

Técnicas de Inteligência Computacional Aplicadas ao Diagnóstico de Tuberculose

Autor: Thales Francisco Mota Carvalho

Departamento: Escola de Engenharia (UFMG)

Programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica

Orientador: Prof. Dr. Frederico Gadelha Guimarães

Departamento de Engenharia Elétrica (UFMG)

Co-orientadora: Profa. Dra. Silvana Spíndola de Miranda

Faculdade de Medicina (UFMG)

Co-orientador: Prof. Dr. Ricardo de Oliveira Duarte

Departamento de Engenharia Eletrônica (UFMG)

I. INTRODUÇÃO

A tuberculose (TB), causada pelo bacilo *Mycobacterium tuberculosis* (Mtb), é uma das principais causas de morte por doença infecciosa no mundo, superando o HIV/AIDS, com cerca de 10 milhões de casos e 1,4 milhão de mortes estimadas em 2021 [1]. A transmissão ocorre por via aérea e, apesar de curável, ainda enfrenta desafios como subnotificação e subdiagnóstico, especialmente em países com maior incidência como Índia, Indonésia, Filipinas, Paquistão e Brasil [1], [2].

O diagnóstico da TB pulmonar é tradicionalmente realizado por métodos como baciloscopia, teste rápido molecular para tuberculose (TRM-TB) e cultura. A baciloscopia, embora amplamente utilizada por ser simples e de baixo custo, apresenta baixa sensibilidade e depende da experiência do examinador [3]. O TRM-TB oferece resultados rápidos, porém é mais caro, enquanto a cultura é o padrão-ouro, mas demorada [4].

Diante da necessidade de diagnósticos mais rápidos e precisos, diversas pesquisas têm proposto o uso de técnicas de Inteligência Artificial (IA), como *Machine Learning* (ML) e *Deep Learning* (DL), para automatizar a identificação do bacilo Mtb em imagens de baciloscopia. Métodos como *Convolutional Neural Networks* (CNNs) vêm sendo aplicados com bons resultados na classificação do bacilo Mtb [5]–[9].

Considerando o impacto da TB em escala mundial, o propósito da Organização Mundial da Saúde (OMS) de reduzir a subnotificação e melhorar o acesso ao diagnóstico e tratamento de TB, juntamente com a possibilidade de se aplicar técnicas computacionais para auxiliar na identificação da TB, o presente trabalho tem como objetivo propor uma nova abordagem semi-automatizada capaz de auxiliar o profissional de saúde no diagnóstico da TB por meio da baciloscopia.

Com o propósito de obter agilidade na detecção e diagnóstico da TB e deste modo contribuir para a redução de mortalidade pela doença, a principal questão de pesquisa que pretende-se explorar é a seguinte: como abordagens de processamento de imagens e inteligência artificial podem ser utilizadas para desenvolver um software que auxilie no

diagnóstico da TB, por meio da análise de imagens da baciloscopia? A resposta prática desta pergunta pode contribuir com uma implicação importante para aperfeiçoamento da baciloscopia, capaz de torná-la mais ágil e precisa.

II. MOTIVAÇÃO

Apesar da baciloscopia ser um método amplamente utilizado para o diagnóstico da TB, especialmente em regiões com infraestrutura limitada, trata-se de um procedimento manual, demorado e sujeito a falhas humanas, como fadiga e variabilidade entre examinadores. Diante da alta carga global da TB e das limitações da baciloscopia, torna-se urgente investigar alternativas que aumentem sua eficiência e precisão.

As técnicas de DL têm se mostrado promissoras para a análise de imagens médicas, mas grande parte dos estudos existentes foca em cenários idealizados, limitando-se à classificação de fragmentos isolados. Poucos avaliam o desempenho desses modelos em imagens completas de baciloscopia ou demonstram sua aplicação prática no ambiente clínico. Além disso, persistem desafios como a escassez de conjuntos de dados públicos representativos, dificuldades na generalização entre diferentes contextos laboratoriais e a ausência de ferramentas integradas ao fluxo real de trabalho.

Motivada por essas lacunas, esta pesquisa investigou de forma sistemática o uso de DL na detecção automatizada de bacilos Mtb. A partir de uma sequência criteriosa de experimentos, foram replicados modelos da literatura, avaliado diferentes métodos em múltiplos cenários e proposto um processo de detecção robusto. Além do desenvolvido um protótipo de Sistema de Diagnóstico Auxiliado por Computador (CADx, *Computer-Aided Diagnosis*) que permitiu que profissionais da saúde e IA trabalhem de forma colaborativa no diagnóstico.

