

# AValiação DE TÉCNICAS DE SEGMENTAÇÃO PARA LEUCÓCITOS EM IMAGENS DE SANGUE

Luis Henrique Silva Vogado, Rodrigo de Melos Souza Veras, José de Oliveira Lins

Universidade Federal do Piauí (UFPI), Brazil

lhvogado@gmail.com, rveras@ufpi.edu.br, joselinsneto182@hotmail.com

**Resumo:** A leucemia é um tipo de câncer que se origina na medula óssea e é caracterizado pela proliferação anormal de leucócitos no sangue. Para que ocorra a identificação correta dos linfoblastos, os especialistas examinam cada lâmina de sangue do paciente. Este método é influenciado por fatores como a experiência do hematologista e uma grande quantidade de trabalho por analisar imagem por imagem, isso pode resultar em relatórios não padronizados e até erros. Uma solução de baixo custo e eficiente é a utilização de sistema que examine as imagens microscópicas de sangue. Concluiu-se a partir da revisão literária que o processo de automação desse sistema depende de uma segmentação adequada. Neste trabalho, comparamos 9 métodos de segmentação em três bases de imagens públicas com o objetivo de verificar os erros nos métodos a fim de determinar qual deles apresenta os melhores resultados.

**Palavras-chave:** Segmentação; leucemia; avaliação; algoritmos.

**Abstract—** Leukemia is a type of cancer that originates in the bone marrow and is characterized by abnormal proliferation of white blood cells in the blood. In order to have correct identification of lymphoblasts, experts examine each blood blade patient. This method is influenced by factors such as the experience of the hematologist and a lot of work by analyzing image by image, this can result in non-standard reports and even errors. A low-cost, efficient solution is to use the system to examine the microscopic images of blood. It was concluded from the literature review the process automation of this system depends on an appropriate segmentation. In this study, we compared nine methods of segmentation in three public image databases in order to check for errors in the methods in order to determine which one provides the best results.

**Keywords:** Segmentation; leukemia; evaluation; algorithms.

## I. INTRODUÇÃO

A medula óssea possui uma predisposição para produzir praticamente todas as células sanguíneas, dentre elas as plaquetas, hemácias e leucócitos. Estes últimos participam ativamente do sistema imunológico humano, auxiliando na defesa do organismo no combate a invasores. As células-mães presentes na medula, igualmente denominadas células-tronco ou

célula precursora, produzem em média 100 milhões de leucócitos por dia. Durante uma invasão ao corpo humano, essas células passam a produzir mais leucócitos que defendem de dois modos: realizando a fagocitose e estimulando a produção de anticorpos.

A leucemia pode ser classificada em leucemia Aguda (LA) e leucemia Crônica (LC); a diferença entre as duas é o nível de maturação das células neoplásticas. A LA gera um crescimento anormal de células em um curto espaço de tempo, sendo necessário o rápido início do tratamento. Ademais, apesar de atingir majoritariamente crianças, também pode afetar adultos com mais de 65 anos. A LC tende a atingir pessoas mais velhas, pois o crescimento ocorre de forma mais lenta em células maduras.

O exame microscópico é a maneira mais econômica para a triagem inicial de pacientes com leucemia. Esse tipo de exame é feito manualmente o que acaba gerando cansaço no operador. Portanto, há a necessidade de um sistema com baixo custo e robusto que seja automático para evitar a intervenção do operador. Para auxiliar nesse diagnóstico são utilizadas técnicas de processamento de imagens, que possuem o objetivo de aperfeiçoar informações visuais utilizando-as como entrada para obter outras imagens como resultados. A Figura 1 apresenta um esquema geral de um sistema de diagnóstico de leucemia.

A análise feita nesse trabalho compara a eficiência de 9 técnicas de segmentação de leucócitos em imagens de sangue. Um dos grandes problemas ao se realizar esse procedimento neste tipo de imagem, é a quantidade de elementos presentes nelas com tons semelhantes. A segmentação da imagem é um processo fundamental no diagnóstico da doença, uma vez que todo o sistema de classificação da leucemia depende dessa etapa a fim de conseguir bons resultados.

No decorrer do trabalho apresentaremos diversas seções que compreendem etapas deste trabalho. Os algoritmos de segmentação avaliados na seção II. Esta seção descreve cada método presente na literatura os quais serão avaliados. A seção III de Experimentação apresenta as três bases utilizadas. A seção IV introduz a metodologia de avaliação. Na seção V, os resultados e as discussões e por fim, a conclusão é apresentada na seção VI.

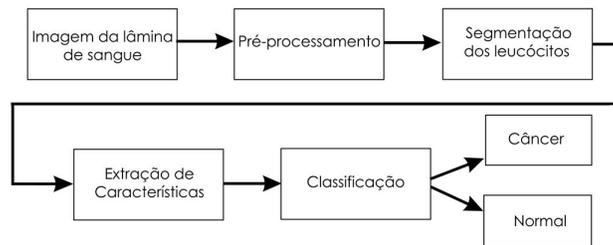


Figura 1 - Fluxograma de uma metodologia geral para um sistema automático de detecção de leucemia.

