

UMA ABORDAGEM MULTI-TASK LEARNING PARA A CONTAGEM DE BACIOS DA TUBERCULOSE EM IMAGENS DE SSM

A MULTI-TASK LEARNING APPROACH FOR TUBERCULOSIS BACILLUS COUNTING IN SSM IMAGES

Vitória de Carvalho Brito
Programa de Pós Graduação
em Engenharia Elétrica,
Universidade Federal do Piauí
- Picos, Brasil
vitoriacarvalho@ufpi.edu.br

Patrick Ryan Sales dos
Santos
Departamento de Sistemas de
Informação,
Universidade Federal do Piauí
- Picos, Brasil
sales@ufpi.edu.br

Antonio Oseas de
Carvalho Filho
Departamento de Biologia,
Universidade Federal do Piauí
- Teresina, Brasil
antoniooseas@ufpi.edu.br

ABSTRACT

Tuberculosis is an infectious disease that affects the lungs, caused by Koch's bacillus and transmitted through the air. Despite being one of the main causes of death from infection, tuberculosis is curable and early treatment increases the chances of complete recovery and reduces the risk of transmission. Sputum smear microscopy is a traditional method for diagnosing and monitoring tuberculosis, but computational approaches have been developed to support specialists in this task. In this study, we propose a solution using the multi-task learning strategy, where two models share learning to generate density maps with bacilli presence locations and perform the regression of the amount of bacilli on the map. The method performed well in both tasks, extracting important features of the bacilli and obtaining a final count based on joint learning of the two networks.

Keywords

Tuberculosis; Koch's Bacillus; Multi-task Learning; UNet.

RESUMO

A tuberculose é uma doença infecciosa que afeta os pulmões, causada pelo bacilo de Koch e transmitida pelo ar. Apesar de ser uma das principais causas de morte por infecção, a tuberculose tem cura e o tratamento precoce aumenta as chances de recuperação completa e reduz o risco de transmissão. A baciloscopia de esfregaço de escarro é um método tradicional para o diagnóstico e monitoramento da tuberculose, mas abordagens computacionais têm sido desenvolvidas para apoiar os especialistas nessa tarefa. Neste estudo, propomos uma solução utilizando a estratégia de multi-task learning, onde dois modelos compartilham aprendi-

dizado para gerar mapas de densidade com locais de presença de bacilos e realizar a regressão da quantidade de bacilos no mapa. O método obteve bom desempenho em ambas as tarefas, extraindo características importantes dos bacilos e obtendo uma contagem final com base no aprendizado conjunto das duas redes.

Palavras-Chave

Tuberculose; Bacilo de Koch; Multi-task Learning; UNet.

1. INTRODUÇÃO

A tuberculose (TB) é uma infecção bacteriana que afeta principalmente os pulmões. Apesar disso, outros órgãos também podem ser afetados. A TB é causada pelo *Mycobacterium tuberculosis* (Mtb), também conhecido como bacilo de Koch. A transmissão da doença ocorre através da inalação de gotículas e aerossóis liberados no ar pela fala, espirro ou tosse de uma pessoa infectada [8]. Os principais sintomas da TB são: tosse, febre, sudorese noturna ou até mesmo perda de peso. No entanto, os sintomas da TB ativa podem ser leves por vários meses, o que pode levar a atrasos no controle da infecção [3].

Cerca de 10,6 milhões de pessoas em todo o mundo foram afetadas pela TB em 2021, resultando em 1,6 milhão de mortes, tornando a doença a segunda principal causa de morte por infecção no mundo, ficando atrás apenas da COVID-19 [15]. Embora os dados sejam alarmantes, é importante ressaltar que a TB é curável. Identificar a doença precocemente e seguir um tratamento eficaz pode aumentar as chances de recuperação, além de prevenir ou minimizar a disseminação da infecção. Portanto, é crucial que os indivíduos procurem assistência médica assim que perceberem os sintomas da tuberculose.

A TB pode ser diagnosticada através de exames laboratoriais, como radiografia de tórax, testes de cultura, testes moleculares rápidos e baciloscopia de escarro (SSM). Em geral, a SSM tem sido o principal método para o diagnóstico e controle do tratamento da TB. As amostras de escarro (muco pulmonar, saliva) são fixadas em lâminas e coloridas utilizando técnicas que marcam os bacilos ácido-resistentes (AFB) como células Mtb [17]. Geralmente, a técnica de coloração utilizada na SSM é a de Ziehl-Neelsen, que colore

os bacilos ácido-resistentes em vermelho e o fundo em azul metileno.

