da rede implementada em <i>keras</i> . . . . .	115
6.6	Resultados das medidas de qualificação da RNA. . . . .	116
6.7	Cálculo da AUC da curva ROC obtida e respetivos valores de sensibilidade e do complemento da especificidade. . . . .	123



# Índice de figuras

---

2.1	Representação dos quadrantes superior lateral e medial e inferior lateral e medial da mama. . . . .	9
2.2	Estágios do cancro da mama. . . . .	13
2.3	Representação do sistema TNM. . . . .	14
3.1	Representação do sistema nervoso em diagrama de blocos. . . . .	33
3.2	Constituição de um neurónio biológico. . . . .	35
3.3	Sinapses. . . . .	36
4.1	Modelo do neurónio artificial de McCulloch e Pitts. . . . .	47
4.2	Descrição funcional de um neurónio artificial. . . . .	49
4.3	Rede <i>Perceptron</i> . . . . .	50
4.4	Transformação afim produzida pela presença do termo polarizador $v=b$ e $u=0$ . . . . .	52
4.5	Outro modelo não-linear de um neurónio. . . . .	53
4.6	Rede neuronal MLP. . . . .	55
4.7	Arquitetura da rede não recorrente <i>feedforward</i> . . . . .	58
4.8	Representação de uma rede <i>feedforward</i> com 3 camadas de conexões. . . . .	59
4.9	Arquitetura de redes recorrentes gerais. . . . .	60

4.10	Arquitetura da rede recorrente de Elman. . . . .	61
4.11	Regressão linear. . . . .	64
4.12	Retroalimentação do algoritmo de aprendizagem de forma direta. . . . .	66
4.13	Retroalimentação do algoritmo de aprendizagem da rede neuronal por <i>backpropagation</i> . . . . .	67
4.14	Função de Ativação Sigmoide. . . . .	70
4.15	Função de Ativação Tangente Hiperbólica. . . . .	72
4.16	Função Linear . . . . .	73
4.17	Gráfico da Função de Ativação <i>ReLU(x)</i> . . . . .	74
4.18	Gráfico da Função de Ativação <i>LeakyReLU(x)</i> . . . . .	75
4.19	Representação da Função de Ativação em Degrau. . . . .	76
4.20	Tabela exemplo de validação cruzada. . . . .	79
4.21	Demonstração da técnica de <i>dropout</i> . . . . .	82
5.1	Tabela de contingência utilizada para determinar os falsos positivos e negativos e os verdadeiros positivos e negativos. . . . .	88
5.2	Tabela de contingência: relação entre a sensibilidade e especificidade e verdadeiros positivos e negativos. . . . .	92
5.3	Interface Web do WBCD. . . . .	98
5.4	Representação da arquitetura da rede implementada em <i>sklearn</i> . . . . .	100
5.5	Arquitetura da rede neuronal implementada em <i>sklearn</i> e em <i>keras</i> e respetivo algoritmo de treino. . . . .	103
6.1	Representação gráfica da quantidade de FP e FN, e TP e TN presentes em cada simulação ( <i>keras</i> ). . . . .	114
6.2	Representação da curva ROC. . . . .	119
6.3	Curva ROC da RNA implementada em <i>keras</i> . . . . .	120
6.4	Representação gráfica da curva ROC obtida e respetivas linhas de previsão. . . . .	121
6.5	Representação gráfica do método dos trapézios para o cálculo da AUC. . . . .	123
6.6	Representação gráfica da média e do desvio padrão em cada ponto de corte da curva ROC. . . . .	125

# Lista de Códigos

---

- 5.1 Código utilizado na implementação da rede neuronal em *sklearn* . . . . 103
- 5.2 Código utilizado na implementação da rede neuronal em *keras*. . . . 103



# Glossário, acrónimos e abreviaturas

---

## Lista de acrónimos

<b>Sigla</b>	<b>Expansão</b>
ACC	<i>Accuracy</i> (acurácia)
AUC	<i>Area Under the Curve</i> (Área Abaixo da Curva)
CAD	<i>Computer Aided Design</i> (Diagnóstico Assistido por Computador)
CT	<i>Computed Tomography</i> (Tomografia Computadorizada)
ES	<i>Specificity</i> (Especificidade)
FDG	<i>Fluorodeoxyglucose</i> (Fluorodesoxiglicose)
FN	<i>False Negative</i> (Falso Negativo)
FP	<i>False Positive</i> (Falso Positivo)
FPR	<i>False Positive Rate</i> (Rácio de Falsos Positivos)
MLP	<i>Multilayer Perceptron</i> (Perceptron Multi Camadas)
N	<i>Total Negative Population</i> (População Total de Negativos)

<b>Sigla</b>	<b>Expansão</b>
P	<i>Total Positive Population</i> (População Total de Positivos)
PAAF	<i>Fine Needle Aspiration Puncture</i> (Punção Aspirativa por Agulha Fina)
PET	<i>Positron Emission Tomography</i> (Tomografia por Emissão de Positrões)
RNA	<i>Artificial Neural Network</i> (Rede Neuronal Artificial)
ROC	<i>Receiver Operating Characteristic</i> (Características Operacionais do Receptor)
SE	<i>Sensibility</i> (Sensibilidade)
TN	<i>True Negative</i> (Verdadeiro Negativo)
TNR	<i>True Negative Rate</i> (Rácio de Verdadeiros Negativos)
TP	<i>True Positive</i> (Verdadeiro Positivo)
TPR	<i>True Positive Rate</i> (Rácio de Verdadeiros Positivos)
VLSI	<i>Very-Large-Scale Integration</i>
VPN	<i>Negative Predictive Value</i> (Valor Preditivo Negativo)
VPP	<i>Positive Predictive Value</i> (Valor Preditivo Positivo)
WBCD	<i>Wisconsin Breast Cancer Database</i>

# 1

## Introdução

---

O cancro da mama tem vindo a revelar-se uma grande adversidade a nível clínico, tanto devido à sua acentuada prevalência, como por ser uma das grandes causas de morte na população feminina. Atualmente, o cancro da mama é uma das neoplasias mais comum a nível mundial, e é o tumor maligno mais frequentemente diagnosticado nas mulheres. Esta patologia tem vindo a motivar, cada vez mais, a discussão em torno de medidas que promovam o diagnóstico precoce, na tentativa de haver uma redução da incidência do cancro da mama, e conseqüentemente, das suas morbilidades e mortalidade. A incidência do cancro da mama tem vindo a aumentar devido à melhoria de sobrevivência de outras doenças, ao aumento da esperança média de vida, e às mudanças no estilo de vida, que predisõem esta doença com um risco de incidência acrescido.

A identificação do cancro da mama depende da interpretação do médico a partir das informações obtidas dos pacientes através de exames, que incluem tanto o exame clínico da mama, como a mamografia e a análise do tecido mamário. O diagnóstico correto num estado prematuro do cancro da mama pode auxiliar na tomada de decisões, no planeamento de ações e na eficiência do tratamento. No entanto, diagnosticar corretamente o cancro é um processo complexo e muito difícil, como

consequência das diversas variáveis envolvidas no processo de diagnóstico. Para um diagnóstico preciso, é exigida muita experiência na análise do teste diagnóstico, e principalmente, que a classificação do estágio do cancro esteja correta.

Neste trabalho são apresentados alguns métodos de aprendizagem automática capazes de extrair conhecimentos de um conjunto de dados. O conhecimento extraído pode ser representado na forma de Regras de Produção ou Árvores de Decisão, e através de um complexo conjunto de parâmetros interligados por fórmulas matemáticas não triviais, como é o caso das Redes Neuronais Artificiais (RNA). Cada uma das três formas de representação de conhecimento mencionadas possui vantagens e desvantagens, sendo as Regras de Produção e as Árvores de Decisão mais facilmente compreendidas pelo ser humano, contudo, exigem um maior esforço para a implementação e manutenção dentro de um sistema computacional. Já as Redes Neuronais Artificiais são implementadas e alteradas com maior facilidade, mas o seu entendimento é mais complicado. Com vista a uma maior compreensão do conhecimento representado através das RNA, este trabalho investiga algoritmos de extração de conhecimento usando redes neuronais artificiais.

A representação do conhecimento nas redes neuronais está relacionada com o conceito de conexão entre os neurónios, que são os elementos processadores de informação, e que interagem uns com os outros através de ligações, que representam as sinapses. O modelo das redes neuronais é inspirado principalmente nas estruturas, organização e funcionamento do cérebro humano. O conhecimento das redes neuronais artificiais é codificado na estrutura da rede, tendo especial destaque para as conexões, ou seja, as sinapses, entre as unidades que compõe a rede, designadas por neurónios. Nas redes neuronais artificiais obtidas pela simulação em computador, é associada a cada conexão um valor numérico, designadamente, um peso sináptico, que caracteriza a força da conexão entre dois neurónios. A aprendizagem numa RNA é realizada por um processo de adaptação dos pesos sinápticos, usando respetivas funções de ativação e algoritmos de treino da rede neuronal.

Como os conhecimentos da rede estão codificados na estrutura de interconexões entre os neurónios e nos pesos associados a estas conexões, é muito difícil, para o

ser humano, analisar e interpretar os conhecimentos adquiridos por uma RNA. Os conhecimentos das redes neuronais resumem-se a um conjunto de valores numéricos que descrevem conexões, e consequentemente, o comportamento da rede.

Assim, neste trabalho, apresenta-se detalhadamente os diferentes tipos de redes neuronais, em que a escolha do tipo de neurónio artificial utilizado é fundamental para definir como será a representação interna dos conhecimentos da rede. Inicialmente aborda-se a representação de conhecimentos utilizada pelas redes neuronais artificiais para de seguida analisar a parte referente à aprendizagem destas. É de salientar que existem diferentes tipos de RNA e que cada um destes diferentes modelos possui características próprias quanto à sua forma de representar e adquirir conhecimentos. Em função disto, em primeiro lugar apresenta-se uma visão geral dos diferentes modelos de RNA, para de seguida, descrever um num modelo mais específico: as redes neuronais artificiais do tipo MLP (*Multi Layer Perceptron*) usadas neste trabalho.

## 1.1 Motivação e objectivos

As redes neuronais artificiais foram desenvolvidas de forma a simular num ambiente computacional, tanto a estrutura como a funcionalidade das mesmas. As redes neuronais apresentam melhores abordagens para problemas que implicam o reconhecimento, classificação, associação e identificação de padrões, assim como a aproximação de funções e a aprendizagem da rede neuronal.

A utilização de redes neuronais exhibe inúmeras vantagens tanto no que diz respeito à tolerância a falhas, à capacidade de aprendizagem e de adaptação e especialmente, à capacidade destas para resolver problemas práticos sem necessidade de definir listas de regras ou modelos precisos.

Em função disso, e tendo em conta a accuracy dos resultados obtidos em trabalhos anteriores, como por exemplo, o trabalho de [Guimarães \*et al.\* \(2003\)](#), presume-se que as RNA podem ser perfeitamente aplicadas na predição de tumores relativos ao

cancro da mama.

O método de predição de tumores benignos ou malignos do cancro da mama utilizado neste trabalho tem o objetivo de classificar possíveis doentes que apresentem tumores benignos ou malignos, a partir de um conjunto de características extraídas previamente de imagens mamográficas. Assim, a hipótese do trabalho é desenvolver um processo de classificação neuronal que a partir de um conjunto de dados com características extraídas de imagens de mamografias, consiga prever se o doente possui tumor benigno ou maligno. Um aspeto importante nos métodos de predição de tumores é o facto de, por vezes, o conjunto de dados não possuir qualidade suficiente para a extração do conhecimento. Então, o problema de predição de tumores torna-se um problema de classificação de padrões, que é tratável por algoritmos de reconhecimento de padrões, como por exemplo, pelas RNA.

Um dos objetivos específicos é construir uma rede neuronal artificial, que deve ser treinada e testada com um conjunto de dados específico. A rede neuronal implementada deve apresentar inicializações aleatórias, recorrendo a melhorias na rede neuronal.

## 1.2 Organização da dissertação

O presente trabalho propõe o desenvolvimento de uma RNA *feedforward* com uma arquitetura de multicamadas com utilização do algoritmo *Backpropagation*.

O trabalho encontra-se estruturado em sete capítulos. No presente capítulo fez-se uma introdução que serve de enquadramento ao trabalho desenvolvido e apresentou-se a motivação do trabalho.

Nos Capítulos 2 e 3 realiza-se uma revisão da literatura nas áreas da Anatomia Humana, respetivamente a glândula mamária, o cancro da mama e o sistema nervoso; e na área das Redes Neurais e suas funções discriminantes, fornecendo os fundamentos básicos para o entendimento do trabalho. Assim, o Capítulo 2 inicia-se com

uma abordagem à glândula mamária, à sua forma e constituição, referindo também o cancro da mama, as suas causas, prevenção e diagnóstico. No Capítulo 3 é feito um levantamento da definição das redes neuronais e dos conceitos básicos para o entendimento do trabalho: o sistema nervoso, os neurónios, as sinapses e os impulsos nervosos, que servem de inspiração às redes neuronais artificiais.

Seguidamente, no Capítulo 4 faz-se uma introdução às RNA, às suas vantagens, e à definição de neurónio artificial. Apresentou-se também os diferentes modelos de neurónios, assim como os seus componentes, e ainda as várias topologias das redes neuronais. Neste capítulo são ainda descritos os métodos de aprendizagem das redes neuronais, e respetiva aplicação de cada um dos métodos; os diversos tipos de funções de ativação; a arquitetura das redes neuronais; os algoritmos de treino: supervisionado ou não supervisionado, e ainda a validação e regularização das redes neuronais artificiais.

O Capítulo 5 descreve e projeta o problema que será resolvido na dissertação: implementar técnicas de aprendizagem automática que identifiquem possíveis doentes a partir de um conjunto de características extraídas previamente de mamografias, através de diversos modelos de RNA. São também apresentados os materiais e métodos que serão utilizados no trabalho, explicitando as arquiteturas propostas que resolveram o problema, assim como o conjunto de dados que foram utilizados nas fases de validação e treino da rede neuronal.

O Capítulo 6 versa sobre os resultados obtidos, e respetiva análise, e a comparação dos resultados alcançados com as diferentes bibliotecas utilizadas para implementação da rede neuronal.

A finalizar o trabalho, no Capítulo 7 faz-se uma discussão dos resultados e apresentam-se algumas perspetivas de trabalho futuro.



# 2

## Cancro da mama

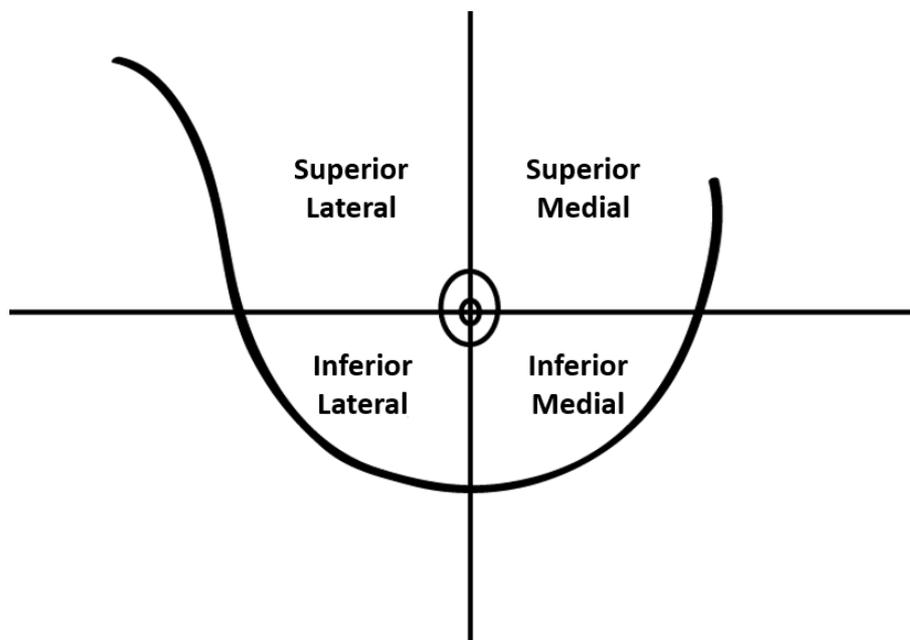
---

A glândula mamária, ou mama, também designada por seio, é um órgão par e simétrico que está presente em ambos os sexos, desenvolvendo-se apenas na mulher durante a adolescência, por estímulo de hormonas femininas. No homem este órgão permanece atrofiado (Fonseca e Fonseca, 1978; Hoyco *et al.*, 2005). Este órgão é uma estrutura glandular que se situa na parte anterior e superior do tórax, em frente aos músculos peitorais e estende-se da segunda à sexta costela no plano vertical, e do esterno à linha axilar anterior do plano horizontal (Bernardes, 2010). A glândula mamária é composta por lobos, que são as glândulas produtoras de leite; por ductos, pequenos tubos que transportam o leite dos lobos ao mamilo e por estroma, que é o tecido adiposo e o tecido conjuntivo, que envolve os ductos e lobos e os vasos sanguíneos e linfáticos. Este conjunto de glândulas, desempenha uma função muito importante na produção de leite e está intimamente relacionada com a maternidade, sendo também um órgão com um papel preponderante na estética, na imagem corporal, e na sexualidade da mulher.

A forma e a dimensão da mama dependem de diversos fatores: genéticos, raciais ou fatores relacionados com a idade e menopausa; e a sua estrutura histológica varia de acordo com o sexo, a idade e o estado fisiológico (Junqueira e Carneiro, 2008).

Os seios apresentam uma forma semiesférica ou cônica na mulher adulta, sendo a sua forma, aspeto geral e a consistência muito variáveis. A configuração externa da mama apresenta três zonas principais: a zona periférica, que é a mais extensa e está delimitada pela aérola e pelos tegumentos vizinhos, sendo caracterizada por ser uma zona lisa, elástica e muito macia ao tato, com uma coloração muito idêntica à da pele. A zona média ou aérola, tem uma coloração mais escura que a restante pele, apresentando na sua superfície pequenos relevos denominados de tubérculos de *Morgagni*, que correspondem a glândulas sebáceas bastante desenvolvidas. Por último, a zona central, designada por mamilo, é uma proeminência circular castanha escura onde os canais da glândula mamária, que está localizada no interior do órgão, convergem. Esta zona tem um aspeto irregular e enrugado abundantemente preenchido por terminações nervosas sensoriais, e no bico do mamilo, encontram-se pequenos orifícios que correspondem às extremidades distais dos canais galactóforos (Fonseca e Fonseca, 1978; Hoyco *et al.*, 2005; Hoehn, 2009).

Na sua conformação interna a glândula mamária, que tem como função a lactação, ou seja, a síntese, a secreção e a ejeção de leite; é constituída por lobos que se distribuem de forma radial em torno da papila mamária, e são separados por tecido adiposo. O tecido glandular é o responsável pela produção do leite e é formado por três unidades secretoras, denominadas de ácinos que se interligam por ductos, convergindo e formando canais de maiores dimensões, designados de galactóforos, que drenam o leite produzido nos ácinos até ao mamilo (Hoehn, 2009). O tecido conjuntivo, que também constitui o interior da mama, é formado por ligamentos suspensores que se estendem desde a fáscia dos músculos peitorais até à pele dos seios, proporcionando assim a sustentação das mamas, impedindo a sua flacidez; mas com o aumento da idade estes enfraquecem e alongam e, dessa forma, a flacidez das mamas aumenta e tendem a descair (Selley e Tate, 2003). Ao longo da vida, as glândulas mamárias sofrem alterações e modificações desde o seu desenvolvimento no espaço embrionário, até à menopausa, passando pela puberdade e gravidez (Fonseca e Fonseca, 1978; Hoyco *et al.*, 2005). Por norma, de maneira a localizar anatomicamente as possíveis alterações da mama, para obter uma melhor descrição de tumores; divide-se a superfície da mama em quatro quadrantes: os quadrantes superior lateral, superior



**Figura 2.1** – Representação dos quadrantes superior lateral e medial e inferior lateral e medial da mama.

medial, inferior lateral e inferior medial, como se encontra representado na Figura 2.1, podendo ser utilizada também a analogia com as horas, onde se recorre aos ponteiros do relógio para identificar o tumor.

Este capítulo apresenta uma pequena introdução acerca da glândula mamária, relativamente à sua conformação e composição, bem como relativamente ao cancro da mama, evidenciando os seus estágios e possíveis causas. Adicionalmente são também abordadas as técnicas de diagnóstico do cancro da mama e os tratamentos utilizados atualmente. Assim, na Secção 2.1 apresenta-se uma explicação sucinta do cancro da mama e como este se desenvolve e prolifera, bem como os seus estágios, as possíveis causas e as medidas de prevenção a tomar. De seguida, na Secção 2.2 descrevem-se as técnicas de diagnóstico deste cancro em particular; e por último, na Secção 2.3, expõe-se os tratamentos existentes para combater esta doença.

## 2.1 O Cancro da Mama

As patologias mamárias podem representar tumores, que podem ser de origem benigna ou maligna, sendo que normalmente são maioritariamente de origem benigna, não pondo a vida dos indivíduos em risco.

O cancro é uma proliferação anormal das células, ou seja, é uma doença na qual as células do nosso organismo sofrem mutações no seu DNA e se dividem descontroladamente, adquirindo propriedades durante o processo de divisão que invadem outros tecidos, impedindo-as de morrer, o que vai fazer com que, se forme um tumor que pode originar um cancro. Ultimamente tem havido um grande progresso no conhecimento da forma como as células normais se modificam ou se transformam em células cancerígenas, passando grande parte deste avanço pelo estudo da forma como algumas substâncias podem causar cancro, interagindo com o funcionamento normal dos nossos genes. No nosso organismo existem proto oncogenes que apresentam um papel regulador nas células com funcionamento normal, contudo, um erro genético pode conduzir ao desenvolvimento do cancro.

A maioria dos cancros adquire o nome das células que lhe dão origem, por exemplo, quando as células que lhe deram origem são células da mama, nomeia-se de cancro da mama. O cancro com origem em células epiteliais, é denominado de carcinomas; com origem no sistema linfático é designado de linfoma, e a leucemia tem início nos leucócitos (Cancro, 2017).

Embora o cancro se desenvolva a partir de tumores, nem sempre correspondem a cancro, uma vez que, podem ser benignos ou malignos. Os tumores benignos não são considerados como cancro e as suas células não se disseminam para os tecidos, podendo ser removidos. Já os tumores malignos são considerados como cancro e têm a capacidade de sofrer metástases, ou seja, as células podem invadir e danificar os tecidos e órgãos circundantes podendo ainda libertar-se do tumor primitivo e entrar na corrente sanguínea ou no sistema linfático a partir do cancro original, designado por tumor primário, formando novos tumores noutros órgãos (Tortora e Nielsen,

2012).

O cancro da mama é considerado o segundo tipo de cancro mais comum nas mulheres, e representa a primeira causa de morte relacionada com o cancro na Europa, embora, também possa ocorrer em homens, mas representa menos de 1% dos casos diagnosticados. Em Portugal, o cancro da mama, é o cancro com maior taxa de incidência, e a sua ocorrência tem vindo a aumentar cada vez mais, surgindo cerca de 6000 novos casos de ano para ano (Lação, 2017). Este tipo de cancro é classificado de acordo com o tipo de tecido em que tem início, e de acordo com o seu alcance e propagação (Torres, 2008). Na maioria dos casos, os tecidos mamários afetados são os ductos mamários, que transportam o leite até ao mamilo, originando o carcinoma ductal; ou os lóbulos mamários, glândulas produtoras de leite, originando o carcinoma lobular. Existem vários tipos de cancro da mama, decorrentes das células epiteliais dos ductos lactíferos nos lóbulos da glândula mamária (Moore e Dalley, 2006), que se podem classificar por carcinoma lobular, se se inicia nos lóbulos onde o leite materno é produzido, ou por carcinoma ductal, se se inicia no revestimento dos ductos do leite; e ainda um tipo de cancro raro, que se inicia no tecido adiposo e é denominado de sarcoma. O carcinoma ductal *in situ*, encontra-se limitado pelos canais galactóforos; e o carcinoma ductal invasivo, inicia-se nos canais galactóforos e tem a capacidade de se propagar e invadir os tecidos circundantes. Já o carcinoma lobular *in situ*, inicia-se nas glândulas produtoras de leite e pode desenvolver-se em várias zonas da mama, e o carcinoma lobular invasivo, tem também início nas glândulas produtoras de leite, mas invade o tecido mamário circundante e difunde-se para outras partes do corpo (Torres, 2008). Para além destes, existe ainda o cancro inflamatório da mama, que por norma, é fatal, e neste tipo de cancro as células cancerígenas obstruem os vasos linfáticos presentes na pele da mama originando uma inflamação.

### 2.1.1 Estágios do Cancro da Mama

Os diferentes estágios do cancro da mama descrevem diversas características do cancro, como por exemplo a sua localização e se este afeta a função de outros órgãos

Tabela 2.1 – Estágios do cancro da mama (Cancro, 2017)

Estágio do cancro da mama	Descrição
0	O cancro está na fase inicial - <b>não invasivo</b> . As células tumorais encontram-se onde se formou o tumor, e não invadiram o tecido circundante (carcinoma <i>in situ</i> ).
1	O tumor tem um diâmetro inferior a 2 cm, e algumas células tumorais encontram-se nos gânglios linfáticos mais próximos.
2	O tumor pode apresentar um diâmetro inferior a 2 cm, e encontra-se numa fase de propagação para os gânglios linfáticos da axila; ou então pode apresentar um diâmetro entre os 2 e os 5 cm, e não se está a propagar.
3	O tumor pode ter um diâmetro superior a 5 cm e propagar-se para os gânglios linfáticos; ou pode ter qualquer tamanho ou forma e expandir-se para a parede do tórax ou para a pele da mama.
4	O tumor independentemente do seu tamanho já se espalhou para os outros órgãos do corpo - <b>metástases</b> .

e partes do corpo. Portanto, de forma a classificar a evolução e a extensão do cancro, é muito importante dividir o cancro da mama em cinco estágios, com base na sua evolução e extensão e quando este foi diagnosticado, como se encontram descritos na Tabela 2.1, e ilustrados na Figura 2.2.

A atribuição de um grau ao cancro, vai permitir que os médicos elaborem um melhor prognóstico e definam o tratamento mais adequado. O sistema de estágios utilizado no cancro da mama é o sistema TNM, representado na Figura 2.3, da *American Joint Committee on Cancer*, que utiliza três critérios para avaliar o estágio do cancro: T – o próprio tumor; N – os linfonodos regionais em volta do tumor e M – as metástases (AJCC, 2017).

### Estágios do Cancro da Mama



Figura 2.2 – Estágios do cancro da mama. (Carson, 2017)

#### 2.1.2 Causas do Cancro da Mama

Ainda não foram encontradas as causas do cancro da mama, contudo, existem diversos fatores identificados como fatores de risco associados ao desenvolvimento do cancro da mama, nomeadamente:

- **Idade:** quanto maior a idade, maior a probabilidade de desenvolver cancro da mama, sendo a maior parte diagnosticados a partir dos 50 anos.
- **Idade da puberdade:** mulheres que ficam menstruadas antes dos 12 ou depois dos 15 anos de idade têm maior risco de sofrer de cancro da mama.
- **Idade da primeira gravidez e da menopausa:** quanto mais tarde for a primeira gravidez e a menopausa, maior o risco de desenvolver a doença.
- **História pessoal e familiar de cancro da mama:** pessoas que já tiveram cancro têm mais probabilidade de voltar a ter cancro na mesma mama ou na mama oposta, e a existência de cancro da mama num familiar de primeiro grau também aumenta a probabilidade de desenvolver cancro da mama.

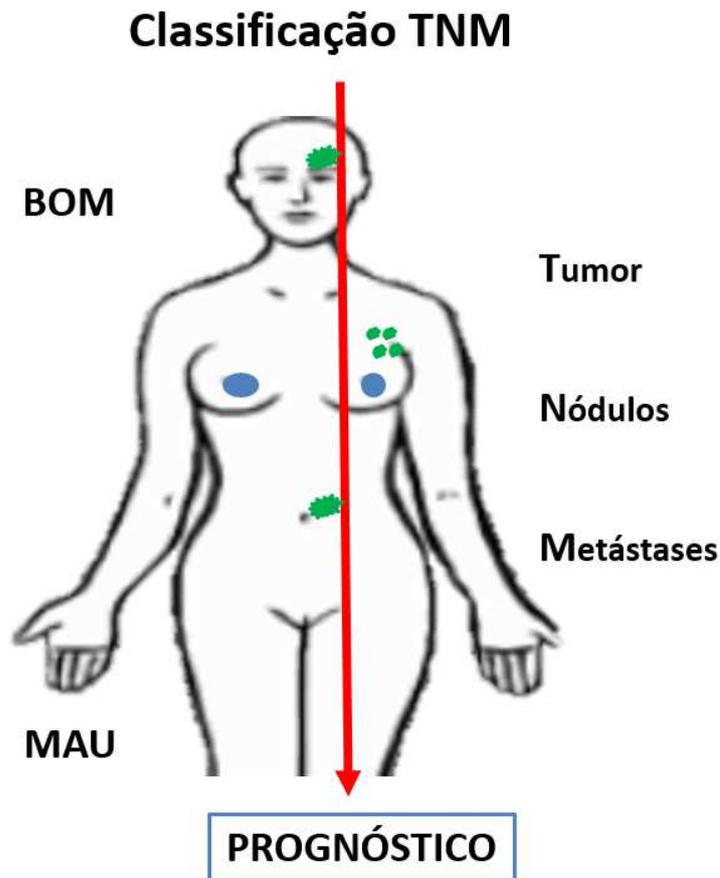


Figura 2.3 – Representação do sistema TNM.

- **Gene do cancro da mama:** a mulher que possui os genes BRCA<sub>1</sub> e BRCA<sub>2</sub> têm uma probabilidade de contrair cancro muito mais elevada.
- **Exposição à radiação:** a exposição continuada aumenta a probabilidade da mulher desenvolver cancro da mama.

Existem ainda outros fatores que podem fazer com que o cancro da mama se desenvolva, embora estes possam ser controlados, tais como o uso prolongado de contraceptivos orais ou terapêuticos de substituição com estrogénios. Na maior parte dos casos, o cancro necessita de estrogénio para se desenvolver, e a exposição prolongada a esta hormona faz com que o risco de desenvolver cancro seja maior.

Os tumores benignos como a hiperplasia lobular, que se reflete num aumento do tamanho dos lóbulos, e a hiperplasia ductal atípica, que demonstra um aumento do tamanho dos ductos; podem também aumentar o risco de cancro da mama. Outros fatores, menos evidentes, como o excesso de peso, a obesidade, e o consumo de álcool e tabaco também constituem um fator de risco para o desenvolvimento do cancro da mama (Cancro, 2017; Torres, 2008; Tortora e Nielsen, 2012).

### 2.1.3 Prevenção do Cancro da Mama

Na prevenção do cancro da mama normalmente faz-se um rastreio na mulher, sem que esta demonstre quaisquer sinais ou sintomas, de modo a que o cancro seja detetado o mais precocemente possível, para obter um melhor prognóstico, de forma a aumentar a probabilidade de cura desta doença. Para além do rastreio, pode realizar-se também o autoexame mamário, que consiste na palpação da mama, que quando é efetuada a palpação ou a observação da mama em frente ao espelho deve ter-se particular atenção a possíveis alterações na pele como alterações da cor, existência de saliências ou rugosidades, e é muito importante também, pressionar o mamilo e verificar se existe saída de algum líquido, assim como, se há alguma diferença no aspeto deste (Laço, 2017).

Para além destes métodos pode também realizar-se exames clínicos à mama como forma de rastreio, sendo os mais comuns a mamografia e a ecografia mamária. Estes exames devem ser realizados a cada dois anos a partir dos 50 anos e até aos 69 anos, mesmo que a mulher não apresente qualquer nódulo ou anomalia na mama, de acordo com as normas da Direção Geral de Saúde. Portanto, é extremamente importante que todas as mulheres tenham a consciência da importância da vigilância na deteção do cancro da mama, já que grande parte dos casos diagnosticados numa fase precoce são facilmente resolvidos.

## 2.2 Diagnóstico do Cancro da Mama

O diagnóstico do cancro da mama está entre os fatores que têm causado maior preocupação entre os investigadores, os médicos e a sociedade em geral. A falta de informação, de recursos humanos e financeiros, faz com que muitas vezes o cancro seja detetado em estágios muito avançados, nos quais a probabilidade de cura é muito reduzida (Bukhari e Akhtar, 2009).

O processamento digital de imagem na área da medicina, tem apresentado um crescimento exponencial nas últimas décadas, recorrendo ao uso de sistemas informáticos e a algoritmos especializados, de modo a facilitar o diagnóstico e o tratamento de determinadas doenças. Especificamente as técnicas de processamento de imagens, através da análise computacional, em paralelo com técnicas de inteligência artificial que têm sido muito procuradas para a identificação de padrões pelo facto de oferecerem um diagnóstico automático de inúmeras doenças.

### 2.2.1 Técnicas de Diagnóstico

A mamografia, a ultrassonografia e a ressonância magnética desempenham um papel central na deteção e diagnóstico das doenças mamárias, e para além destas técnicas de diagnóstico, a tomografia computadorizada, a espectroscopia, a tomografia por emissão de positrões (PET), a tomossíntese e a ultrassonografia com contraste, também têm sido muito utilizadas no diagnóstico.

#### Mamografia

A mamografia é o método mais utilizado no diagnóstico do cancro da mama, com grande relevância na deteção e identificação precoce de possíveis tumores, permitindo um tratamento prévio do doente e melhorando o prognóstico da doença (O'Malley *et al.*, 2001). Este é um exame que tem como objetivo a análise do tecido mamário, para recolher informação acerca das diferenças que possam existir no tipo e estrutura

dos tecidos da mama. A mamografia é realizada com uma reduzida dose de raios-X de forma a obter imagens de boa qualidade, sendo considerado o melhor método para a deteção precoce de patologias na mama.

Atualmente existem dois tipos de mamografia, a convencional, que é formada pelo conjunto filme-ecrã e a mamografia digital, representada pelos recetores digitais, sendo considerada a mais adequada, já que a exposição necessária da dose de raios-X é menor, e apresenta melhorias no contraste.

Na mamografia convencional, a aquisição, exposição e armazenamento das imagens mamográficas é feita através do filme, que proporciona imagens com alta resolução espacial e elevado contraste; mas o seu tempo de processamento é mais demorado. Enquanto que, na mamografia digital, os processos de aquisição, exposição e armazenamento de imagens são feitos separadamente, o que permite que possam ser aperfeiçoados individualmente, e para além disso, a análise das imagens mamográficas digitais é feita com monitores de alta resolução, que permitem uma série de processamentos que podem melhorar o contraste da imagem (Chala e Barros, 2007).