III. OBJETIVOS

O objetivo geral deste trabalho é explorar de forma sistemática o uso de aprendizado profundo para detectar o bacilo Mtb e desenvolver um método e protótipo de software que automatize parte do processo de diagnóstico da TB pela baciloscopia. O protótipo proposto auxiliará um especialista na tarefa de análise microscópica, onde é realizado a contagem dos bacilos manualmente. Desta forma, o tempo de diagnóstico e risco de falha humana serão reduzidos, fazendo com que os índices de eficiência da baciloscopia sejam aprimorados.

A. Objetivos Específicos

- Entender os passos utilizados na técnica de baciloscopia e identificar quais são as limitações e dificuldades do ser humano em realizar esse procedimento manualmente;

- Analisar as soluções automatizadas propostas para auxiliar no diagnóstico da TB;
- Propor um novo conjunto de dados formado por imagens da baciloscopia para treinamento de métodos de ML;
- Analisar e implementar algoritmos de ML para identificar, destacar e contar os bacilos Mtb em imagens da baciloscopia;
- Realizar rigorosos para validar o desempenho dos algoritmos implementados em diferentes cenários de testes com distintos conjuntos de dados;
- Desenvolver um protótipo de apoio ao diagnóstico da TB a partir de imagens da baciloscopia.

IV. CONTRIBUIÇÕES

Diante da alta incidência de TB e das limitações da baciloscopia, método ainda amplamente utilizado, porém manual, cansativo e dependente de treinamento intensivo, esta tese apresenta avanços relevantes no uso de DL para apoiar o diagnóstico da TB. As contribuições podem ser categorizadas da seguinte forma:

Avaliação Abrangente de Modelos de DL: Foi conduzida uma análise sistemática de arquiteturas de CNNs e métodos de detecção de objetos em múltiplos conjuntos de dados. Essa avaliação permitiu identificar modelos com melhor desempenho, como a Faster R-CNN, além de mapear o comportamento dos métodos em diferentes contextos.

Desenvolvimento e Otimização de Métodos: Foram propostas estratégias como aumento de dados, particionamento de imagens e inserção de padrões negativos representativos. Além disso, foi implementado um sistema de votação para facilitar a anotação de dados, ampliando a generalização dos modelos.

Processo de Análise Autônoma: Foi elaborado um processo completo para diagnóstico automatizado, no qual as redes neurais analisam campos de visão sem interferência humana. A abordagem incluiu a avaliação do desempenho com base em métricas e análise crítica dos erros.

Protótipo de Software CADx: Desenvolveu-se um sistema de apoio ao diagnóstico da TB, integrando as técnicas estudadas. O protótipo é compatível com microscópios adaptados a smartphones e permite visualização, detecção e registro automatizado da contagem de bacilos.

Contribuição para a Literatura e Futuros Trabalhos: A tese oferece um panorama abrangente do uso de DL na baciloscopia, além de sugerir direções claras para pesquisas futuras, como estratégias de personalização por laboratório e criação de bases de dados colaborativas.

Análise Crítica e Perspectivas Futuras: Os resultados foram acompanhados de reflexões sobre limitações, desafios técnicos e possibilidades de melhoria. A tese contribui tanto com soluções aplicáveis quanto com uma visão crítica do campo, essencial para orientar inovações responsáveis.

V. RESULTADOS E DISCUSSÕES

Esta pesquisa criou um novo conjunto de dados e realizou oito experimentos para investigar a viabilidade do uso de DL na detecção automatizada de bacilos Mtb em imagens

de baciloscopia, partindo de cenários idealizados até chegar a um sistema aplicável em contextos reais. Cada experimento foi projetado com objetivos distintos, permitindo aprofundar o entendimento do problema, avaliar estratégias diversas e construir uma solução prática.

Criação de um novo conjunto de dados: Visando ampliar os testes em um cenário mais próximo do real, foi criado um novo conjunto de dados com imagens reais de lâminas de baciloscopia coradas por Ziehl-Neelsen, obtidas via a câmera de um smartphone acoplado a um microscópio óptico, em parceria com o Laboratório de Pesquisa em Micobactérias do FM/HC/UFMG/Brasil. As imagens foram anotadas por diferentes especialistas onde o consenso entre eles indicavam a localização dos bacilos Mtb. Esse conjunto permitiu avaliar as técnicas em condições mais realistas e preencher uma lacuna importante da literatura da escassez de bases de dados.