A realização de um exame de SSM é um processo demanda tempo e esforço, onde é necessário analisar pelo menos 100 campos de amostra. Por esta razão, o exame deve ser feito por um bacteriologista [9]. A análise de alguns slides pode ser difícil devido à semelhança de alguns componentes não bacterianos com as células do Mtb [17]. Assim, a sensibilidade do resultado está relacionada à experiência do especialista [10]. Nesse sentido, a automatização da análise das imagens de lâminas para detecção e contagem de bacilos pode ajudar o bacteriologista a realizar o diagnóstico de forma mais eficiente, reduzindo a fadiga e minimizando erros.

Existem várias abordagens computacionais sendo desenvolvidas para auxiliar o especialista no diagnóstico da tuberculose, que utilizam análise de imagens por meio de aprendizado profundo. No entanto, a detecção de bacilos pode ser um desafio durante o processamento das imagens, devido a fatores como baixa qualidade das imagens microscópicas e falta de conjuntos de dados disponíveis [5].

Neste trabalho, propomos uma abordagem para contagem de bacilos em imagens de SSM aplicando uma rede neural com duas saídas diferentes: uma para produzir mapas de densidade e outra para gerar a contagem dos bacilos. A estratégia adotada é um tipo de regularização denominado multi-task learning, onde aplicamos UNet, juntamente com os backbones da EfficientNet, e uma rede neural para regressão. O objetivo é que o modelo aprenda tarefas relacionadas simultaneamente, compartilhando características comuns entre elas. Nessa abordagem, foram exploradas algumas técnicas, tais como aumento de dados e otimização de parâmetros, com o objetivo de aprimorar a robustez do método.

2. TRABALHOS RELACIONADOS

A detecção da TB tem sido abordada em diversos estudos na literatura, que exploram avanços na qualidade das imagens das lâminas coradas, segmentação dos bacilos, classificação das lâminas com base na presença dos bacilos da TB e até mesmo na detecção dos próprios bacilos. Nesta seção, serão apresentados estudos recentes e relevantes relacionados aos métodos desenvolvidos com essa finalidade, que serão comparados com o método proposto neste trabalho.

O estudo conduzido por [16] propõe um novo modelo estatístico que utiliza aspectos de cor e forma para identificar os bacilos da tuberculose em um conjunto de dados composto por 43 imagens de SSM. Para aprimorar as imagens antes da etapa de segmentação, os autores empregaram técnicas de pré-processamento. A partir da segmentação, as características de cor e forma foram extraídas das imagens para alimentar o classificador K-NN. Os resultados apontaram uma accuracy média de 82,7% para identificação de bacilos únicos e sobrepostos, e uma accuracy de 99,1% na identificação de bacilos individuais de bacilos sobrepostos e outros objetos.

O estudo apresentado em [11] também emprega técnicas de pré-processamento, segmentação e classificação dos bacilos. Para a segmentação, é utilizado o método de agrupamento K-means, seguido pela avaliação de três redes neurais convolucionais pré-treinadas (VGG16, ResNet50 e SqueezeNet) para classificar as imagens segmentadas em bacilos ou células. Os autores testaram o método utilizando o banco de imagens ZN sputum smear microscopy image database (ZNSM-

iDB), composto por aproximadamente 2000 conjuntos de imagens em diferentes colorações. Os resultados alcançados foram uma accuracy geral de 97% utilizando a SqueezeNet.

O método proposto por [8] se diferencia dos estudos anteriores por utilizar um modelo de detecção de objetos, o RetinaNet, para a detecção de bacilos da TB. O treinamento e teste do modelo foram realizados em um conjunto de dados público com 928 imagens de SSM, o mesmo utilizado neste estudo, após a aplicação de técnicas de pré-processamento para melhorar a qualidade das imagens. Os resultados obtidos foram mAP de 0,794, recall de 0,8656, precision de 0,671 e f1-score de 0,7561.

Em [3], os autores enfatizaram a importância do pré-processamento das imagens de SSM, adotando técnicas de ajuste de brilho e contraste antes da etapa de segmentação dos bacilos. Eles compararam dois métodos de segmentação: a Rede Neural Artificial (ANN) e o classificador Bayesiano com Gaussian mixture model (GMM). O estudo obteve accuracy de 99,4%, J. index de 99,7% e AUC de 0,9999, utilizando imagens co-letadas pelos próprios autores.