A mamografia digital oferece vantagens sobre a convencional, como o seu processamento eletrónico mais rápido, a menor exposição à radiação e facilita a incorporação de novas tecnologias como os sistemas CAD (Diagnóstico Assistido por Computador), a interpretação de imagens à distância, a tomossíntese e o uso de contraste endovenoso.

### Sistemas CAD

Os sistemas CAD usados em conjunto com a mamografia, têm como objetivo ajudar os radiologistas na interpretação das imagens mamográficas e têm sido cada vez mais úteis, uma vez que, dado o elevado número de mamografias que estes têm de analisar torna-se repetitivo e mais suscetível a erros de interpretação devido à fadiga ocular, à falta de qualidade das imagens, à sobreposição dos tecidos, ao tamanho e à localização das lesões, e a luz ambiente pode ser também um problema na análise das imagens. Os sistemas CAD podem ser utilizados com duas finalidades: ou para a deteção de lesões ou para apoiar o diagnóstico (Marques, 2001). Tendo

este sistema de diagnóstico o propósito de melhorar a exatidão e a consistência da interpretação das mamografias. De acordo com Barton *et al.* (1999), a capacidade de detecção do cancro da mama das mamografias varia de acordo com a densidade e com a sensibilidade radiológica da mama, e por esta razão têm sido utilizados métodos imagiológicos suplementares como a ultrassonografia e a ressonância magnética, para o rastreio e avaliação dos seios com maior densidade.

### Ultrassonografia

A ultrassonografia é um exame que é realizado através de ondas sonoras de alta frequência (Cancro, 2017), e é o principal método adjunto da mamografia e do exame físico, com vista à detecção de lesões ocultas. Contudo, não deve ser utilizado como substituto da mamografia, tendo em conta as suas limitações na detecção e caracterização de calcificações e microcalcificações, que constituem a forma com que os carcinomas ductais *in situ* se apresentam, nas distorções de arquitetura da mama e nos nódulos localizados em áreas com tecido adiposo predominante. As principais vantagens em usar este método em conjunto com a mamografia são: diferenciar e caracterizar quistos e nódulos sólidos; avaliar nódulos palpáveis e complementar a mamografia no rastreio do cancro em mulheres com peitos radiologicamente densos; analisar implantes; identificar o estágio do cancro da mama em que se encontra o possível tumor; identificar possíveis nódulos através de assimetrias focais, e orientar os procedimentos que devem ser aplicados no seio.

### Ressonância Magnética

A ressonância magnética é também um método complementar da mamografia para a detecção, caracterização, avaliação de próteses mamárias, diagnóstico e planeamento terapêutico, justamente na monitorização de quimioterapia, e na avaliação da extensão local do cancro; sobretudo, em mulheres com alto risco de cancro da mama. Este exame é caracterizado por ser um método que produz imagens mais detalhadas dos tecidos internos da mama e, apresentar elevada sensibilidade na detecção de lesões que

possam estar ocultas à realização de uma simples mamografia ou exame físico, daí ser tão importante o uso da mamografia, em conjunto com a ressonância magnética no diagnóstico do cancro da mama. Este método de diagnóstico é muito utilizado no rastreio da mama contralateral em mulheres com alto risco para desenvolver cancro da mama; no rastreio de neoplasias sincrônicas e de lesões primárias em doentes com metástases axilares; na caracterização de tumores que possam ser duvidosos; na determinação da presença e extensão local da doença residual; na diferenciação entre cicatriz cirúrgica e recorrência tumoral em doentes reincidentes de cancro da mama, e na avaliação da integridade dos implantes mamários e da resposta à quimioterapia neoadjuvante. Posteriormente à deteção de alterações no tecido mamário em qualquer método de imagem, é necessário caracterizar essa alteração de modo a precisar se representa uma lesão benigna ou maligna, sendo, a probabilidade de malignidade determinada principalmente pela avaliação das suas características morfológicas e evolutivas, como por exemplo, a sua redução, crescimento ou estabilidade ao longo do tempo.

A utilidade prática da mamografia, ultrassonografia e da ressonância magnética das glândulas mamárias é muitas vezes limitada pela sua especificidade relativamente baixa, o que implica que se tenham de realizar biópsias precoces. Isto deve-se tanto à sobreposição de amostras de lesões benignas e malignas nos métodos de processamento de imagens, como à padronização e ao entendimento dos critérios de interpretação das amostras (Chala e Barros, 2007).

Segundo Monfair (2007), os métodos mais comuns para o diagnóstico do cancro da mama são: a mamografia, e a biópsia. A eficácia destes métodos no diagnóstico do cancro da mama é descrita na literatura com uma taxa de sucesso entre 68% a 79% na mamografia, e de 100% na biópsia cirúrgica (Rakha e Ellis, 2007). Embora estes métodos apresentem valores bastante positivos a nível de eficácia, a mamografia carece de sensibilidade, e a biópsia é um método invasivo, demorado e caro, quando comparado com outros métodos (Street, 1999). Atualmente, os critérios utilizados na interpretação e caracterização de lesões mamárias detetados nos diferentes métodos de imagem têm minimizando o número de biópsias realizadas. No entanto, como

as técnicas de imagem não são técnicas de diagnóstico histológico, a investigação de lesões pela via histológica vai continuar a ser necessária para o diagnóstico de muitas lesões mamárias.

## Biópsias

A biópsia da mama caracteriza-se pela remoção de uma pequena quantidade de tecido para a avaliação anatomopatológica da presença ou não de cancro. O diagnóstico histológico por biópsia deve ser realizado antes de qualquer terapêutica, e durante a biópsia é removida uma amostra que é analisada por um patologista especializado na interpretação de exames laboratoriais e na avaliação de células, tecidos e órgãos para o diagnóstico do cancro, e caso as células cancerígenas estejam presentes, este determinará qual o tipo de cancro da mama presente.

Os principais tipos de biópsias para o diagnóstico do cancro da mama são a Punção Aspirativa por Agulha Fina (PAAF), denominada também de biópsia por aspiração, a Biópsia por Agulha Grossa (*Core Biopsy*), a Biópsia estereotáxica de aspiração por agulha grossa, a Biópsia de aspiração vácuo-assistida, a Biópsia Cirúrgica, e a Biópsia do Linfonodo. A escolha do tipo de biópsia depende do tipo de lesão, do tamanho, da localização, da quantidade de tumores e de outros problemas clínicos e preferenciais no paciente ([Oncologia, 2017](#)).

### Punção Aspirativa por Agulha Fina

A técnica de biópsia aspirativa por agulha fina designada por PAAF, tem sido cada vez mais utilizada para a deteção de lesões mamárias, por ser uma técnica bastante simples e rápida. A PAAF consiste num procedimento percutâneo, em que o médico utiliza uma agulha fina (com um calibre que varia entre 0,6 a 0,8 mm) e uma seringa para retirar amostras de fluído do tumor presente na mama. A agulha é introduzida na pele em direção à lesão, normalmente guiado por ultrassons, de modo a recolher células para depois ser feita uma avaliação da morfologia, distribuição e quantidade

de células, através de um exame citológico (Society, 2017). Esta técnica tem como principais vantagens a rapidez da realização do exame e da emissão do diagnóstico; o baixo custo, o fato de não ser preciso realizar uma incisão e o pouco desconforto que causa ao paciente (Monfair, 2007).

### **Biópsia por Agulha Grossa**

A Biópsia por Agulha Grossa, consiste na remoção de fragmentos de tecido com uma agulha com um calibre um pouco mais grosso do que a utilizada na técnica PAAF, interligada com uma pistola especial, e o seu procedimento é realizado com aplicação de anestesia local, onde são retirados vários fragmentos de alguns milímetros. O posicionamento da agulha por norma, é guiado por ultrassons ou raios-X e, caso a área seja facilmente palpável, a agulha pode ser guiada mesmo para dentro do tumor, tendo em conta a palpação do nódulo ou da massa, não deixando cicatrizes internas nem externas, mas, podendo causar contusões. A biópsia por agulha grossa demora mais tempo do que a PAAF, mas por norma, apresenta melhores resultados, já que, é removida uma maior quantidade de tecido.

### **Biópsia Estereotática**

A Biópsia estereotática de aspiração por agulha grossa utiliza a máquina de raios-X e o computador para a análise das imagens, onde o computador identifica rigorosamente onde se encontra a parte anormal do tecido onde se deve colocar a agulha.

### **Biópsia de Aspiração Vácuo-Assistida**

A Biópsia de aspiração vácuo-assistida é realizada através de um pequeno corte (cerca de 0,5 cm) feito na pele previamente anestesiada, no qual é introduzido um tubo oco que é guiado até à área anormal do tecido mamário por raios-X ou por ressonância magnética. Esta técnica tem como vantagem a extração de diversas amostras de tecido através de uma única abertura, deixando cicatrizes mínimas, e a

possibilidade de remover mais tecido do que numa biópsia convencional por agulha grossa.

### **Biópsia Cirúrgica**

A Biópsia Cirúrgica, também designada por biópsia aberta, é uma técnica na qual é efetuado um corte no seio para remover a totalidade ou parte da protuberância do tecido mamário, de modo a poder ser analisada com um microscópio. Existem dois tipos de biópsia cirúrgica, a biópsia incisional, em que é removida apenas a parte da área suspeita de ter células cancerígenas suficientes para o diagnóstico; ou excisional, onde é removida toda a área do tumor. Este tipo de biópsia é realizado durante o ato cirúrgico, sob anestesia local ou geral, e tem como vantagem fazer a biópsia por congelamento, que consiste em congelar a amostra de material retirado, utilizando um criostato a menos 20 graus *Celsius*. O congelamento da amostra durante o ato cirúrgico vai conceder ao cirurgião as margens de segurança necessárias para analisar a amostra e desta forma, tornar mais fácil a deteção de possíveis lesões que indiquem a presença de cancro ([Oncologia, 2017](#)). A biópsia cirúrgica é mais complexa do que as técnicas de biópsia referidas anteriormente, já que muitas vezes, é necessário realizar biópsias em vários pontos, procedendo-se à remoção de uma maior quantidade de tecido; o que causa mais cicatrizes, e alterações mais acentuadas na mama ([IAPCC, 2017](#)).

### **Biópsia do Linfonodo**

A Biópsia do Linfonodo é realizada aquando a cirurgia de retirada do tumor mamário, caso os linfonodos axilares estejam dilatados; e ainda que os linfonodos não demonstrem alterações, os gânglios linfáticos são analisados para verificar se existem metástases ([Oncologia, 2017](#)).

### Tomografia Computadorizada

A tomografia computadorizada utiliza-se no rastreio do cancro da mama, uma vez que tem a possibilidade de encontrar pequenas anormalidades em regiões remotas do corpo. De entre os exames radiológicos, a tomografia computadorizada é o que está sujeito a maiores doses de radiação ionizante, que é considerada um agente carcinogénico, sendo muito importante reduzir a realização deste tipo de exames e diminuir as doses de radiação (Silva, 2013).

### Tomografia por Emissão de Positrões

A tomografia por emissão de positrões (PET), é um dos exames mais modernos utilizados em oncologia, e combina duas modalidades de exame, a tomografia computadorizada e a emissão de positrões (PET-CT), sendo uma técnica de diagnóstico de medicina molecular não invasiva, que permite avaliar no mesmo exame, o metabolismo e a anatomia.

No exame PET é injetada nas veias uma porção de glicose marcada com FDG, e como o cancro em geral, apresenta uma atividade metabólica das células muito intensa e consome mais nutrientes que as células normais, fazendo com que as células cresçam e formem tumores; através desta injeção de glicose nas veias, as células cancerígenas vão rapidamente consumir o FDG; o que permite ao aparelho utilizado neste exame, detetar o local onde está a ser consumido mais açúcar, e imediatamente gerar imagens desse local. As imagens obtidas revelam a bio distribuição dos radiofármacos e permitem conhecer a sua distribuição precisa no organismo. Esta técnica de diagnóstico tem elevada sensibilidade, uma vez que permite detetar precocemente as alterações metabólicas e funcionais e possíveis alterações estruturais, podendo assim, diagnosticar atempadamente as massas tumorais (PET-CT, 2018).

## Tomossíntese

A tomossíntese mamária é uma técnica imagiológica que tem sido cada vez mais utilizada, dado a sua possibilidade em contornar algumas limitações da mamografia, como o facto de adquirir imagens de projeção de baixa dose, e permitir a visualização tridimensional dos seios, minimizando a sobreposição do tecido mamário. O uso da tomossíntese mamária melhora a precisão do rastreio e do diagnóstico nas imagens mamárias (Skaane *et al.*, 2012).

Para além de todas as técnicas de diagnóstico referidas, se o resultado do diagnóstico for a presença de cancro, o médico pode pedir testes laboratoriais especiais no tecido mamário que foi removido, de modo a auxiliar o médico sobre o tipo de cancro e qual o tratamento mais adequado.

Geralmente, é realizado o teste dos recetores hormonais, para determinar se o cancro necessita de hormonas para se desenvolver; e o teste da sobre-expressão do recetor-2 para o fator de crescimento epidérmico humano ( $HER_2$ )-recetor, existente na membrana das células tumorais, também designado por gene  $HER_{2+}$  (Cancro, 2017). O gene  $HER_2$ , é um proto-oncogene, e na amostra de tecido mamário deve ter-se sempre em conta a sobre-expressão do recetor  $HER_2$  ou do gene  $HER_{2+}$ , já que esta alteração corresponde a um tipo específico do cancro da mama, o  $HER_2$  positivo ( $HER_{2+}$ ), que está associado à maior agressividade da doença (PET-CT, 2017).

## 2.3 Tratamento do Cancro da Mama

O tratamento do cancro da mama tem sofrido uma enorme evolução nos últimos anos, com tendência a abordagens cada vez menos invasivas (Veronesi *et al.*, 2002). Atualmente, para o tratamento do cancro da mama pode optar-se pela cirurgia, quimioterapia, radioterapia, terapêutica hormonal ou terapêuticas dirigidas. A seleção do tipo de tratamento deve ser individualizada e deve ter-se em conta diversos

fatores, como a preferência pessoal dos doentes, que é determinante na escolha da opção terapêutica, o estado geral da saúde, o estágio da doença, as características específicas do tumor e a história clínica do paciente (Tortora e Nielsen, 2012). Em muitos casos, os pacientes recebem mais do que um tipo de tratamento, podendo também ser administrados medicamentos para controlar a dor e outros sintomas do cancro, ou para aliviar possíveis efeitos secundários do tratamento em qualquer estágio da doença, sendo estes tratamentos designados como tratamentos de suporte, para controlo de sintomas ou cuidados paliativos (Cancro, 2017).

O cancro pode ser local, neste caso usam-se terapêuticas como a cirurgia ou a radioterapia, que têm o objetivo de remover e destruir as células do cancro da mama, através da ação de raios X ou lasers, que vão provocar a quebra de cromossomas e o bloqueio da divisão celular (Selley e Tate, 2003). Caso o cancro esteja metastizado para outras partes do corpo, a terapêutica local utiliza-se apenas para o controlo da doença nessa área específica.

Para além deste tratamento, por vezes é necessária também uma terapêutica sistémica denominada de tratamento neo-adjuvante, quer para diminuir o tamanho do tumor antes da cirurgia ou da radioterapia, de modo a que a intervenção seja menos extensa; quer para prevenir que alguma célula cancerígena tenha permanecido e possa reincidir a doença, após a cirurgia ou radioterapia. O tratamento sistémico do cancro é efetuado através de terapêuticas-alvo, nomeadamente a quimioterapia e as terapêuticas hormonal e dirigida; sendo que nestes tratamentos são aplicados anticorpos que entram na corrente sanguínea com o objetivo de destruir as células cancerígenas, ou controlar a sua proliferação (Cancro, 2017).

Nas secções seguintes serão descritas algumas terapias utilizadas no tratamento do cancro da mama.

### 2.3.1 Radioterapia

A radioterapia é um tratamento no qual se utilizam radiações altamente energéticas para eliminar células cancerígenas, ou para impedir que estas se desenvolvam e proliferem, podendo ser utilizado em conjunto com a quimioterapia ou outras terapêuticas usadas no tratamento da doença. Como terapêutica para o cancro da mama geralmente são empregues dois tipos de radioterapia: ou com radiação externa, em que a radiação provém de uma máquina, ou com radiação interna, que consiste em radiação proveniente de material radioativo colocado diretamente na mama. A radioterapia, tem cada vez mais um papel consolidado no cancro da mama, devido à sua eficácia, tanto na terapêutica conservadora, como após uma mastectomia, tendo como principal objetivo aumentar o controlo local, de forma a minimizar as reações adversas e a maximizar os resultados estéticos, proporcionando uma boa qualidade de vida aos doentes (Soares, 2010).

### 2.3.2 Quimioterapia

A quimioterapia é um tratamento que consiste na utilização de fármacos para destruir as células responsáveis pela formação de tumores, sendo constituída geralmente pela associação de fármacos, que podem ser administrados oralmente sob a forma de comprimidos, por via intravenosa, subcutânea ou por via tópica, sendo que, em qualquer das situações os fármacos entram na corrente sanguínea e circulam por todo o organismo, considerando-a como uma terapêutica sistémica.

### 2.3.3 Terapêutica Hormonal

A terapêutica hormonal tem como foco principal impedir que as células cancerígenas acedam aos estrogénios e progesterona, indispensáveis ao seu desenvolvimento. Este tipo de tratamento é realizado principalmente quando nos testes laboratoriais se demonstra que o cancro da mama tem recetores hormonais e por norma são utilizados medicamentos que bloqueiam esses recetores.

### 2.3.4 Terapêuticas Dirigidas

As terapêuticas dirigidas denominadas também por terapêuticas alvo, incluem anticorpos e terapêuticas que utilizam pequenas moléculas responsáveis por identificar alvos nas células cancerígenas ou substâncias que ajudam ao crescimento destas células, de modo a atacar estes alvos e bloquear o crescimento das células que apresentem malignidade, sem interferir com o crescimento e funcionamento das células normais do organismo (Cancro, 2017).

### 2.3.5 Mastectomia

Graças ao uso generalizado da mamografia como um método de rastreio, a taxa de deteção de pequenas lesões ou de lesões mamográficas não palpáveis tem aumentado significativamente. As técnicas de biópsia por imagem concedem um diagnóstico menos invasivo da maioria das lesões, e a cirurgia, é a técnica utilizada em alternativa à mastectomia na maioria dos doentes com carcinoma ductal *in situ* e carcinoma em estágio inicial. Já o uso da quimioterapia permite a conservação da mama, em casos de tumores volumosos (Morrow *et al.*, 2002).

Tendo em conta o estágio do carcinoma, existem diferentes tratamentos para cada tipo de carcinoma, por exemplo, no caso do carcinoma lobular *in situ*, os doentes devem ser submetidos à excisão local; se porventura existir uma lesão residual identificável, já que estes doentes têm um risco aumentado de vir a desenvolver um carcinoma invasivo em ambas as mamas. Pelo fato deste ser normalmente multicêntrico e bilateral, é recomendado o uso de medidas de redução de risco, como a mastectomia bilateral com reconstrução imediata, ou a quimioprevenção com tamoxifeno (Powles *et al.*, 2007).

O tratamento do carcinoma ductal *in situ*, tem como objetivo a prevenção do aparecimento da doença invasiva, minimizando possíveis efeitos secundários, e como terapêuticas são utilizadas a excisão local seguida de radioterapia, a mastectomia ou apenas a excisão local. O tratamento por excisão deve proporcionar o maior controlo

local possível, de modo a não influenciar a sobrevivência do doente, tendo em conta o tamanho e tipo de tumor, as características imagiológicas, devendo oferecer a possibilidade de efetuar uma excisão com margens adequadas de modo a obter um bom resultado estético, e assegurar a conservação da mama.

A mastectomia é uma alternativa de tratamento do carcinoma ductal *in situ*, no caso deste ser multicêntrico ou com microcalcificações difusas que não possam ser removidas por completo, com um resultado estético aceitável, sendo maioritariamente utilizada para remoção de tumores de grandes dimensões. Em todos os doentes com carcinoma ductal *in situ*, que sejam submetidos à mastectomia, deve ser ponderada a reconstrução imediata do seio. Relativamente ao tratamento cirúrgico do carcinoma invasivo em estágio inicial (I e II), tem como objetivo proporcionar o máximo controlo local com um melhor resultado estético, e as terapêuticas utilizadas são a cirurgia conservadora, ou seja, a excisão local seguida de radioterapia ou a mastectomia. No que diz respeito às taxas de sobrevivência, a cirurgia conservadora proporciona taxas a longo prazo equivalentes às da mastectomia em doentes com carcinoma da mama em estágio inicial (Lichter *et al.*, 1992).

Para a realização da cirurgia conservadora, é muito importante considerar a relação tamanho do tumor/tamanho do seio, já que, o tumor deve ter dimensões que permitam a sua excisão com margens adequadas para um resultado estético aceitável. Segundo Schwartz *et al.* (2006), os doentes que optem por este método devem ser informados da obrigatoriedade de efetuar radioterapia pós-operatória, da necessidade de manter uma vigilância do peito operado e do maior risco de reincidência local a longo prazo, no qual o cirurgião desempenha um papel extremamente crítico, pois deve minimizar a taxa de reincidência e maximizar o resultado estético.

No caso do carcinoma invasivo em estágio inicial, a mastectomia só deve ser considerada aquando a existência de fatores que aumentem o risco de reincidência local, por preferência do doente, caso existam comorbidades que impeçam a realização de radioterapia ou, se existirem contra-indicações para a realização de radioterapia, como no caso de uma gravidez no primeiro ou no segundo trimestre. Muitos doentes com cancro da mama em estágio inicial que são sujeitos a mastectomia,

são candidatos à realização de reconstrução mamária imediata, que pode ser feita com tecidos autólogos (enxertos ou retalhos) ou heterólogos (próteses) (Cunnick e Mokbel, 2006), sendo o preenchimento autólogo o que apresenta menor morbidade cirúrgica e com uma maior relação custo-benefício, quando comparado com os preenchimentos heterólogos existentes no mercado (Bezerra *et al.*, 2010).

No que se refere ao tratamento cirúrgico do carcinoma invasivo da mama, os tumores apresentam-se com dimensões superiores a 3 cm, e o principal objetivo deste tratamento é a redução do tamanho do tumor para permitir a realização da cirurgia conservadora. A opção terapêutica para este tipo de cancro é uma abordagem combinada envolvendo a terapêutica sistémica, a cirurgia e a radioterapia. Relativamente ao carcinoma da mama localmente avançado, que apresenta tumores com mais de 5 cm de diâmetro, tumores com envolvimento da pele ou da parede torácica e metastização da mama, a terapêutica utilizada é a mesma que se utiliza no carcinoma invasivo e o principal objetivo deste tratamento é assegurar o máximo controlo local para evitar a reincidência da doença na parede torácica, uma vez que existe uma elevada probabilidade de reincidência e de metástases.

Existe ainda um tratamento baseado no estágio axilar, que tem como finalidade obter informação prognóstica e informação para a decisão terapêutica e, as terapêuticas mais comumente utilizadas são a biópsia do gânglio sentinela (primeiro gânglio da área ganglionar), e no cancro da mama, a área mais importante é a axila ou o esvaziamento axilar (Kim *et al.*, 2006).

## 2.4 Notas Finais do Capítulo

O cancro da mama é o tumor mais comum presente nas mulheres em todo o mundo, ocorrendo o maior número de mortes devido a esta doença nos países em desenvolvimento. Trata-se de uma doença bastante complexa, cuja prevenção passa pela sua deteção precoce, e tendo em conta que atualmente nos encontramos numa época em que a tecnologia tem avanços vertiginosos, é incontestável que a eficácia

do diagnóstico precoce e a orientação para o tratamento adequado, depende do bom funcionamento de uma equipa multidisciplinar.

O diagnóstico precoce do cancro da mama é fundamental para aumentar a probabilidade de cura e, portanto, tanto o autoexame como a intervenção médica são essenciais neste processo. Após o diagnóstico é essencial que se proceda à realização de exames complementares, para que se possa classificar a neoplasia, segundo o sistema TNM, em estágios, e assim, otimizar a escolha da terapêutica, conforme a progressão da doença. Para o tratamento do cancro da mama, que depende do estágio em que a doença se encontra, pode recorrer-se à remoção cirúrgica ou a outro tipo de terapêuticas como por exemplo à quimioterapia, radioterapia, mastectomia e a terapêuticas hormonais ou dirigidas.

O presente estudo teve como objetivo caracterizar o cancro da mama, e como este atua, tendo em vista o desenvolvimento de uma rede neuronal que possibilite a deteção desta doença através de um sistema computacional de aprendizagem automática.

# 3

## Cérebro e Sistema Nervoso

---

A mamografia convencional é uma das técnicas mais utilizadas na detecção precoce do cancro da mama, o que contribui para a diminuição da taxa de mortalidade relativa a esta doença; no entanto, existe ainda um número muito reduzido de especialistas em radiologia capazes de interpretar imagens mamográficas. Para além disso, a análise de um grande número de mamografias no mesmo período de trabalho provoca fadiga visual, o que faz com que alguns sinais de microcalcificações não sejam detetados; e, portanto, tornou-se cada vez mais importante a utilização de sistemas computadorizados capazes de exibir imagens mamográficas bem parametrizadas (Glingani e Ambrósio, 2009).

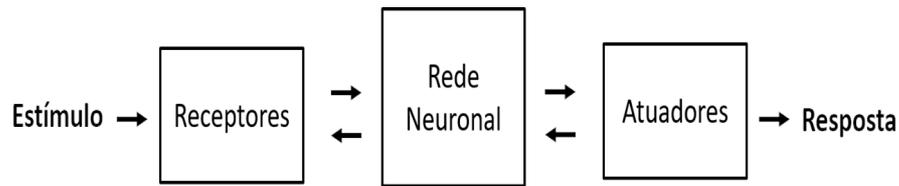
Atualmente é extremamente importante encontrar meios capazes de melhorar o desempenho das ferramentas de auxílio ao diagnóstico médico, de forma a reduzir os erros subjetivos das decisões humanas, e têm sido cada vez mais utilizados os sistemas CAD, que possibilitam uma análise mais precisa das imagens mamográficas, e prestam auxílio ao diagnóstico através das características obtidas na varredura de imagens. Contudo, embora estes sistemas sejam cada vez mais úteis ao diagnóstico, são uma ferramenta de auxílio e é muito importante que não substituam ou sobreponham a decisão do profissional de saúde (Valini *et al.*, 2006).

As redes neuronais artificiais (RNA) constituem um campo da ciência da computação ligada à inteligência artificial, que procura implementar modelos matemáticos baseados na estrutura neuronal do cérebro humano e na sua capacidade de reconhecer, associar e generalizar padrões, adquirindo conhecimento através da experiência, e assim, ter a capacidade de adaptar os seus parâmetros como resultado da interação com o meio externo, melhorando o seu desempenho (Ferneda, 2006). Em suma, as RNA nos sistemas computacionais, são uma técnica estatística não-linear capaz de resolver vários problemas complexos, o que a torna extremamente útil quando não é possível definir um modelo explícito, tendo como principais áreas de atuação a classificação de padrões e a previsão (Velasco, 2007).

Tendo em conta que as redes neuronais têm como princípio imitar a capacidade do cérebro humano, nos capítulos seguintes vamos fazer uma abordagem geral do sistema nervoso e dos seus componentes principais. Assim na Secção 3.1 descreve-se o sistema nervoso, a sua constituição e funcionamento e são ainda abordadas as sinapses que ocorrem nos neurónios e respetivos impulsos nervosos.

## 3.1 Sistema Nervoso

O sistema nervoso é uma rede de comunicações do organismo por onde fluem sinais eletroquímicos, tendo como principais componentes o cérebro, a medula espinal e os nervos, responsáveis pela captação de mensagens e estímulos do meio ambiente, a sua interpretação, e a produção de respostas que podem ser dadas sob a forma de movimentos ou sensações. O sistema nervoso está dividido em duas partes fundamentais: o sistema nervoso central (SNC), que é o responsável pelo controlo e coordenação do corpo, composto pela medula espinal e o cérebro; e o sistema nervoso periférico (SNP), que inclui o sistema somático e o sistema autónomo, composto pelos neurónios, que se encontram geralmente agrupados em nervos. O SNP é o responsável por transmitir os impulsos nervosos entre o SNC e as diferentes regiões do corpo. O sistema nervoso somático é composto pelos nervos sensoriais que mantêm o corpo em contacto com o meio ambiente, e pelos nervos que comandam



**Figura 3.1** – Representação do sistema nervoso em diagrama de blocos. Fonte: (Arbib, 1987)

as reações do corpo aos estímulos do meio ambiente; já o sistema nervoso autônomo controla o funcionamento interno do organismo, como a respiração, o ritmo cardíaco e outras atividades fisiológicas, além de controlar também determinadas reações físicas relacionadas com as emoções.

O sistema nervoso pode ser visto como um sistema de três blocos, como se encontra representado na Figura 3.1 (Arbib, 1987). O centro do sistema é a rede neuronal, que representa o cérebro, que está continuamente a receber informação, a compreendê-la e a tomar decisões. As setas que apontam da esquerda para a direita indicam a transmissão do sinal que possui a informação para a frente, através do sistema; e as setas que apontam da direita para a esquerda indicam a presença de retroalimentação no sistema. Os receptores são os responsáveis por converter os estímulos do corpo humano ou do meio ambiente (entradas), em impulsos elétricos que vão transmitir a informação para a rede neuronal, ou seja, para o cérebro; e os atuadores, convertem os impulsos elétricos gerados pela rede neuronal em respostas, isto é, em saídas do sistema (Haykin, 2007).

### 3.1.1 O Cérebro Humano

O cérebro compõe a parte principal do sistema nervoso central, e apresenta-se dividido em dois hemisférios: o hemisfério direito, responsável pela intuição e emoção, e o hemisfério esquerdo, responsável pelo pensamento racional. A principal função do cérebro é o reconhecimento de padrões, o controlo motor, a percepção e a inferência e intuição. O seu mapeamento permite saber qual a sua composição e como as funções do corpo são orientadas, assim como as áreas dos hemisférios que atuam

de acordo com cada tipo de estímulo. A composição do cérebro é formada por duas substâncias diferentes: a substância branca, que ocupa o centro e a substância cinzenta, formando o córtex cerebral, responsável pela memória, linguagem e pensamento abstrato (Andraus, 2008).

*“Cérebros são constituídos de bilhões de neurônios  
e trilhões de conexões (sinapses) entre eles”.*

*DEL NERO, 1997:33*

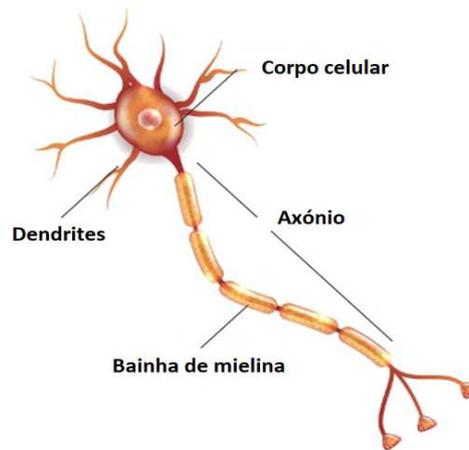
### 3.1.2 Os Neurónios

O sistema nervoso é formado por um conjunto extremamente complexo de células, que têm um papel determinante no funcionamento, comportamento e raciocínio do corpo humano.

No cérebro, existem dois tipos principais de células, nomeadamente, os neurónios e a glia, sendo muito comum atribuir aos neurónios as principais funções cerebrais. A plasticidade no cérebro humano pode ser atribuída a dois mecanismos: à criação de novas conexões sinápticas entre neurónios e à modificação das sinapses existentes (Haykin, 2007).

O processamento local da informação no cérebro efetua-se com cerca de  $10^{11}$  neurónios, com uma estrutura relativamente simples, e estes são caracterizados por se apresentarem como uma célula com núcleo e corpo (soma), representado na Figura 3.2, com a função de ativação e propagação de sinais, e por serem o local onde acontecem reações químicas e elétricas que representam o processamento de informação.

A saída da informação do soma é realizada por impulsos elétricos que se propagam através do axónio, e no final deste, existem inúmeras ramificações, denominadas de dendrites, que conduzem os sinais das extremidades para o corpo celular, ou seja, recebem os impulsos provenientes dos axónios e de outros neurónios, e distribuem a informação para outros neurónios vizinhos, encaminhando-a para o corpo celular.



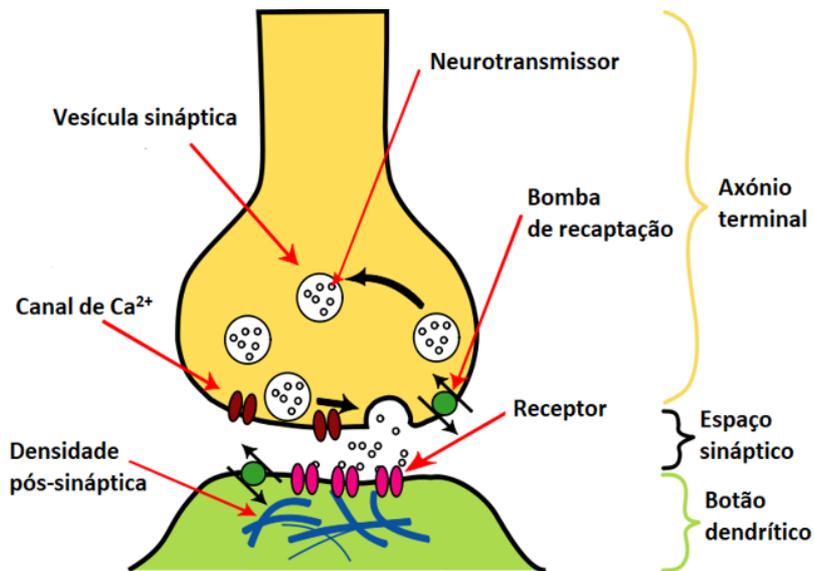
**Figura 3.2** – Constituição de um neurónio biológico (Imagem alterada). Fonte: (Santos, 2018)

### As Sinapses

A ligação com outros neurónios é realizada através de sinapses, unidades estruturais e funcionais elementares que medeiam as interações entre os neurónios. As sinapses caracterizam-se por serem zonas de contacto entre uma terminação nervosa e outro neurónio, como representado na Figura 3.3, e estão conectadas às dendrites do neurónio recetor.