Experimento 1 – Avaliação de arquiteturas de CNNs em múltiplos conjuntos de dados: Este experimento teve como objetivo validar o desempenho de quatro arquiteturas de CNNs replicadas da literatura sobre conjuntos de dados compostos por fragmentos positivos e negativos. Foram utilizados três conjuntos de dados distintos da literatura junto com o conjunto de dados proposto e validação cruzada (5-fold). Os resultados mostraram que todas as arquiteturas obtiveram desempenho elevado, com AUC frequentemente acima de 0,95, e uma delas atingiu AUC de 0,98 em um dos conjuntos. A conclusão foi que, embora eficazes na classificação de fragmentos isolados, esses cenários representam ambientes controlados e idealizados.

Experimento 2 – Aplicação das CNNs em imagens completas com segmentação via K-means: Buscando aproximar o cenário da prática laboratorial, utilizou-se o algoritmo K-means para segmentar imagens completas em regiões de interesse (ROIs), que foram então classificadas pela melhor CNN do experimento anterior. A sensibilidade manteve-se alta (média de 0,88), mas a precisão caiu para 0,42, revelando grande número de falsos positivos. Isso demonstrou que o bom desempenho observado nos fragmentos não se transfere diretamente para imagens reais, evidenciando uma superestimação do modelo em cenários artificiais.

Experimento 3 – Ampliação de dados com padrões negativos mais representativos: Para enfrentar a baixa precisão do experimento anterior, fragmentos negativos foram extraídos de áreas não anotadas das imagens reais e utilizados para retreinamento da CNN. O modelo melhorado apresentou aumento na precisão (0,78) e no F-measure (de 0,56 para 0,72), com leve redução na sensibilidade. Isso reforça a importância de uma base de dados com negativos mais realistas para treinar redes mais robustas.

Experimento 4 – Avaliação de detectores de objetos end-to-end: Neste ponto, foram avaliados modelos de detecção direta como YOLO, SSD, RetinaNet e Faster R-CNN, adaptados à tarefa de detecção de bacilos em imagens completas. A Faster R-CNN superou os demais modelos, atingindo médias de AP (*Average Precision*) superiores a 0,70, e foi escolhida como base para os experimentos posteriores.

Experimento 5 – Estratégia de particionamento e pré-processamento com Faster R-CNN: Como as imagens variavam em tamanho e qualidade, foi proposta uma estratégia de particionamento (divisão em blocos menores) associada ao pré-processamento (equalização e remoção de ruído), padronizando a entrada da rede. Com essa estratégia, a Faster R-CNN obteve AP médio acima de 0,79, com redução de falsos positivos e estabilidade nos resultados, mesmo em imagens de baixa qualidade. Isso mostrou a viabilidade da abordagem para aplicação em ambientes laboratoriais diversos.

Experimento 6 – Avaliação de generalização entre conjuntos heterogêneos: Visando avaliar a distintos cenários, treinou-se a Faster R-CNN com um conjunto e testou-se em outro, com diferentes origens geográficas e condições de captura. Apesar da queda no desempenho esperada, o modelo demonstrou boa capacidade de generalização. Concluiu-se que, embora o uso de dados genéricos funcione, o ideal seria o treinamento com dados específicos de cada laboratório.

Experimento 7 – Sistema de votação e colaboração IA-humano: Modelos treinados com diferentes bases foram combinados por meio de um sistema de votação, com o objetivo de auxiliar na anotação de dados e avaliar os benefícios da colaboração entre o especialista humano e a IA. Ao analisar o tempo necessário para a anotação realizada por um especialista com o apoio desse sistema, observou-se uma redução de aproximadamente 73%, evidenciando o potencial da abordagem.

Experimento 8 – Simulação de diagnóstico automatizado completo: Neste experimento, simulou-se um diagnóstico autônomo usando todo o pipeline desenvolvido (Faster R-CNN com particionamento e pré-processamento). Em imagens representando campos reais do microscópio, o sistema alcançou precisão de 0,74. Embora promissor, o desempenho ainda é insuficiente para dispensar completamente a intervenção humana, reforçando o papel da IA como apoio ao diagnóstico, e não substituição.