O trabalho descrito em [18] apresenta um fluxo de trabalho composto por quatro etapas para a detecção de bacilos em lâminas de SSM. A primeira etapa utiliza processamento de imagens para aprimorar a qualidade das lâminas. Em seguida, são aplicadas as Generative Adversarial Networks (GANs) para a segmentação semântica das lâminas. Com as imagens segmentadas, os patches são extraídos e classificados, e uma regressão é utilizada para contar a quantidade de bactérias em cada patch. Para avaliar o método, os autores utilizaram um conjunto de dados de 46 pacientes ao longo de um período de seis meses. A classificação dos patches resultou em uma accuracy de 99,74%, recall de 0,967, precisão de 0,990 e f1-score de 0,960. Já a contagem das bactérias utilizando regressão resultou em um MSE de 0,0054.

Em [1], a detecção de bacilos é abordada por meio da melhoria da rede YOLOv5, conhecida como DA-YOLO. A abordagem utiliza dois mecanismos de atenção para obter características mais robustas por meio do backbone da rede. O método foi avaliado com um dataset contendo 1265 imagens de SSM, totalizando 9969 marcações de bacilos. Os resultados alcançados mostraram um mAP de 0,876, recall de 0,80 e precision de 0,81.

Ao se analisar os estudos mencionados, nota-se a relevância do pré-processamento de imagens na detecção de bacilos, o que também foi considerado na metodologia proposta neste trabalho. Embora a segmentação e detecção tenham sido promissoras em outras pesquisas, muitas delas utilizaram técnicas clássicas, incluindo o processamento de imagens. Embora eficazes, esses métodos podem ser limitados pelas características do dataset, dificultando a generalização da solução para diferentes imagens ou colorações.

Em termos gerais, os estudos revisados envolvem principalmente segmentação e detecção de bacilos, com uma ênfase maior na segmentação. Os métodos de detecção se baseiam em modelos amplamente utilizados para detecção de objetos e empregam imagens semelhantes às usadas neste estudo. Entre os trabalhos analisados, apenas o método proposto em [18] se assemelha ao nosso, já que realiza a contagem dos bacilos em um dos estágios. No entanto, nossa abordagem combina o aprendizado de duas saídas diferentes: o mapa de densidade e a contagem de bacilos. Além disso, exploramos estratégias como aumento de dados e otimização de parâmetros para aumentar a robustez do método.

3. METODOLOGIA

Nesta Seção, apresentamos a metodologia proposta, descrevendo cada uma das etapas realizadas. Inicialmente, as imagens foram obtidas por meio de um dataset público com imagens de SSM previamente anotadas. Em seguida, realizamos uma etapa de otimização de hiperparâmetros com apenas algumas épocas para definir a configuração ótima para o início dos experimentos. Com os hiperparâmetros definidos, realizamos um conjunto de experimentos utilizando o modelo proposto.

3.1 Dataset

As imagens de SSM usadas neste estudo foram obtidas de um conjunto de dados público disponibilizado pelo AI Research and Automated Laboratory Diagnostics no Kaggle [4]. O conjunto de dados contém 928 imagens, todas com uma resolução de 1224x1623 pixels e acompanhadas de um arquivo XML que contém marcações de bounding box para os bacilos. Algumas amostras do conjunto de dados são exibidas na Figura 1, acompanhadas de suas respectivas anotações de bacilos. Observa-se uma variação no aspecto visual das imagens, com alguns exemplos em que os bacilos estão mais destacados do que em outros.

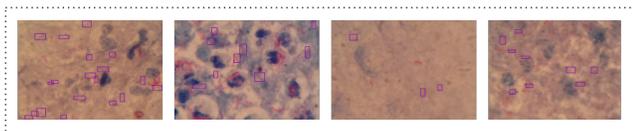


Figure 1: Exemplos de imagens do dataset com as respectivas anotações.

3.2 Modelo proposto

A arquitetura implementada neste trabalho aplica um tipo de regularização denominado multi-task learning (MTL-Unet), onde uma UNet foi utilizada para a geração dos mapas de densidade e uma rede neural para a regressão da quantidade de bacilos. A regularização é uma técnica complementar com o propósito de melhorar a generalização do modelo, aprimorando os resultados no conjunto de teste [6]. O multi-task learning, por sua vez, é uma técnica de regularização que envolve a resolução simultânea de diversas tarefas, possibilitando o compartilhamento de conhecimentos entre elas. Ao aprender várias tarefas ao mesmo tempo, o modelo pode adquirir representações mais abrangentes e resistentes, que contribuem para melhorar o desempenho em todas as tarefas.