## II. ALGORITMOS DE SEGMENTAÇÃO AVALIADOS

Neste trabalho avaliamos 9 métodos de segmentação e a seguir apresentamos uma breve descrição dos algoritmos.

### A. Therra-Umpon [3]

O método proposto por Therra-Umpon [3] tem como principal característica o uso do *Fuzzy C-means clustering* (FCM) combinado com a morfologia matemática. O FCM é um algoritmo de agrupamento *fuzzy* que assim como o *K-means*, subdivide um determinado arquivo de dados em um número  $c$  de grupos com a finalidade de segmentar a imagem. Os autores estabelecem o número de *clusters* inicial como 10, para depois escolher os dois grupos que representam as regiões de núcleo e o não núcleo. Essa definição é executada assumindo que o centro de cada grupo que for menor que 60% da média de todos os centros é rotulado como núcleo. Caso contrário, é dito não núcleo. A morfologia matemática é utilizada na etapa de pós-processamento para remover pequenas regiões que não pertencem ao núcleo.

### B. Madhloom et al. [4]

Madhloom et al. [4] desenvolveram um método de segmentação automática baseado nas operações aritméticas combinadas com as técnicas de processamento de imagem. Primeiramente, realizaram a conversão de todas as imagens para tons de cinza, assim o núcleo da célula fica em destaque por ser o elemento mais escuro da imagem. A próxima etapa consiste no realce da imagem com o alongamento de contraste e a equalização de histograma e as submete a uma série de cálculos aritméticos como soma e subtração, com a finalidade de refinar o resultado da segmentação. Para finalizar é necessário usar uma filtragem para aumentar a intensidade do núcleo assim facilitando a aplicação de um limiar automático. A imagem resultante tem a presença do núcleo e o fundo branco.

### C. Nasir et al. [5]

O método proposto por Nasir et al. [5] utiliza diversas abordagens com o objetivo de segmentar os leucócitos. A fim de melhorar os resultados da segmentação, é aplicado um contraste linear para depois ser executado o agrupamento baseado no

sistema de cor HSI. Este foi escolhido pois possui grande facilidade de trabalhar com as componentes separadamente sem a preocupação de alterações nas outras partes. O algoritmo não supervisionado *K-means clustering* é aplicado para facilitar a segmentação. O processo de segmentação possui duas etapas, a primeira consiste na aplicação do *K-means* na componente H seguido do filtro da mediana com o crescimento de regiões, tendo como resultado o leucócito segmentado. A segunda abordagem trabalha com a componente S do leucócito gerado na etapa anterior, aplicando o mesmo pós-processamento, obtendo-se o núcleo.

### D. Mohaprata et al. [6]

O método de segmentação apresentado no trabalho de Mohaprata et al. [6] é baseado na utilização do *GK-Means* e na classificação do vizinho mais próximo. Com o objetivo de separar os leucócitos, a aplicação desses dois métodos de segmentação deixa o sistema mais robusto. O pré-processamento inicial retira os ruídos com o auxílio de filtros. O sistema de cor RGB foi substituído pelo  $L^*a^*b^*$  por reduzir a dimensão de cor que auxilia durante o processo de agrupamento.

### E. Mohamed et al. [8]

Mohamed et al. [8] foca na etapa de segmentação com a proposta de aperfeiçoar a técnica utilizada por Madhloom et al. [4], fazendo a redução da dependência do contraste inicial da imagem, já que em algumas regiões das células, os tons de cinza se assemelham, dificultando a etapa de segmentação. O aperfeiçoamento se dá de forma simples com o objetivo de se retirar os *pixels* que não pertencem ao núcleo do Leucócito, mas que acabaram se unindo nas etapas anteriores. A verificação é feita de forma que a área de cada elemento da imagem que for maior que 50% do tamanho da hemácia permanece, enquanto as outras são retiradas, com isso, a acurácia obtida é maior.

### F. Madhukar et al. [9]

Madhukar et al. [9] utiliza o *K-means* no sistema de cor  $L^*a^*b^*$  para segmentar um dos 4 tipos de leucemia. Um processo de segmentação que trabalha com imagens coloridas é mais robusto do que o

trabalhado em tons de cinza. Visto que durante o processo de agrupamento, o *K-means* acaba por dividir melhor as classes, já os elementos da imagem em tons de cinza se assemelham muito. Portanto obtêm-se taxas de erros maiores se as imagens não forem bem trabalhadas. Com isso em mente, um pré-processamento é realizado trocando a base de cor RGB pela base  $L^*a^*b$ . O sistema desenvolvido nesse trabalho tem como objetivo ser rápido, eficiente e robusto.