Protótipo de Software CADx para apoio ao diagnóstico: Foi desenvolvido um protótipo funcional de software CADx, integrando as melhores estratégias avaliadas. O sistema permite leitura de imagens via câmera de smartphone acoplada ao microscópio, detecção automatizada de bacilos, contagem ajustável pelo especialista e registro dos resultados. Sua interface é intuitiva, e os testes de prova de conceito demonstraram sua aplicabilidade, representando um passo realista em direção à implementação clínica. O Apêndice A apresenta fotos e capturas de telas que demonstram o funcionamento do protótipo desenvolvido.

VI. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Este trabalho investigou o uso de técnicas de DL na detecção automatizada de bacilos Mtb em imagens de baciloscopia, combinando avanços metodológicos, construção de dados inéditos e validações experimentais em cenários realistas. A pesquisa abordou desde a curadoria de dados até o desenvolvimento de soluções integradas para apoio ao diagnóstico.

Foram replicadas arquiteturas de CNNs da literatura em múltiplos conjuntos, seguidas por estratégias como aumento

e balanceamento de dados, geração de padrões negativos e particionamento das imagens, visando melhorar a robustez e generalização dos modelos. A detecção foi conduzida com a Faster R-CNN, com resultados aprimorados graças à aplicação prévia de particionamento automático dos campos de visão.

Um novo conjunto de dados foi desenvolvido com apoio de especialistas, viabilizando a avaliação de modelos em condições mais próximas da prática. E foi proposto um sistema de votação entre modelos e testado um processo de diagnóstico automatizado baseado na contagem total de bacilos.

Através de uma sequência criteriosa de experimentos exaustivos, foi possível compreender, passo a passo, as vantagens e limitações dos métodos implementados. Cada experimento proporcionou conclusões valiosas, destacando-se:

- 1) As CNNs referenciadas na literatura de fato apresentam desempenhos impressionantes.
- 2) Contudo, sua aplicação em cenários de detecção, com o uso do *K-means* para extração de ROIs, revelou uma potencial superestimação de seu desempenho.
- 3) A fim de testar e minimizar essa superestimação, foi necessário um aumento na quantidade de padrões negativos de forma estratégica, visando uma representatividade mais abrangente.
- 4) De forma geral, métodos consagrados para detecção de objetos demonstraram bons resultados, com destaque para a Faster R-CNN, que superou os demais.
- 5) A adoção de uma estratégia de particionamento de imagens se mostrou eficaz para lidar com variações de tamanho nas imagens e potencializar o desempenho da Faster R-CNN, mantendo a padronização dos parâmetros.
- 6) A avaliação da Faster R-CNN usando diferentes conjuntos de dados (laboratórios/países) para treinamento e teste, evidenciou uma boa capacidade de generalização, embora para aplicações práticas, o ideal seria o uso de conjuntos de treinamento personalizados para cada laboratório/equipamento, visando máxima eficiência.
- 7) A construção destes conjuntos pode ser agilizada através de um sistema de votação, que integre diferentes modelos treinados com variados conjuntos de dados.
- 8) Concluiu-se que os métodos de DL têm o potencial de contribuir significativamente para a automação da contagem de bacilos, embora a presença de falsos positivos reforce a necessidade de intervenção humana em casos de incerteza por parte da rede.

Essas etapas culminaram no desenvolvimento de um protótipo funcional de software CADx, integrando os métodos testados e permitindo ao especialista revisar, ajustar e emitir laudos a partir dos resultados computacionais, com foco em aplicabilidade prática e integração a laboratórios.

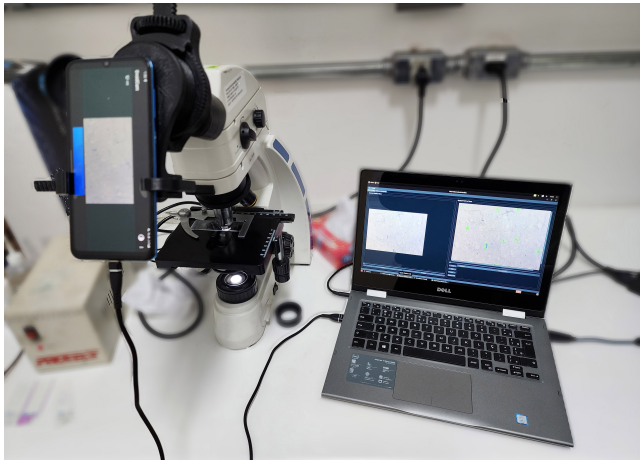
Em síntese, este trabalho não apenas confirma o potencial de técnicas de DL na baciloscopia, como também oferece diretrizes técnicas e científicas para sua adoção prática, traçando o caminho para futuras soluções diagnósticas baseadas em IA em ambientes clínicos reais.