A UNet é uma rede neural simétrica em formato de U, totalmente convolucional, originalmente desenvolvida para realizar segmentação de imagens biomédicas. A arquitetura da UNet compreende dois caminhos: o primeiro, denominado caminho de contração ou codificador, é composto por uma sequência de camadas de convolução, ativação e pooling, que permitem a captura do contexto da imagem de entrada. O caminho de expansão ou decodificador da UNet é responsável por expandir progressivamente a saída do codificador, que é menor em relação à entrada. Esse processo é realizado por meio de convoluções transpostas, que possibilitam a localização precisa de recursos de alto nível e informações espaciais [2]. Durante a etapa de expansão, ocorre uma série de upconvolutions e concatenações com mapas de

características correspondentes do caminho de contração.

A rede utilizada como backbone da UNet foi a EfficientNet [13], que aplica convoluções separáveis para deixar o modelo mais leve [12]. A EfficientNet apresenta 8 variações (EfficientNetB0 - EfficientNetB7), que se distinguem pelo dimensionamento da rede. Dessa forma, a arquitetura fundamental da EfficientNet pode ser adaptada para atender às limitações de diferentes problemas e ambientes computacionais [2].

Neste estudo, a UNet foi empregada para aprender os mapas de densidade das imagens de SSM, os quais constituem a primeira saída da arquitetura proposta. A segunda saída da arquitetura é uma rede neural que visa aprender a regressão da quantidade de bacilos presentes no mapa de densidade. Através de uma abordagem de multi-task learning, ambas as saídas compartilham pesos durante o processo de treinamento, permitindo que os modelos atuem em conjunto para aprender as características do problema. A Figura 2 ilustra a arquitetura proposta e na sequência as etapas são explicadas.

Analisando a Figura 2, percebe-se que, exceto pelo bloco de regressão, que é uma Multilayer Perceptron, o fluxo de trabalho segue uma UNet padrão, onde a saída é o mapa de densidade. O objetivo do mapa de densidade é destacar as áreas onde há presença de bacilos. As linhas azuis na figura representam os resíduos da rede, que são transmitidos de uma camada para outra. Na arquitetura proposta, esses resíduos, que são mapas de características, são concatenados e enviados ao bloco de regressão, onde há uma rede neural responsável por realizar a regressão da quantidade de bacilos com base no vetor de entrada. Os resíduos são cruciais para ambas as saídas, já que os dois modelos compartilham pesos e o erro final se propaga para ambos. Portanto, as duas tarefas são realizadas simultaneamente para que a rede possa obter um aprendizado mais eficiente.

3.3 Construção do modelo MTL-Unet

O primeiro passo para a realização dos experimentos foi a geração dos mapas de densidade para o treinamento, ou seja, o ground truth. Em um mapa de densidade, geralmente os pixels com maior intensidade de cor indicam alta densidade por algum fenômeno, anomalia ou característica naquele local. Neste trabalho, a ideia é que os locais que contenham bacilos sejam os pontos mais densos do mapa, considerando as características dos bacilos. Dessa forma, a rede aprenderia a atribuir uma densidade maior às regiões que contenham bacilos.

Para a geração desses mapas, aplicamos o filtro gaussiano nas imagens, atribuindo intensidade maior aos centroides das anotações originais do dataset, ou seja, às regiões onde estão os bacilos. Já na rede de regressão, utilizamos como rótulos a quantidade de bounding boxes anotadas em cada imagem. O dataset foi dividido aleatoriamente em treino, validação e teste, numa proporção de 70%, 10% e 20%, respectivamente. Após a divisão, os mesmos conjuntos foram utilizados em todos os experimentos.

Outra estratégia explorada neste trabalho foi o aumento de dados. Como visto nos trabalhos descritos na Seção 2, o pré-processamento é uma etapa fundamental na detecção de bacilos, devido à variação nas imagens de lâminas e nos próprios bacilos. Assim, além de avaliar dois diferentes esquemas de cores nas imagens, aplicamos dois tipos de aumento de dados, um com operações espaciais e outro