As sinapses têm como principal função a conexão entre células vizinhas, o que permite a propagação do impulso por toda a rede neuronal, e geralmente ocorrem entre os axónios de um neurónio e as dendrites do neurónio seguinte; no entanto, também podem ocorrer entre o corpo celular, ou o axónio de um neurónio para as células musculares ou glandulares.

As extremidades do axónio são conectadas com as dendrites de outros neurónios através de sinapses, que possuem um papel fundamental na memorização da informação. Por sua vez, a sinapse liberta uma substância química quando é excitada pelo impulso do axónio, que tem geralmente uma única ramificação, e é o responsável pela transmissão de sinais do corpo celular para as extremidades; e é esta substância que vai realizar a conexão entre dois neurónios vizinhos. Consoante as excitações



**Figura 3.3** – Sinapses (Imagem alterada). Fonte: (Kefalikinisi, 2018)

ou inibições que as células vizinhas transmitem para a célula, esta vai processar a informação e transmiti-la para o axônio (Barreto, 2002).

Existem dois tipos de sinapses, as químicas e as elétricas; sendo a sinapse química o tipo de sinapse mais comum. As sinapses químicas iniciam-se no terminal do axônio da célula pré-sináptica, e as vesículas que contêm os neurotransmissores vão ser libertadas na fenda sináptica e reconhecidas por recetores químicos na membrana da célula pós-sináptica, que depois se vão fundir com a membrana e libertar o seu conteúdo, fazendo com que o sinal elétrico seja transmitido; ou seja, na sinapse química o processo pré-sináptico liberta uma substância transmissora que se difunde através da junção sináptica entre os neurónios, onde vai atuar um processo pós-sináptico (Haykin, 2007).

As sinapses químicas podem ser excitatórias ou inibitórias conforme o sinal que conduzem: se o sinal produzido na membrana pós-sináptica for a despolarização, trata-se de uma sinapse excitatória; caso seja um sinal de hiperpolarização, a ação resultante vai ser a inibição do potencial de ação e, portanto, trata-se de uma sinapse inibitória.

Por outro lado, nas sinapses elétricas não existem neurotransmissores, e o sinal elétrico é transmitido diretamente de uma célula para a outra através de junções *gap*. Nestas junções, são os canais que conduzem os iões, o que significa que o potencial de ação é gerado diretamente (Duarte, 2018).

Dentro e fora das células existem concentrações de sódio ( $Na^+$ ) e potássio ( $K^+$ ) que provocam um ponto de equilíbrio negativo, no interior das células, em relação ao exterior. De modo que, qualquer perturbação que exista na membrana do neurónio vai provocar uma série de modificações que desaparecem muito rapidamente, e durante as quais o potencial se torna positivo durante um curto espaço de tempo. A esta variação de tensão chama-se potencial de ação, que pode ter origem através de uma estimulação química ou elétrica ou, até mesmo pelo calor.

### Impulsos Nervosos

Os impulsos nervosos são sinais elétricos que afetam os iões da membrana do neurónio, e os estímulos que ocorrem em qualquer ponto do neurónio são transmitidos através de potenciais de ação, que percorrem todo o neurónio. Quando os sinais elétricos atingem as terminações dos axónios, o sinal elétrico é transmitido através de neurotransmissores, que são mediadores químicos, responsáveis por transmitir os estímulos às células vizinhas, fazendo com que os iões sejam levados de uma célula à outra, alterando o potencial elétrico, e fazendo com que se gere o potencial de ação.

O efeito do estímulo vai causar a destruição das propriedades dielétricas da membrana, particularmente, as permeabilidades do sódio e do potássio, fazendo com que aumentem, e assim, permitir a difusão destes iões através da membrana. Quando isto acontece há mecanismos de transporte ativo, que vão transportar as moléculas através da membrana celular contra o gradiente de concentração, fazendo com que as permeabilidades do sódio e do potássio diminuam e assim se reestabeleça o equilíbrio negativo. A este processo dá-se o nome de repolarização, que tem um papel determinante na transmissão de impulsos elétricos no axónio (Barreto, 2002).

Quando o potencial de ação se propaga pelo axónio e atinge uma das terminações do

axónio seguinte, vai provocar modificações na membrana, designadas de sinapses; o que vai permitir a libertação de neurotransmissores que se vão difundir no espaço sináptico entre o terminal de um axónio e as dendrites do outro neurónio.

Os neurotransmissores quando entram em contato com as dendrites vão alterar a sua membrana, e vão provocar um potencial de ação, que se propaga até ao corpo celular do neurónio que recebe o estímulo. A direção normal do fluxo de informação é do axónio terminal para o neurónio alvo. O axónio terminal é denominado de axónio pré-sináptico, que conduz a informação para a sinapse; e o neurónio alvo é chamado de pós-sináptico, e conduz a informação a partir da sinapse.

Posto isto, pode dizer-se que a transmissão da informação entre neurónios depende do tipo de neurotransmissor, da sua abundância e da sensibilidade da membrana das dendrites à excitação. Ao modificar a intensidade, dependente das características sinápticas, com que o neurónio é capaz de excitar ou inibir outro neurónio, altera-se o comportamento da rede neuronal, uma vez que os valores das conexões sinápticas são os responsáveis pelo comportamento da rede. Esta relação entre o comportamento da rede e os valores das suas conexões reflete que o comportamento da rede neuronal depende diretamente dos valores das suas conexões e isto traduz uma aprendizagem da rede (Barreto, 2002).

Em cada sinapse, a quantidade de neurotransmissores que podem ser libertados para a mesma frequência de pulsos do axónio representa a informação armazenada nessa sinapse, e, portanto, cada vez que uma sinapse é ativada e encontra outro neurónio ativado, ou consegue ativá-lo, o número de neurotransmissores libertados aumenta da próxima vez que o neurónio for ativado, e isto representa um processo em que há aumento da conexão entre dois neurónios, designado por facilitação.

O processo de facilitação inspirou a *Lei de Hebb*, que demonstra grande relevância nos algoritmos de aprendizagem das redes neuronais artificiais, diz o seguinte: “*A intensidade de uma conexão sináptica entre dois neurónios aumenta quando os dois neurónios estão excitados simultaneamente*” (Barreto, 2002).

## 3.2 Notas Finais do Capítulo

Neste capítulo procurou-se apresentar sinteticamente algumas propriedades e como funciona o cérebro humano, mais concretamente o neurónio, consideradas essenciais para o entendimento dos temas a serem tratados nos capítulos subsequentes.

A informação acerca destas células nervosas, presentes nos organismos continua a expandir-se, no entanto, o entendimento das propriedades computacionais permanece muito inconcluso. Ainda assim, cada vez mais se utilizam as redes neuronais como forma de imitar a funcionalidade do cérebro humano, para aplicações de aprendizagem automática.

As redes neuronais são sistemas computacionais baseados numa aproximação ao cérebro humano, particularmente, motivadas por uma série de neurónios interconectados pelos terminais dos axónios, que são conectados pelas sinapses das dendrites de outros neurónios, de forma a imitar o funcionamento do cérebro humano. Em termos de estrutura, as redes neuronais são bastante diferentes do cérebro, contudo, tal como o cérebro, as redes neuronais são caracterizadas por apresentar unidades de processamento relativamente simples, com interligações, mais simples que os neurónios, responsáveis pela inteligência da rede.



# 4

## Redes Neurais Artificiais

---

A construção de redes neuronais artificiais (RNA) é inspirada essencialmente nos neurónios biológicos, por estes serem elementos processadores interligados, que trabalham em paralelo para desempenhar uma determinada tarefa, e no sistema nervoso, uma vez que a inteligência do ser humano é a mais avançada, sendo o seu responsável o cérebro humano.

O cérebro é um “computador” altamente complexo, não linear e paralelo, com capacidade de organizar os seus constituintes estruturais, designados por neurónios, de forma a realizar diversos processamentos, como o reconhecimento de padrões, a perceção e o controlo motor (Haykin, 2007). Os neurónios estão interconectados em redes, que lhes permite a troca de informação entre eles, criando assim a inteligência biológica. Um neurónio em desenvolvimento é sinónimo de plasticidade, que permite que o sistema nervoso em desenvolvimento se adapte ao seu meio ambiente, e assim, como a plasticidade é essencial para o funcionamento dos neurónios como unidades básicas de processamento de informação do cérebro, também é essencial para as redes neuronais artificiais.

As redes neuronais artificiais surgem como uma tentativa de copiar a estrutura e o funcionamento do cérebro humano num ambiente mais técnico, ou seja, tentam

perceber o funcionamento da inteligência presente nos neurónios e mapeá-la para uma estrutura artificial, como se fosse uma combinação de software e hardware, transformando as redes neuronais biológicas em redes neuronais artificiais. As redes neuronais são muitas vezes equiparadas a máquinas projetadas para modelar a forma como o cérebro realiza determinadas tarefas e funções, e geralmente é implementada com a utilização de componentes eletrónicos, ou simulada por programação.

Segundo [Haykin \(2007\)](#), uma rede neuronal é um processador paralelamente distribuído, constituído de unidades de processamento simples que têm a propensão natural para armazenar conhecimento experimental e torná-lo disponível para uso. A rede neuronal assemelha-se ao cérebro em dois aspetos:

1. O conhecimento é adquirido pela rede a partir do seu ambiente, através de um processo de aprendizagem.
2. As forças de conexão entre neurónios, conhecidas como pesos sinápticos, são utilizadas para armazenar o conhecimento adquirido, tendo como principal propriedade o facto de mudar as conexões entre duas células conforme a aprendizagem ([Knöpfel, 2001](#)).

As redes neuronais artificiais são constituídas por elementos de processamento altamente interligados entre si através de ligações ponderadas, semelhantes às sinapses existentes no sistema nervoso.

Por norma, as RNA utilizam mapeamentos não-lineares com diferentes tipos de funções de ativação; apresentando também facetas elementares como: a arquitetura e o algoritmo de aprendizagem, definidas pela forma como a rede é treinada, por exemplos de treino. O algoritmo de aprendizagem, generaliza os dados e memoriza o conhecimento dentro dos parâmetros adaptáveis da rede, que se designam por pesos sinápticos, alterando-os de forma ordenada para alcançar o objetivo pretendido. Desta forma ao criar um sistema baseado em redes neuronais artificiais, adquirem-se dois graus de liberdade; a definição sobre o tipo de rede para resolver o problema

em consideração e o algoritmo para treinar a rede, ou seja, para adaptar os pesos da rede (Raubert, 2005).

Este capítulo contextualiza as redes neuronais artificiais e as vantagens da sua utilização, e os diferentes tipos de modelos de neurónios, bem como os procedimentos das diferentes etapas para implementação de uma rede neuronal. Assim, na Secção 4.1 são apresentadas as vantagens das redes neuronais artificiais. De seguida, na Secção 4.2 apresentam-se os diferentes modelos de neurónios artificiais propostos pelos autores dos mesmos, e descreve-se a sua estrutura e funcionalidade. De seguida, na Secção 4.3 descrevem-se as redes recorrentes e as redes não recorrentes, que se diferenciam por apresentar realimentação. Imediatamente a seguir, na Secção 4.4 são descritos os diferentes algoritmos de treino da rede neuronal, que podem ser supervisionados ou não-supervisionados. Na Secção 4.5 retrata-se o método *Backpropagation*, a sua estrutura, aprendizagem e aplicação, respetivamente. A seguir, na Secção 4.6 são expostas as diferentes funções de ativação que se podem aplicar na rede neuronal. Nas Secções 4.7 e 4.8 descrevem-se as etapas de modelagem das redes neuronais, bem como a validação das mesmas. Por último, na Secção 4.9 explica-se a regularização das redes neuronais; e na Secção 4.10 apresentam-se as diferentes aplicações das redes neuronais artificiais.

## 4.1 Vantagens das Redes Neuronais Artificiais

As redes neuronais apresentam uma estrutura maciça paralelamente distribuída e têm capacidade de aprender, ou seja, generalizar. Esta generalização faz com que as redes neuronais adquiram a capacidade de produzir saídas adequadas para as entradas que, por norma, não estão presentes aquando o processo de aprendizagem (Haykin, 2007).

O uso de redes neuronais oferece inúmeras vantagens (Haykin, 2007) tais como:

- **Não-linearidade:** um neurónio artificial pode ser linear ou não-linear. Se uma rede for constituída por conexões de neurónios não-lineares, a rede também

será não-linear; e esta não-linearidade permite que as conexões de neurónios sejam distribuídas por toda a rede.

- **Mapeamento de Entrada-Saída:** a aprendizagem envolve a modificação dos pesos sinápticos de uma rede neuronal pela aplicação de um conjunto de amostras de treino, em que cada exemplo consiste num sinal de entrada único e numa resposta desejada. Para o treino da rede é apresentado um exemplo escolhido aleatoriamente, e os pesos sinápticos da rede, que são os parâmetros livres, vão ser modificados de forma a minimizar a diferença entre a resposta desejada e a resposta real da rede produzida pelo sinal de entrada, de acordo com critérios estatísticos específicos. O treino da rede é repetido para vários exemplos do conjunto, até que a rede alcance o estado onde não se verifiquem mais modificações significativas nos pesos sinápticos. Os exemplos de treino que já tenham sido aplicados, podem ser aplicados novamente, mas com uma ordem de aplicação diferente; o que permite que a rede aprenda através destes exemplos, a construir um mapeamento de entrada-saída.
- **Adaptabilidade:** as redes neuronais têm uma capacidade inata de adaptar os seus pesos sinápticos às modificações do meio ambiente. Assim, as redes neuronais treinadas para operar em ambientes específicos podem ser muito facilmente, retreinadas para suportar modificações do ambiente. Desta forma, quando a rede neuronal opera em ambiente não-estacionário, pode ser projetada para modificar os seus pesos sinápticos em tempo real.
- **Resposta a Evidências:** uma rede neuronal pode ser projetada para fornecer informação não apenas sobre qual o padrão a selecionar, mas também sobre a confiança na decisão tomada, o que pode ser utilizado para rejeitar padrões; se com isto o desempenho da rede for melhorado.
- **Informação Contextual:** o conhecimento é representado pela estrutura e pelo estado de ativação de uma rede neuronal, já que, cada neurónio da rede neuronal é afetado potencialmente pela atividade de todos os outros neurónios da rede, e assim a informação contextual é tratada naturalmente pela rede neuronal.

- **Tolerância a Falhas:** uma rede neuronal implementada em hardware tem a capacidade de ser tolerante a falhas e de realizar computação altamente desenvolvida. Por exemplo, caso um neurónio ou as suas conexões se danifiquem, a recuperação dos padrões armazenados será prejudicada na sua qualidade, porém, devido à natureza distribuída da informação armazenada na rede, este dano deve ser extenso para que a resposta global da rede seja degradada. Por norma, a rede neuronal apresenta uma degradação suave do desempenho, ao invés de exibir uma falha catastrófica. Por vezes, para assegurar que uma rede neuronal seja tolerante a falhas é necessário adotar medidas corretivas no projeto do algoritmo utilizado para treinar a rede (Kerlirzin e Vallet, 1993).
- **Implementação em VLSI:** a natureza maciçamente paralela de uma rede neuronal faz com que seja potencialmente rápida na computação de certas tarefas, e torna-a oportuna para a implementação. Ao utilizar a tecnologia VLSI (*Very Large Scale Integration*), a rede fornece um meio de capturar comportamentos complexos de forma hierárquica (Mead, 1989).
- **Uniformidade de Análise e Projeto:** as redes neuronais usufruem de universalidade como processadores de informação, ou seja, é utilizada a mesma notação em todos os domínios que envolvem a aplicação de redes neuronais. A universalidade das redes neuronais é detetada nos neurónios, que de uma forma ou de outra, representam um ingrediente comum a todas as redes neuronais; e nas redes modulares, que podem ser construídas através de uma integração homogénea de módulos. A uniformidade das redes neuronais possibilita também que se compartilhem teorias e algoritmos de aprendizagem nas diferentes aplicações de redes neuronais.
- **Analogia Neurobiológica:** o projeto de uma rede neuronal é motivado pela analogia com o cérebro, o que representa a prova viva de que o processamento paralelo tolerante a falhas é possível e bastante rápido.

## 4.2 Modelos de Neurónios Artificiais

As redes neuronais artificiais remontam aos modelos matemáticos e aos modelos de engenharia de neurónios biológicos, que apresentem capacidade para implementar computacionalmente versões simplificadas de neurónios biológicos, para aplicações em tarefas de reconhecimento de padrões, processamento de imagem, otimização, modelagem e controlo e processamento de dados.

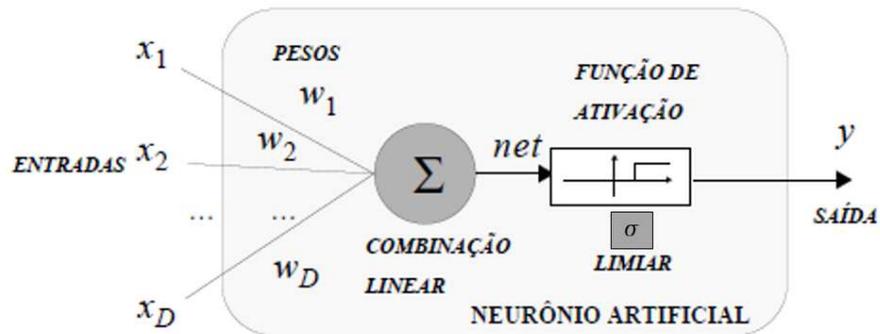
Até à data foram propostos diversos modelos de neurónios artificiais com o propósito de criar o modelo mais aproximado a um neurónio biológico, como os que se seguem de seguida.

### 4.2.1 Modelo de McCulloch e Pitts

Os primeiros modelos de neurónios foram apresentados em 1943, propostos por McCulloch e Pitts, como modelos simples, com intenção de imitar a realidade biológica. Atualmente, os modelos de neurónios artificiais têm o propósito de modelar o sistema nervoso com precisão suficiente para observar um comportamento em ascensão semelhante ao comportamento do neurónio biológico, e o objetivo de criar neurocomputadores, com alto grau de paralelismo (Barreto, 2002).

O primeiro modelo de neurónio artificial proposto por McCulloch e Pitts em 1943, era um modelo extremamente simples com apenas um neurónio. Este modelo foi posteriormente melhorado e transformado num modelo binário, apresentado na Figura 4.1, e surgiu graças ao conhecimento de Warren S. McCulloch em ondas de potencial de membrana, que fez com que interpretasse o funcionamento do neurónio como se fosse um circuito binário.

Em termos matemáticos, a representação do modelo de McCulloch e Pitts resulta num modelo com  $D$  valores de entradas, representados por  $x_i$ , com  $i = \{1, \dots, D\}$ ; as sinapses designam-se por pesos sinápticos, e representam-se por  $w_i$ , e à saída tem-se apenas um valor referenciado com  $y$  que é uma função discriminativa, de



**Figura 4.1** – Modelo do neurônio artificial de McCulloch e Pitts (Imagem alterada). Fonte: (Rauber, 2005)

classificação, com  $y = 0$  e  $y = 1$ .

No modelo mencionado a entrada do neurônio é binária e as suas entradas são combinadas por uma soma ponderada, produzindo a entrada do neurônio:

$$x = \sum_i^D w_i x_i. \quad (4.1)$$

O resultado da entrada sofre um atraso, representado por  $\sigma$ , que por vezes é desprezável quando se trata de um neurônio estático; e este atraso é o que serve de argumento à função de transferência de saída binária  $\{0, 1\}$ , de forma a dar resposta ao neurônio (Barreto, 2002).

A rede neuronal do modelo de McCulloch e Pitts é constituída por linhas direcionadas que fazem a conexão dos neurónios, inspiradas nas sinapses, podendo ser excitatórias ou inibitórias, adquirindo valores positivos ou negativos. Portanto, neste modelo a informação proveniente dos outros neurónios entra em  $D$  entradas  $x_j$ , através das sinapses do neurônio processador, e este processamento resulta da combinação linear das entradas (Rodrigues, 2018):

$$net = w_1x_1 + w_2x_2 + \dots + w_Dx_D = \sum_{j=1}^D w_jx_j = \mathbf{w}^T \mathbf{x}, \quad (4.2)$$

onde  $w = \{+1, -1\}$  com  $y = f(net)$ , em que,

$$f(net) = \begin{cases} 1, & \text{se } net \geq \sigma \\ 0, & \text{se } net < \sigma. \end{cases} \quad (4.3)$$

A cada entrada está associado um peso  $w_j$  que representa a importância da entrada  $x_j$ , e o resultado desta combinação linear é o valor  $net$ . Cada neurónio apresenta um limiar fixo, representado por  $\sigma$ , e tendo em conta que a atividade do neurónio é binária, se este valor ultrapassar o limiar estabelecido, o neurónio vai disparar o valor 1 na saída binária  $y$ , que corresponde à presença de atividade do neurónio; e se não ultrapassar o limiar a saída fica positiva em  $y = 0$ , correspondendo a atividade zero. A comparação da entrada  $net$  com o limiar  $\sigma$ , é feita através da função de *Heaveside*, que é uma função degrau, em que,  $f(net) = 1$  se  $net \geq 0$  e  $f(net) = 0$  se  $net < 0$ , representada pela seguinte equação (Raubert, 2005):

$$y = \Theta \left( \sum_{j=1}^D w_jx_j - \mu \right) \quad (4.4)$$

### 4.2.2 Modelo *Perceptron*

O neurónio artificial, é uma unidade de processamento de informação fundamental para a operação de uma rede neuronal. Na Figura 4.2, encontra-se representado o modelo do neurónio artificial, que é o elemento correspondente à célula nervosa do cérebro, exercendo a mesma função utilizando um esquema de entrada, processamento e saída.

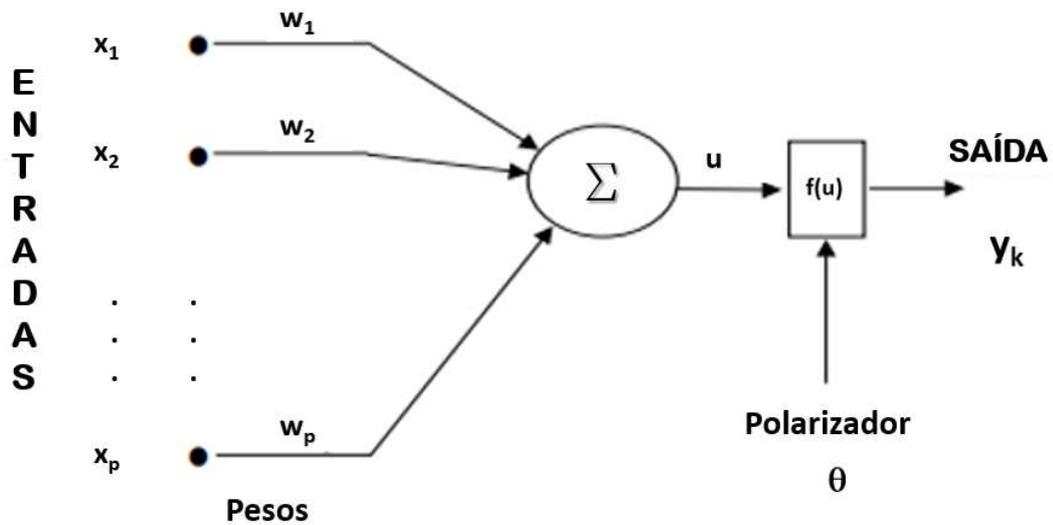


Figura 4.2 – Descrição funcional de um neurónio artificial. Fonte: (Velasco, 2007)

Em 1958, Rosenblatt (Roque, 2018) propôs um modelo de neurónio artificial designado por Modelo *Perceptron*, com o propósito inicial de implementar um modelo computacional inspirado na retina, com o objetivo de criar um elemento de perceção eletrónica de sinais com capacidade para associar uma categoria de um universo finito a um objeto, com aplicação na identificação de padrões geométricos, tais como letras e números no reconhecimento automático de caracteres, na deteção de falhas em determinados processos, na identificação de pessoas por impressão digital, voz ou pela íris do olho, e no diagnóstico médico (Roque, 2018).

O modelo *Perceptron*, ilustrado na Figura 4.3, é tipicamente utilizado em problemas que envolvem a classificação de padrões, e a simplicidade deste modelo deve-se à sua única camada neuronal. Geralmente, o modelo *perceptron* é constituído por apenas um neurónio e um termo polarizador, e trata-se de um modelo neuronal sem camada oculta, que só consegue identificar padrões que sejam linearmente separáveis, isto é, padrões que se encontrem em lados opostos a uma reta do plano (Velasco, 2007).

A arquitetura da rede *Perceptron* é *feedforward*, e o seu fluxo de informação encontra-se no sentido da camada de entrada em direção à camada neuronal de saída, sem qualquer tipo de realimentação de valores produzidos pelo seu único neurónio.

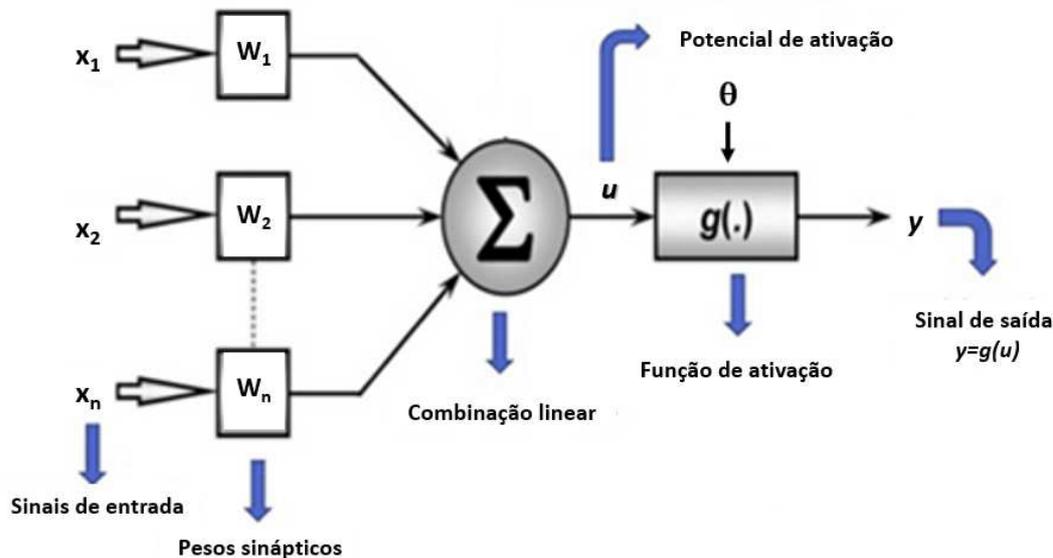


Figura 4.3 – Rede *Perceptron*. (Vinicius, 2017)

A rede *Perceptron* caracteriza-se fundamentalmente por ter uma única camada de neurónios, com valores de entrada e saída binários  $[-1, +1]$ , onde  $x$  corresponde aos sinais de entrada, que podem ser valores reais ou binários, e  $y$  corresponde ao sinal de saída da rede neuronal; com a função de ativação em degrau, portanto, apresenta valores rígidos com efeito de saturação. O algoritmo de treino desta rede é supervisionado.

No modelo *Perceptron*, as variáveis  $x_i$  correspondem aos sinais de entrada, que se caracterizam por ter valores reais ou binários. As variáveis  $w_i$  representam um conjunto de sinapses ou elos de conexão, denominados por pesos sinápticos. Ao invés do que acontece numa sinapse no cérebro, o peso sináptico de um neurónio artificial pode estar num intervalo de valores negativos, bem como num intervalo de valores positivos, sendo que, apresentam sempre valores reais introduzidos aleatoriamente. O somatório da rede constitui a combinação linear dos sinais de entrada e dos pesos sinápticos, tendo  $\theta$  como limiar de ativação com valores reais, e  $u$  como potencial de ativação. A função de ativação neste modelo é representada por  $g(\cdot)$ , que restringe a amplitude da saída do neurónio. Por vezes, a função de ativação é também

denominada de função restritiva, já que limita o intervalo de amplitude do sinal de saída a um valor finito. Geralmente, o intervalo normalizado da amplitude da saída de um neurónio é proposto como um intervalo unitário fechado  $[0, 1]$  ou  $[-1, 1]$  (Haykin, 2007). E o sinal de saída é representado por  $y$ , e apresenta valores binários à saída da rede neuronal.

De acordo com Haykin, o modelo neuronal da Figura 4.3, inclui o *bias* (termo polarizador), representado por  $b_k$  com efeito de aumentar ou diminuir a entrada da função de ativação, dependendo se este é positivo ou negativo.

Em termos matemáticos pode descrever-se o neurónio pelo seguinte par de equações:

$$u_k = \sum_{j=1}^m w_j x_j, \quad (4.5)$$

$$y_k = g(u_k + b_k). \quad (4.6)$$

Onde  $x_j$ , com  $j = \{1, \dots, p\}$  são os sinais de entrada;  $w_j$ , com  $k = \{1, \dots, p\}$  são os pesos sinápticos do neurónio  $k$ ;  $u$  é a saída da combinação linear;  $b$  é o termo polarizador;  $g(\cdot)$  é a função de ativação; e  $y$  é o sinal de saída do neurónio. A utilização do termo polarizador  $b$  vai aplicar uma transformação afim à saída  $u$  da combinação linear, de acordo com a seguinte equação:

$$v = u + b. \quad (4.7)$$

Se o termo polarizador  $b$  for negativo ou positivo, a relação entre o potencial de ativação  $v$  do neurónio e a saída da combinação linear  $u$  é modificada conforme ilustra a Figura 4.4.

O termo polarizador  $b$  é um parâmetro externo do neurónio artificial, e verifica-se a sua presença na equação (4.6). O termo polarizador pode também integrar a formulação das equações (4.5), (4.6) e (4.7) como se segue:

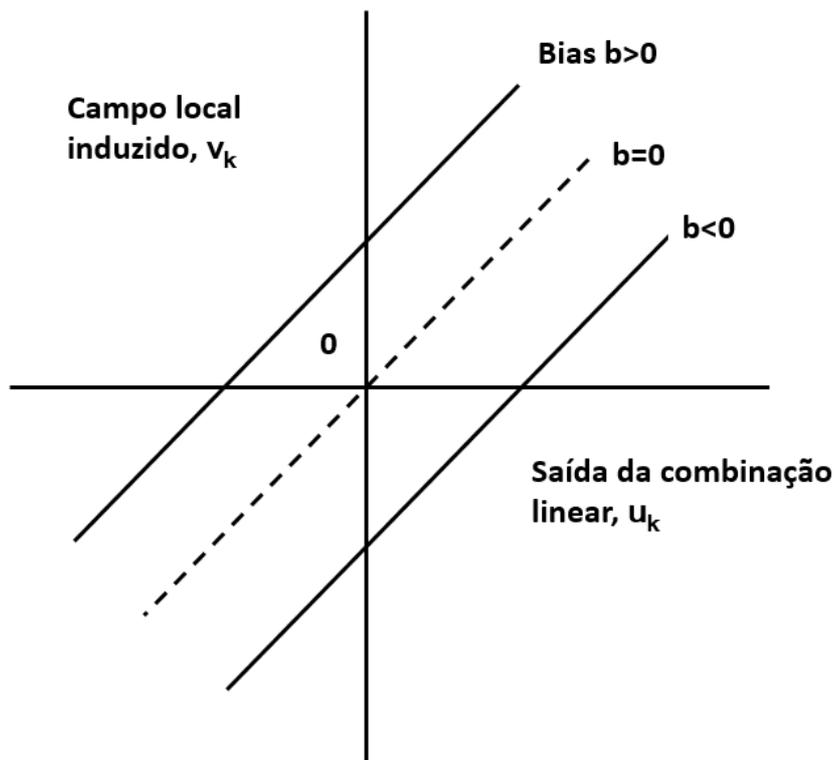


Figura 4.4 – Transformação afim produzida pela presença do termo polarizador  $v=b$  e  $u=0$ .

$$v_k = \sum_{j=0}^m w_{kj} x_j, \quad (4.8)$$

$$y_k = g(v_k). \quad (4.9)$$

Na equação (4.8) adicionou-se uma nova sinapse, cuja entrada é  $x_0=+1$  e o seu peso  $w_{k0}=b_k$ .

Podemos então reformular o modelo do neurónio onde o efeito do termo polarizador é tido em conta de duas maneiras: ou adicionado como um novo sinal de entrada fixo em +1, ou adicionado como um novo peso sináptico igual ao termo polarizador  $b$ .

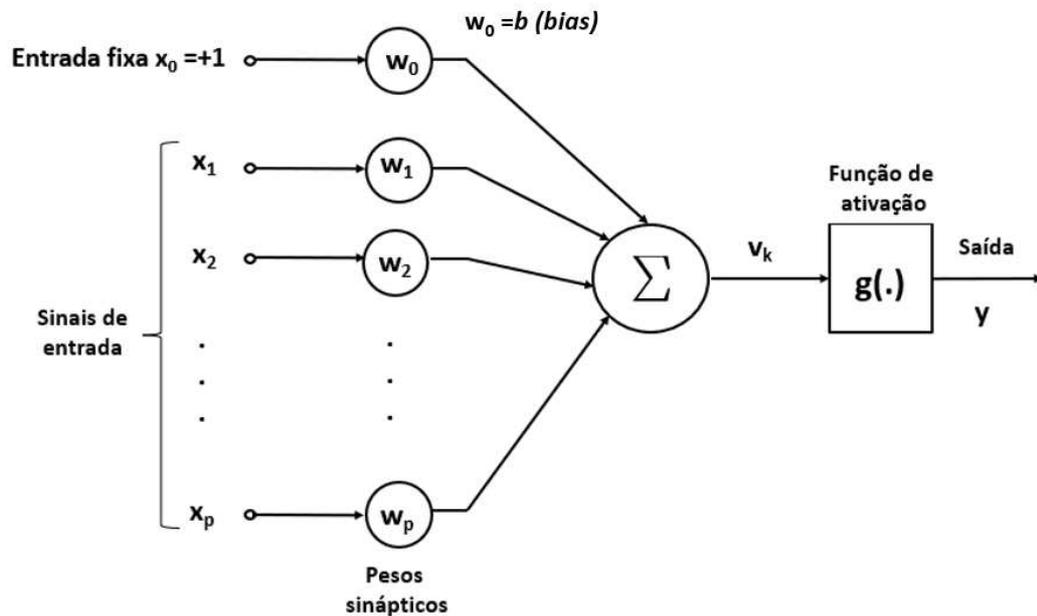


Figura 4.5 – Outro modelo não-linear de um neurónio.

Apesar dos modelos das Figuras 4.2 e 4.5 serem diferentes, na aparência, são matematicamente muito equivalentes.

### 4.2.3 Modelo de Múltiplas Camadas

Uma rede neuronal que apresente pelo menos uma camada oculta é designada por *Multi-Camada* (MLP), onde o neurónio recebe várias entradas da camada anterior e calcula uma combinação linear das variáveis. O resultado da combinação linear passa então pela função de ativação, e faz o mapeamento da rede neuronal.