#### G. Nazlibilek et al. [16]

No sistema proposto no trabalho de Nazlibilek et al. [16], a imagem RGB é convertida para tons de cinza e é aplicado o método de Otsu. A partir desse resultado, a imagem é dilatada usando o elemento estruturante no formato de disco de tamanho 1. Os pequenos buracos da imagem binária são preenchidos e os componentes conectados da imagem são encontrados. São obtidos os conjuntos de propriedades de cada componente, tais como caixa delimitadora, área, comprimento do eixo principal e do eixo menor. Se o número dos componentes for maior do que um, é calculada a média do comprimento do eixo para cada um dos componentes da imagem. Esse cálculo é feito com a utilização do comprimento do eixo principal e do eixo menor do componente atual.

Além disso, é calculada a média do comprimento do eixo por imagem usando a média dos valores de média dos comprimentos dos eixos principais e a média dos comprimentos dos eixos menores de todos os componentes conectados da imagem. O tamanho de cada componente é calculado. Caso o seu número for maior do que um, os possuem 30% menos do que a média do comprimento do eixo são removidos a partir da imagem binária. Na imagem de saída é aplicada a erosão e multiplicação como pós-processamento.

#### H. Vincent et al. [10]

Em Vincent et al. [10] a etapa de segmentação é apenas uma coadjuvante que visa classificar a LLA utilizando uma Rede Neural. No entanto, acaba por ser um passo necessário para que haja a classificação. Com isso, no método proposto, a etapa de pré-processamento transforma a base de cor do RGB para o  $L^*a^*b$ , e o agrupamento *K-means* divide as imagens em 3 grupos baseado na informação de cor. Esses 3 grupos são, os leucócitos, as hemácias e as plaquetas. Com a conclusão do processo de segmentação, uma *building mask* é criada, onde se inicia com a aplicação de um realce de contraste seguida da binarização com a utilização do método de Otsu. As operações morfológicas de abertura e fechamento também fazem parte da *building mask*. Os elementos estruturantes dessas operações foram definidos com base em experimentos realizados na base de imagens.

#### I. Amin et al. [12]

A segmentação dos leucócitos utilizada por Amin et al. [12] no seu trabalho, utiliza os sistemas de cor HSV e RGB e como classificador, o *K-means*. Primeiramente, utilizou-se um ajuste de contraste na componente V como pré-processamento. A segmentação do núcleo tem como entrada as componentes H e S, sendo o número de grupos igual a 4, e o grupo escolhido como núcleo é aquele que possui o mínimo de vermelho. Como pós-processamento, os autores utilizaram as operações morfológicas de abertura e fechamento para preencher pequenas falhas no núcleo e eliminar pequenos ruídos resultantes da segmentação.

Com o objetivo de analisar as imagens resultantes dos métodos apresentados, foram utilizadas métricas disponíveis na literatura: Especificidade, Acurácia, Precisão, Sensibilidade e o índice Kappa. A implementação das metodologias foi feita no MATLAB, assim como todos os testes que serão apresentados.

### III. EXPERIMENTOS

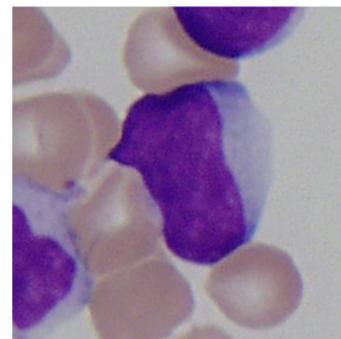
#### A. Base de Imagens

Foram utilizadas três bases públicas para efetuar a avaliação das metodologias, a ALL-IDB 2, BloodSeg e Leukocytes. A ALL-IDB 2 contém uma célula por imagem e um total 260 imagens com resolução nativa de 2592x1944, capturada com uma câmera PowerShot G5 e formato TIF.

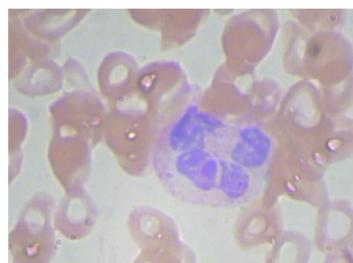
Já a base BloodSeg foi disponibilizada no artigo de Mohamed et al. [8] e conta com 368 imagens. A técnica utilizada para obter as imagens foi a *Gismo Right* junto com um microscópio e uma câmera de cor CCD. A resolução é de 640x480 *pixels*.

A base Leukocytes foi disponibilizada no trabalho [17], possui imagens de quatro tipos de leucócitos demarcadas com bordas vermelhas. Essas foram redimensionadas para 198x189 para se padronizar aos testes. Foram disponibilizadas 149 imagens, dessas obtivemos apenas 107.

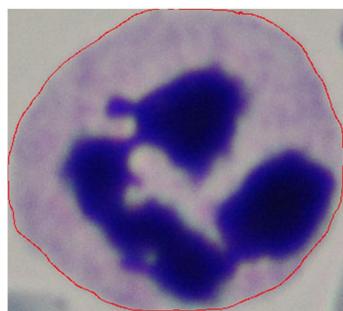
As bases possuem características distintas de cor, tamanho e contraste que proporcionam uma melhor avaliação.