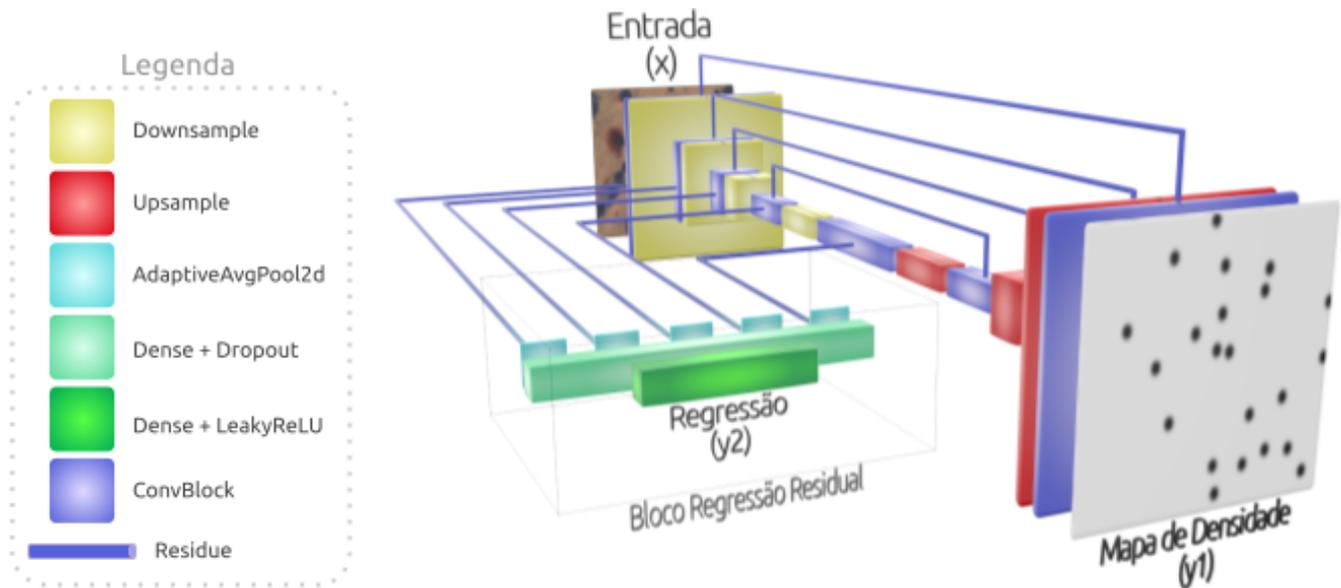


Figure 2: Ilustração da arquitetura proposta.

com operações de intensidade, a fim de proporcionar uma melhor robustez e generalização no aprendizado do modelo. As operações espaciais foram: HorizontalFlip, VerticalFlip, RandomRotate90 e Transpose, enquanto as de intensidade foram: RandomBrightnessContrast, CLAHE, GaussNoise e HueSaturationValue. Todas essas operações foram realizadas dinamicamente, ou seja, em tempo de execução, com probabilidade de 0,5.

Utilizamos o Grid Search para a otimização de alguns hiperparâmetros, a saber: otimizador (Adam e SGD), backbone (EfficientNetB0, EfficientNetB2, EfficientNetB4 e EfficientNetB6), loss (L2 e Huber) e canal de cor (RGB e LUV). Para executar o Grid Search, utilizamos apenas 10 épocas para encontrar o melhor valor de cada hiperparâmetro dentro do espaço de busca. Também aplicamos os dois tipos de aumento de dados dentro da otimização. Os parâmetros selecionados pelo Grid Search, bem como os demais hiperparâmetros utilizados na solução, estão detalhados na Tabela 1.

Por limitações de custo computacional, definimos um tamanho de 320×320 para as imagens, por ser múltiplo de 32 e não ser tão pequeno a ponto de não fornecer informações suficientes dos bacilos. Com relação ao batch size, utilizamos 16, que foi o valor máximo suportado no nosso ambiente computacional. Utilizamos 80 épocas de treinamento e um learning rate de 0,0007. Outro ponto importante é que aplicamos a técnica de fine-tuning, utilizando os pesos da ImageNet para o backbone escolhido.

Para avaliar os experimentos, utilizamos, além da loss, duas métricas de validação: Peak Signal-to-Noise Ratio (PSNR) e R2. O PSNR é uma das métricas mais populares para medição de qualidade de reconstrução de imagens [14]. Essa métrica é definida como a razão entre a potência máxima do sinal (ou seja, a energia da imagem original) e a potência do ruído da imagem reconstruída, medido em termos de mean squared error (MSE) entre as duas imagens. A outra métrica aplicada no trabalho foi a R2, usada para medir o quão bem um modelo de regressão linear se ajusta aos dados obser-

Table 1: Parâmetros utilizados nos experimentos.

Parâmetro	Valor
Tamanho da imagem	320×320
Canal	RGB
Backbone	EfficientNetB2
Otimizador	Adam
Loss	L2
Batch size	16
Épocas	80
Learning rate	0,0007

vados. O valor de R2 varia entre 0 e 1, sendo que valores mais próximos de 1 indicam um melhor ajuste do modelo aos dados observados. Em suma, utilizamos uma métrica que avalia a qualidade do mapa de densidade e outra que avalia a qualidade da regressão.