A principal vantagem da utilização da rede Multi-Camada (Figura 4.6) é o facto desta técnica ser um aproximador universal de funções, em que os seus pesos se encontram bem-adaptados e a rede dispõe de um número suficiente de neurónios ocultos, sendo mais fácil atingir o resultado desejado (Raubert, 2005).

As redes neuronais artificiais podem aproximar qualquer função se tiverem pelo menos uma camada oculta, como demonstrado por Cybenko (1989) *apud* (Martins,

2017), portanto, pode concluir-se que uma RNA é um aproximador universal, como é mencionado no Teorema 1.

**Teorema 1:** *Dada qualquer função  $f(x)$  e qualquer  $\epsilon > 0$ , existe uma RNA  $\phi(x)$  (com função de ativação razoavelmente não-linear como a sigmoide) com uma camada oculta tal que  $\forall x, |f(x) - \phi(x)| < \epsilon$ . (Martins, 2017).*

A saída de um neurónio  $j$  é dada pela aplicação de uma função  $g$  numa soma ponderada das suas entradas  $x_i$ , sendo este modelo descrito na equação (4.10) e (4.11).

$$u_j = \sum_i w_{ij}x_i, \quad (4.10)$$

$$y_j = g(u_j), \quad (4.11)$$

onde  $w_{ij}$  são os pesos sinápticos e  $g$  é o modelo neuronal ou a função de ativação.

O modelo de múltiplas camadas possui várias entradas, que podem receber sinais de outros neurónios (saídas dos neurónios da camada anterior), sinais de fora da rede, ou entradas denotadas por  $x_i$ , com  $i = \{1, \dots, p\}$ . Em todas as entradas é aplicado um certo peso, ou parâmetro da rede representado por  $w_{ki}$ , com  $k = \{1, \dots, p\}$  que consiste na memória da rede traduzida pela experiência obtida, como resultado de  $n$  apresentações dos padrões. Os pesos, ou parâmetros da rede são responsáveis pela combinação da não-linearidade de forma a que esta não-linearidade fique distribuída pela rede. Os pesos caracterizam-se por ter um fator com valor fornecido que é multiplicado e os resultados são somados, formando uma combinação linear dos pesos, que corresponde à soma da entrada representada por  $u_k$ .

O tipo de processamento do neurónio é a combinação linear das entradas com os pesos, seguida pela passagem da combinação linear por uma função de ativação (Raubert, 2005). A função que calcula a soma das entradas é designada por função de propagação, e a função de ativação fornece o estado de ativação, dependente

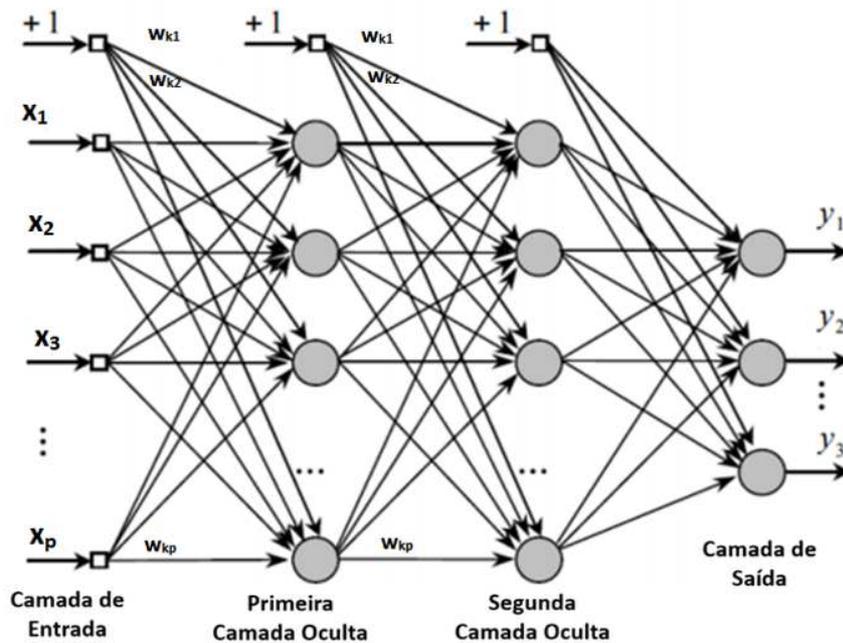


Figura 4.6 – Rede neuronal MLP. (Maia, 2015)

do estado anterior armazenado no neurónio, e o estado de ativação resultante vai determinar qual a saída que o neurónio vai produzir, representada por  $y_k$ , definida pela função de saída que fornece um valor exato. O único local onde a não-linearidade se encontra é onde a função de ativação atua, uma vez que esta se refere à parte não-linear de cada neurónio.

O símbolo  $\theta_k$  representa o termo polarizador, que indica o ponto em que a função se encontra acima do eixo e, portanto, define o domínio dos valores de saída. Muitas vezes, o termo polarizador é considerado como sendo um peso de maneira a que, durante o processo de otimização dos pesos, realizado pelo algoritmo implementado, a atualização seja feita para todos os parâmetros, incluindo o termo polarizador. Nas redes neuronais os termos que têm sempre de ser estimados são os pesos e o termo polarizador. Como a soma de todas as entradas é ponderada, o termo polarizador vai aparecer muitas vezes associado a uma entrada fixa  $+1$  ou  $-1$  (Velasco, 2007; Schneider, 2001).

### 4.3 Arquitetura das Redes Neurais Artificiais

A arquitetura da rede neuronal é determinante na resolução do problema, e a escolha correta do número de conexões de neurónios é decisiva para que o treino da rede seja bem sucedido.

As redes neuronais podem ser consideradas como um sistema dinâmico complexo, definidas da seguinte forma:

1. Um sistema dinâmico complexo é uma rede de sistemas interconectados, ou seja, pode ser representado por um grafo direcionado onde os vértices representam os sistemas componentes, isto é, os subsistemas.
2. Um grafo  $G (v_i, v_j)$  consiste num conjunto não vazio finito de vértices  $V$  juntamente com um conjunto não ordenado de arcos  $A$  conectando certos pares de vértices. Cada par  $(v_i, v_j)$  de vértices em  $V$  é um arco de  $G$ , e o par  $(v_i, v_j)$  é distinguido por unir o par  $v_i$  e  $v_j$ .
3. Um grafo  $G$  é rotulado quando os  $p$  vértices são distinguíveis uns dos outros por nomes ou rótulos.
4. Um grafo  $G$  é um rotulado em arcos quando os arcos são distinguíveis uns dos outros por nomes ou rótulos.
5. Uma RNA é um sistema dinâmico complexo representado por um grafo rotulado em arcos, em que cada vértice corresponde a um neurónio artificial. Os rótulos dos arcos guardam os valores numéricos e correspondem aos valores das conexões entre os diferentes neurónios, podendo ser compreendidos também como sendo valores “*fuzzy*” entre as conexões dos neurónios que devem pertencer ao intervalo  $[0, 1]$  respetivamente.
6. Um grafo difuso é um grafo rotulado em arcos, onde os rótulos são valores de um conjunto difuso.

7. Uma rede neuronal difusa pode ser uma rede neuronal representada por um grafo difuso ou uma rede neuronal que contém pelo menos um neurónio difuso.
8. Uma Rede Neuronal Contínua no Tempo é uma rede definida num subconjunto contínuo no eixo do tempo  $T = \mathbb{R}$ .
9. Uma Rede Neuronal Discreta no Tempo é uma rede neuronal definida num subconjunto discreto no eixo do tempo  $T = \mathbb{Z}$ .
10. Uma Rede Neuronal Invariante no Tempo ou Rede Neuronal Estacionária é uma rede neuronal em que a função de transição  $\Phi$  depende de um único elemento de  $T$ , e a função de saída  $\lambda$  é independente de  $T$  (Barreto, 2002).

A arquitetura da rede permite definir o número de entradas e saídas da RNA, o número de camadas e o número de neurónios por camada. Adicionalmente permite estabelecer o tipo e o número de ligações entre os neurónios. De acordo com o tipo de ligações podemos definir redes não recorrentes e recorrentes que serão descritas nas secções seguintes.

### 4.3.1 Redes Não Recorrentes

As redes não recorrentes, são as redes que não têm realimentação das suas saídas para as entradas e por isso, são conhecidas como redes sem memória. A estrutura destas redes pode ser formada por uma única camada ou por múltiplas camadas, em que no caso de redes em camadas, existe um conjunto de neurónios de entrada, uma camada de saída e uma ou mais camadas intermédias ou ocultas.

Como são redes não recorrentes, não existem conexões que liguem um neurónio de uma camada a outro neurónio da camada anterior, nem a um neurónio da mesma camada, como é o caso das redes do tipo *feedforward*, em que o sinal é sempre propagado para a frente, da entrada para a saída.

As redes *feedforward* são redes diretas na qual o grafo não tem ciclos, sendo geralmente representadas por camadas. Os neurónios que recebem os sinais de excitação designam-se

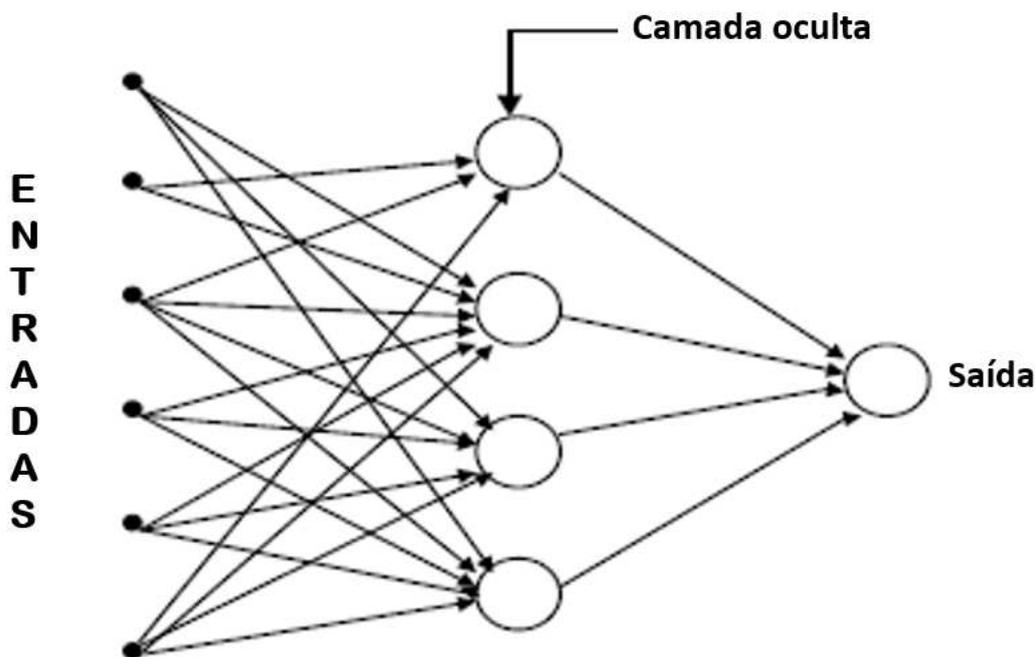
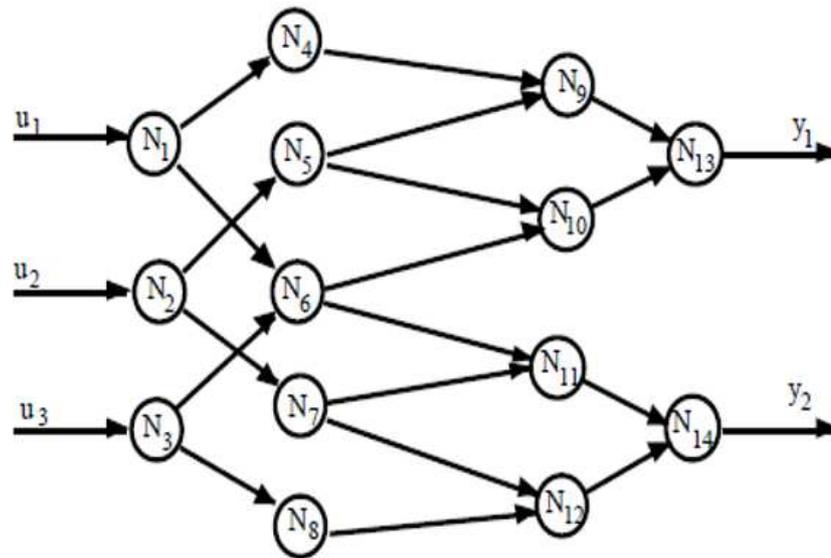


Figura 4.7 – Arquitetura da rede não recorrente *feedforward*. Fonte: (Velasco, 2007)

por camada de entrada ou por primeira camada; e os neurónios que têm a sua saída como saída da rede pertencem à camada de saída ou à última camada. Os neurónios que não pertencem nem à camada de entrada nem à camada de saída são neurónios internos à rede, e podem organizar-se numa ou em mais camadas internas, denominadas de “*hidden layers*” (camadas ocultas ou camadas intermédias).

As redes *feedforward* representadas na Figura 4.7, são muito utilizadas atualmente, estando organizadas em camadas.

Nestas redes é muito importante ter especial atenção ao sinal de erro e ao sinal funcional. O sinal de erro é um sinal com origem no neurónio de saída que se propaga para trás, camada por camada através da rede; e o sinal funcional é um sinal de entrada, com a sua propagação para a frente, neurónio por neurónio através das camadas da rede terminando na saída da rede, como um sinal de saída (Velasco, 2007).



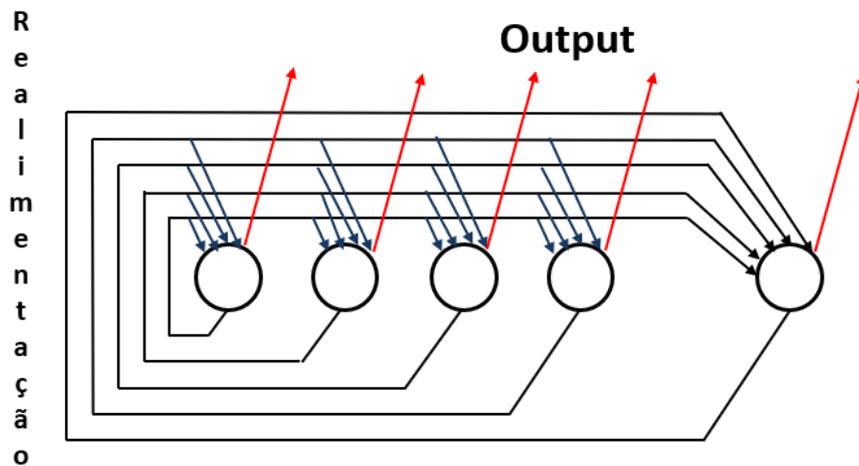
**Figura 4.8** – Representação de uma rede *feedforward* com 3 camadas de conexões. Fonte: (Barreto, 2002)

Este tipo de redes é o mais utilizado principalmente por existirem muitos métodos de aprendizagem que se aplicam a este tipo de redes, como é o caso do método *backpropagation*. Para além disso, as redes *feedforward* têm a capacidade de aproximar com maior ou menor precisão qualquer função não-linear, dependendo do número de camadas da rede. No entanto, mesmo utilizando neurónios dinâmicos este tipo de redes apresenta uma dinâmica muito limitada, não conseguindo representar todos os sistemas dinâmicos (Barreto, 2002).

### 4.3.2 Redes Recorrentes

As redes recorrentes gerais, também designadas de redes recorrentes *Hopfield*, representadas na Figura 4.9, possuem realimentação das saídas da rede para as entradas, sendo as suas saídas determinadas pelas entradas atuais, e pelas saídas anteriores.

A estrutura das redes recorrentes não é necessariamente organizada em camadas, e caso a sua estrutura esteja organizada em camadas, estas podem apresentar



**Figura 4.9** – Arquitetura de redes recorrentes gerais. Fonte: (Velasco, 2007)

interligações entre neurónios da mesma camada e entre camadas não consecutivas.

Por possuírem realimentação, as redes recorrentes respondem a estímulos dinamicamente, ou seja, após a aplicação de uma nova entrada, a saída é calculada e realimentada para modificar a entrada da rede, e por apresentarem esta característica, as redes deste tipo são designadas por redes com memória.

Existem ainda as redes totalmente recorrentes, em que cada neurónio está conectado a qualquer outro neurónio, e as redes parcialmente recorrentes, como por exemplo, a rede de *Elman*, ilustrada na Figura 4.10, em que os elos da realimentação ocorrem entre a saída e a entrada da primeira camada oculta. O elo de realimentação é feito através de uma unidade de contexto, ou seja, uma camada extra, que por norma é uma estrutura de atraso, que armazena a saída da primeira camada oculta num certo espaço de tempo. Esta estrutura gera padrões variáveis no tempo, e por isso este tipo de configuração neuronal pode ser bastante útil em aplicações de séries temporais, uma vez que ajudam a rede a memorizar as informações atuais no momento seguinte da sequência analisada. A realimentação acontece à saída de cada neurónio da camada oculta para todos os neurónios da mesma camada, e, para além desta camada de rede recorrente, a rede pode apresentar várias outras camadas do

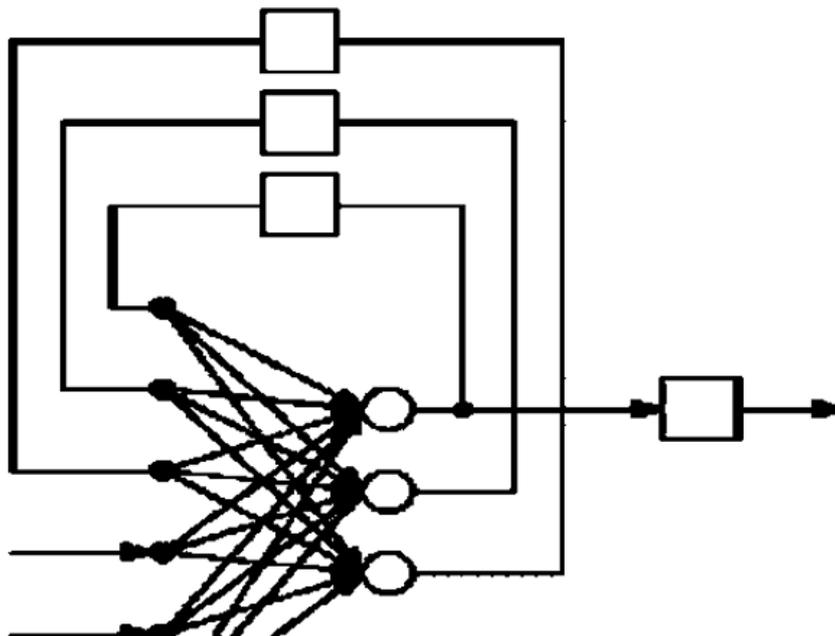


Figura 4.10 – Arquitetura da rede recorrente de Elman. Fonte: (Velasco, 2007)

tipo *MLP* e pode ter também ou apenas uma ou várias saídas.

Nas redes recorrentes, o algoritmo utilizado para o treino é de retropropagação do erro, contudo é necessário ter cuidado na implementação deste algoritmo, já que num dado instante de tempo a rede recebe não só as entradas externas, como também as entradas já realimentadas da saída da primeira camada oculta, obtidas no instante anterior.

## 4.4 Algoritmos de Treino

Uma vez definida a rede neuronal, esta tem de ser treinada, ou seja, os graus de liberdade que a rede contém para solucionar o problema têm de ser adaptados de forma a que a rede resolva o problema em questão. A etapa do treino das redes neuronais tem como objetivo fazer com que a aplicação de um conjunto de entradas produza um conjunto de saídas desejado e consistente, e durante este processo, os

pesos da rede convergem gradualmente para determinados valores, de modo que, a aplicação dos vetores de entrada produza as saídas requeridas (Rauber, 2005).

O conhecimento da rede relaciona-se com a maneira pela qual a modificação dos parâmetros ocorre, sendo estes ajustados através de um processo estimulado pelo ambiente no qual a rede está inserida. O algoritmo de aprendizagem da rede refere-se a regras muito bem definidas para a solução do problema em questão, e estes algoritmos diferem entre si pela forma como se dá o ajuste dos pesos (Velasco, 2007). Normalmente têm-se um conjunto finito  $T$  de  $n$  exemplos de treino apto para adaptar os seus pesos  $w_{ij}$  entre o neurónio  $i$  e o neurónio  $j$ , segundo determinado algoritmo durante a fase de treino da rede neuronal (Rauber, 2005).

Os procedimentos do treino e do conhecimento podem ser classificados em dois tipos: **supervisionado** ou **não supervisionado**.

#### 4.4.1 Treino Supervisionado

No treino da rede supervisionado existem três componentes interrelacionados:

- O **ambiente estacionário**, onde as características estatísticas não mudam com o tempo, e desta forma, as estatísticas podem ser aprendidas pela rede por uma aprendizagem supervisionada; ou o ambiente não estacionário, em que as estatísticas variam com o tempo, e neste caso os métodos tradicionais não são os mais adequados, já que a rede não está preparada para acompanhar as variações estatísticas que acontecem no ambiente em que opera.
- A **resposta desejada**, que funciona como um professor; uma vez que, de certa forma a aprendizagem supervisionada funciona como se existisse um professor que conhece a resposta desejável.
- O **algoritmo de treino**, que ajusta os pesos para fazer o mapeamento da entrada-saída.

Na aprendizagem supervisionada os exemplos utilizados para o treino são rotulados, ou seja, há um vetor de entrada,  $x_p$ , e um determinado vetor desejado para a saída,  $y_p$ , o que significa que o conjunto de treino  $T$  é composto por  $n$  pares de exemplos de treino  $(x_p, y_p)$  onde  $T = \left\{ \left( \underline{x}_p, \underline{y}_p \right) \right\}_p^n = 1$ .

Cada vetor de entrada da rede tem uma dimensão  $D$ , em que as variáveis de entrada se encontram agrupadas num vetor coluna no domínio dos números reais  $x = (x_1, \dots, x_j, \dots, x_p)^T$ ,  $x_j \in \mathbb{R}$ . É ainda utilizada uma transposição  $()^T$  para transformar o vetor coluna num vetor linha, e as variáveis de saída apresentam-se agrupadas num vetor de saída  $y = (y_1, \dots, y_j, \dots, y_c)^T$  (Raubert, 2005).

O processo funciona inicialmente com aplicação do vetor de entrada, e portanto, a saída fornecida pela rede vai ser comparada com o vetor da resposta desejada; e através desta comparação obtém-se um sinal de erro, que por norma é realimentado através da rede, onde os seus pesos são atualizados segundo determinado algoritmo com o propósito de minimizar este erro; o que se pressupõe que há um erro de saída.

O algoritmo de treino supervisionado mais utilizado nas redes neuronais é o algoritmo de treino *backpropagation*, abordado na secção 4.5. No treino da rede supervisionado é muito importante que os valores alvo, ou seja, os valores desejados na resposta sejam codificados dentro do intervalo da função de ativação, para que o algoritmo de retropropagação não eleve os parâmetros livres da rede para o infinito, reduzindo a velocidade do processo de treino.

A regressão linear é um exemplo onde a aprendizagem supervisionada é aplicada, expressa no exemplo da Figura 4.11, que se trata de um caso unidimensional em que o conjunto de dados de treino consiste em pares de números reais  $(x_p, y_p)$ . O objetivo da aprendizagem deste exemplo é determinar os coeficientes  $w_0$  e  $w_1$  da reta de regressão linear  $y = w_0 + w_1x$ , e o algoritmo de aprendizagem tem como objetivo minimizar a discrepância entre o valor desejado  $y_p$  e o valor da resposta do sistema:  $y' = w_0 + w_1x_p$ , em média para cada exemplo  $(x_p, y_p)$  (Raubert, 2005).

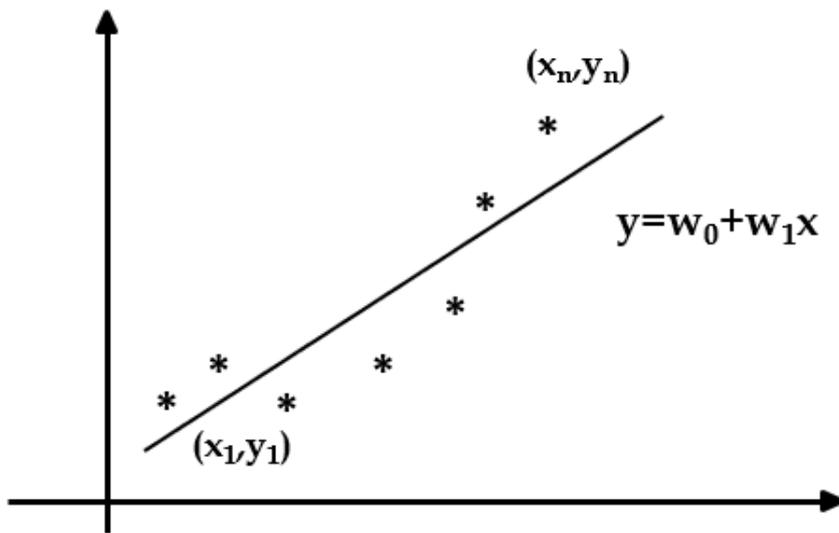


Figura 4.11 – Regressão linear. Fonte: (Rauber, 2005)

#### 4.4.2 Treino Não-Supervisionado

Relativamente ao treino não supervisionado, quando a única informação disponível para o treino da rede são os valores  $x_p$ , a etapa de aprendizagem deve focar-se em perceber quais as correlações existentes entre os exemplos de treino  $T = \{(x_p)\}_p^n = 1$ , o que significa que não há um vetor de resposta desejado, que indica que não há comparações que forneçam um sinal de erro, e portanto, os exemplos de treino não são rotulados. Assim, a rede tem de encontrar os atributos estatísticos mais relevantes, de maneira a desenvolver uma representação própria dos estímulos que entram na rede.

No treino não-supervisionado, fornecem-se condições à rede para que esta seja capaz de aprender, e os parâmetros livres da rede são otimizados em relação a esta aprendizagem, sendo este tipo de treino muitas vezes designado de *clustering* devido à sua capacidade de aglomeração.

No caso da rede estar ajustada às regularidades estatísticas dos dados de entrada, esta consegue formar representações internas para codificar as características de

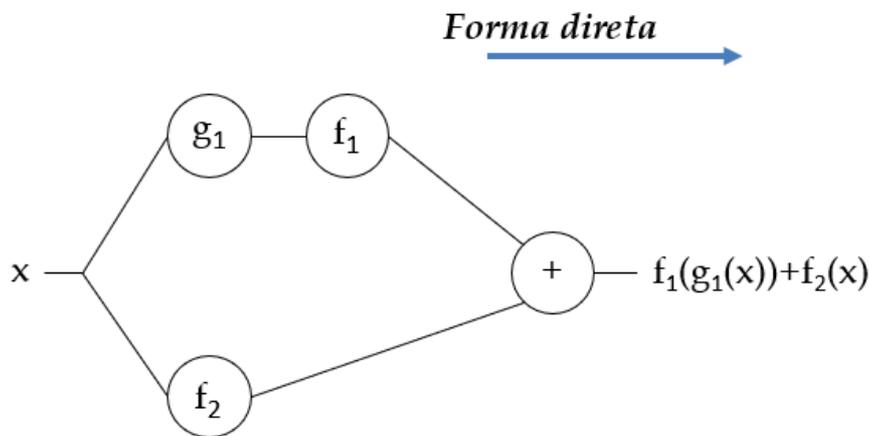
entrada e criar automaticamente novas classes, utilizando a regra da aprendizagem competitiva, onde se consideram as redes de neurónios em que, apenas um neurónio pode estar ativo ao mesmo tempo, ou seja, todos os neurónios têm uma ativação igual a zero, fazendo com que os pesos se desloquem em direção ao estímulo, ou seja, à entrada da rede (Velasco, 2007).

Nos processos de aprendizagem da rede neuronal artificial os pesos são modificados de forma iterativa, onde por exemplo, se o peso entre o neurónio  $i$  e o neurónio  $j$  for  $w_{ij}$ , na iteração  $l$ , o peso  $w_{ij}^{(l)}$  vai influenciar a função calculada pela rede. Assim, o algoritmo de aprendizagem pressupõe a qualidade do peso e determina se este deve sofrer alguma modificação no seu valor, com uma diferença  $\Delta w_{ij}^{(l)}$  na próxima iteração  $l + 1$ . Assim sendo, a regra de adaptação dos pesos é definida por:

$$w_{ij}^{(l+1)} = w_{ij}^{(l)} + \Delta w_{ij}^{(l)} \quad (4.12)$$

Os pesos da rede neuronal necessitam de ser inicializados para poderem passar por todos os processos de aprendizagem nas RNA, e o algoritmo de aprendizagem percorre um número fixo de iterações até que a condição de paragem seja atingida, como por exemplo no caso da aprendizagem supervisionada em que a discrepância entre o valor calculado e o valor desejado desaparece em todos os exemplos de treino (Raubert, 2005). Geralmente, os pesos são inicializados aleatoriamente, pois caso fossem inicializados em zero, o gradiente durante a fase de *backpropagation* não seria diferenciado, e portanto, todos os parâmetros teriam as mesmas atualizações. Por norma, o que é pretendido é que a variância de todos os neurónios seja igual, contudo, como os pesos são inicializados aleatoriamente a variância varia conforme o número  $n$  de entradas (Martins, 2017).

Posto isto, pode concluir-se que os modelos que têm capacidade de aprendizagem se podem dividir em modelos que utilizam aprendizagem supervisionada e aprendizagem não-supervisionada, nas suas respetivas regras e tipos de redes neuronais, dependendo se para cada estímulo de entrada  $x$ , a resposta desejada da rede  $y$  está ou não disponível.



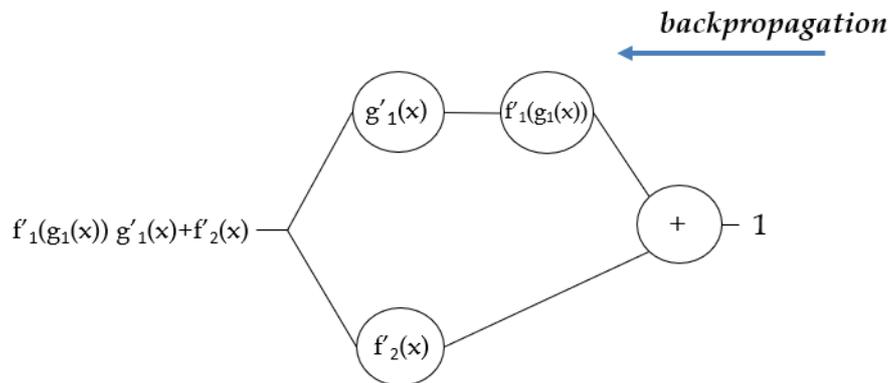
**Figura 4.12** – Retroalimentação do algoritmo de aprendizagem de forma direta. Fonte: (Martins, 2017)

## 4.5 Método *Backpropagation*

Em 1986, Márquez *et al.* (2007) desenvolveram um método de treino, *backpropagation*, para as redes neurais com o intuito de aprender a associação entre os padrões de entrada e as classes correspondentes utilizando várias camadas de neurónios.

O método *backpropagation* constitui um método inverso de retroalimentação direta do algoritmo de aprendizagem da rede neuronal, como se pode observar nas Figuras 4.12 e 4.13, e consiste na leitura da rede neuronal inteira de trás para a frente, ou seja, desde a saída da rede até à entrada; realimentando a saída. Assim, a informação vinda de um neurónio é adicionada à rede e o resultado é transmitido para trás, repetindo-se o processo (Martins, 2017).

O método *backpropagation* consiste em aprender um conjunto predefinido de pares de entrada-saída, ou seja, inicialmente é aplicado um padrão de entrada como estímulo para a primeira camada de neurónios da rede, e este estímulo vai propagar-se por todas as camadas até gerar uma saída. De seguida, o resultado obtido nos neurónios da saída vai ser comparado com a saída obtida no par de entrada-saída, e desta forma, obtém-se o erro, que é calculado para cada neurónio de saída. Os erros



**Figura 4.13** – Retroalimentação do algoritmo de aprendizagem da rede neuronal por *backpropagation*. Fonte: (Martins, 2017)

obtidos à saída são transmitidos para trás a partir da camada de saída para todos os neurónios na camada intermédia, sendo este processo, repetido camada por camada, até que todos os neurónios da rede tenham recebido um erro que descreva a sua contribuição relativamente ao erro total. Tendo em conta o valor do erro recebido, os pesos de conexão de cada neurónio são reajustados de modo a que, quando o mesmo padrão estiver presente na rede, os valores da saída da rede sejam mais próximos do valor desejado (Hilera e Martinez, 2000).

A importância do método *backpropagation* traduz-se na sua capacidade de adaptar os pesos dos neurónios das camadas intermédias para aprender a relação entre o conjunto de padrões de entrada e as saídas correspondentes, e deve ter-se em conta a sua capacidade de generalização e a facilidade que este método tem em obter resultados satisfatórios, já que, durante a fase de treino a rede não consegue obter os mesmos resultados. Portanto, a rede neuronal deve encontrar uma representação interna que lhe permita gerar as saídas desejadas, quando os dados de treino são fornecidos, para que possam ser aplicados às entradas que não são apresentadas durante a fase de aprendizagem, de forma a que a rede possa classificar essas entradas (Reyes *et al.*, 2006).

### 4.5.1 Estrutura e Aprendizagem do Método *Backpropagation*

O método *backpropagation* aplica-se numa rede onde existe uma camada de neurónios de entrada, uma camada de saída com  $n$  neurónios e pelo menos uma camada oculta de neurónios internos. Neste tipo de rede neuronal não há conexões laterais entre neurónios da mesma camada, contudo existem conexões entre neurónios em que cada neurónio de uma camada, exceto os neurónios de entrada, recebe entradas de todos os neurónios na camada anterior, e envia a sua saída para todos os neurónios da camada seguinte, exceto os neurónios de saída.

Normalmente, o método *backpropagation* requer o uso de neurónios cuja função de ativação seja contínua e diferenciável, como por exemplo a função sigmóide.

A aplicação do método *backpropagation* tem duas fases, uma para a frente e outra para trás. Na primeira fase, o padrão de entrada é apresentado à rede e propaga-se pelas camadas de neurónios até atingir a camada de saída, e quando os valores de saída da rede forem obtidos dá-se início à segunda fase, que consiste na comparação desses valores com a saída esperada de modo a obter o erro dos valores de saída. Os pesos da última camada são ajustados proporcionalmente ao erro por retropropagação, ou seja, os pesos da última camada são transmitidos para a camada anterior, ajustando os pesos e continuando com este processo até chegar à primeira camada. Desta forma, os pesos das conexões da rede são modificados para cada padrão de aprendizagem da rede, e assim sabemos os valores desejados de entrada e de saída que a rede devia gerar antes da aplicação deste padrão.