(a) Leucócito da base ALL-IDB 2



(b) Leucócito da base BloodSeg



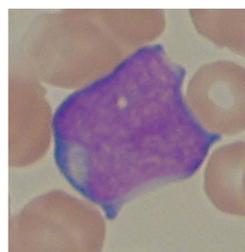
(c) Leucócito da base Leukocytes

Figura 2 - Exemplo das bases de imagens.

#### IV. METODOLOGIA DE AVALIAÇÃO

Como avaliação da metodologia proposta, utilizamos de um sistema que recebe como entrada a imagem binária resultante do algoritmo e o padrão ouro também em binário. Com as essas imagens como entrada, são calculados os valores da matriz de confusão, são eles: Verdadeiro Positivo (VP), Falso Negativo (FN), Falso Positivo (FP) e Verdadeiro Negativo (VN) [14]. Esse cálculo é feito comparando os *pixels* da imagem resultante da metodologia com os *pixels* do padrão ouro.

Os valores foram demarcados com cores para uma melhor representatividade do método (Figura 3). A taxa de VP é demarcada com a cor violeta e representa os *pixels* que são demarcados como núcleo pelo algoritmo e no padrão ouro. Já o FN representado pela cor vermelha corresponde aos *pixels* que são rotulados como não núcleos pelo algoritmo e como núcleo no padrão ouro. Os valores de FP, que correspondem aos *pixels* de cor azul que são incorretamente informados como positivos, ou seja, rotulados como núcleo pelo algoritmo e não núcleo pelo padrão ouro. Por fim temos o valor de VN que são os *pixels* corretamente informados como negativos, representados pela cor branca.



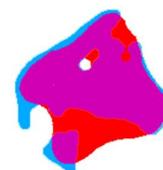
(a) Amostra de sangue



(b) Padrão Ouro



(c) Segmentação automática



(d) Sobreposição de b e c

Figura 3 - Imagem exemplo do método de avaliação. Esses leucócitos pertencem a base ALL-IDB 2.

A partir desses valores, são calculadas as medidas de desempenho da metodologia. Dentre essas medidas, tem-se Especificidade (E). Uma de suas definições é a de que o sistema tem a capacidade de predizer corretamente a ausência da condição para casos que realmente não a tem, ou seja, a porcentagem de amostras classificadas corretamente como positivas sobre o total de amostras positivas. O seu cálculo é expresso pela Equação (1):

$$E = \frac{VN}{VN + FP} \quad (1)$$

A medida de Precisão (P) reflete a proporção de VP em relação a todas as precisões positivas, seu cálculo é expresso pela Equação (2).

$$P = \frac{VP}{VP + FP} \quad (2)$$

Já a Sensibilidade (S) ou *Recall* é a divisão da taxa obtida de VP da imagem pelas condições em que o algoritmo marcou como FN somada ao valor de VP. A Equação (3) abaixo ilustra o seu cálculo.

$$S = \frac{VP}{VP + FN} \quad (3)$$

Além dessas três medidas, é utilizada a Acurácia (A). A soma das amostras positivas e negativas que foram classificadas corretamente, divididas pela soma

de todos os valores obtidos. A representação deste cálculo se encontra na Equação (4).

$$A = \frac{VP+VN}{VP+VN+FP+FN} \quad (4)$$

O índice Kappa é usado como uma medida adequada de precisão, pois representa inteiramente a matriz de confusão, já que, leva todos os elementos da matriz em consideração. O cálculo é representado pelas Equações (5), (6) e (7) (ver Tabela 1).

$$K = \frac{\theta_1 - \theta_2}{1 - \theta_2},$$

$$\theta_1 = \frac{VP+VN}{VP+VN+FP+FN},$$

$$\theta_2 = \frac{\alpha + \beta}{\gamma^2},$$

E a e b são dados nas Equações (8), (9) e (10).

$$\alpha = (VP + FN) * (VP + FP),$$

$$\beta = (VN + FN) * (VN + FP), \quad (9)$$

$$\gamma = (VP + VN) * (FP + FN), \quad (10)$$

Ele leva todos os elementos da matriz em conta, em vez de apenas os que representam a quantidade de classificações verdadeiras, que por sua vez ocorrem quando o cálculo da precisão geral de classificação. O nível de acurácia foi classificado de acordo com [15], em: ruim, razoável, bom, muito bom e excelente (ver Tabela I).

Tabela I - Nível de acurácia de acordo com o índice Kappa.

Índice Kappa (K)	Qualidade
$K \leq 0,2$	Ruim
$0,21 \leq K \leq 0,4$	Razoável
$0,41 \leq K \leq 0,6$	Bom
$0,61 \leq K \leq 0,8$	Muito bom
$K \geq 0,81$	Excelente

O valor do índice Kappa é utilizado como principal meio de comparação entre os métodos apresentados na próxima seção.