As implementações de código realizadas neste trabalho foram escritas na linguagem Python, utilizando a framework PyTorch, e executadas em uma máquina com a seguinte configuração: processador Intel Xeon E5-2683 v4 de 2.10GHz, memória RAM de 128 GB, placa de vídeo Nvidia Tesla K80 24GB e sistema operacional Ubuntu 18.04 LTS.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nesta Seção, apresentamos e discutimos os resultados alcançados com a execução da metodologia proposta. Dividimos nossos testes em 4 experimentos, a fim de explorar o uso do aumento de dados nas imagens. A Tabela 2 mostra os resultados obtidos em cada experimento, enquanto os gráficos de desempenho de treinamento e validação estão na Figura 3.

É importante ressaltar que utilizamos uma loss ponderada no modelo, por este motivo os valores estão numa escala maior do que comumente observamos na literatura. A

utilização de loss ponderada em multi-task learning é uma técnica que pode ser útil para melhorar o desempenho do modelo. Essa técnica consiste em atribuir diferentes pesos às funções de loss de cada uma das tarefas, de forma a dar mais importância àquelas que são mais críticas para o problema em questão. Neste caso, a tarefa mais crítica é a geração dos mapas de densidade.

Observando os resultados alcançados, percebe-se que, quanto mais difícil o treinamento, ou seja, quanto mais operações de aumento de dados para dificultar o aprendizado, melhores os resultados. Sendo assim, o experimento 4 obteve melhor desempenho, mostrando que combinar as operações de intensidade e de espaço ajudaram o modelo a aprender mais padrões dos bacilos. Com relação ao experimento 1 (sem aumento de dados), é possível perceber um overfitting, pois o modelo consegue aprender facilmente no treinamento, mas apresenta os menores resultados na validação, ou seja, não consegue generalizar bem.

Em geral, valores mais altos de PSNR indicam uma melhor reconstrução [7] e o valor máximo depende do problema abordado. Como é possível perceber na literatura relacionada (Seção 2), a detecção de bacilos é um problema complexo, devido aos desafios mencionados, como baixa qualidade das imagens microscópicas, variação nas características de cor e forma dos bacilos e indisponibilidade de conjuntos de dados. Dessa forma, o PSNR alcançado, juntamente às métricas de loss e R2, mostraram um desempenho satisfatório do modelo na reconstrução das imagens e contagem dos bacilos.

Para facilitar a compreensão dos resultados, disponibilizamos na Figura 4 as saídas do modelo para 3 amostras do dataset, além dos resultados obtidos em relação às métricas de validação. Nessa figura, temos dois exemplos mais fáceis (4(a) e 4(c)), considerando os aspectos visuais da lâmina e dos bacilos, e um mais difícil (4(b)).

Sobre os resultados apresentados na Figura 4, podemos destacar alguns pontos:

- É possível notar, principalmente nos exemplos (a) e (b), que o modelo aprendeu a deixar menos densas as regiões onde não há bacilos, que são os pontos mais claros;
- Nos exemplos (a) e (c), tanto a geração dos mapas quanto a regressão apresentaram resultados excelentes;
- No exemplo (b), é possível observar a complexidade da imagem, pois os bacilos assemelham-se a outras regiões e isso pode confundir o modelo, por este motivo o PSNR obteve um resultado menor. Em contrapartida, a regressão apresentou um resultado promissor, mostrando que os padrões aprendidos para a geração dos mapas foram suficientes para o modelo de regressão obter um bom ajuste.

Apesar da complexidade do problema, a abordagem proposta obteve resultados promissores. Além das considerações mencionadas, observou-se o impacto do aumento de dados na solução, tanto com as operações espaciais quanto com as de intensidade. Com isso, podemos perceber que a exposição do modelo a diferentes contextos das imagens tornou o aprendizado mais robusto, facilitando a capacidade de generalização para novos exemplos.

Em comparação aos trabalhos relacionados (Seção 2), apenas o trabalho de [17] utilizou uma etapa de contagem dos

bacilos, alcançado um MSE de 0,0054 na regressão. No entanto, o trabalho propõe um fluxo diferente, onde a contagem dos bacilos é feita em patches da imagem. Por sua vez, o método proposto neste trabalho utiliza as características aprendidas na geração do mapa de densidade para realizar a contagem, sendo assim, considera a imagem como um todo para a execução desta tarefa.