### 4.5.2 Aplicação do Algoritmo de Treino *Backpropagation*

O método *backpropagation* envolve seis etapas:

- **Primeira etapa:** inicialização dos pesos da rede com pequenos valores aleatórios.
- **Segunda etapa:** apresentação de um padrão de entrada e especificação da saída desejada que a rede deve gerar.

- **Terceira etapa:** calcula-se a saída atual da rede, para o padrão apresentado, onde as entradas da rede descrevem o padrão e a saída é obtida progressivamente à medida que se efetuam os cálculos ao longo das diversas camadas da rede. O processo termina quando se obtém o valor do neurónio de saída.
- **Quarta etapa:** calcula-se os termos de erro para todos os neurónios.
- **Quinta etapa:** faz-se uma atualização dos pesos, onde se utiliza um algoritmo recursivo para ajustar os pesos dos neurónios, que começa nos neurónios de saída e é transmitido para os neurónios das camadas anterior, até alcançar a camada de entrada.
- **Sexta etapa:** repetem-se as etapas 2, 3, 4 e 5 para outros exemplos. O processo termina quando o erro é suficientemente pequeno para cada um dos padrões aprendidos (Freeman e Skapura, 1993; Martín e Sanz, 2002).

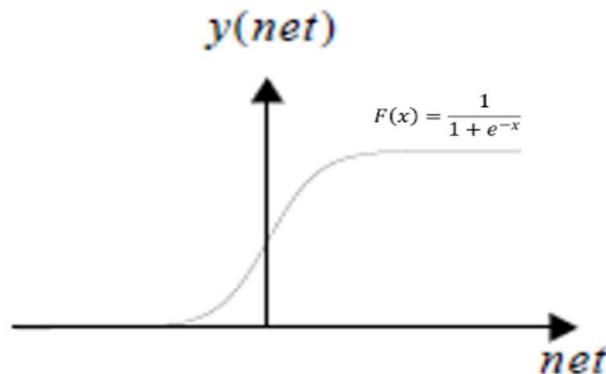
## 4.6 Funções de Ativação

Tal como os modelos de neurónios artificiais foram sendo propostos ao longo do tempo, também vários tipos de funções de ativação têm vindo a ser argumentados. Na estrutura interna de cada neurónio, a função de ativação existente é a responsável por limitar a amplitude do intervalo de saída do neurónio conforme a sua não-linearidade.

Nesta secção serão abordadas as funções de ativação mais comumente utilizadas, sendo destacados quatro tipos de funções de ativação.

### 4.6.1 Função Sigmóide

A função sigmoide caracteriza-se por assumir sempre valores positivos, e pelo modelo neuronal ser diferenciável. Esta função tem a seu cargo receber valores reais e colocá-los no intervalo  $[0, 1]$ , com um rápido crescimento entre um limiar que se situa no intervalo de valores  $-2.5 < x < 2.5$ . Neste intervalo, a função sigmoide



**Figura 4.14** – Função de Ativação Sigmoide. Fonte: (Raubert, 2005)

apresenta um comportamento aproximadamente linear, daí este intervalo de valores ser designado de limiar. O fato desta função apresentar este comportamento, torna-a muito pertinente para a resolução de problemas de classificação, dado a sua interpretação lógica que pode ser interpretada como uma probabilidade (Martins, 2017).

A função de ativação sigmoide, ilustrada na Figura 4.14 apresenta uma saída não-linear contínua, e a sua respectiva fórmula matemática encontra-se representada pela equação (4.13).

Saída da função sigmoide:

$$F(x) = \frac{1}{1 + e^{-x}} \quad (4.13)$$

A função sigmoide caracteriza-se por ter um conjunto de propriedades muito úteis à aprendizagem dos pesos e ao mapeamento realizado pela rede respetivamente, a sua não-linearidade, e a sua continuidade e diferenciabilidade em todo o domínio de  $\mathbb{R}$ . Para além destas características, a função sigmoide é estritamente monótona, pelo que,  $x_1 \leq x_2 \Leftrightarrow F(x_1) \leq F(x_2)$ ; e a sua derivada tem uma forma muito simples, sendo expressa pela própria função:  $F'(x) = F(x)(1 - F(x))$  (Raubert, 2005).

A função sigmoide tem vindo a ser cada vez menos utilizada dado ao facto da saída da função sigmoide não estar centrada em zero, que faz com que os pesos  $w$  da

função se tornem todos positivos ou negativos; ou pelo fato desta função saturar, o que faz com que os gradientes sejam anulados, e assim, impede que a função treine os seus pesos, fazendo com que estes tenham valores muito elevados ou muito baixos (Martins, 2017).

### 4.6.2 Função Tangente Hiperbólica

A função hiperbólica, recebe valores reais e força-os a ficar no intervalo  $[-1, 1]$ , como se pode verificar na Figura 4.15, fazendo com que a saída possa assumir valores positivos e negativos. À semelhança da função sigmoide, a função hiperbólica também satura, contudo tem a sua saída centrada em zero.

Na prática, a função tangente é mais adequada do que a função sigmoide, já que se apresenta numa versão em escalada da sigmoide, descrita na equação (4.14), e a sua utilização depende da sua aplicação na modelagem do problema, e caso se tratem de casos em que se tem à partida informação acerca do valor previsto pela rede, é mais conveniente a utilização da função sigmoide (Martins, 2017).

$$F(x) = \tanh(x) \tag{4.14}$$

### 4.6.3 Funções Lineares

A função linear é a função de ativação mais comumente utilizada, e a sua utilização passa principalmente pelos neurónios da camada de saída, quando não é necessário que haja um efeito de saturação pelas funções sigmoide e hiperbólica (Velasco, 2007).

A função linear, representada na Figura 4.16, apresenta o seu limiar de ativação com valor zero, e tem a capacidade de resolver equações do tipo  $f(x) = x$ .

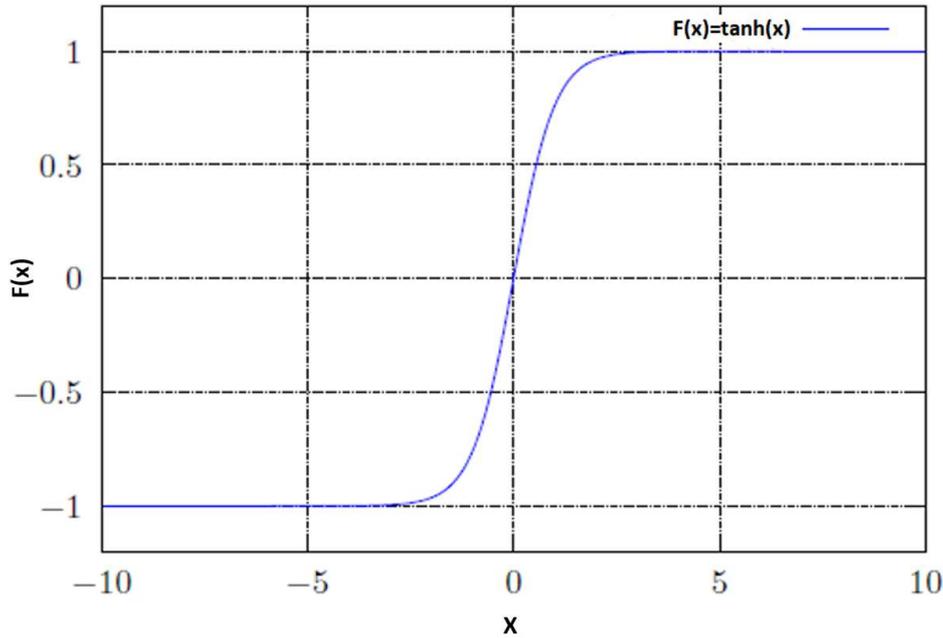


Figura 4.15 – Função de Ativação Tangente Hiperbólica. Fonte: (Martins, 2017)

### Função *ReLU*

A função linear tem vindo a adquirir várias versões, e Krizhevsky *et al.* (2012), propuseram a função *ReLU* (*Rectified Linear Unit*), que se caracteriza por ser uma função de unidade linear retificada, representada na Figura 4.17. Através desta versão da função linear, os autores provaram que esta função é a responsável por acelerar consideravelmente a convergência do Gradiente descendente estocástico devido à sua região linear não saturar. A função *ReLU* tem ainda a capacidade de inativar neurónios quando a soma ponderada de todas as suas entradas apresenta valor negativo, como representado na equação (4.15), o que faz com que a *ReLU* não propague o erro durante a fase de *backpropagation* (Martins, 2017).

$$ReLU = \begin{cases} 0 & \text{se } x < 0 \\ x & \text{caso contrário.} \end{cases} \quad (4.15)$$

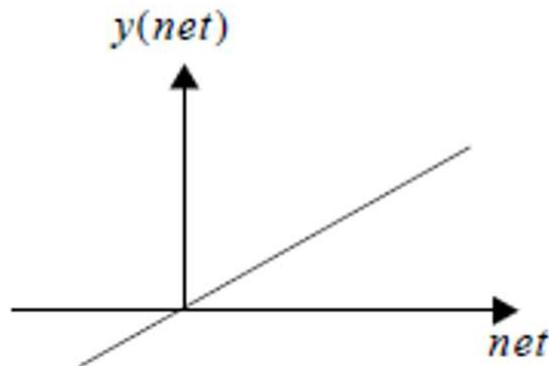


Figura 4.16 – Função Linear. Fonte: (Rauber, 2005)

### Função *LeakyReLU*

A função *LeakyReLU* é mais uma versão da função linear proposta por [Maas et al. \(2013\)](#), em que, em vez da função ser igual a zero, para  $x < 0$ , tem um valor pequeno e negativo, dada pela equação (4.16), onde  $\alpha$  é uma constante muito pequena, como se pode ver na Figura 4.18.

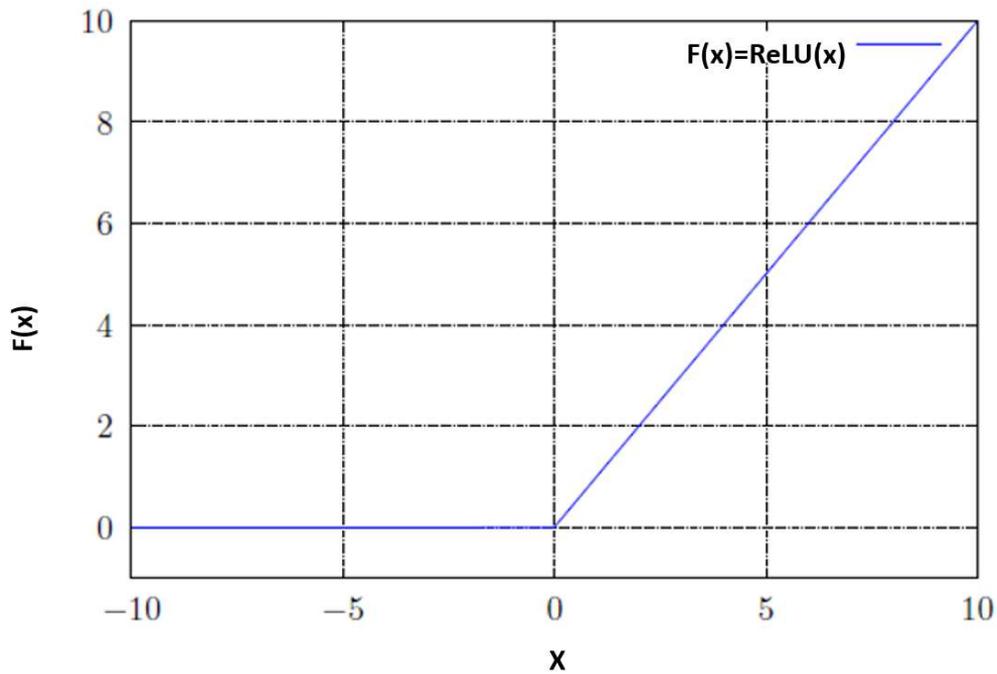
Nesta função, os resultados nem sempre são consistentes, mas apesar disso, comprovam que há uma melhoria nesta função quando comparada com a função *ReLU*.

$$F(x) = \begin{cases} \alpha x & \text{se } x < 0 \\ x & \text{caso contrário.} \end{cases} \quad (4.16)$$

### Função *Maxout*

O neurónio de *Maxout* proposto [Goodfellow et al. \(2013\)](#) foi elaborado por generalização da função de ativação *ReLU*, e *LeakyReLU*.

Através do neurónio de *Maxout* podemos obter a função *ReLU* se  $w_1 = 0$ ,  $b_1 = 0$  e  $b_2 = 0$ , e a função *LeakyReLU* se  $w_1 = \alpha$ ,  $b_1 = 0$  e  $b_2 = 0$ . Portanto, a função de



**Figura 4.17** – Gráfico da Função de Ativação  $ReLU(x)$ . Fonte: (Martins, 2017)

ativação de *Maxout* gera um neurónio com todos os benefícios presentes no neurónio da função *ReLU*, mas, duplica o número de parâmetros para cada neurónio, o que constitui uma desvantagem, já que aumenta o número total de parâmetros.

O neurónio de *Maxout* é definido pela equação:

$$g_i(u) = \max_{j \in [1, k]} z_{ij} \quad (4.17)$$

onde  $u \in \mathbb{R}^d$ ,  $z_{ij} = u^T W \dots ij + b_{ij}$  e  $W \in \mathbb{R}^{d \times m \times k}$  e  $b \in \mathbb{R}^{m \times k}$  são parâmetros com capacidade de aprendizagem (Martins, 2017).

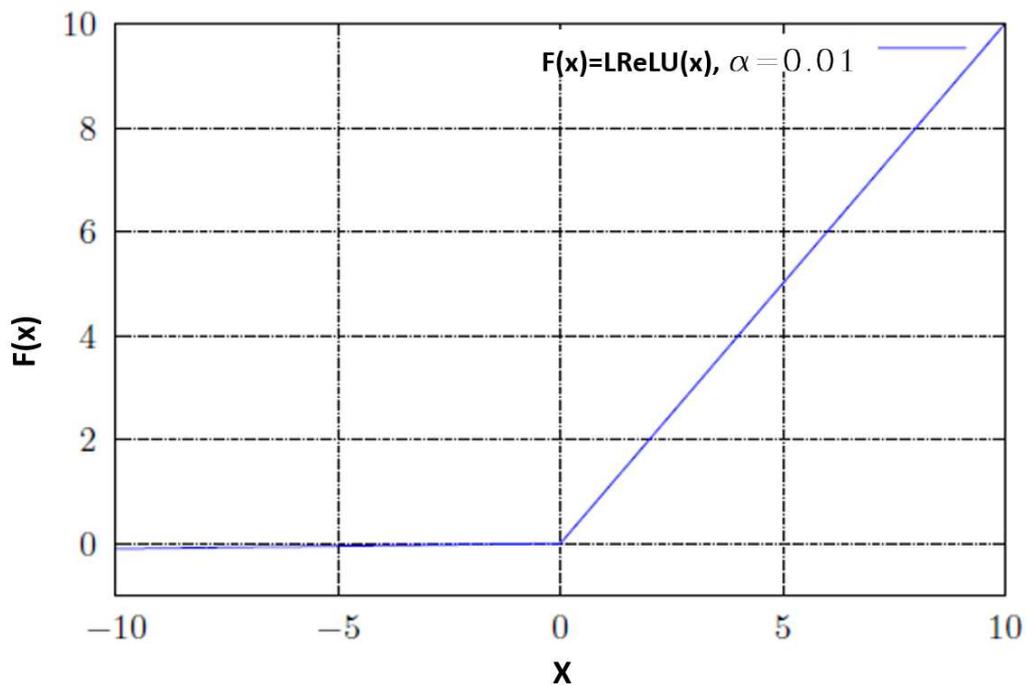


Figura 4.18 – Gráfico da Função de Ativação *LeakyReLU(x)*. Fonte: (Martins, 2017)

#### 4.6.4 Função Degrau

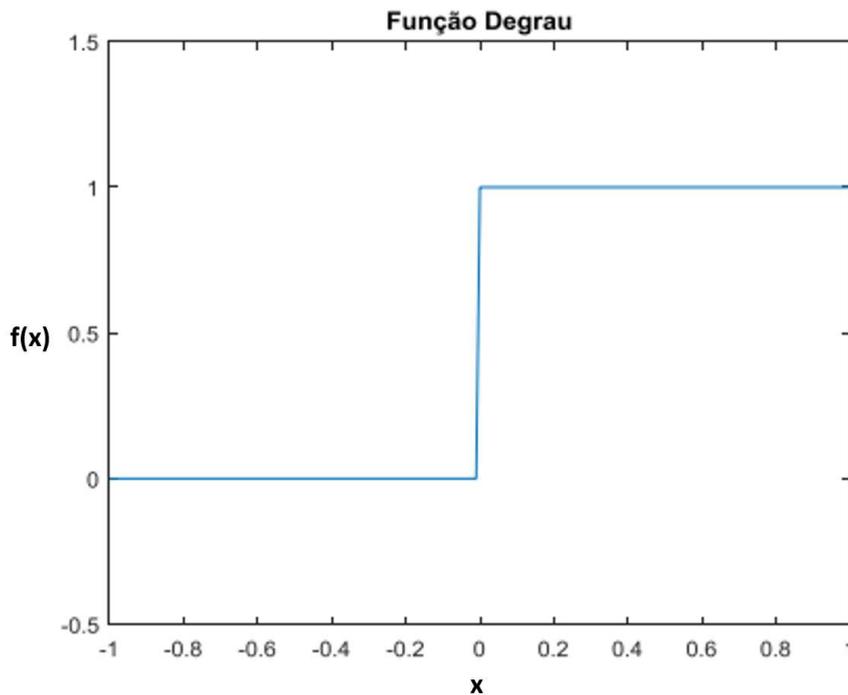
A função de ativação em degrau ilustrada na Figura 4.19, é caracterizada por ter valores rígidos, em que

$$f(x) = \begin{cases} 1, & \text{se } x \geq 0 \\ 0, & \text{se } x < 0. \end{cases} \quad (4.18)$$

### 4.7 Etapas de Modelagem de uma Rede Neuronal

As etapas de modelagem de uma rede neuronal envolvem essencialmente três passos:

1. O treino e aprendizagem da rede neuronal obtido através do ambiente que gera



**Figura 4.19** – Representação da Função de Ativação em Degrau. Fonte: (Francisco, 2018)

os dados;

2. A associação pelo reconhecimento de diferentes padrões;
3. A generalização, que está relacionada com a capacidade da rede em reconhecer o ambiente que origina os dados, e não os dados que são utilizados no treino da rede.

A modelagem da rede neuronal começa primeiramente pela escolha dos exemplos a ser utilizados no treino da rede, que podem ou não ser rotulados. Caso estes exemplos sejam rotulados, indica que haverá um conjunto de pares de entrada-saída desejável. Na etapa da modelagem da rede, há também a seleção dos exemplos que vão servir para validar o modelo aquando o teste da capacidade de generalização da rede.

1. Como a rede neuronal só adquire conhecimento a partir de dados, a escolha

das variáveis de entrada é extremamente importante, uma vez que, embora a rede tenha condições de modelar problemas bastante difíceis de especificar, é necessário que existam dados e observações suficientes e representativas para que o conhecimento seja extraído, e aprendido pela rede neuronal artificial com sucesso. Sendo assim, o conhecimento é transmitido para a rede por um algoritmo de treino, e o conhecimento é transformado e armazenado em densidades de conexões, denominados por pesos. Logo, o conhecimento surge como resultado de muitas apresentações de determinado conjunto de exemplos de treino, e, portanto, é necessário destacar-se o conceito de época, ou seja, a apresentação completa de todo o conjunto de treino.

2. O treino da rede neuronal pode ser feito por ciclos, ou por padrões. No treino da rede por ciclos, a atualização dos pesos acontece após a apresentação de todos os padrões, em que cada padrão é avaliado na mesma configuração dos pesos, e no treino da rede por padrões o algoritmo da rede faz a atualização dos pesos após a apresentação de cada novo padrão, e portanto, a frequência das atualizações num mesmo período tende a ser maior do que no treino da rede por ciclos. Como no treino da rede por padrões o algoritmo tende a levar a rede a aprender melhor o último padrão que é apresentado, é muito importante que a apresentação dos padrões seja feita de forma aleatória, já que a eficiência dos dois métodos de treino depende do problema em questão.
  
3. A aprendizagem da rede ocorre de época em época, até que os pesos e o termo polarizador estabilizem, e o erro médio quadrático de todo o conjunto de treino convirja para um valor mínimo, e o objetivo pretendido seja atingido. É de ressaltar também que se deve minimizar o erro quadrático médio para o ajuste dos pesos, contudo existem outros métodos como a maximização da informação, com o objetivo de maximizar a informação de entrada-saída da rede neuronal (Velasco, 2007).

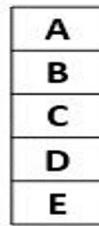
## 4.8 Validação da Rede Neuronal

A rede neuronal reconhece um exemplo ao passar por uma secção de treino e durante este processo apresenta-se à rede um conjunto de exemplos de entrada agrupados à categoria a que cada um pertence. Numa fase posterior é apresentado um exemplo à rede que nunca foi visto, mas que pertence à população de exemplos utilizados para o treino, e desta forma a rede consegue identificar a categoria correta desse exemplo em particular devido à informação extraída durante a aprendizagem. Esta capacidade de associação, ou seja, a capacidade da rede neuronal para reconhecer diferentes exemplos, está relacionada com a associação presente nas etapas de modelagem.

Na generalização, outro passo das etapas de modelagem, a rede neuronal é influenciada por três fatores: o tamanho do conjunto dos dados de treino, a arquitetura da rede neuronal e a complexidade física do problema. A rede neuronal apresenta uma boa capacidade de generalização quando consegue realizar um mapeamento correto de entrada-saída, mesmo se a entrada for diferente dos exemplos que foram utilizados no treino. Esta capacidade de generalização deve ser analisada através dos resultados fornecidos pela rede *in-sample*, ou seja, o conjunto de dados utilizados para o treino da rede, e *out-of-sample*, os dados selecionados para fazer a validação do modelo.

Caso a rede neuronal aprenda um número excessivo de exemplos, memoriza os dados de treino, o que vai fazer com que perca a capacidade de generalização dos exemplos semelhantes de entrada-saída provocando um excesso de ajuste, isto é, *overfitting*. Quando isto acontece obtém-se um excelente resultado *in-sample*, mas um péssimo ajuste *out-sample*. Se por um lado o excesso de complexidade do modelo prejudica o resultado *out-sample*, por outro lado, a falta de complexidade pode observar-se na análise *in-sample*, portanto, é estritamente necessário que a escolha do modelo seja a mais adequada para resolver determinados problemas, e assim, obter resultados satisfatórios.

Relativamente à complexidade do modelo, o número de camadas ocultas e de unidades por camada é muito importante, já que, quanto maior o número de neurónios, mais



A
B
C
D
E

**Figura 4.20** – Tabela exemplo de validação cruzada.

pesos a rede neuronal vai ter, e portanto, mais complexa será. Deste modo, é necessário alterar a complexidade da rede ajustando os dados, tendo em conta o conjunto de treino e validação da rede neuronal.

O método mais utilizado para a validação da rede é o modelo da **Regularidade Bayesiana**, que consiste em gerar várias tentativas alterando os parâmetros da rede para zero, com o intuito de definir onde deve ser colocada a linearidade. Desta forma, verifica-se que o número de entradas está diretamente relacionado com o número de atributos necessários para o treino da rede, e por isso, deve fazer-se uma normalização dos valores de entrada, de modo a que o seu valor médio calculado sobre todo o conjunto de treino seja próximo de zero.

A **validação cruzada** é outra alternativa de validação da rede neuronal, com o propósito de averiguar o poder de generalização do modelo obtido. Este tipo de validação consiste em dividir a amostra em partes, como se pode analisar na Figura 4.20, em que cada retângulo da tabela representa uma parte da amostra, e onde se vai fazer uma combinação de  $N$  vezes, dessas partes de modo a encontrar a média, que vai servir para validar o modelo utilizado.

Outro exemplo de validação cruzada é para 200 observações, fazer-se 10 grupos de 20, em que desses 10 grupos, 9 grupos vão ser de treino da rede, e 1 dos grupos vai servir de validação do modelo. A validação cruzada consiste, portanto, em criar grupos e combiná-los várias vezes (Velasco, 2007).

## 4.9 Regularização

O problema mais frequente nas RNA é decidir quantos neurónios têm de ser utilizados para resolver a aproximação desejada sabendo que, quanto maior o número de neurónios utilizados, maior a capacidade da rede em aproximar funções. Geralmente, são geradas redes complexas, contudo, podem fazer com que a aproximação se torne tendenciosa para a base de dados, e assim provocar erros nas aproximações. Este tipo de erros, são erros de sobre-ajuste, designados por *overfitting*, e ocorrem principalmente quando a rede neuronal forma modelos muito ajustados, que podem modelar o próprio ruído. Para evitar o *overfitting* nas redes neuronais é comum utilizar técnicas de regularização, que apresentam capacidade de limiar os modelos e evitar este sobre-ajuste (Martins, 2017).

### 4.9.1 Regularização L1

Esta técnica de regularização funciona adicionando o somatório dos valores absolutos dos pesos na função de erro do modelo; o que evita que os pesos com valores muito altos ajustem o modelo.

A seguinte equação, faz com que os vetores dos pesos se tornem muito próximos de zero, e assim, torna os modelos da rede fundamentalmente invariantes a entradas ruidosas, onde  $\lambda$  se designa por fator de regularização. Portanto, a regularização L1 é uma técnica com capacidade para escolher quais as características que quer trabalhar no modelo.

$$\lambda \sum_i |(w_i)| \tag{4.19}$$

### 4.9.2 Regularização L2

A regularização  $L2$  reprime os pesos grandes e prefere vetores generalizados dos pesos, permitindo que a rede neuronal utilize todas as suas entradas de forma aleatória, devido à adição do termo da equação (4.20) ao erro.

$$\lambda \sum_i w_i^2 \tag{4.20}$$

### 4.9.3 *Dropout*

A técnica de *dropout* consiste em desligar aleatoriamente os neurónios da rede durante a fase de treino, sendo este processo controlado apenas por um único parâmetro  $p$ .

O *dropout* previne o sobre-ajuste e funciona como uma forma de combinar exponencialmente diversas arquiteturas de redes neuronais de uma forma eficiente. Portanto, quando uma unidade de processamento é desligada, desativam-se temporariamente todas as conexões da rede neuronal, como se pode observar na Figura 4.21.

Desta forma, aplicar a regularização *dropout* a uma rede neuronal equivale a amostrar uma rede neuronal mais “fina” do que a original, sendo composta por todas as unidades de processamento que sobreviveram à escolha aleatória da regularização com probabilidade  $p$ .

Krizhevsky *et al.* (2012), mostraram que uma rede neuronal com a regularização *dropout* tem capacidade para diminuir significativamente o erro de generalização numa grande variedade de problemas de classificação, quando comparada ao treino com outros métodos de regularização, portanto, o efeito gerado por esta técnica deixa a rede neuronal menos sensível a pesos específicos tornando-a mais suscetível a generalizar melhor e a evitar o sobre-ajuste dos dados (Martins, 2017).

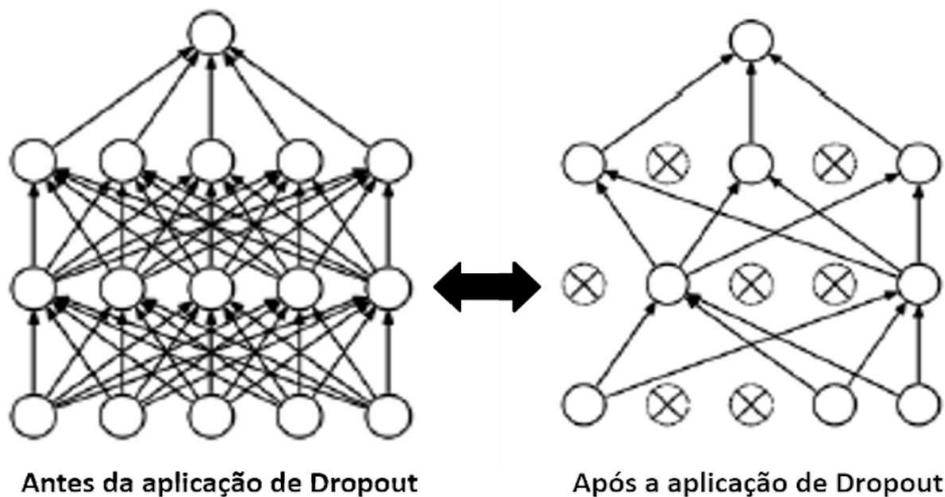


Figura 4.21 – Demonstração da técnica de *dropout* (Imagem alterada). Fonte: (Martins, 2017)

## 4.10 Aplicações das Redes Neurais Artificiais

As redes neuronais artificiais são cada vez mais aplicadas em diversos domínios, tais como: o reconhecimento de padrões (por exemplo no reconhecimento de faces humanas); a transformação de dados, a classificação (por exemplo na classificação de caracteres); e a predição, aplicada por exemplo no mercado de capitais ou no diagnóstico médico (Osório e Bittencourt, 2000).

O reconhecimento de padrões, respetivamente o reconhecimento de caracteres, foi uma das primeiras aplicações das redes neuronais, onde foi usada a rede *Perceptron* como instrumento com capacidade de reconhecer letras. Neste tipo de reconhecimento, as letras são apresentadas como um elemento, em que cada elemento serve de entrada a um neurónio da rede, e os neurónios de saída são associados a letras em que a camada de saída contém tantos neurónios como as letras que se deseja identificar na saída. Neste caso, as letras são representadas na entrada da rede através de uma representação distribuída, onde, a uma letra correspondem vários neurónios ativados, e na saída é utilizada uma representação em que, a cada letra corresponde

apenas um neurónio. Durante a fase de treino as letras são apresentadas à rede sucessivamente na sua forma ideal, ou seja, com algumas variações, e depois do treino, a rede vai identificar e aceitar as letras com maior ou menor variação.

Muitas vezes, o reconhecimento de padrões é utilizado como classificador, de modo a que numa primeira fase os atributos mais relevantes para a resolução do problema sejam selecionados para a etapa de processamento, que se vai comportar como uma função que associa o valor de um conjunto de atributos a um elemento de um conjunto de padrões possíveis, sendo depois apresentado como sendo a resposta do classificador. O método de aprendizagem mais comum no reconhecimento de padrões é a aprendizagem supervisionada associada a uma rede direta de multicamadas, devido ao facto dos exemplos de treino serem rotulados (Barreto, 2002).

## 4.11 Notas Finais do Capítulo

A capacidade de implementar computacionalmente versões simplificadas de neurónios biológicos originou um algoritmo da inteligência artificial, conhecida por RNA, que podem ser definidas como sistemas paralelos compostos por unidades de processamento simples, dispostas em camadas, altamente interligadas.

Quando se tratam de modelos de aprendizagem automática, as RNA são bastante convenientes por serem muito intuitivas e permitirem uma interpretação da aprendizagem em graus de abstração hierárquicos; por serem muito flexíveis, extremamente simples e com enorme eficiência no que diz respeito à qualidade dos resultados apresentados. Os modelos baseados em RNA têm sido cada vez mais utilizados devido ao seu poder de aplicação numa grande variedade de problemas de processamento de informação; incluindo a classificação e reconhecimento de padrões, aproximação de funções, processamento de imagem, otimização, processamento de dados e previsão.

Este capítulo apresentou uma breve introdução aos conceitos básicos das RNA, iniciando também o assunto abordado neste estudo - a implementação e treino de uma rede neuronal do tipo *perceptron* de múltiplas camadas, que será abordado no

capítulo subsequente.

# 5

## Ferramentas e Métodos

---

Este capítulo apresenta as ferramentas e métodos utilizados para resolver o problema em estudo. Inicialmente é feita uma explicação do que é um teste diagnóstico e como este pode ser quantificado e qualificado, bem como as medidas que permitem determinar a utilidade do mesmo. A arquitetura da rede neuronal artificial utilizada neste trabalho é detalhada em conjunto com o respetivo conjunto de dados, e posteriormente é apresentada a descrição de todas as etapas da implementação da rede neuronal artificial.

Neste capítulo são também apresentadas algumas abordagens para aprimorar a qualidade dos dados que aumentam a hipótese de um bom modelo ser induzido por um algoritmo de aprendizagem automática. Assim, na Secção 5.1 apresenta-se o principal objetivo deste trabalho e faz-se uma introdução à metodologia utilizada na elaboração do mesmo. De seguida, na Secção 5.2 apresentam-se as medidas de classificação utilizadas para avaliar o modelo neuronal. Seguidamente, na Secção 5.3 descrevem-se as etapas essenciais para a implementação da rede neuronal. Depois, na Secção 5.4 descreve-se o conjunto de dados utilizado na validação e treino da rede, assim como os dados utilizados para ilustrar o uso de técnicas de pré-processamento. Por último, na Secção 5.5 apresenta-se a arquitetura da rede, a sua configuração e

implementação e descrevem-se as etapas de treino e a validação da rede neuronal artificial.

## 5.1 Metodologia

Este trabalho tem como objetivo principal desenvolver uma metodologia para o diagnóstico automático do cancro da mama baseado numa rede neuronal, mediante o desenvolvimento de uma aplicação que auxilie os profissionais de saúde no diagnóstico do cancro da mama. Estes sistemas de apoio ao diagnóstico, têm vindo a ser cada vez mais utilizados em diversos domínios da Medicina, e têm como finalidade a promoção da aplicação nos diferentes meios de diagnóstico, utilizando a inteligência artificial por meio da implementação de técnicas de aprendizagem automática que identifiquem potenciais doentes a partir de um conjunto de características extraídas, previamente, de mamografias.

Os testes de diagnóstico são uma metodologia de avaliação do desempenho de sistemas de classificação, testes ou exames, muito utilizada nas áreas da Medicina e Ciências da Saúde, sendo muito utilizados para o diagnóstico clínico, triagem e pesquisa. Estes testes são geralmente realizados após os testes de triagem que apresentem resultados positivos, por forma a definir um diagnóstico mais preciso. O teste de diagnóstico é frequentemente empregue na identificação ou confirmação da presença ou ausência da doença quando o indivíduo apresenta sintomas da enfermidade, na avaliação da gravidade do quadro clínico e do prognóstico, e na monitorização de uma resposta para intervenção.