## V. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados presentes na Tabela II, III e IV apresentam as médias dos valores de Especificidade, Precisão, Sensibilidade, Acurácia e índice Kappa das imagens executadas em cada algoritmo. Dentre os métodos, apenas o método de Nasir et al. [5] obteve o valor K acima de 0.81 em todas as bases, sendo assim considerado um excelente algoritmo.

O algoritmo de Therra-Umpon [3] apresentou bons resultados na bases ALL-IDB 2 e Leukocytes, com um índice K igual a 0.9247 e 0,8728. Devido a grande quantidade de grupos, os diversos elementos que não fazem parte do núcleo, como as plaquetas e as hemácias, são rotulados como FP, diminuindo o valor de P. Para contornar o problema dos ruídos, o autor aplica uma restrição que elimina os grupos em que o centro é menor que 60% da média de todos os centros. Com isso, apenas a região do núcleo ficará na imagem. Esse tipo de restrição elimina grande parte dos elementos rotulados como FP e faz com que a taxa de Precisão aumente. Por trabalhar com tons de cinza, ao segmentar as imagens da base BloodSeg, os leucócitos e as hemácias ficam com tons semelhantes fazendo com que o algoritmo as agrupe juntamente com o núcleo. Esse tipo de problema não é resolvido com a restrição dos núcleos e faz com que o valor de P e de S caia, assim como o de K. Essa adversidade apresentada pela base BloodSeg afeta todos os algoritmos implementados que trabalham com tons de cinza.

Como o método proposto por Madhloom et al. [4] trabalha com tons de cinza, o mesmo tem mais dificuldade em segmentar os leucócitos da base BloodSeg. Ao fim da segmentação, há um grande número de ruídos que não são eliminados com o pós-processamento. Mesmo apresentando uma baixa precisão, o índice Kappa é considerado muito bom. Na base ALL-IDB 2 o índice é rotulado como excelente, isso se deve ao bom contraste entre o fundo e os leucócitos. Na Leukocytes, o algoritmo apresentou excelente Precisão e Sensibilidade, mas o seu índice K é apenas considerado bom. Isso se deve ao fato de que alguns leucócitos apresentam tonalidades mais claras no interior do núcleo, devido à alta sensibilidade do algoritmo, ele acaba por segmentar essas regiões mais claras. Este detalhe colabora com o baixo índice K, que não chega a ser excelente. No geral a metodologia apresentou bons resultados, mas não pode ser considerada a mais robusta dentre todos.

Em Nasir et al. [5] o método entregou excelentes valores de Precisão, Sensibilidade e Acurácia. O sistema de cor HSI provou ser muito eficiente, uma vez que os seus componentes de tonalidade, saturação e intensidade são independentes um do outro. Assim, cada componente pode ser processado separadamente sem se preocupar com uma correlação entre elas. Onde, observou-se que o componente H contém mais atributos do WBC enquanto o componente S contém as características do núcleo. Isso fez com que o método ficasse mais preciso e robusto para a aplicação *K-means* em cada um. Além disso, a aplicação do

contraste linear, antes da segmentação, remove as hemácias antes do processo de agrupamento, de modo que elas não sejam segmentadas em conjunto com os leucócitos, colaborando, assim, com uma taxa de precisão elevada. Na base Leukocytes, seu trabalho obteve os maiores valores em todas as medidas de desempenho.

Dentre os métodos que utilizam o *K-means*, o de Madhukar et al. [9], em alguns casos, segmenta apenas as bordas dos núcleos. Isso acontece durante a seleção do *cluster*. Esse tipo de problema acaba marcando as bordas como FP e zerando a taxa de VP, consequentemente os valores gerais de P e S. Por usar uma abordagem simples e baseada apenas na utilização do *K-means* e do sistema de cor  $L^*a^*b$ , esse método apresenta um resultado muito bom na base ALL-IDB 2 e excelente na base BloodSeg e Leukocytes.

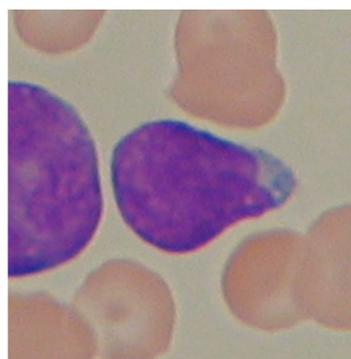
O índice Kappa que o método de Nazlibilek et al. [15] obteve é considerado ruim, isso se deve a luminosidade não homogênea da base BloodSeg, fazendo com que muitos elementos que não são núcleos, sejam rotulados como núcleos. Apesar dos valores bem baixos na respectiva base, na ALL-IDB 2, devido a sua ótima qualidade de imagens o método obtém uma excelente Precisão, um bom valor de Sensibilidade e um índice K de 0,8132. Na base Leukocytes, o método eliminou parte de alguns leucócitos devido ao seu tratamento de ruídos, mas isso não influenciou tanto no seu resultado, sendo considerado também excelente nesta base.