5. CONCLUSÃO

Neste trabalho, propomos uma metodologia baseada em multi-task learning para a contagem de bacilos da TB. Essa abordagem consiste em aprender duas tarefas simultaneamente: a geração de mapas de densidade dos bacilos e a regressão da quantidade de bacilos. Durante os experimentos, avaliamos diferentes hiperparâmetros e operações de aumento de dados, a fim de encontrar o melhor cenário para que o modelo alcançasse resultados robustos. Apesar da complexidade do problema, que envolve variações nas imagens e nas características visuais e estruturais dos bacilos, o método apresentou um desempenho satisfatório na geração de mapas de densidade e na contagem dos bacilos. A contagem dos bacilos é fundamental para o diagnóstico da TB e os mapas de densidade podem ser úteis para os especialistas, fornecendo informações adicionais sobre as regiões com maior probabilidade de conter bacilos.

Como trabalhos futuros, pretende-se:

- Utilizar outros datasets de imagens, públicos ou privados, com bacilos da TB;
- Explorar outras estratégias de pré-processamento visando a melhoria da identificação dos bacilos presentes nas imagens;
- Avaliar a utilização de um modelo de multi-task learning com 3 saídas para prever, além do mapa e da regressão, as bounding boxes com as detecções dos bacilos;
- Avaliar o modelo utilizando diferentes dimensões nas imagens.

6. REFERENCES

- [1] L. An, K. Peng, X. Yang, P. Feng, and P. Huang. Automated detection of tuberculosis bacilli using deep neural networks with sputum smear images. In *2022 5th International Conference on Pattern Recognition and Artificial Intelligence (PRAI)*, pages 1040–1045. IEEE, 2022.
- [2] B. Baheti, S. Innani, S. Gajre, and S. Talbar. Eff-UNET: A novel architecture for semantic segmentation in unstructured environment. In *Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition Workshops*, pages 358–359, 2020.
- [3] J. L. Díaz-Huerta, A. C. Téllez-Anguiano, J. A. Gutiérrez-Gnecchi, S. Arellano-Calderón, and J. C. Olivares-Rojas. Analysis and comparison of image processing and artificial intelligence algorithms to detect afb in pulmonary tuberculosis images. *Tuberculosis*, 134:102196, 2022.
- [4] Kaggle. Tuberculosis image dataset. Retrieved from <https://www.kaggle.com/saife245/tuberculosis-image-datasets>, 2020. Accessed November 13, 2022.

Table 2: Resultados.

Experimento	Descrição	Loss	PSNR	R2
1	Sem aumento de dados	3,55	20,39	0,73
2	Com aumento de dados espacial	4,32	21,70	0,69
3	Com aumento de dados de intensidade	3,79	20,42	0,71
4	Com os dois tipos de aumento de dados	2,76	21,70	0,77

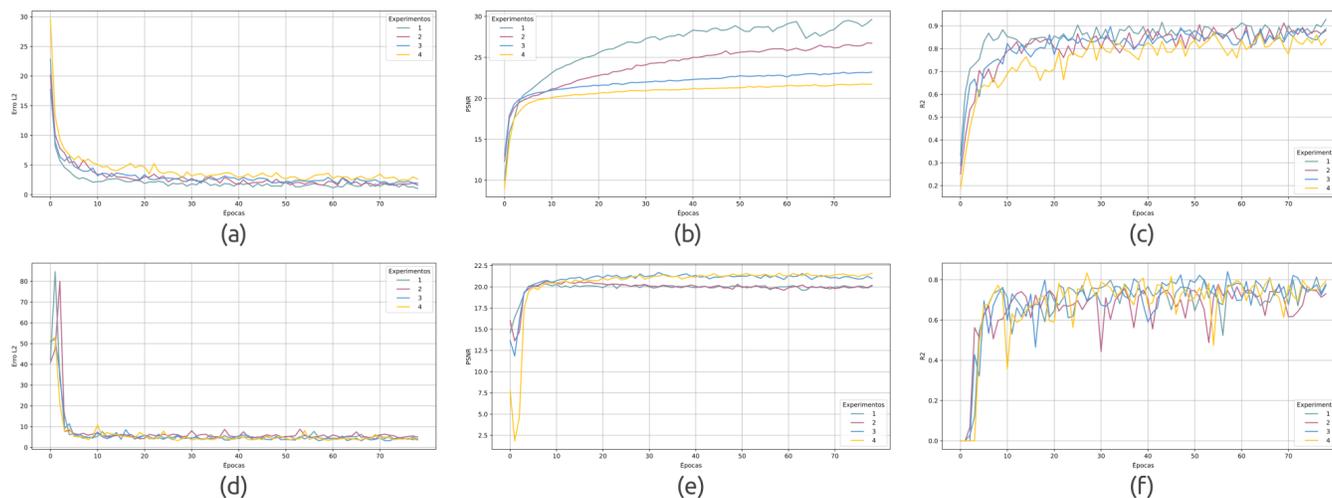


Figure 3: Gráficos de desempenho do modelo, onde (a), (b) e (c) referem-se ao treinamento e (d), (e) e (f) referem-se à validação.