O diagnóstico é um processo de decisão clínica que se baseia quer seja em consciência ou não, quer em probabilidades e portanto, aquando a obtenção dos resultados do teste de diagnóstico é feita uma análise de forma a estabelecer um diagnóstico, que por norma é um processo bastante complexo, sendo expresso sob a forma de probabilidade, ou seja, expressa a possibilidade de um indivíduo ter ou não a doença como uma probabilidade, e não como uma certeza absoluta (Buchalla, 2017).

A validade de um teste de diagnóstico refere-se quantitativamente, à utilidade de um teste para diagnosticar ou prever determinado episódio. Como tal, os resultados deste teste são comparados com os resultados de um teste padrão, como por exemplo, o estado clínico do paciente, quando este está disponível; um ensaio de diagnóstico que sirva como referência, ou exames adequados a cada situação. Este padrão geralmente é designado por teste padrão ouro; que se baseia numa avaliação segura da verdade, isto é, serve de comparação com o teste de diagnóstico em questão para avaliar a sua exatidão, sendo, portanto, constituído pelo diagnóstico verdadeiro, ou por um teste confiável que já tenha sido utilizado para diagnosticar qualquer doença. Um teste diagnóstico caracteriza-se por ser de simples e rápida execução, por apresentar resultados seguros e confiáveis e por apresentar baixo custo.

Para que a resposta fornecida por este tipo de exame seja exata, este deve apresentar sempre um resultado positivo para os indivíduos infetados e um resultado negativo para os indivíduos sem infeção, mas por vezes, quando se avalia a resposta fornecida pelos exames podemos encontrar casos em que os resultados do teste diagnóstico foram positivos e os indivíduos não têm infeções e vice-versa. Nestes casos faz-se uma combinação binária entre os resultados prováveis obtidos num determinado teste e o diagnóstico verdadeiro da doença com base numa tabela de contingência (Bastos, 2010).

A tabela de contingência para um classificador binário é também designada de matriz de confusão, sendo muito utilizada no registo de observações independentes de duas ou mais variáveis aleatórias. No caso de estudo, a tabela de contingência foi utilizada para apresentar duas variáveis que se baseiam no desenvolvimento do tumor benigno ou maligno, como representado na Figura 5.1; e através desta tabela retiram-se informações que permitam compreender o processo de classificação e fazer uma análise da qualidade do conjunto de padrões obtido. Como o classificador neuronal utilizado é binário, implica que o processo para a sua obtenção seja uma etapa iterativa que exige a repetição de muitos treinos e avaliações da rede neuronal, portanto, para a utilização dos testes de diagnóstico e para a análise dos resultados foi utilizado o teste diagnóstico que se trata de uma metodologia de avaliação do

		Patologia	
		Presente (1)	Ausente (-1)
Resultados do Teste	Positivo (1)	Verdadeiro positivo	Falso positivo
	Negativo (-1)	Falso negativo	Verdadeiro negativo

**Figura 5.1** – Tabela de contingência utilizada para determinar os falsos positivos e negativos e os verdadeiros positivos e negativos.

desempenho de sistemas classificadores, testes ou exames.

As tabelas de contingência referidas baseiam-se na relação entre a doença e os resultados obtidos no teste de diagnóstico, sendo fundamentadas, segundo *Epictetus*, por uma relação entre o ser e o parecer.

*“As coisas são o que parecem ser;  
Ou são e não parecem ser;  
Ou não são, mas parecem ser;  
Ou não são, nem parecem ser.”*

Epictetus (53-130 a.C.)

Na tabela de contingência utilizada no caso de estudo consideram-se os valores positivos, que o sistema previu como positivos, como verdadeiros positivos (*TP*); e os valores positivos, que o sistema previu como negativos, de falsos negativos (*FN*). Já os valores negativos, que o sistema diz serem negativos, designam-se de verdadeiros negativos (*TN*); e os valores negativos que o sistema considera serem positivos, de falsos positivos (*FP*).

## 5.2 Medidas de Classificação

Os resultados dos testes de diagnóstico e as tabelas de contingência que derivam destes, apresentam resultados que nem sempre são os mais corretos e, portanto, é necessário interpretar as propriedades dos testes e seus resultados. Assim sendo, é muito importante quantificar e qualificar o sistema, tendo em conta as medidas de desempenho abaixo apresentadas, para determinar quão útil é o teste para detetar, neste caso, a presença de tumores benignos ou malignos.

- A **Precisão** e a **Accuracy**, são instrumentos de mensuração dos testes, podendo ser divididos em dois patamares: a confiabilidade (precisão e reprodutibilidade) e a validade (accuracy). A **precisão** reflete a confiabilidade de um teste, sendo o parâmetro que determina se existe ou não concordância nos resultados obtidos quando o mesmo teste é repetido variadas vezes, medindo o erro do método que corresponde ao erro experimental acumulado, mais comumente conhecido como erro aleatório. Portanto, a precisão é a proporção de previsões corretas, sem considerar o que é positivo e negativo, e está diretamente relacionada com a reprodutibilidade de um teste, ou seja, tem a capacidade de fornecer os mesmos resultados quando se repete o teste, portanto, uma medida precisa é uma medida reprodutível, se quando é repetida nas mesmas condições, se obtêm os mesmos resultados. Este parâmetro é altamente dependente da distribuição do conjunto de dados, e por isso pode fazer com que se tirem conclusões erradas sobre o desempenho do sistema. A **accuracy**, também denominada de exatidão ou taxa de acerto, está inserida na validade do teste, e é o parâmetro que determina a capacidade do teste fornecer para resultados próximos com o verdadeiro valor do que está a ser analisado, medindo o erro sistemático ou a tendência dos resultados se desviarem em determinada direção e proporção relativamente ao valor real. Podemos também dizer que a accuracy é a capacidade do teste para obter resultados similares ao teste padrão ouro, sendo por isso, a proporção de classificações corretas para o total de elementos classificados, que no caso de estudo em questão, se reflete em elementos bem e

mal classificados; ou seja, reflete a capacidade do teste para medir corretamente o que se propôs medir, sendo avaliada pela Equação (5.1).

$$ACC = \frac{TP + TN}{P + N} \quad (5.1)$$

em que,  $TP$  representa os verdadeiros positivos,  $TN$  os verdadeiros negativos,  $P$  a população total de positivos e  $N$  a população total de negativos (Boaventura, 2010).

A **Reprodutibilidade** traduz-se na obtenção de resultados iguais em testes realizados com a mesma amostra, quando executados por indivíduos diferentes em locais variados, e a precisão e accuracy são sempre avaliadas através do desvio padrão, que no caso de estudo foi estudado para os falsos positivos e negativos e para os verdadeiros positivos e negativos; o coeficiente de variação (desvio padrão relativo,  $DPR$ ), o coeficiente de correlação (de *Pearson* por exemplo) e a variância entre as variáveis. Para os testes de diagnóstico existe uma relação direta entre a validade e a confiabilidade do teste, já que ambas são medidas necessárias para avaliar a qualidade do teste diagnóstico. Tendo em conta os resultados obtidos, se o teste apresentar baixa precisão (baixa confiabilidade); como consequência irá apresentar também baixa validade, e desta forma torna-se pouco útil para avaliar a condição estudada. No entanto, se o teste apresentar alta confiabilidade, não implica que apresente também alta validade, uma vez que, o teste pode ser reprodutível, ou seja, o teste pode apresentar resultados muito próximos quando se repete, mas pode não ter a capacidade de discriminar corretamente as diversas situações e apresentar erros tanto a nível da confiabilidade como da validade do teste (Fletcher e Halstead, 2001).

- A **Sensibilidade** ( $S_E$ ) ou **Taxa de Verdadeiros Positivos** (*True Positive Rate - TPR*) e a **Especificidade** ( $E_S$ ) ou **Taxa de Verdadeiros Negativos** (*True Negative Rate - TNR*) são medidas importantes na determinação do desempenho de um novo teste diagnóstico em comparação com o de um teste

padrão ouro já existente. Caracterizam-se por ter propriedades da validade de um teste, em que a sensibilidade representa a capacidade em identificar corretamente os indivíduos que possuem determinada condição ou doença, ou seja, é a percentagem de doentes com determinada condição ou doença para os quais se obtêm resultados positivos, e é avaliada pela Equação (5.2).

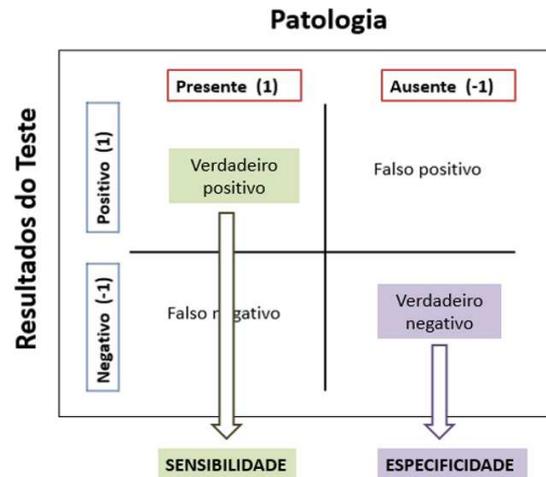
$$TPR = \frac{TP}{TP + FN} \quad (5.2)$$

Posto isto, verifica-se que a sensibilidade é a proporção de verdadeiros positivos, traduzida na capacidade do sistema em prever corretamente a condição nos casos em que está realmente presente. E, quanto menor o número de falsos negativos ( $FN$ ), maior o número de verdadeiros positivos ( $TP$ ), portanto, mais sensibilidade tem o teste diagnóstico, e, por conseguinte, quanto maior a sensibilidade, maior a utilidade do teste para detetar a condição ou doença em análise. Em contrapartida, quanto maior o número de  $FN$ , menor a sensibilidade apresentada pelo teste diagnóstico.

A especificidade é a percentagem de indivíduos que não apresentam a condição ou doença, e que, ao realizar o teste, apresenta resultados negativos, ou seja, é a capacidade que o teste tem para identificar corretamente os indivíduos que não possuem determinada condição ou doença, sendo avaliada pela Equação (5.3).

$$TNR = \frac{TN}{TN + FP} \quad (5.3)$$

Portanto, a especificidade é a proporção de verdadeiros negativos, traduzida na capacidade do sistema em prever corretamente a ausência da condição nos casos em que não está presente. Os testes de diagnóstico que apresentam alta especificidade, com resultados negativos nos indivíduos que não apresentam determinada condição ou doença, ou em indivíduos que apresentam sintomas similares, mas que não apresentem a doença, são muito úteis para a confirmação do diagnóstico. Então, quanto menor o número de falsos positivos ( $FP$ ),



**Figura 5.2** – Tabela de contingência: relação entre a sensibilidade e especificidade e verdadeiros positivos e negativos.

maior o número de verdadeiros negativos ( $TN$ ), e assim, mais especificidade apresenta o teste diagnóstico, logo, quanto mais alta a especificidade, menor a taxa de falsos positivos, e assim, menor é a proporção de indivíduos exposta a tratamentos desnecessários.

- A **Eficiência** é a média aritmética da sensibilidade e especificidade, e traduz-se na percentagem correta de resultados dos testes diagnóstico, ou seja, os verdadeiros positivos e negativos, e pode ser avaliada pela Equação (5.4).

$$\text{Eficiência} = \frac{TPR + TNR}{2} \quad (5.4)$$

- Ainda acerca da validade do teste, podemos encontrar o **Valor Preditivo Positivo (VPP)** e o **Valor Preditivo Negativo (VPN)**, que são dois aspetos muito importantes de um teste diagnóstico, que nos ajudam a compreender o quão acertadamente um novo teste consegue diagnosticar determinada condição ou doença, tendo como base os resultados do teste padrão ouro.

O  $VPP$  representa na sua generalidade, a probabilidade da condição ou doença, se o resultado do teste diagnóstico é positivo. Ou melhor, é a probabilidade de

um indivíduo que apresente um teste com resultado positivo, ter efetivamente determinada condição ou doença com base na prevalência dessa mesma condição na população considerada, o que significa que é a proporção de verdadeiros positivos (indivíduos que apresentam resultado positivo no teste diagnóstico) que têm determinada condição ou doença, segundo o teste padrão ouro. Portanto, o *VPP* fornece uma estimativa de quão bom é o sistema ao fazer uma afirmação positiva, representando-se pela Equação (5.5).

$$VPP = \frac{TP}{TP + FP} \quad (5.5)$$

O *VPN* representa a probabilidade da condição ou doença se o resultado do teste diagnóstico é negativo, ou seja, é a proporção de indivíduos que apresentam resultado negativo no teste diagnóstico e que não têm determinada condição ou doença, segundo o teste padrão ouro. Portanto, o valor preditivo negativo mede a probabilidade de obter verdadeiros negativos em indivíduos saudáveis, isto é, a proporção de verdadeiros negativos, sem que determinada condição ou doença, da qual se obtiveram resultados negativos esteja presente, com base na prevalência desta condição na população em análise, e é validado pela Equação (5.6) (Ferreira e Patino, 2017; Bianca, 2018):

$$VPN = \frac{TN}{TN + FN} \quad (5.6)$$

Os valores *VPP* e *VPN* de um teste diagnóstico dependem da prevalência da condição ou doença analisada numa dada população, e por isso, apresentam valores diferentes em populações com maior ou menor prevalência. Se a prevalência da doença for alta numa determinada população, o *VPP* aumenta e o *VPN* diminui, portanto, estes valores não são características fixas de um teste diagnóstico e não podem ser generalizados para populações com diferentes prevalências da doença. Deste modo, quanto menor a prevalência de determinada condição ou doença numa população, menor o valor preditivo positivo e maior o valor preditivo negativo; e em contrapartida, quanto maior a prevalência, maior o *VPP* e menor o *VPN*. Posto isto, verifica-se que

os valores preditivos positivo e negativo dependem das suas propriedades intrínsecas (sensibilidade e especificidade) e da prevalência da doença na população; e também que, são mais úteis do que a sensibilidade e especificidade quando se estima a probabilidade da presença ou ausência da condição com base no resultado do teste. Assim sendo, quanto mais sensível for um teste, maior o seu valor preditivo negativo, e mais segurança é transmitida ao clínico para afirmar que o doente em questão não tem a doença. Por outro lado, quanto mais específico for o teste, maior o seu valor preditivo positivo, e mais seguramente o clínico diagnostica que o doente tem a doença.

### 5.3 Etapas de Implementação da Rede Neuronal

Para o desenvolvimento e implementação de uma rede neuronal artificial que permita diagnosticar o cancro da mama, a partir de um conjunto de características extraídas previamente de mamografias, realizaram-se as seguintes etapas:

- a. **Colheita de dados para o treino, validação e teste da rede neuronal:** foram reunidos todos os dados que se mostrassem pertinentes na caracterização da doença.
- b. **Separação em grupos e pré-processamento/computação dos dados:** os dados foram transformados em elementos numéricos; que no caso de estudo, foram transformados em vetores cujos valores variam no intervalo  $[-1, 1]$ , que são os mais convenientes para a implementação da rede neuronal em estudo.
- c. **Projetar a estrutura da rede e sua configuração:** escolha do tipo de rede, que no caso em estudo, é do tipo *feedforward* densa.
- d. **Treino, teste e validação da rede:** depois da estrutura escolhida fez-se o treino da rede, a validação do treino e o teste para avaliar o desempenho do sistema. No caso em estudo, na arquitetura da rede utilizada dividiram-se os dados em dois conjuntos, de treino e validação respetivamente.

- e. **Júri de decisão:** geram-se os resultados da rede neuronal.

As fases descritas apresentam como foi realizado o trabalho. Inicialmente foi escolhida uma base de dados que veio a ser utilizada tanto para o treino da rede como para a validação e teste da mesma; de seguida fez-se a escolha do método de implementação, assim como a estrutura e configuração da rede; e após implementação da rede foram aplicados os métodos de obtenção de resultados da rede neuronal para qualificar a accuracy da rede, e a sua utilidade.

## 5.4 Base de Dados

Os primeiros passos no processo de desenvolvimento de redes neuronais artificiais são, como acima descritos, a colheita de dados e a sua separação em conjuntos. Estas etapas são cruciais para a implementação de uma rede neuronal, e requerem uma análise cuidadosa acerca do problema em estudo, para minimizar ambiguidades e erros nos dados, portanto, os dados selecionados devem ser relevantes para o domínio do problema em questão. Por norma, os dados são separados em dois conjuntos: os dados de treino, que são utilizados para a aprendizagem da rede e os dados de teste que são utilizados para verificar o desempenho da rede neuronal sob condições reais de utilização. Por vezes também é feita uma subdivisão dos dados de treino, num conjunto de dados de validação, como é o caso do problema em estudo neste trabalho, e que serve para verificar a eficiência da rede no que toca à sua capacidade de generalização durante o treino, podendo ainda ser empregue como um critério de paragem do treino da rede quando esta apresenta valores de eficiência favoráveis. Normalmente, quando determinados estes conjuntos, são colocados aleatoriamente, para precaver possíveis tendências associadas à ordem de apresentação dos dados; e por vezes é necessário fazer um pré-processamento dos dados através de normalizações, ou conversões, para tornar os dados mais apropriados à utilização da rede.

Neste trabalho, utilizou-se uma base de dados bastante conhecida e utilizada em

trabalhos de investigação. Por este motivo considerou-se que todos os dados eram importantes na previsão do cancro da mama. Dando, desta forma mais ênfase à escolha e configuração da rede neuronal.

### 5.4.1 Dados Utilizados para Treino e Validação da Rede Neuronal

Neste trabalho, o primeiro passo para a implementação da rede foi a seleção e colheita de um conjunto de características extraídas de imagens mamográficas, para o treino da rede neuronal. Este conjunto de dados foi selecionado a partir do banco de dados de cancro da mama WBCD - Wisconsin Breast Cancer Database ([Wolberg](#)), da Universidade de *Wisconsin*.

No conjunto de dados Breast Cancer Wisconsin ([Street et al., 1992](#); [Mangasarian et al., 1995](#)), cada amostra consiste num tecido de massa mamária e os atributos correspondem a características extraídas a partir de imagens digitalizadas, dos núcleos celulares contidos em cada tecido, e as classes associadas a cada tecido dão informação relativa do diagnóstico do tecido, que pode ser benigno ou maligno. A análise e recolha das amostras pela técnica de aspiração com agulha fina das células mamárias foi realizada pelo *Dr. William H. Wolberg* no período de 1989 a 1991; de onde derivaram oito grupos de dados. Desses oito grupos foi selecionado um conjunto de dados multivariado composto por 699 observações, que foram doadas por *Olvi Mangasarian* e recebidas por *David W. Aha*, a 15 de Julho de 1992.

A cada amostra de células analisada foram atribuídas nove variáveis diferentes, usando uma escala de valores inteiros normalizados entre 1 e 10, e uma classe benigna ou maligna conhecida, para cada indivíduo (Tabela [5.1](#)).

Os atributos aplicados a cada amostra de células foram utilizados para representar instâncias, em que cada instância tem uma das duas classes possíveis: benigna ou maligna, e no conjunto de dados analisado subsistem 241 casos de tumor maligno (34,5%) e 458 casos de tumor benigno (65,5%). O conjunto de dados utilizado para

Tabela 5.1 – Atributos e Domínios das variáveis da base de dados WBCD.

Atributos	Domínio
Aglomerção de células	1–10
Uniformidade do tamanho celular	1–10
Forma celular uniforme	1–10
Adesão marginal	1–10
Tamanho da célula epitelial (ou de uma célula epitelial)	1–10
Núcleos “nus”	1–10
Cromatina descondensada	1–10
Nucléolo normal	1–10
Mitoses	1–10
Classes	4 Maligno 2 Benigno

testes foi obtido através do *WBCD* onde a Figura 5.3 apresenta a interface web da base de dados *WBCD*.

### 5.4.2 Interface e Pré-Processamento

Tendo em conta a grande quantidade de dados disponível, por vezes os conjuntos de dados não possuem qualidade suficiente para a extração de conhecimento novo, útil e relevante para os algoritmos de aprendizagem automática; e as principais causas da baixa qualidade dos dados é a presença de atributos irrelevantes ao problema em questão, valores ausentes ou valores redundantes. Portanto é necessário abordar o conjunto de dados para melhorar a qualidade dos mesmos, de modo a aumentar a possibilidade de induzir um bom modelo com a utilização de um algoritmo de aprendizagem automática.

Com a definição do problema e a colheita dos dados completa, o próximo passo foi a codificação dos dados de entrada das redes neuronais artificiais (RNA) e para tal foi desenvolvida uma aplicação na linguagem *Python*, que permite desenvolver várias funções de pré-processamento, tais como:

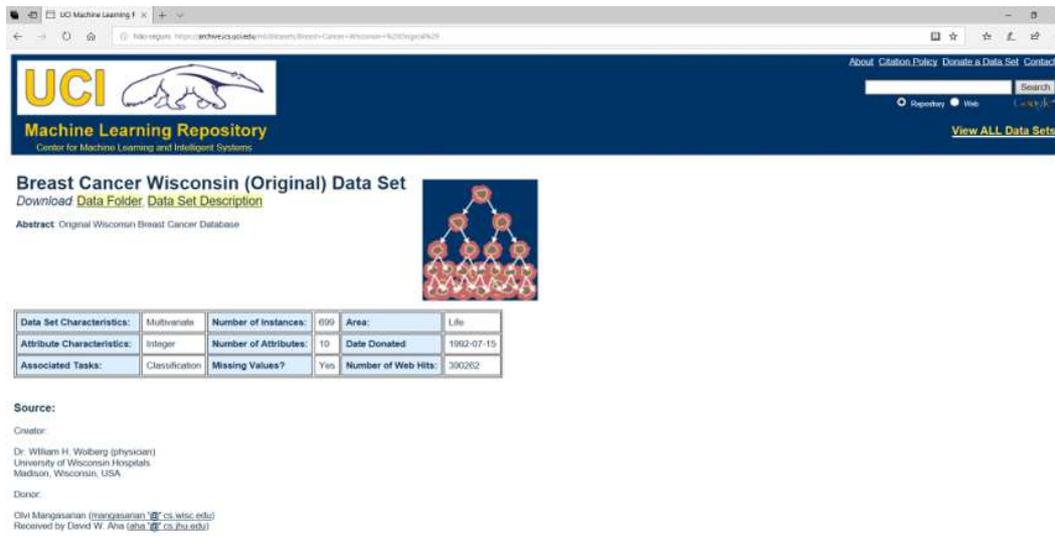


Figura 5.3 – Interface Web do WBCD.

- Conversão de vários arquivos;
- Eliminação de atributos que sejam irrelevantes ao problema;
- Padronização do conjunto de dados;
- Divisão dos dados em conjuntos de treino e validação;
- Criação de arquivos que constituem as matrizes de treino;
- Geração de arquivos estatísticos, ou seja, determinação da quantidade de atributos que compõe a base de treino e qual o tipo de estrutura;
- Geração de matrizes de entrada e saída para a utilização nas redes neuronais artificiais.

## 5.5 Arquitetura da Rede Neuronal Artificial

O objetivo principal deste estudo é o desenvolvimento de um software que sirva de auxílio no diagnóstico do cancro da mama, e para tal foi projetada e implementada uma rede neuronal artificial. Como os métodos de predição têm o objetivo de

associar cada resíduo a um padrão estrutural dependente do conjunto de resíduos que lhes são adjacentes; o problema da predição de estruturas assenta como um problema na classificação de padrões, que pode ser resolvido pela utilização de algoritmos de reconhecimento de padrões, tais como as redes neuronais *Perceptron Multicamadas (MLP)*.

As Redes Neuronais MLP representam um dos métodos de aprendizagem automática mais eficientes, sendo atualmente muito utilizado na classificação diagnóstica em dados genómicos de alta dimensão (WANG *et al.*, 2004). No entanto, como as dimensões dos dados genómicos que existem, excedem muitas vezes os tamanhos das amostras disponíveis, o desempenho da rede MLP pode diminuir, graças ao problema do aumento da dimensionalidade e do *overfitting*, e não proporcionar uma accuracy de predição aceitável. Neste sentido, desenvolveu-se uma arquitetura de rede neuronal com o propósito de obter a melhor accuracy possível, escrevendo dois programas diferentes. A primeira rede neuronal foi desenvolvida utilizando-se a biblioteca *sklearn* e a segunda desenvolveu-se em *keras*, que é uma biblioteca do *Python* mais robusta e de fácil manipulação para desenvolver e avaliar modelos de aprendizagem.

Para a sua implementação o primeiro passo foi definir a estrutura e configuração da rede, que pode ser dividido em três etapas: seleção da arquitetura da rede apropriada à aplicação; determinação da topologia da rede a ser utilizada, ou seja, o número de camadas ou o número de unidades em cada camada e a determinação dos parâmetros do algoritmo de treino e respetivas funções de ativação (Morais, 2010).

### 5.5.1 Implementação da Arquitetura da RNA

As arquiteturas das redes neuronais implementadas em *sklearn* e em *keras* foram exatamente iguais, com uma rede com oito neurónios na entrada, duas camadas intermédias com quatro neurónios na primeira camada e dois na segunda; e apenas um neurónio à saída da rede, como se ilustra na Figura 5.4.

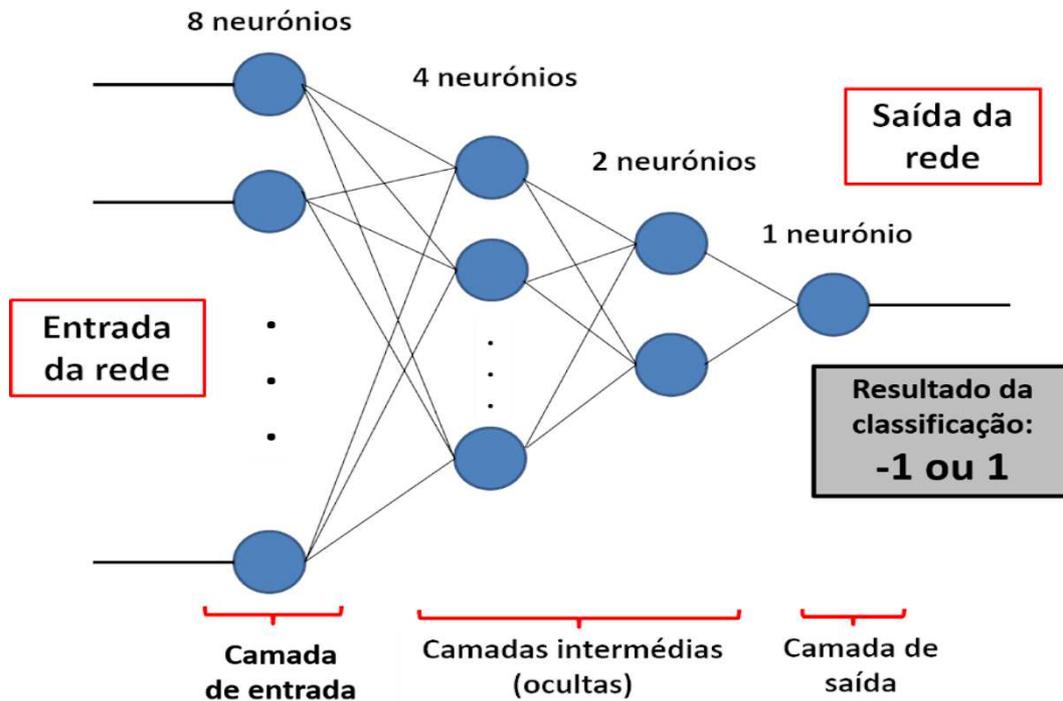


Figura 5.4 – Representação da arquitetura da rede implementada em *sklearn* (Rede MLP).

A camada de entrada consiste num conjunto de neurónios que representam os atributos, ou os recursos de entrada da rede. A camada intermédia, também designada de camada oculta, em que cada neurónio transforma os valores da camada anterior com a utilização do somatório linear ponderado, seguido da função de ativação da rede. No caso de estudo, a função de ativação utilizada foi a função sigmoide, por ter a capacidade de modelar o comportamento dos neurónios biológicos, que funcionam no intervalo  $[0, 1]$ . E a camada de saída recebe os valores da última camada oculta e transforma-os nos valores de saída da rede.

### 5.5.2 Configuração da camada de entrada e da camada de saída da RNA

As etapas na implementação do treino de uma rede MLP incluem valores iniciais dos parâmetros do modelo, como pesos sinápticos, critérios de paragem, configuração e

arquitetura da rede MLP, entre outros. A inicialização da rede neuronal é feita de forma aleatória, e o desempenho da classificação da rede depende maioritariamente dos valores iniciais dos pesos (Morais, 2010).

Tendo em conta as variáveis da base de dados utilizada, foi necessário configurar o conjunto de dados, para que se pudesse extrair apenas os valores de interesse para o caso em estudo, e como tal foi fundamental empregar o seguinte conjunto de etapas:

1. **Inicializar a matriz:** lê-se o ficheiro de dados, eliminando os atributos irrelevantes ao problema em questão, que correspondem respetivamente à primeira e à última coluna do ficheiro de dados em análise. Os atributos eliminados correspondem ao atributo *sample\_id*, que é um valor numérico de identificação do tecido analisado, e como este valor é único para cada objeto, não possui qualquer sentido comparativo e, portanto, deve ser eliminado. E à classe dos atributos, já que esta deve ser representada apenas na camada de saída da rede neuronal.
2. **Normalizar os dados da camada de entrada da rede (x):** os valores de cada atributo do conjunto de dados encontram-se numa escala de valores entre 1 e 10 e, portanto, normalizaram-se os vetores de entrada da rede para valores reais, que no caso em estudo, foram normalizados para valores no intervalo  $[-1, 1]$ .
3. **Normalizar os vetores da camada de saída da rede (y):** os valores de saída da rede correspondem à classe de cada amostra, que pode ser benigna (2) ou maligna (4). Desta forma projetaram-se os valores iniciais no conjunto  $\{-1, 1\}$ . Assim, à saída da rede temos resultados, para cada tecido analisado, com valores de  $-1$  caso se trate de um tecido com um tumor benigno, e valores de  $1$  caso seja um tecido com tumor maligno.

### 5.5.3 Configuração da Camada Intermédia, Funções de Ativação e Implementação da RNA

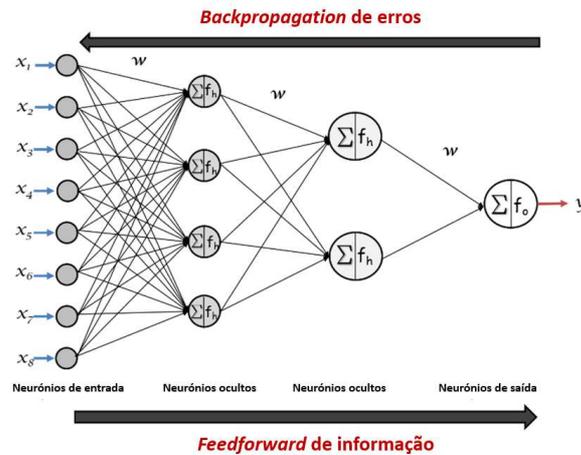
O principal objetivo deste estudo é encontrar um algoritmo que consiga alcançar o estado mais próximo da solução ótima após o treino da rede neuronal.

O esquema de inicialização é feito através da inicialização da arquitetura da rede, tendo em conta a inicialização das camadas intermédias e a determinação do tamanho de cada camada intermédia, e a seleção dos dados de entrada. Por norma, a partir da camada intermédia já se obtém algum tipo de padrão e, portanto, criam-se subespaços em cada camada intermédia com o intuito de monitorizar, de forma mais eficiente, a separabilidade da classificação. Logo, a inicialização da rede deve assumir que o número de neurónios de cada camada intermédia é menor do que o número de entradas da rede, de forma a limitar a complexidade da rede MLP (Morais, 2010).

O método de inicialização da rede MLP tem como componente chave da arquitetura da rede, o facto de sugerir um número satisfatório de neurónios intermédios, uma vez que as RNA são vulneráveis a problemas de *underfitting* e *overfitting*. O problema de *overfitting* ocorre mais espontaneamente quando o número de amostras do conjunto de treino é pequeno, e a rede é relativamente grande, e por isso é importante usar uma rede que contenha apenas o tamanho suficiente para oferecer um ajuste adequado ao problema em questão (Haykin, 1999).

A rede neuronal implementada propicia um procedimento integrado para a extração de padrões e classificação por meio do algoritmo de aprendizagem *backpropagation*, com uma arquitetura associativa *feedforward*, possibilitando a criação de subespaços não-lineares. Por isso, o tipo de classificador utilizado neste projeto foi uma rede neuronal *Perceptron Multi-Camadas FeedForward (toolbox Sklearn)* treinada com o algoritmo *backpropagation*.

Assim sendo, a rede utilizada neste projeto desenvolvida em *sklearn* foi projetada com duas camadas intermédias, e uma camada de saída, com utilização da função de



**Figura 5.5** – Arquitetura da rede neuronal implementada em *sklearn* e em *keras* e respetivo algoritmo de treino.

ativação sigmoide tanto nas camadas intermédias como na camada de saída da rede neuronal. No *keras*, a estrutura da rede neuronal foi a mesma da rede implementada em *sklearn*, utilizando um modelo sequencial com uma dimensão de nove valores, aplicando uma rede densa com 4 neurónios na primeira camada intermédia e 2 neurónios na segunda camada intermédia; com apenas um valor à saída da rede. A função de ativação utilizada é também a sigmoide tanto para as camadas intermédias da rede como para a camada de saída.

Nas Listagens 5.1 e 5.2 estão representadas a arquitetura da rede implementada em *sklearn* e em *keras*, utilizando o algoritmo de treino *backpropagation*, bem como o *feedforward* da informação e a codificação utilizada para implementação das mesmas.

```

61 net=n1.net.newff([[ -1,1],[ -1,1],[ -1,1],[ -1,1],[ -1,1],[ -1,1],[ -1,1],[ -1,1],
62 [ -1,1]],[8,4,2,1])
#8 neurónios, 2 camadas intermédias com 4 e 2 neurónios, e 1 neurónio de saída

```

Listagem 5.1: Código utilizado na implementação da rede neuronal em *sklearn*

```

70 # Network topology - create model
71 model = Sequential()
72 print(len(xtrain[:,0])) #80% do total de casos (698) = 558
73 model.add(Dense(4, input_dim=9, activation='sigmoid')) #dimensão 9: 8 neurónios de
74 # 1 camada intermédia com 4 neurónios e aplicação da função de ativação do tipo
75 # sigmoide
76 model.add(Dense(2, activation='sigmoid')) #1 camada intermédia com 2 neurónios

```

```
76 model.add(Dense(1, activation='sigmoid')) #camada de saída da rede
```

Listagem 5.2: Código utilizado na implementação da rede neuronal em *keras*.