O método de Vincent et al. [10] trata o problema das bordas, mas é necessário um estudo prévio para definir o tamanho dos elementos estruturantes para se adequar ao tamanho da base. Mohaprata et al. [6] usa o GK-means e o KNN realizando uma reconstrução morfológica para evitar a segmentação apenas das bordas. Com a execução desses dois algoritmos faz com que o método seja mais robusto que os demais e mais preciso, mesmo em alguns casos, a reconstrução não resolve completamente o problema das bordas e faz a precisão do algoritmo cair na base ALL-IDB 2. O problema encontrado na base Leukocytes é má determinação do grupo que contém o núcleo. Este problema fez os valores do método de Mohaprata et al. [6] caírem consideravelmente, apesar de apresentar resultados satisfatórios nas outras duas bases.

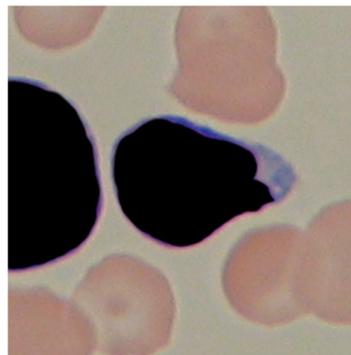
A abordagem de Mohamed et al. [8] elimina as deficiências com relação a segmentação indesejada dos glóbulos vermelhos, no entanto não elimina todos. Foi observado que na base ALL-IDB 2 e Leukocytes o método elimina os pequenos leucócitos, o que faz a taxa de precisão cair já que o valor de VP vai para 0. No geral, teve bons resultados sendo considerado um algoritmo muito bom em ambas as bases e razoável na última.

O trabalho proposto por Amin et al. [12] apresenta problemas quanto a escolha do grupo que contém o núcleo. No seu trabalho, ele utiliza o grupo que contém o mínimo vermelho presente na imagem. Esse

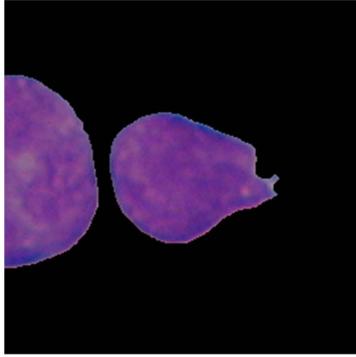
detalhe afeta o resultado do processamento na base BloodSeg devido a sua propriedade cor diferente. Os resultados obtidos nesta base são considerados ruins segundo a Tabela I, já que o algoritmo erra praticamente a escolha de grande parte dos grupos. Na base ALL-IDB 2, o grupo foi escolhido corretamente para grande parte das imagens. Isso colabora com o seu índice K considerado excelente. Outro parâmetro que não foi definido pelos autores do trabalho é o tamanho do elemento estruturante utilizado na etapa de pós-processamento. No trabalho, os autores afirmam que a escolha do seu tamanho foi dada de forma empírica. Este detalhe não auxilia na limpeza dos elementos que não fazem parte do núcleo. Durante a implementação desta etapa, utilizamos um elemento estruturante de tamanho também baseado nos testes. A Figura 4 apresenta o resultado dos algoritmos na base ALL-IDB 2.



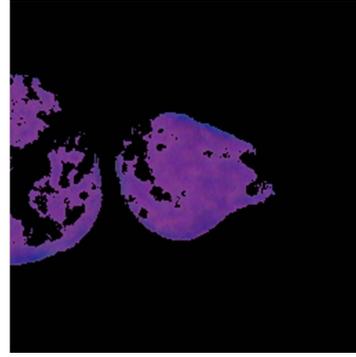
(a) Imagem original



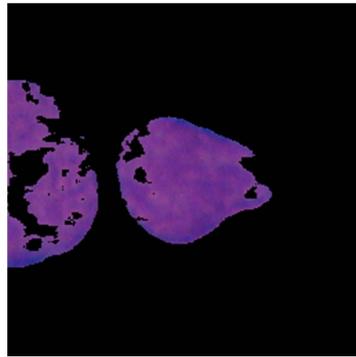
(b) Padrão ouro



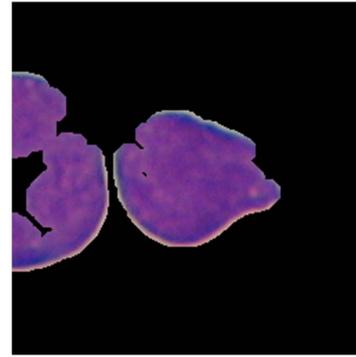
(c) Vincent et al. [10]



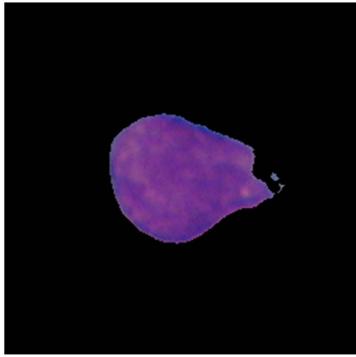
(g) Madhukar et al. [9]