	Imagem de entrada	Mapa de densidade real	Mapa de densidade predito	Contagem real	Regressão	Métricas
(a)				5	5,09	PSNR: 26,74 R2: 0,99
(b)				32	31	PSNR: 13,31 R2: 0,99
(c)				4	4,32	PSNR: 25,97 R2: 0,96

Figure 4: Predições do modelo para algumas amostras do dataset.

[5] E. Kotei and R. Thirunavukarasu. Computational techniques for the automated detection of mycobacterium tuberculosis from digitized sputum

smear microscopic images: A systematic review. *Progress in Biophysics and Molecular Biology*, 2022.

[6] J. Kukačka, V. Golkov, and D. Cremers.

- Regularization for deep learning: A taxonomy. *arXiv preprint arXiv:1710.10686*, 2017.
- [7] J. Leuschner, M. Schmidt, P. S. Ganguly, V. Andriashen, S. B. Coban, A. Denker, D. Bauer, A. Hadjifaradji, K. J. Batenburg, P. Maass, et al. Quantitative comparison of deep learning-based image reconstruction methods for low-dose and sparse-angle ct applications. *Journal of Imaging*, 7(3):44, 2021.
- [8] F. J. D. S. Reist, M. A. Veloso, F. M. M. Rodrigues, V. D. C. Brito, P. R. S. Dos Santos, J. D. L. Araújo, R. D. A. L. Rabelo, and A. O. De Carvalho Filho. Bacillusnet: An automated approach using retinanet for segmentation of pulmonary tuberculosis bacillus. In *2021 IEEE Symposium on Computers and Communications (ISCC)*, pages 1–4. IEEE, 2021.
- [9] M. Rico-Garcia, A. Salazar, C.-A. Madrigal, L.-J. Morantes-Guzman, and F. Cortes-Mancera. Detection of mycobacterium tuberculosis in microscopic images of ziehl-neelsen-stained sputum smears lacnem 2015. In *6th Latin-American Conference on Networked and Electronic Media (LACNEM 2015)*, pages 1–6. IET, 2015.
- [10] M. I. Shah, S. Mishra, M. Sarkar, and C. Rout. Automatic detection and classification of tuberculosis bacilli from zn-stained sputum smear images using watershed segmentation. In *International Conference on Signal Processing (ICSP 2016)*, pages 1–4, 2016.
- [11] V. Shwetha, K. Prasad, C. Mukhopadhyay, B. Banerjee, and A. Chakrabarti. Automatic detection of bacilli bacteria from ziehl-neelsen sputum smear images. In *2021 2nd International Conference on Communication, Computing and Industry 4.0 (C2I4)*, pages 1–5. IEEE, 2021.
- [12] S. Song, J. Jing, Y. Huang, and M. Shi. Efficientdet for fabric defect detection based on edge computing. *Journal of Engineered Fibers and Fabrics*, 16:15589250211008346, 2021.
- [13] M. Tan and Q. Le. Efficientnet: Rethinking model scaling for convolutional neural networks. In *International conference on machine learning*, pages 6105–6114. PMLR, 2019.
- [14] Z. Wang, J. Chen, and S. C. Hoi. Deep learning for image super-resolution: A survey. *IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence*, 43(10):3365–3387, 2020.
- [15] W. H. O. WHO. Tuberculosis. Retrieved from <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/tuberculosis>, 2021. Accessed March 05, 2023.
- [16] H. Yousefi, F. Mohammadi, N. Mirian, and N. Amini. Tuberculosis bacilli identification: a novel feature extraction approach via statistical shape and color models. In *2020 19th IEEE International Conference on Machine Learning and Applications (ICMLA)*, pages 366–371. IEEE, 2020.
- [17] M. Zachariou, O. Arandjelović, W. Sabiiti, B. Mtafya, and D. Sloan. Tuberculosis bacteria detection and counting in fluorescence microscopy images using a multi-stage deep learning pipeline. *Information*, 13(2):96, 2022.
- [18] M. Zachariou, O. Arandjelović, W. Sabiiti, B. Mtafya, and D. Sloan. Tuberculosis bacteria detection and

counting in fluorescence microscopy images using a multi-stage deep learning pipeline. *Information*, 13(2), 2022.