### 5.5.4 Treino e Validação da Rede Neuronal e Critério de Paragem

Os vetores de entrada e os correspondentes vetores de saída são utilizados para treinar a rede MLP num processo que atualiza os pesos, de forma progressiva, até que a rede aproxime a função de mapeamento que associa vetores de entrada com vetores de saída específicos. Esta generalização promove o treino de uma rede MLP com um conjunto representativo de pares de entrada/saída, alcançando assim bons resultados na sua predição.

Posto isto, o primeiro passo efetuado no processo de treino da rede neuronal, foi inicializar os elementos do processamento de forma aleatória com diferentes valores de *thresholds* internos e com conexões de pequenos pesos, onde  $w_{ij}$  denota o peso de cada conexão. De seguida, apresentaram-se os dados presentes na entrada e saída do conjunto de treino sistematicamente e, a cada ciclo de treino ajustaram-se os pesos de modo a qualificar a generalização da rede neuronal implementada.

A rede neuronal implementada é uma rede MLP que foi treinada com o algoritmo *backpropagation*, e avaliada por um processo no qual os dados foram separados em dois grupos aleatoriamente, em que, em cada simulação um grupo representa 80% dos dados que foram utilizados para o treino da rede, e o outro grupo representa 20% dos dados (140 observações), divididos no conjunto de treino e validação da rede neuronal. A rede MLP implementada usa duas camadas intermédias, com quatro e dois neurónios em cada camada, e possui ainda um neurónio na camada de saída. Além disso, dispõe da função de ativação sigmoide para os neurónios das camadas intermédias e da camada de saída. No que diz respeito aos pesos e aos termos polarizadores da rede neuronal artificial, estes são inicializados com valores aleatórios, e os dados para a classificação, anteriormente normalizados, encontram-se

no intervalo  $[-1, 1]$ , dado que a saída desejada para a rede neuronal implementada é  $-1$  no caso de ser tumor benigno e  $1$  para o tumor maligno.

No processo de treino da rede existem muitos critérios de paragem, e a sua determinação é essencial para um bom treino, e conseqüentemente uma boa generalização da rede neuronal. Nas simulações efetuadas, os critérios de paragem adotados foram: o número de épocas, maior do que um limiar estabelecido aquando a implementação da rede (no caso em estudo  $epochs = 2000$ ) ou o erro quadrático médio do conjunto de treino (no caso em estudo  $error = 0.01$ ).

O processo de implementação do treino da rede neuronal em *keras*, é relativamente diferente da implementação em *sklearn*, já que em *keras* se recorre à utilização da função *fit*, que permite ajustar o número de iterações (*epochs*) e de instâncias (*batch\_size*) por tentativa e erro; e a compilação do modelo é feita recorrendo ao *TensorFlow* com a função da perda logarítmica (*binary\_crossentropy*). Por fim, após treino e validação da rede é feito o cálculo do resultado do número de sucessos e insucessos obtido no conjunto de validação, que varia conforme cada ciclo (no caso da implementação da rede em *sklearn*).

Após o treino e a validação da rede neuronal, recorreu-se ao cálculo das medidas de classificação do sistema, de forma a verificar o desempenho e utilidade do mesmo, e ainda a sua capacidade de generalização. A análise dos resultados obtidos é reportada no capítulo seguinte, bem como a conclusão acerca do desempenho do sistema de classificação implementado pela rede neuronal.

## 5.6 Notas Finais

O objetivo principal do presente trabalho é o desenvolvimento de uma metodologia para o diagnóstico automático do cancro da mama com base numa rede neuronal artificial.

O projeto da rede neuronal deve ter em atenção a estrutura e o método de treino,

pois têm um papel fundamental no desempenho da rede.

A metodologia utilizada para avaliação do desempenho do sistema de classificação, baseia-se nos testes de diagnóstico, que serviram de base para implementação da rede neuronal. Para a implementação da RNA utilizada neste trabalho, foi utilizada uma base de dados já conhecida e utilizada em vários trabalhos de investigação, de forma a conceder mais ênfase à escolha e configuração da rede neuronal.

A arquitetura da rede neuronal utilizada consistiu numa rede MLP, por apresentar um dos métodos de aprendizagem automática mais eficientes e muito utilizado na classificação diagnóstica. Neste trabalho foram implementadas duas redes usando duas bibliotecas diferentes, por forma a comparar os resultados alcançados pelas duas.

Assim sendo, na implementação da rede, inicialmente definiu-se a estrutura e a configuração da camada de entrada e da camada intermédia da rede neuronal, e em seguida, definiram-se tanto os parâmetros do algoritmo de treino a ser empregues, como as funções de ativação aplicadas. Na configuração das camadas da rede optou-se por duas camadas intermédias, uma vez que à entrada apenas se utilizaram 8 neurónios, portanto, na primeira camada intermédia tem-se 4 neurónios, e na segunda camada intermédia 2 neurónios, com apenas um neurónio à saída da rede. A função de ativação utilizada nas diferentes camadas da rede foi a função sigmoide.

No treino da rede neuronal, o conjunto de dados foi dividido em dois conjuntos: o conjunto de treino, com 80% dos dados, e o conjunto de validação, com 20% dos dados. O algoritmo de treino utilizado foi o *Backpropagation*, e à saída da rede compreendem-se valores de -1 caso se trate de tumor benigno e 1 no caso de ser tumor maligno.

Dado que o principal objetivo deste estudo é encontrar um algoritmo que consiga alcançar o estado mais próximo da solução ótima com o treino da rede neuronal, após efetuado o treino e a validação da rede, recorreu-se ao cálculo das medidas de desempenho do sistema de classificação, de forma a verificar o desempenho e utilidade do sistema e ainda a sua capacidade de generalização. A análise dos

---

resultados obtidos é reportada no capítulo seguinte, bem como a conclusão acerca do desempenho do sistema de classificação implementado pela rede neuronal.



# 6

## Resultados

---

Os testes de diagnóstico podem ser definidos de acordo com o tipo de resultados fornecidos, como resultados quantitativos, quando são expressos numericamente, podendo ser divididos em resultados dicotômicos e resultados contínuos; ou qualitativos, quando apresentam resultados que dependem da percepção humana, como é o caso dos exames de imagem (Moreira, 2016).

Neste capítulo apresentam-se os principais resultados do treino e validação usando o classificador neuronal. O classificador foi implementado usando duas bibliotecas diferentes, nomeadamente, o *sklearn* e o *keras*. Apresentam-se também os resultados obtidos das simulações efetuadas, que atingiram uma accuracy significativa <sup>(1)</sup>.

Assim, na Secção 6.1 é feita a análise quantitativa dos dados, que diz respeito à análise dos resultados da média e desvio padrão obtidos da utilização das medidas de qualificação da rede neuronal. De seguida, na Secção 6.2 faz-se uma análise qualitativa dos resultados contínuos, que servem de certa forma para determinar a utilidade da rede neuronal, respetivamente, a sensibilidade, especificidade e accuracy. Por último, na Secção 6.3 são analisados os resultados dicotômicos da rede, relativamente a curva ROC e a área abaixo da curva, determinando assim a utilidade e o

---

<sup>1</sup>a accuracy considera-se significativa quando o seu valor é maior que 70%

desempenho da rede neuronal implementada.

## 6.1 Análise Quantitativa dos Dados

Para determinar a utilidade de um classificador binário, o algoritmo de aprendizagem supervisionado utiliza uma amostra de casos em que o resultado da classificação é conhecido *à priori*, e, onde cada um dos casos é descrito por um conjunto de atributos. De forma a distinguir os diferentes casos entre as duas possíveis classificações, cada caso é rotulado com um atributo, denominado de classe, cujos valores se referem à classificação verdadeira dos casos, que no presente estudo se traduz em classe benigna ou maligna; e os dados rotulados passam a ser denominados de exemplos.

Por norma, na avaliação de um modelo de classificação são utilizados métodos estocásticos, em que as estatísticas para a avaliação do modelo são apresentadas por validação cruzada entre a classe prevista pelo modelo e a classe real. Esta validação é conhecida como matriz de confusão ou de contingência, sendo esta uma técnica de análise de classificadores.

A avaliação do modelo de classificação estudado baseia-se na análise da matriz de contingência, e uma das maneiras mais comumente utilizadas na avaliação destes modelos é a derivação das medidas que medem a qualidade e utilidade do modelo (Prati *et al.*, 2008). Portanto, a partir da matriz de confusão e tendo em conta as medidas e respetivas funções abaixo apresentadas, na Tabela 6.1, podemos avaliar e quantificar a generalização e o desempenho da rede neuronal, determinando assim a utilidade do teste para, no caso em estudo, detetar a presença de tumores benignos ou malignos.

No problema em análise, foi utilizada a validação cruzada para a RNA implementada nas duas aplicações desenvolvidas (*sklearn* e *keras*), e o conjunto de dados foi dividido aleatoriamente em diferentes conjuntos: no conjunto de treino, que é utilizado no processo de aprendizagem da rede; no conjunto de teste, que serve para interromper

Tabela 6.1 – Medidas de desempenho da rede neuronal.

Classe	Função
Accuracy	$ACC = \frac{TP+TN}{P+N}$
Sensibilidade	$TPR = \frac{TP}{TP+FN}$
Especificidade	$TNR = \frac{TN}{TN+FP}$
Eficiência	$Eficiencia = \frac{TPR+TNR}{2}$
Valor Preditivo Positivo	$VPP = \frac{TP}{TP+FP}$
Valor Preditivo Negativo	$VPN = \frac{TN}{TN+FN}$

a aprendizagem; e no conjunto de validação, que é utilizado para verificar a capacidade de generalização da rede. O conjunto total dos dados (699 observações) foi dividido para cada simulação num conjunto para o treino da rede em que constam 80% dos dados, que correspondem a 559 observações e num conjunto para a validação da rede neuronal implementada que integra 20% dos dados, ou seja, 140 observações.

Tendo em conta que o principal interesse do treino da rede neuronal é determinar a capacidade de generalização da rede, há que ter em conta que o treino das redes neuronais envolve processos de inicialização, e que os resultados das várias simulações do mesmo algoritmo, com condições iniciais distintas serão diferentes devido à dependência dos dados da condição inicial. Assim, para apresentar resultados que retratem bem o desempenho dos algoritmos, devem ser feitas várias simulações, e deve ser apresentada uma estatística da distribuição, onde figure a média e o desvio padrão do conjunto de dados, e os valores máximos e mínimos da distribuição. Assim sendo, no caso em estudo, foram realizadas 21 simulações, em que cada simulação inicia um novo treino, de forma a obter dados suficientes para efetuar os cálculos de qualificação da rede, como é o caso da contagem do número de falsos positivos e negativos, e de verdadeiros positivos e negativos em cada uma das 21 simulações efetuadas, bem como as medidas de qualificação da rede mencionadas anteriormente.

O resultado da contagem de falsos positivos e negativos e dos verdadeiros positivos e negativos para cada simulação, utilizados para efetuar os cálculos de qualificação da rede neuronal, apresenta-se ilustrados nas tabelas 6.2 e 6.3 respetivamente.

Tabela 6.2 – Resultados obtidos com 21 simulações da RNA implementada em *sklearn*.

Experiência	N.ºFP	N.ºFN	N.ºTP	N.ºTN	Outros	Total	%BC	%MC
1	3	6	40	91	0	140	93,57%	6,43%
2	1	2	47	90	0	140	97,86%	2,14%
3	1	4	48	87	0	140	96,43%	3,57%
4	5	2	52	81	0	140	95,00%	5,00%
5	3	10	38	89	0	140	90,71%	9,29%
6	2	5	47	86	0	140	95,00%	5,00%
7	3	7	43	87	0	140	92,86%	7,14%
8	6	3	39	92	0	140	93,57%	6,43%
9	2	2	47	89	0	140	97,14%	2,86%
10	4	2	50	84	0	140	95,71%	4,29%
11	4	3	50	83	0	140	95,00%	5,00%
12	2	7	48	83	0	140	93,57%	6,43%
13	5	0	50	85	0	140	96,43%	3,57%
14	6	6	40	88	0	140	91,43%	8,57%
15	6	0	48	86	0	140	95,71%	4,29%
16	5	1	52	82	0	140	95,71%	4,29%
17	4	3	45	88	0	140	95,00%	5,00%
18	5	5	50	80	0	140	92,86%	7,14%
19	4	2	51	83	0	140	95,71%	4,29%
20	3	6	48	83	0	140	93,57%	6,43%
21	2	4	48	86	0	140	95,71%	4,29%

Em ambas as tabelas, a coluna 1 identifica a simulação realizada, a coluna 2 indica o número de falsos positivos obtidos, na coluna 3 encontra-se o número de falsos negativos correspondentes a cada simulação, a coluna 4 enumera o número de verdadeiros positivos obtidos, na coluna 5 descreve-se o número de casos que não ficaram bem classificados em cada simulação, representado por “outros”, que neste caso, é zero para todas as simulações, tanto nas simulações efetuadas em *sklearn* como no *keras*. A coluna 6 denota o total de dados utilizado em cada simulação, que no caso em estudo foram 140 observações, correspondentes a 20% dos dados do conjunto total, utilizado para validação da rede neuronal. E nas colunas 7 e 8 encontra-se representada a percentagem de bem e mal classificados em cada simulação efetuada.

Das tabelas fez-se ainda a representação gráfica com as 21 simulações efetuadas, que ilustra a quantidade de falsos positivos e negativos e de verdadeiros positivos e negativos presentes em cada simulação. Com base nos resultados apresentados no gráfico da Figura 6.1, é possível observar uma diferença significativa no número de falsos positivos e negativos comparativamente com o número de verdadeiros positivos

**Tabela 6.3** – Resultados obtidos com 21 simulações da RNA implementada em *keras*.

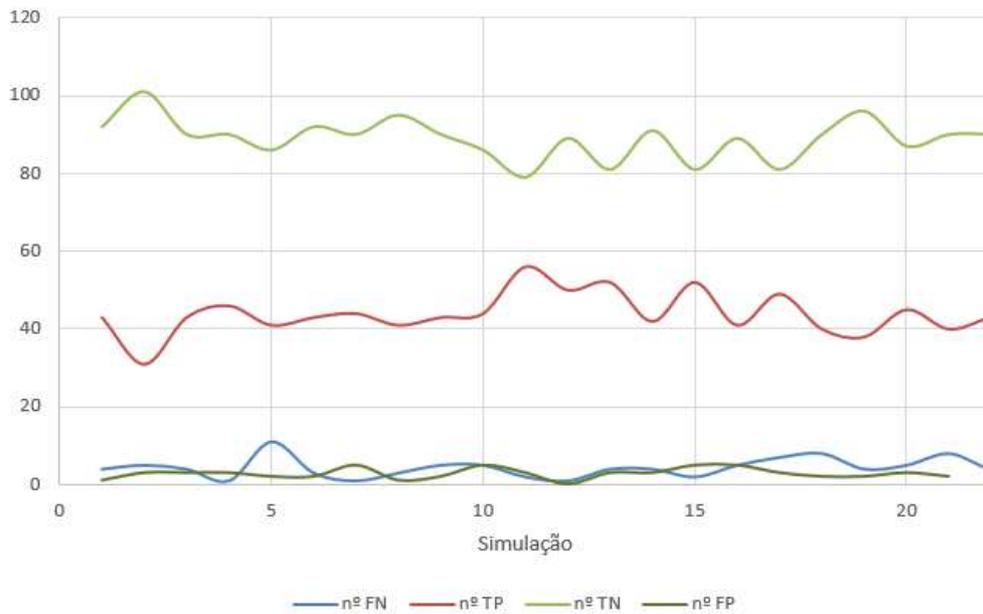
Experiência	N.ºFP	N.ºFN	N.ºTP	N.ºTN	Outros	Total	%BC	%MC
1	1	4	43	92	0	140	96,43%	3,57%
2	3	5	31	101	0	140	94,29%	5,71%
3	3	4	43	90	0	140	95,00%	5,00%
4	3	1	46	90	0	140	97,14%	2,86%
5	2	11	41	86	0	140	90,71%	9,29%
6	2	3	43	92	0	140	96,43%	3,57%
7	5	1	44	90	0	140	95,71%	4,29%
8	1	3	41	95	0	140	97,14%	2,86%
9	2	5	43	90	0	140	95,00%	5,00%
10	5	5	44	86	0	140	92,86%	7,14%
11	3	2	56	79	0	140	96,43%	3,57%
12	0	1	50	89	0	140	99,29%	0,71%
13	3	4	52	81	0	140	95,00%	5,00%
14	3	4	42	91	0	140	95,00%	5,00%
15	5	2	52	81	0	140	95,00%	5,00%
16	5	5	41	89	0	140	92,86%	7,14%
17	3	7	49	81	0	140	92,86%	7,14%
18	2	8	40	90	0	140	92,86%	7,14%
19	2	4	38	96	0	140	95,71%	4,29%
20	3	5	45	87	0	140	94,29%	5,71%
21	2	8	40	90	0	140	92,86%	7,14%

e negativos, que se apresentam em maior quantidade, o que significa que, à partida, o modelo neuronal de classificação apresenta bons resultados de sensibilidade e de especificidade.

Tendo em conta que, para um sistema de classificação ser perfeito tem de apresentar 100% de sensibilidade e de especificidade; não pode conter falsos positivos nem falsos negativos, portanto, como neste caso, o modelo apresenta uma quantidade de verdadeiros (positivos e negativos) muito superior à quantidade de falsos (positivos e negativos) ao longo de todas as simulações efetuadas, pode considerar-se que este é um bom modelo de classificação.

Pode ainda verificar-se que a presença de falsos negativos é ligeiramente superior à presença de falsos positivos, o que indica que este teste é mais específico do que sensível, uma vez que a sensibilidade implica que haja menor número de falsos negativos, e a especificidade implica um menor número de falsos positivos.

Após a obtenção do resultado do número de falsos positivos e negativos e verdadeiros positivos e negativos das 21 simulações, procedeu-se ao cálculo, em Excel, das



**Figura 6.1** – Representação gráfica da quantidade de FP e FN, e TP e TN presentes em cada simulação (*keras*).

**Tabela 6.4** – Resultados obtidos da tabela de simulações da rede implementada em *sklearn*.

	FP	FN	TP	TN	Outros	%BC	%MC
Mediana	4,00	3,00	48,00	86,00	0,00	95,00%	5,00%
Média	3,62	3,81	46,71	85,86	0,00	94,69%	5,31%
Desvio Padrão	1,60	2,56	4,29	3,34	0,00	1,82%	1,82%
Máximo	6,00	10,00	52,00	92,00	0,00	97,86%	9,29%
Mínimo	1,00	0,00	38,00	80,00	0,00	90,71%	2,14%

medidas apresentadas na matriz de confusão, com o intuito de verificar a utilidade do sistema. Estes resultados foram obtidos por métodos estocásticos, de forma a conseguir alcançar a média simples dos resultados das simulações, a mediana e o desvio padrão, para cada uma das ferramentas desenvolvidas, como podemos analisar nas tabelas 6.4 e 6.5.

Tendo em conta os resultados apresentados nas tabelas, verifica-se que a rede neuronal implementada em *keras* tem uma média de falsos negativos superior, quando comparada com os resultados da RNA implementada usando o *sklearn*. Este resultado pode indicar que a rede *keras* representa um teste menos sensível, já que quanto

Tabela 6.5 – Resultados obtidos da tabela de simulações da rede implementada em *keras*.

	FP	FN	TP	TN	Outros	%BC	%MC
Mediana	3,00	4,00	43,00	90,00	0,00	95,00%	5,00%
Média	2,76	4,38	44,00	88,86	0,00	94,90%	5,10%
Desvio Padrão	1,37	2,54	5,52	5,34	0,00	1,96%	1,96%
Máximo	5,00	11,00	56,00	101,00	0,00	99,29%	9,29%
Mínimo	0,00	1,00	31,00	79,00	0,00	90,71%	0,71%

maior for o número de falsos negativos, menor é a sensibilidade do teste. Pelo contrário, tendo em conta a média de falsos negativos inferior apresentada na rede *sklearn*, pode concluir-se que a rede neuronal implementada, usando esta biblioteca, poderá representar um bom teste de classificação, considerando que os bons testes de classificação se caracterizam por apresentar alta sensibilidade, e tendo em conta que a RNA implementada em *sklearn* apresenta menor número de falsos negativos, apresentará maior sensibilidade.

Relativamente à média de falsos positivos, a rede que apresenta maior valor da média é a rede *sklearn*, o que pode ser reflexo de uma menor especificidade do teste de classificação nesta rede, já que, quanto maior for o número de falsos positivos, menos específico é o teste, e por isso, analisando os resultados obtidos, conclui-se que a rede neuronal *keras* constitui um melhor teste confirmatório de determinada condição ou doença, por apresentar alta especificidade, quando comparado com o teste da rede implementada em *sklearn*.

No que diz respeito ao desvio padrão, o menor valor verifica-se no número de falsos positivos da rede neuronal implementada em *keras*. Dado que, quanto mais próximo de zero for o desvio padrão, mais homogêneos são os dados e maior a uniformidade do conjunto de dados, verifica-se que este algoritmo apresenta maior robustez na rede implementada em *keras*.

Tabela 6.6 – Resultados das medidas de qualificação da RNA.

Parâmetros	Redes Neurais	
	sklearn	keras
Sensibilidade	92,42%	96,30%
Especificidade	95,97%	96,15%
Valor Preditivo Positivo	92,84%	93,07%
Valor Preditivo Negativo	95,84%	97,98%
Accuracy	94,69%	96,19%
Taxa de Erro	5,31%	3,81%

## 6.2 Análise Quantitativa dos Resultados Contínuos

Na avaliação do modelo de classificação implementado foram utilizados parâmetros de quantificação e qualificação do sistema, para determinar a utilidade do teste na detecção da presença de tumores benignos e malignos, com base na matriz de confusão para a rede MLP implementada em *sklearn* e em *keras*. Os resultados das medidas de desempenho do teste para determinar e qualificar a generalização e a performance da rede encontram-se descritos na Tabela 6.6.

Na análise qualitativa dos testes diagnósticos temos principal interesse em conhecer duas probabilidades condicionais: a sensibilidade e a especificidade. Com base na análise da tabela, verifica-se que a rede implementada em *keras* apresenta melhores resultados, destacando-se as maiores diferenças na sensibilidade, no valor preditivo negativo e na accuracy da rede neuronal.

A sensibilidade reflete a capacidade de um teste detetar determinada condição ou doença entre os portadores da mesma, sendo considerado um bom teste quando apresenta alta sensibilidade. Analisando a Tabela 6.6, verifica-se que a maior divergência entre as redes neuronais estudadas foi quanto à sensibilidade, em que a rede MLP implementada em *keras* (96,30%) comparada com a rede implementada em *sklearn* (92,42%) apresenta uma diferença de 3,88 pontos percentuais. Assim sendo, pela análise destes parâmetros substancia-se que a rede MLP implementada em *keras*, quando comparada com a rede *sklearn* para o conjunto de dados estudado, apresenta um melhor desempenho.

Os resultados dos valores preditivos positivo e negativo apresentam também uma diferença significativa, e por norma estes valores são mais úteis do que a sensibilidade ou especificidade para os funcionários, porque estimam a probabilidade da doença ou a sua ausência a partir do resultado do teste. Estes valores são dependentes das suas propriedades intrínsecas (a sensibilidade e especificidade), e da prevalência da doença na população em estudo, portanto, quanto maior for o valor preditivo negativo, mais sensível é o teste e quanto maior o valor preditivo positivo mais especificidade apresenta. Neste caso, o destaque vai para o valor preditivo negativo, que tem uma percentagem maior na rede implementada em *keras*, o que reflete que o teste é mais sensível nesta rede e por isso, maior a sua capacidade na deteção de determinada condição ou doença.

Relativamente à accuracy da rede, apresenta maior valor na RNA implementada em *keras*, o que reflete que esta versão apresenta maior precisão e por isso um melhor desempenho no diagnóstico de determinada doença, uma vez que a accuracy é um parâmetro de classificação dos testes de diagnóstico que determina a capacidade do teste para fornecer resultados similares aos valores verdadeiros que estão a ser analisados. A accuracy é ainda uma particularidade muito utilizada quando se pretende transformar um teste com resultados numéricos contínuos em testes dicotómicos, através de um ponto de corte.

### 6.3 Análise Quantitativa dos Resultados Dicotómicos

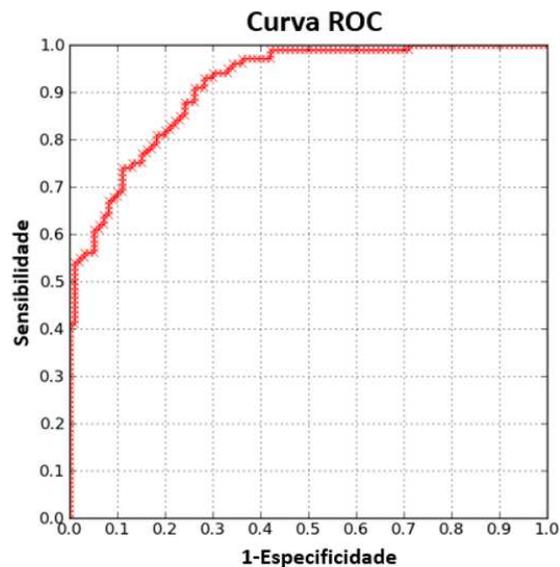
Uma alternativa à avaliação dos modelos de classificação utilizando medidas de quantificação é a utilização da representação gráfica dos dados, que permite uma melhor visualização da multidimensionalidade do problema de avaliação. Na avaliação do desempenho das experiências efetuadas, neste caso de estudo, recorreu-se à análise da curva ROC (*Relative Operating Characteristics Curve*), e respetiva área abaixo da curva, uma vez que esta curva define as características operacionais de um teste diagnóstico com valores numéricos contínuos.

A análise da curva ROC constitui uma ferramenta útil na avaliação do desempenho dos testes diagnósticos em geral, tendo em conta que fornece uma visualização gráfica da relação entre a sensibilidade e a especificidade do respetivo teste. A curva ROC caracteriza-se por ser um método gráfico para a avaliação, organização e seleção de sistemas de diagnóstico e/ou predição. E atualmente a análise desta curva tem sido muito utilizada na Aprendizagem Automática como uma ferramenta útil na avaliação dos modelos de classificação (Prati *et al.*, 2008).

Considerando que um teste diagnóstico ideal tem de se apresentar 100% sensível e 100% específico, e visto que o valor destas propriedades depende muito da distribuição do resultado do teste nos indivíduos com ou sem determinada condição ou doença, é estabelecido um ponto de corte (ponto crítico ou limiar de discriminação) que define se o teste é positivo ou negativo. O ponto de corte pode ser selecionado arbitrariamente, e a melhor maneira de comparar o desempenho dos diversos sistemas de classificação, é estudar o efeito de seleção de diversos limiares sobre a saída dos dados.

Eventualmente, aquando este processo, pode haver uma troca entre a sensibilidade e a especificidade, e quando esta troca acontece em diversos pontos de corte, a melhor forma de solucionar esta permuta é fazer uma análise da sensibilidade e da especificidade nos vários níveis de alteração do teste, e para cada ponto de corte calcular os valores de sensibilidade e especificidade, dispondo estes valores numa curva ROC, e representá-los num gráfico, que apresente no eixo das ordenadas os valores de sensibilidade e no eixo das abcissas o complemento da especificidade (1-especificidade), como ilustra a Figura 6.2.

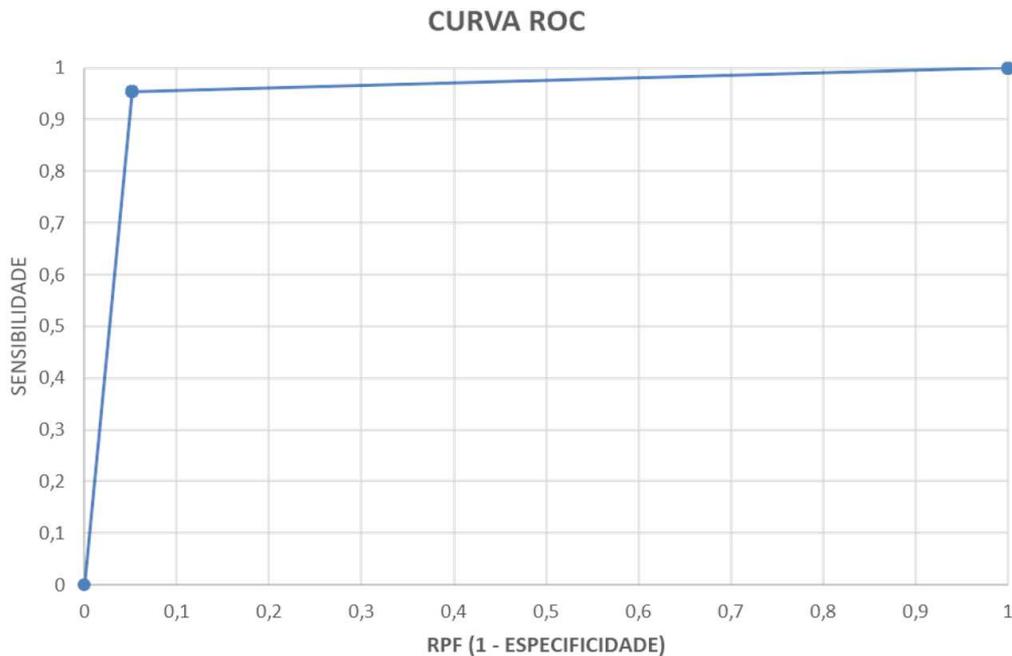
A representação gráfica da curva ROC ilustra o desempenho de um sistema classificador binário, e o seu limiar de discriminação varia conforme o classificador em estudo. Em geral, na análise da curva ROC, quanto mais perto a curva estiver do canto superior esquerdo, melhor é o teste, e, portanto, mais fácil é descrever o desempenho geral do teste na discriminação da presença ou ausência de determinada condição (Ferreira e Patino, 2017; Bianca, 2018).



**Figura 6.2** – Representação da curva ROC (Imagem alterada retirada da biblioteca de redes neurais do *Python*).

A curva ROC obtém-se pela fração de verdadeiros positivos dos positivos totais, ou seja, pelo rácio de verdadeiros positivos ( $TPR = TP/P$ ), que representa a sensibilidade, *versus* a fração de falsos positivos dos negativos totais ( $FPR = FP/N$ ), que corresponde ao rácio de falsos positivos, traduzido no complemento da especificidade ( $1 - especificidade = 1 - TNR$ ), em várias configurações do limite. Por norma, os resultados dos sistemas de classificação em classes são contínuos, ou seja, produzem um valor situado dentro de um determinado intervalo de valores contínuos, como por exemplo, o intervalo  $[0, 1]$ , e por isso é fundamental definir um ponto de corte, ou um limiar de decisão para classificar e contabilizar o número de predições positivas e negativas.

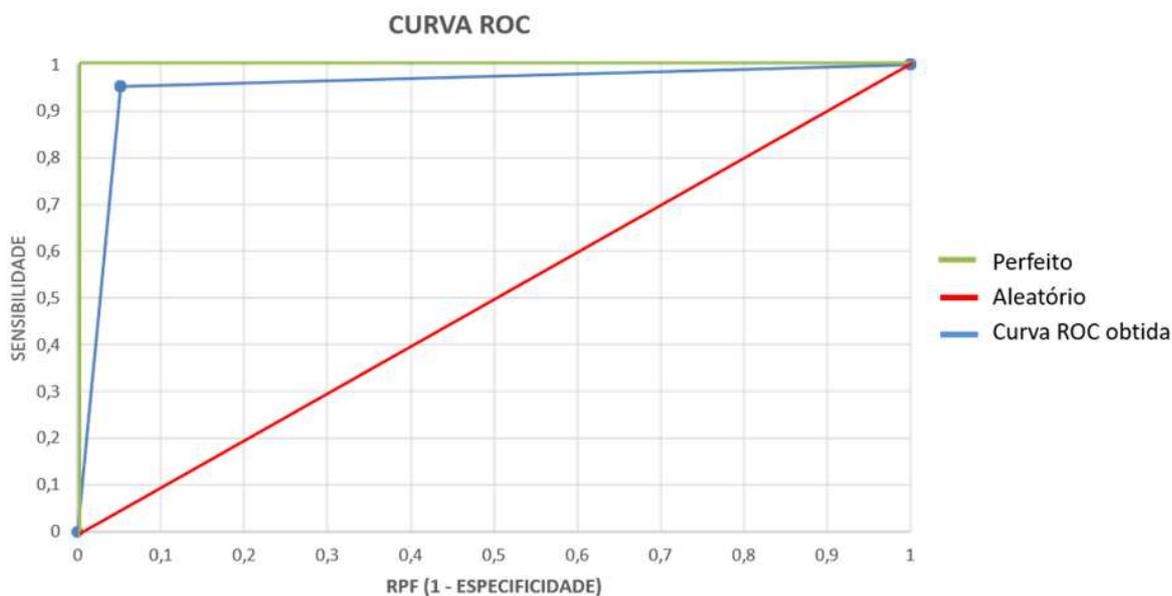
Atualmente, a maioria dos softwares de cálculo estatístico permitem desenhar a representação gráfica, bem como a análise de curvas ROC. No caso de estudo, a curva ROC foi obtida através da determinação de 1001 pontos de corte, em que o valor do  $\epsilon$  foi alterado, de forma a obter pontos de corte ao longo da curva ROC num intervalo de valores entre  $[-1, 1]$ , conforme os valores da saída da rede. O código utilizado para obtenção da curva ROC foi desenvolvido em *Python*, e posteriormente



**Figura 6.3** – Curva ROC da RNA implementada em *keras*.

os resultados obtidos foram trabalhados em Excel, conseguindo-se obter o gráfico da curva ROC (Gráfico da Figura 6.3).

O melhor método de previsão possível deve apresentar um ponto no canto superior esquerdo com coordenada (0, 1), sendo designado de método de classificação perfeita. O ponto (0, 1) representa que o teste possui 100% de sensibilidade e 100% de especificidade, e conseqüentemente, que não existem falsos positivos nem falsos negativos. Tendo em conta a curva ROC obtida, verifica-se que a curva retrata um bom desempenho do sistema, uma vez que se apresenta bastante próxima do canto superior esquerdo, e do ponto que reflete um método de classificação perfeito. Com base na análise do gráfico da Figura 6.1, a curva denota também que se comprova a existência de uma quantidade mínima de falsos positivos e falsos negativos, e conseqüentemente, uma maior especificidade e sensibilidade do classificador neuronal, que se traduz num melhor desempenho. A curva ROC mostra ainda que o aumento da sensibilidade surge em detrimento da especificidade e *vice-versa*.