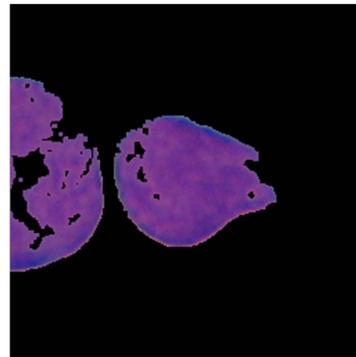
(d) Mohaprata et al. [6]



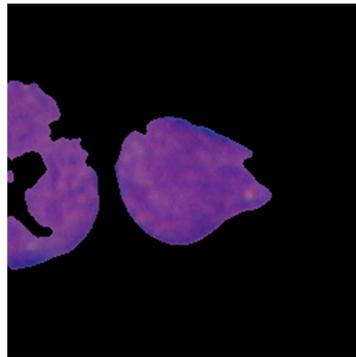
(h) Mohamed et al. [8]



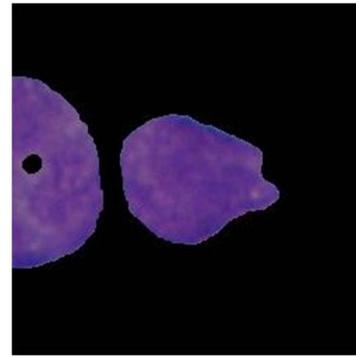
(e) Nazlibilek et al. [16]



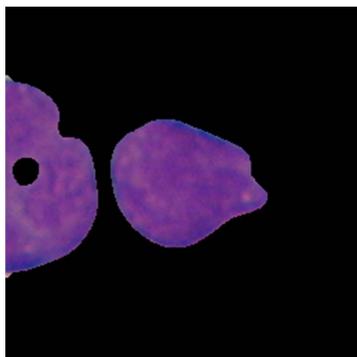
(i) Madhloom et al. [4]



(f) Nasir et al. [5]



(j) Amin et al. [12]



(k) Therra-Umpon [3]

Figura 4 - Resultado da segmentação dos leucócitos em cada método.

Tabela II. Resultados obtidos na base ALL-IDB 2.

	<b>A (%)</b>	<b>E (%)</b>	<b>P (%)</b>	<b>S (%)</b>	<b>K</b>
Therra-Umpon [3]	<b>98,34</b>	98,62	91,35	<b>96,62</b>	<b>0,9247</b>
Madhloom et al. [4]	96,20	96,75	79,12	94,59	0,8310
Nasir et al. [5]	97,81	<b>99,48</b>	<b>96,00</b>	88,70	0,9030
Mohaprata et al. [6]	96,86	98,43	85,20	90,68	0,8528
Mohamed et al. [8]	96,53	97,81	75,45	81,82	0,7621
Madhukar et al. [9]	94,39	99,14	83,50	68,57	0,7186
Nazlibilek et al. [16]	95,80	96,05	80,09	89,27	0,8132
Vincent et al. [10]	94,97	96,98	75,63	85,17	0,7709
Amin et al. [12]	95,80	97,00	82,32	88,12	0,8059

Tabela III. Resultados obtidos na base BloodSeg.

	<b>A (%)</b>	<b>E (%)</b>	<b>P (%)</b>	<b>S (%)</b>	<b>K</b>
Therra-Umpon [3]	95,10	95,29	56,42	90,31	0,6248
Madhloom et al. [4]	96,48	96,83	59,28	88,20	0,6649
Nasir et al. [5]	<b>99,22</b>	99,59	87,77	89,77	<b>0,8784</b>
Mohaprata et al. [6]	98,65	<b>99,83</b>	<b>92,84</b>	69,26	0,7765
Mohamed et al. [8]	98,14	98,39	73,38	92,44	0,7880
Madhukar et al. [9]	98,96	98,39	90,12	80,20	0,8361
Nazlibilek et al. [16]	85,79	86,64	15,81	51,46	0,1893
Vincent et al. [10]	99,09	99,28	81,39	<b>94,12</b>	0,8715
Amin et al. [12]	73,36	75,15	6,16	17,16	0,0280

Tabela IV. Resultados obtidos na base Leukocytes.

	<b>A (%)</b>	<b>E (%)</b>	<b>P (%)</b>	<b>S (%)</b>	<b>K</b>
Therra-Umpon [3]	94,39	97,75	97,28	87,99	0,8728
Madhloom et al. [4]	86,98	95,75	91,91	75,35	0,7168
Nasir et al. [5]	<b>94,92</b>	<b>98,73</b>	<b>98,05</b>	<b>88,06</b>	<b>0,8809</b>
Mohaprata et al. [6]	70,28	85,20	64,35	55,30	0,0428
Mohamed et al. [8]	78,50	98,59	61,44	41,82	0,4081
Madhukar et al. [9]	91,98	94,67	92,96	87,23	0,8245
Nazlibilek et al. [16]	92,85	92,93	92,18	86,83	0,8149
Vincent et al. [10]	79,10	90,54	78,32	63,67	0,5512
Amin et al. [12]	83,80	90,65	79,23	71,69	0,6340

## VI. CONCLUSÃO

Com o objetivo de avaliar 9 metodologias de segmentação para o problema de detecção de leucemia em imagens médicas, utilizamos três bases que, junto ao método de avaliação, conseguimos determinar qual metodologia é a mais robusta. Dentre os 8 métodos, apenas um apresentou os melhores resultados nas três bases obtendo um índice  $K$  excelente. Portanto é considerado o mais robusto na segmentação de imagens com propriedades diferentes.

Como a segmentação é considerada um passo importante no diagnóstico automático de diferentes sistemas computacionais, o trabalho em questão possui um importante papel no desenvolvimento de novas técnicas. Constatou-se que os métodos como um todo apresentaram bons resultados, entretanto necessitam de maior robustez para uma melhor performance em diferentes bases.

## REFERENCES

- [1] M. Madhukar, S. Agaian, and A. T. Chronopoulos, "Automated screening system for acute myelogenous leukemia detection in blood microscopic images," *IEEE Systems Journal*, vol. 8, no. 3, 2014.
- [2] K. Doi, "Computer-aided diagnosis in medical imaging: Historical review, current status and future potential," *Computerized Medical Imaging and Graphics*, pp. 198-211, 2007.
- [3] N. Therra-Umpun, "Patch-based white blood cell nucleus segmentation using fuzzy clustering," *ECTI. Transa. Electrical Eng. Elect. Commun*, vol. 3, pp. 15-19, 2005.
- [4] H. Madhloom, S. A. Kareem, H. Ariffin, A. A. Zaidan, H. O. Alanazi and B. B. Zaidan, "An automated white blood cell nucleus localization and segmentation using arithmetic and automated threshold," *Journal of Applied Science*, vol. 10, no. 11, pp. 956-966, 2010.
- [5] A. Nasir, M. Y. Mashor, and H. Rosline, "Unsupervised colour segmentation of white blood cell for acute leukaemia images," *2011 IEEE Int. Conf. Imaging Syst. Tech*, pp. 142-145, 2011.
- [6] S. Mohaprata, S. S. Samanta, D. Patra, and S. Satpathi, "Fuzzy based blood image segmentation for automated leukemia detection," *Devices and Communications (ICDeCom)*, pp. 1-5, 2011.
- [7] D. Graves and W. Pedryez, "Fuzy c-means, gustafson-kessel fcm, and kernel-based fcm: A comparative study," pp. 140-149, 2007.
- [8] M. Mohamed, B. Far, and A. Guaily, "An efficient technique for white blood cells nuclei automatic segmentation," *2012 IEEE International Conference on Systems, Man, and Cybernetics*, pp. 220 – 225, 2012.
- [9] M. Madhukar, S. Agaian, and A. T. Chronopoulos, "New decision support tool for acute lymphoblastic leukemia classification," *Image Processing: Algorithms and Systems X; and Parallel Processing for Imaging Applications II*, vol. 8295, 2012.
- [10] I. Vincent, K.-R. Kwon, S.-H. Lee, and K.-S. Moon, "Acute lymphoid leukemia classification using two-step neural network classifier," *Frontiers of Computer Vision (FCV)*, pp. 1-4, 2015.
- [11] R. D. Labati, V. Piuri, and F. Scotti, "All-idb: The acute lymphoblastic leukemia image database for image processing," *Image Processing (ICIP), 2011 18<sup>th</sup> IEEE International Conference on*, pp 2045-2048, 2011.
- [12] M. M. Amin, S. Kermani, A. Talebi, and M. G. Oghli, "Recognition of acute lymphoblastic leukemia cells in microscopic images using K-means clustering and support vector machine classifier," *Journal of Medical Signals and Sensors*, vol. 5, no. 1, pp. 49-58, 2015.
- [13] R. C. Gonzalez and R. E. Woods, *Digital Image Processing*, 3<sup>rd</sup> ed. São Paulo: Pearson Prentice Hall, 2010.
- [14] B. F. Chimieski and R. D. R. Fagundes, "Association and classification data mining algorithms comparicion over medical datasets," *Journal of health informatics (JHI)*, pp. 44-51, 2013.
- [15] J. R. Landis and G. G. Koch, "The measurement of observer agreement for categorical data," *Biometrics*, vol. 33, no. 1, pp. 159-174, 1977.
- [16] S. Nazlibilek, D. Karacor, T. Ercan, M. H. Sazli, O. Kalender, and Y. Ege, "Automatic segmentation, counting, size determination and classification of white blood cells," *Measurement*, pp. 58-65, September 2014.
- [17] O. Sarrafzadeh, H. Rabbani, A. Talebi, H. U. Bannaem, "Selection of the best features for leukocytes classification in blood smear microscopic images", *SPIE Medical Imaging 2014: Digital Pathology*, March 2014.