**Figura 6.4** – Representação gráfica da curva ROC obtida e respectivas linhas de previsão.

Quando a previsão se traduz apenas num palpite aleatório, no gráfico surge representado um ponto ao longo da linha designada de linha de não-discriminação, que é uma linha diagonal do canto inferior esquerdo para o canto superior direito. Esta linha diagonal divide o espaço da curva ROC, e os pontos que se encontram acima desta curva representam bons resultados e os pontos abaixo da curva sugerem maus resultados de classificação, como ilustra a Figura 6.4.

Para a avaliação de classificadores binários é importante reduzir a curva ROC a um simples escalar, e um método para este tipo de avaliação é calcular a área sob a curva ROC, que é uma boa forma de avaliar um sistema de classificação.

O índice AUC (*Area Under the Curve*) está associada ao poder de discriminação dos testes de diagnóstico, e caracteriza-se por definir a probabilidade do teste na deteção de verdadeiros positivos e verdadeiros negativos, isto é, expressa a accuracy do modelo de classificação.

Segundo Bradley (1998), a área abaixo da curva é uma demonstração bidimensional

do desempenho de um classificador, que fornece informação sobre os casos em estudo, e é uma medida de precisão quantitativa de índice unidimensional que resume a localização global de toda a curva ROC. Tendo em conta que a AUC é uma porção do quadro unitário no espaço ROC, pode adquirir diferentes valores, sendo máxima quando o valor da AUC é igual a 1, o que significa que há uma discriminação perfeita na classificação. Quando o valor da AUC é igual a 0,5, a fração de verdadeiros positivos é igual à fração de falsos positivos, e o método de classificação não tem qualquer poder de discriminação, sendo esta aleatória e surge na linha diagonal de não discriminação na curva ROC. Quando o valor do índice AUC é igual a zero, o teste não tem qualquer discriminação, e classifica, incorretamente, todos os indivíduos com doença como negativos e todos os indivíduos sem doença como positivos, o que é extremamente improvável na prática clínica.

No caso em estudo, o índice AUC foi calculado pelo método dos trapézios, em que:

*“Sejam  $RPF_0, RPF_1, RPF_2, \dots, RPF_k$  os valores do complemento para cada  $\epsilon$  e sejam  $SE_0, SE_1, SE_2, \dots, SE_k$  os valores de sensibilidade. A área sob a curva, desde o ponto zero até ao ponto  $k$ , é indicado por  $AUC_{(0-k)}$ .”* (Vieira), e é obtido da seguinte forma:

Primeiro traçam-se os segmentos de reta paralelos ao eixo das ordenadas, do ponto do gráfico até à abcissa, formando um triângulo e um trapézio, e de seguida faz-se o cálculo dessas Figuras e somam-se os valores das áreas, obtendo assim a área sob a curva ROC.

A representação da curva, depois de traçados os segmentos de reta de cada ponto do gráfico até á abcissa, em paralelo com a ordenada encontra-se ilustrada na Figura 6.5, onde primeiramente foi encontrado um triângulo delimitado pelos pontos  $(0, 0)$ ,  $RPF_0$  e  $SE_0$ , e um trapézio marcado pelos pontos  $RPF_0$ ,  $RPF_1$ ,  $SE_0$  e  $SE_1$ .

Atendendo que o índice  $AUC$ , neste caso, é dado por:  $AUC = \text{Área do trapézio} + \text{Área do triângulo}$ , e sabendo que as áreas do trapézio e do triângulo são dadas por:

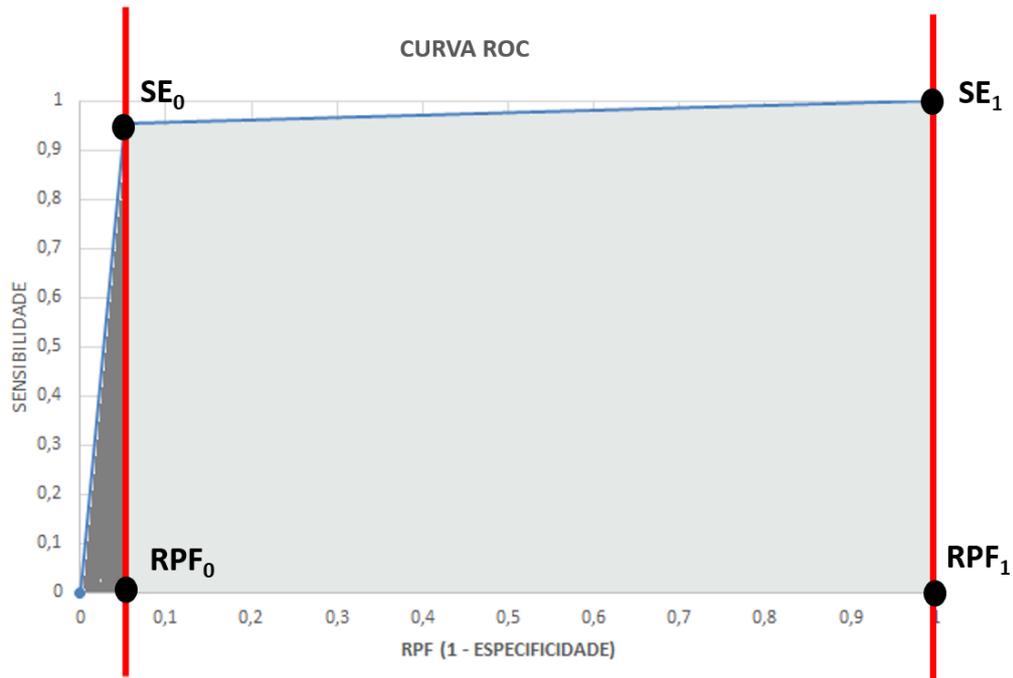


Figura 6.5 – Representação gráfica do método dos trapézios para o cálculo da AUC.

Tabela 6.7 – Cálculo da AUC da curva ROC obtida e respetivos valores de sensibilidade e do complemento da especificidade.

Valores para calcular a AUC	
$RPF_0$	0,051546
$RPF_1$	1
$SE_0$	0,953488
$SE_1$	1

$$AUC = \frac{(base\ maior + base\ menor) \times altura}{2} + \frac{base \times altura}{2}, \quad (6.1)$$

a área sob a curva ROC é expressa da seguinte forma:

$$AUC = \frac{1}{2}(SE_1 + SE_0) \times (RPF_1 - RPF_0) + \frac{1}{2}(RPF_0 \times SE_0) \quad (6.2)$$

Os valores de  $RPF$  e  $SE$  encontram-se descritos na Tabela 6.7, bem como os respetivos cálculos da área sob a curva ROC.

Como a AUC é dada por:

$$AUC = \frac{1}{2}(SE_1 + SE_0) \times (RPF_1 - RPF_0) + \frac{1}{2}(RPF_0 \times SE_0) \quad (6.3)$$

Aplicando os valores de  $RPF$  e  $SE$  tem-se:

$$AUC = \frac{1}{2}(1 + 0,953488) \times (1 - 0,051546) + \frac{1}{2}(0,051546 \times 0,953488) \quad (6.4)$$

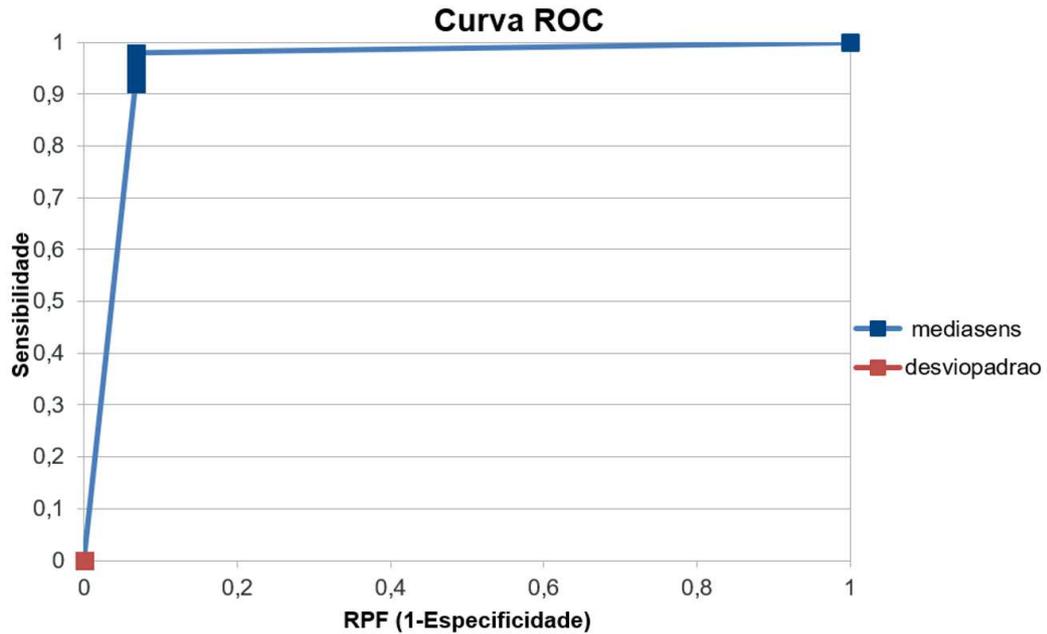
$$AUC = 0,950971 \quad (6.5)$$

Como se pode analisar pelas equações (6.1), (6.2), (6.3), (6.4) e (6.5), o valor do AUC é bastante bom, visto que se encontra muito próximo de 1, e quando a AUC atinge este valor máximo, significa que o sistema de classificação é perfeito.

Como a  $AUC$  é uma medida eficaz, combinada de sensibilidade e especificidade, e como esta descreve a validade inerente dos testes diagnósticos, pode concluir-se que este teste apresenta um bom desempenho, dado o valor da área abaixo da curva ROC apresentado, e que significa que este teste é quase perfeito no que diz respeito à classificação.

Para além da determinação da área sob a curva, foram também definidos os valores das medidas de dispersão e de tendência central, concretamente, os valores da média e do desvio padrão em cada ponto de corte da curva ROC, de forma a mostrar os intervalos de confiança existentes em cada um dos pontos.

O processo utilizado para determinação da média e do desvio padrão da curva ROC consistiu exatamente no mesmo processo para obtenção dos pontos de corte da curva ROC, mas neste caso foi implementado um código suplementar de cálculo da média e do desvio padrão da sensibilidade e do complemento da especificidade em cada um dos pontos. Neste caso, foram feitas também 21 simulações da rede, com 1001 pontos de corte e com alteração do valor do  $\epsilon$ , e os resultados obtidos foram apurados em Excel, de forma a obter a curva ROC com a representação da média e do desvio padrão em cada um dos pontos, como mostra a Figura 6.6.



**Figura 6.6** – Representação gráfica da média e do desvio padrão em cada ponto de corte da curva ROC.

O desvio padrão é uma medida de dispersão que tem como função avaliar o quão dispersos estão os dados observados numa distribuição de frequências ou de probabilidades, ou seja, mede o grau de afastamento ou de concentração entre os dados. Esta medida de dispersão indica o quanto os dados estão afastados da média, e quando o desvio padrão apresenta valores relativamente baixos significa que a amostra é homogênea, ou seja, os dados estão próximos da média; e pelo contrário, quando o desvio padrão apresenta valores mais altos significa que os dados estão mais afastados da média, e conseqüentemente, mais espalhados. Além disso, quando se está a fazer um estudo descritivo de um conjunto de dados, deve ter-se em conta que é muito importante determinar a variabilidade ou a dispersão dos dados, relativamente à medida de localização da amostra.

A média, é uma medida de tendência central que transmite informações parciais acerca da dispersão dos dados em torno do centro. Quanto maior for a variação dos dados, menos representativa será a média e assim, consta-se que as medidas de dispersão servem para qualificar a média, e por isso, quanto menor for a dispersão

dos dados, mais confiável é a média.

Posto isto, analisando a representação gráfica da média e do desvio padrão dos pontos de corte na curva ROC, verifica-se que o desvio padrão é muito baixo, o que exprime a homogeneidade da amostra de dados estudada. Além disso, como o desvio padrão é muito aproximado de zero, os dados encontram-se muito próximos da média, e por isso, a sua dispersão é menor, o que demonstra a robustez do algoritmo.

## 6.4 Conclusão

Este capítulo apresenta os principais resultados obtidos pelo treino e validação da rede neuronal implementada, recorrendo à utilização de duas bibliotecas diferentes: o *sklearn* e o *keras*.

A aprendizagem automática tem um papel fundamental no reconhecimento de padrões, explorando o estudo e a construção de algoritmos que possam aprender com os erros e fazer previsões sobre os dados. No presente trabalho apresentou-se um teste utilizando RNA do tipo *MLP*, com o intuito de implementar técnicas de aprendizagem automática que identifiquem potenciais doentes a partir de um conjunto de características extraídas previamente de mamografias, de uma base de dados conhecida. A escolha do algoritmo de aprendizagem do tipo *backpropagation*, baseou-se na sua capacidade de resolver problemas não-lineares e trabalhar com redes multicamadas. Tendo em conta que a rede neuronal possui duas camadas intermédias, a aplicação deste algoritmo de aprendizagem vai possibilitar uma maior flexibilidade da rede, bem como um melhor entendimento e implementação do problema.

A avaliação do modelo de classificação estudado baseia-se na matriz de contingência através de medidas que medem a qualidade e a utilidade do modelo para detetar a presença de tumores benignos ou malignos. As medidas utilizadas para qualificar a rede neuronal artificial foram: a sensibilidade, a especificidade, os valores preditivos positivo e negativo, e a accuracy conseguida pelo sistema de classificação.

As maiores diferenças verificaram-se na sensibilidade, no valor preditivo negativo e na accuracy da rede neuronal artificial. Tanto a sensibilidade, como a accuracy e o valor preditivo negativo apresentaram maiores valores na rede neuronal implementada em *keras*, o que significa que o modelo de classificação apresenta maior sensibilidade e melhor precisão nesta biblioteca, e por isso, maior é a sua capacidade na deteção de tumores benignos ou malignos, e conseqüentemente, melhor o desempenho do sistema.

Embora se tenha adotado uma rede bastante adaptável com a utilização da biblioteca *sklearn*, sentiu-se a necessidade de implementar a mesma rede numa biblioteca de desenvolvimento e avaliação de modelos de aprendizagem, de forma a poder ter um meio de comparação. Dessa forma, em geral a rede apresenta maior sensibilidade quando implementada em *sklearn*, no entanto, apresenta maior especificidade e melhor desempenho quando implementada no *keras*, o que constata que, como a rede implementada nos dois softwares é a mesma; apresenta melhor desempenho no *keras*, apenas por este ser um software que recorre à utilização do *TensorFlow*, que permite maior flexibilidade e um maior controlo da rede, podendo concluir-se que a rede mostrou bom desempenho em cada um dos softwares utilizados, mostrando um melhor desempenho e robustez, no geral, quando implementada no *keras*.

Como alternativa à avaliação dos modelos de classificação que utilizam medidas de quantificação, recorreu-se à utilização da representação gráfica dos dados, permitindo uma melhor visualização da multidimensionalidade do problema de avaliação, com a análise da curva ROC, que é uma ferramenta muito útil para a visualização e avaliação de classificadores, pelo facto de ser uma representação direta da capacidade da variável para classificar grupos; oferecendo um conjunto de diferentes regras de classificação, segundo os pontos de corte que compõe a curva.

No caso de estudo, está-se perante uma variável qualitativa de dois níveis, em que pode ocorrer tumor benigno ou tumor maligno. A variável contínua assume uma distribuição diferente para cada um dos níveis da variável categórica (presente ou ausente), e quanto mais divergentes forem as distribuições, maior será a capacidade de discriminação da variável contínua. Para o estudo de simulação geramos 1001

pontos de corte com alterações no valor do  $\epsilon$ , de forma a obter a curva ROC, que demonstrou que o classificador tem um bom desempenho, por apresentar poucos falsos positivos e negativos, e conseqüentemente, maior especificidade e sensibilidade. Tendo em conta que uma das principais vantagens da curva ROC é a possibilidade de visualização do desempenho do sistema para classificar, através dos vários pontos de corte da curva; pela visualização da curva ROC, podemos deduzir que o sistema apresenta bom desempenho, uma vez que a curva surge muito próxima do canto superior esquerdo, que corresponde ao ponto que reflete um método de classificação perfeito.

Em contraste com as medidas de sensibilidade e especificidade, a precisão do diagnóstico não é afetada pelo critério de decisão e é independente da prevalência da doença, atendendo que se baseia sempre nos valores de sensibilidade e especificidade, por isso, através da curva ROC, fez-se também a análise da AUC, que é uma medida de precisão. Com base nos resultados alcançados, verifica-se que o sistema apresenta um desempenho quase perfeito, tendo em conta que o valor apresentado é muito próximo de 1, que indica que há uma discriminação quase perfeita na classificação do teste.

Ainda de forma a rematar os resultados apresentados, foi calculada a accuracy da rede na biblioteca *keras*, que demonstrou realmente que a rede implementada apresenta um desempenho quase perfeito atingindo um valor de 96,19%.

Posto isto, a análise dos resultados alcançados com as bibliotecas utilizadas para implementação a rede neuronal possibilita que se tirem as conclusões acerca da rede neuronal artificial implementada, quanto à sua utilidade e desempenho, no que diz respeito à classificação e generalização do conjunto de dados.

# 7

## Conclusão e trabalho futuro

---

No âmbito do presente trabalho, inicialmente fez-se um levantamento do estado da arte relativo à glândula mamária e ao cancro da mama, de forma a entender o problema a abordar, e de seguida fez-se uma pesquisa bibliográfica na área das redes neuronais artificiais, de maneira a entender o funcionamento das RNA, para proceder ao desenvolvimento do objetivo principal do trabalho, que consistia em desenvolver uma aplicação que auxilie os profissionais de saúde no diagnóstico do cancro da mama, através da implementação de técnicas de aprendizagem automática que identifiquem potenciais doentes a partir de um conjunto de características extraídas de mamografias.

A RNA foi desenvolvida recorrendo a uma arquitetura do tipo MLP com o algoritmo de aprendizagem *backpropagation*, e função de ativação sigmoide. A RNA foi implementada em *Python*, com recurso à utilização de duas bibliotecas diferentes: o *sklearn*, por ser de implementação mais fácil, e o *keras*, por apresentar uma maior robustez. Após a obtenção dos resultados nas duas bibliotecas foi feita uma comparação entre os resultados apresentados por cada uma, de forma a verificar qual a melhor biblioteca para a resolução deste problema.

Relativamente à arquitetura da rede neuronal artificial implementada, foi escolhida

tenho em conta o conjunto de dados utilizado, que por apresentar 8 atributos diferentes, introduziu-se uma camada de entrada com 8 neurónios, duas camadas intermédias com 4 e 2 neurónios, e na camada de saída apenas 1 neurónio. Com base nos resultados alcançados com esta arquitetura, que foram bastante positivos, optou-se por não aplicar qualquer outra estrutura.

De forma a obter resultados a nível do desempenho do classificador neuronal implementado, fez-se, em ambas as redes desenvolvidas, 21 simulações de forma a obter, em cada uma das simulações, a quantidade de falsos positivos e negativos e de verdadeiros positivos e negativos, e a percentagem de dados que ficou bem e mal classificada em cada uma das simulações. Estas simulações permitiram obter os valores da média e do desvio padrão, possibilitando que se tirassem conclusões acerca da sensibilidade e da especificidade que o modelo neuronal apresenta.

Com base nas simulações foi também possível avaliar o sistema segundo as medidas de classificação, que envolvem o cálculo de vários parâmetros, como a accuracy, a sensibilidade e especificidade, e os valores preditivos positivo e negativo. Os resultados das medidas de classificação do sistema mostraram que este apresenta um bom desempenho, tanto pelo valor obtido pela sensibilidade, que apresentou valores de 96,30% no *keras* e 92,42% no *sklearn*, como pela accuracy da rede, que mostrou valores muito satisfatórios, mostrando que o sistema apresenta um desempenho quase perfeito, com 94,69% no *sklearn* e 96,19% no *keras*. Assente nestes resultados conclui-se que o desempenho geral do classificador neuronal é muito eficiente, contudo comparando as duas bibliotecas de implementação da RNA, verifica-se que a rede implementada no *keras* apresenta um melhor desempenho.

Assim, tendo em conta o resultado das simulações alcançado nas duas bibliotecas do *Python* conclui-se que é possível resolver o problema do diagnóstico do cancro da mama recorrendo às redes neuronais artificiais, e que estas constituem uma das classes de modelos de aprendizagem automática mais interessantes, por se mostrarem ser de implementação muito simples e intuitiva, pois permitem uma boa compreensão e interpretação dos modelos e da aprendizagem das redes, e por se manifestarem extremamente eficientes.

O trabalho futuro seria usar outros métodos de classificação com utilização do mesmo conjunto de dados, como árvores de decisão, que é um método de aprendizagem automática supervisionado não paramétrico, que se baseia em estimativas e probabilidades, e é um dos métodos mais utilizados para resolver problemas de classificação e regressão. Ou recorrendo a *máquinas de suporte vectorial*, que é um método de aprendizagem supervisionada de análise de dados e reconhecimento de padrões, usado para problemas de classificação e análise de regressão.

Outra hipótese de trabalho futuro seria utilizar menos parâmetros para o treino e validação da rede neuronal, e verificar se são obtidos os mesmos resultados, visto que, com menos parâmetros a rede neuronal artificial é mais fácil de treinar, e poderia não alcançar resultados tão positivos.

Uma outra possibilidade de trabalho futuro seria otimizar a rede neuronal artificial do tipo MLP, com a realização de novos algoritmos de treino e de teste com o mesmo conjunto de dados; ou ainda, fazer um estudo dos parâmetros da rede neuronal, de forma a averiguar quais os mais relevantes.



## Referências bibliográficas

---

- AJCC, A. J. C. C. (2017). Cancer staging manual. Sítio da Internet. URL do Sítio de Internet – <https://cancerstaging.org/references-tools/Pages/What-is-Cancer-Staging.aspx>. 12
- Andraus, G. (2008). As histórias em quadradinhos como informação imagética integrada ao ensino universitário. pages 82–83. 34
- Arbib, M. A. (1987). *Brains, Machines, and Mathematics*. 2.<sup>a</sup> edition. 33
- Barreto, J. M. (2002). Introdução às redes neurais artificiais. 36, 37, 38, 46, 47, 57, 59, 83
- Barton, M. B., Elmore, J. G., e Fletcher, S. W. (1999). Breast symptoms among women enrolled in a health maintenance organization: frequency, evaluation and outcome. *Ann Intern Med*, 130:615–657. 18
- Bastos, B. L. (2010). Critérios de validação de testes de imunodiagnóstico. Technical report, Universidade Federal da Bahia. 87
- Bernardes, A. (2010). *Manual de Ginecologia: Anatomia da mama feminina*. 7

- Bezerra, F. J. F., Moura, R. M. G., e Costa, V. R. S. (2010). Reconstrução papilar: preenchimento com tecido autólogo e heterólogo. 29
- Bianca (2018). Clínica médica – sensibilidade, especificidade, valores preditivos. URL do Sítio de Internet – <http://clinicamedicarquivo.blogspot.com/2004/06/sensibilidade-especificidade-valores.html>. 93, 118
- Boaventura, I. A. G. (2010). *Números fuzzy em processamento de imagens digitais e suas aplicações na detecção de banda*. PhD thesis, Escola de Engenharia de São Carlos, Universidade de São Paulo, São Carlos, São Carlos, brasil. 90
- Bradley, A. P. (1998). The use of the area under the roc curve in the evaluation of machine learning algorithms. *Pattern Recognition*. 121
- Buchalla, C. M. (2017). Testes diagnósticos. *HEP 176*. 86
- Bukhari, M. H. e Akhtar, Z. M. (2009). Comparision of accuracy of diagnostic modalities for evaluation of breast cancer with review of literature. 16
- Cancro, I. (2017). Tudo sobre cancro. Sítio da Internet. URL do Sítio de Internet – <http://www.roche.pt/sites-tematicos/infocancro/index.cfm/nocoas>. 10, 12, 15, 18, 24, 25, 27
- Carson, J. (2017). Stages of breast cancer. Sítio da Internet – Health and Symptoms. URL do Sítio de Internet – <http://healthandsymptoms.com/cancer/breast-cancer/development-stages-of-breast-cancer/>. 13
- Chala, L. F. e Barros, N. (2007). Avaliação das mamas com métodos de imagem. *Radiol Bras*, 40. 17, 19
- Cunnick, G. e Mokbel, K. (2006). Oncological considerations of skin-sparing mastectomy. *Int. Semin Surg. Oncol.*, 3(14). 29
- Cybenko, G. (1989). *Approximation by superpositions of a sigmoidal function*, volume 2. 53

- Duarte, M. (2018). Sinapses. Toda a materia. URL do Sítio de Internet – <https://www.todamateria.com.br/sinapses/>. 37
- Ferneda, E. (2006). Redes neurais e sua aplicação em sistemas de recuperação de informação. 32
- Ferreira, J. C. e Patino, C. M. (2017). Entendendo os testes diagnósticos. parte 1. *J. Bras Pneumol*, 43(5):330. 93, 118
- Fletcher, R. H. e Halstead, S. B. (2001). Evaluation of diagnostic tests. Technical report, Thomas JC, Weber D. J. - *Epidemiologic Methods for the Study of Infectious Diseases*, Oxford. 90
- Fonseca, F. M. e Fonseca, J. J. (1978). Enciclopédia médica: Os órgãos genitais femininos. *Editorial Verbo*. 7, 8
- Francisco, M. (2018). URL do Sítio de Internet – <http://www.matheusfrancisco.com.br/introdu%C3%A7%C3%A3o-a-rede-neural/>. 76
- Freeman, J. A. e Skapura, D. M. (1993). Redes neuronales: Algoritmos, aplicaciones y técnicas de programación. *Addison-Wesley*. 69
- Glingani, F. A. e Ambrósio, P. E. (2009). Sistema de análise computadorizada para auxílio à detecção de lesões de mama baseado em redes neurais artificiais. 31
- Goodfellow, J., Warde-Farley, D., Mirza, M., Courville, A., e Bengio, Y. (2013). Maxout networks. *ArXiv e-prints*. 73
- Guimarães, K. S., Melo, J. C. B., e Cavalcanti, G. D. C. (2003). Combining few neural networks for effective secondary structure prediction. 3
- Haykin, S. (1999). *Neural networks: a comprehensive foundation*. 2.<sup>a</sup> edition. 102
- Haykin, S. (2007). *Redes Neurais: Princípios e prática*. Bookman-Editora, 2.<sup>a</sup> edition. 33, 34, 36, 41, 42, 43, 51
- Hilera, J. R. e Martinez, V. J. (2000). Redes neuronales artificiales. *Alfaomega-Rama*. 67

- Hoehn, E. N. M. K. (2009). *Anatomia e Fisiologia*. 3.<sup>a</sup> edition. 8
- Hoyco, J., Cassan, A., Ruiz, X., Borràs, L., e Inglês, T. (2005). *Enciclopédia da Saúde: Aparelho reprodutor-Sexualidade*, volume 8. Marina Editores. 7, 8
- IAPCC, I. d. A. P. e. C. d. C. (2017). Exames – tipos de biópsias mamárias. Sítio da Internet. URL do Sítio de Internet – <http://www.iapcc.com.br/exames/exame.asp?id=3>. 22
- Junqueira, L. C. e Carneiro, J. (2008). *Histologia Básica*. 11.<sup>a</sup> edition. 7
- Kefalikinisi (2018). Sinapses. Sítio da Internet. 36
- Kerlirzin, P. e Vallet, F. (1993). *Robustness in multiplayer perceptrons*. Neural Computation. 45
- Kim, T., Giuliano, A. E., e Lyman, G. H. (2006). Lymphatic mapping and sentinel lymph node biopsy in early-stage breast carcinoma: a metaanalysis. *Cancer*, 106(1):4–16. 29
- Knöpfel, A. (2001). Künstliche neuronale netze. 42
- Krizhevsky, Sutskever, I., e Hinton, G. E. (2012). Imagenet classification with deep convolutional neural networks. *Curran Associates, Inc.*, pages 1097–1105. 72, 81
- Laço, F. I. (2017). Sítio da Internet. 11, 15
- Lichter, A. S., Lippman, M. E., e Danforth, D. N. J. e. a. (1992). Mastectomy versus breast-conserving therapy in the treatment of stage i and ii carcinoma of the breast: a randomized trial at the national cancer institute. *J. Clin. Oncol.*, 11:27–32. 28
- Maas, L., Hannun, A. Y., e Ng, A. Y. (2013). Rectifier nonlinearities improve neural network acoustic models. *Proc. ICML*, 30. 73
- Maia, R. D. (2015). Introdução às redes neuronais artificiais. 55

- Mangasarian, O. L., Street, W. N., e Wolberg, W. H. (1995). Breast cancer diagnosis and prognosis via linear programming. *43(4):570–577*. [96](#)
- Marques, P. M. D. A. (2001). Diagnóstico auxiliado por computador na radiologia. [17](#)
- Martins, P. B. M. (2017). Aplicação de redes neurais geradoras adversárias para colorização de imagens em preto e branco. [53](#), [54](#), [65](#), [66](#), [67](#), [70](#), [71](#), [72](#), [74](#), [75](#), [80](#), [81](#), [82](#)
- Martín, B. e Sanz, A. (2002). Redes neuronales y sistemas difusos. *Alfaomega-Rama*. [69](#)
- Mead, J. G. (1989). Neuromorphic analogue vlsi. [45](#)
- Monfair, F. (2007). Essentials of diagnostic breast pathology: A practical approach. [19](#), [21](#)
- Moore, K. L. e Dalley, A. F. (2006). *Clinically Oriented Anatomy*. 5.<sup>a</sup> edition. [11](#)
- Morais, E. C. (2010). *Reconhecimento de padrões e redes neurais artificiais em predição de estruturas secundárias de proteínas*. PhD thesis, Tese de Doutorado, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brasil. [99](#), [101](#), [102](#)
- Moreira, W. B. (2016). Artigos sobre testes diagnósticos. pages 83–90. [109](#)
- Morrow, M., Strom, E. A., e Bassett, L. W. e. a. (2002). Standard for breast conservation therapy in the management of invasive breast carcinoma. *CA Cancer J. Clin.*, *52(5):277–300*. [27](#)
- Márquez, Y., Fernández, C. S., Pastor, L., Reyes, V., e Antonio, M. (2007). Algoritmo backpropagation para redes neuronales: conceptos y aplicaciones. [66](#)
- O'Malley, M. S., Earp, J. A., Hawley, S. T., Schell, M. J., Mathews, H. F., e Mitchell, J. (2001). The association of race/ethnicity, socioeconomic status, and physician recommendation for mammography: who gets the message about breast cancer screening? *American Journal of Public Health*, *91(1):49–54*. [16](#)

- Oncologia, I. (2017). Biópsia da mama. Sítio da Internet. URL do Sítio de Internet – <http://www.oncoguia.org.br/conteudo/biopsia-da-mama/1390/264/>. 20, 22
- Osório, F. e Bittencourt, J. R. (2000). Seminário: Sistemas inteligentes baseados em redes neurais artificiais aplicados ao processamento de imagens. Technical report, I Workshop de inteligência artificial. 82
- PET-CT, G. (2017). Cancro da mama her2+: O que é o her2? Sítio da Internet. URL do Sítio de Internet – [http://www.roche.pt/sites-tematicos/her2/index.cfm/her2\\_e\\_o\\_cancro/o-que-e-o-her2](http://www.roche.pt/sites-tematicos/her2/index.cfm/her2_e_o_cancro/o-que-e-o-her2). 24
- PET-CT, G. (2018). Tomografia por emissão de positrões com tomografia computadorizada. Sítio da Internet. Departamento de Medicina Molecular. Hospital da Luz. 23
- Powles, T. J., Ashley, S., Tidy, A., Smith, I. E., e Dowsett, M. (2007). Twenty-year follow-up of the royal marsden randomized, double-blinded tamoxifen breast cancer prevention trial. *J. Natl Cancer Inst.*, 99(4):283–290. 27
- Prati, R. C., Batista, G. E. A. P. A., e Monard, M. C. (2008). Curvas roc para avaliação de classificadores. 110, 118
- Rakha, E. A. e Ellis, I. O. (2007). An overview of assessment of prognostic and predictive factors in breast cancer needle core biopsy specimens. 60(12):1300–1306. 19
- Rauber, T. W. (2005). Redes neurais artificiais. 43, 47, 48, 53, 54, 62, 63, 64, 65, 70, 73
- Reyes, M. A. V., Márquez, C. Y., e Fernández, L. P. S. (2006). Algoritmo backpropagation para redes neuronales: conceptos y aplicaciones. (125). 67
- Rodrigues, J. (2018). Modelo mcculloch e pitts. URL do Sítio de Internet – <http://jeiks.net>. 47

- Roque, A. (2018). Conexionismo e redes neurais – a psicologia conexionista. URL do Sítio de Internet – <http://sisne.org/Disciplinas/PosGrad/PsicoConex/aula4.pdf>. 49
- Santos, V. S. (2018). O que é um neurónio? Sítio da Internet. URL do Sítio de Internet – <https://brasilecola.uol.com.br/o-que-e/biologia/o-que-e-neuronio.htm>. 35
- Schneider, M. O. (2001). Introdução: Rede neural x rede artificial. 55
- Schwartz, G. F., Veronesi, U., e Clough, K. B. e. a. (2006). Consensus conference on breast conservation. *J. Am Coll Surg*, 203(2):198–207. 28
- Selley, R. R. e Tate, P. (2003). *Principles of Anatomy & Physiology*. 2.<sup>a</sup> edition. 8, 25
- Silva, R. C. F. (2013). Tomografia computadorizada e risco de câncer. pages 39–40. 23
- Skaane, P., Gullien, R., Bjørndal, H., Eben, E. B., Ekseth, U., e Haakenaasen, U. e. a. (2012). Digital breast tomosynthesis (dbt): Initial experience in a clinical setting. *Acta Radiol*, 53(524):9. 24
- Soares, P. (2010). *Radioterapia no cancro da mama*. 26
- Society, A. C. (2017). Breast ultrasound. Sítio da Internet. URL do Sítio de Internet – <https://www.cancer.org/cancer/breast-cancer/screening-tests-and-early-detection/breast-ultrasound.html>. 21
- Street, W. N., Wolberg, W. H., e Mangasarian, O. L. (1992). Nuclear feature extraction for breast tumor diagnosis. 96
- Street, W. N. X. (1999). A system for remote cytological diagnosis and prognosis of breast cancer. 19
- Torres, P. (2008). *Manual Merck de informação médica*. 11, 15