REFERÊNCIAS

- [1] WHO, *Global tuberculosis report 2022*. Licence: CC BY-NC-SA 3.0 IGO: Geneva: World Health Organization, 2022.
- [2] Brasil, “Manual de recomendações para o controle da tuberculose no Brasil,” *Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Vigilância das Doenças Transmissíveis, Brasília, DF, Brasil*, 2019.
- [3] —, “Manual de recomendações para o controle da tuberculose no Brasil,” *Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Vigilância das Doenças Transmissíveis, Brasília, DF, Brasil*, 2022.
- [4] WHO, *Global tuberculosis report 2020*. Licence: CC BY-NC-SA 3.0 IGO: Geneva: World Health Organization, 2020.
- [5] R. O. Panicker, K. S. Kalmady, J. Rajan, and M. Sabu, “Automatic detection of tuberculosis bacilli from microscopic sputum smear images using deep learning methods,” *Biocybernetics and Biomedical Engineering*, vol. 38, no. 3, pp. 691–699, 2018.
- [6] J. A. Quinn, R. K. K. Mugagga, P. Byanyima, W. Lubega, and A. Andama, “Deep convolutional neural networks for microscopy-based point of care diagnostics,” in *Machine Learning for Healthcare Conference*. PMLR, 2016, pp. 271–281.
- [7] K. Mithra and W. S. Emmanuel, “Automated identification of mycobacterium bacillus from sputum images for tuberculosis diagnosis,” *Signal, Image and Video Processing*, vol. 13, no. 8, pp. 1585–1592, 2019.
- [8] C.-P. Kuok, M.-H. Horng, Y.-M. Liao, N.-H. Chow, and Y.-N. Sun, “An effective and accurate identification system of mycobacterium tuberculosis using convolution neural networks,” *Microscopy research and technique*, vol. 82, no. 6, pp. 709–719, 2019.
- [9] K. Sethi, V. Parmar, and M. Suri, “Low-power hardware-based deep-learning diagnostics support case study,” in *2018 IEEE Biomedical Circuits and Systems Conference (BioCAS)*. IEEE, 2018, pp. 1–4.

APÊNDICE A

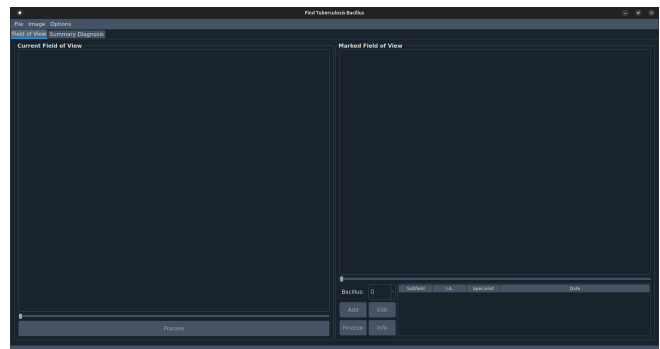
A seguir são apresentadas fotos e capturas de telas relacionados ao CADx desenvolvido.



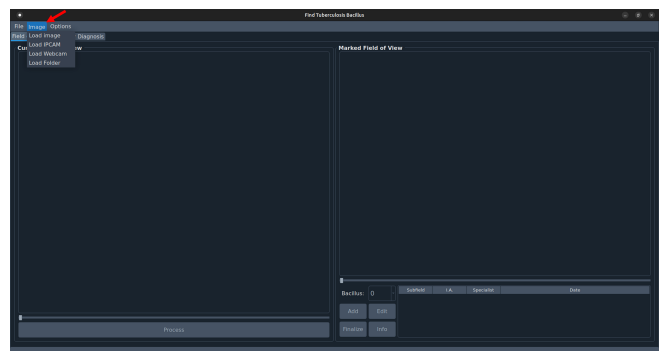
Teste realizado durante integração do conjunto, protótipo / smartphone / microscópio.



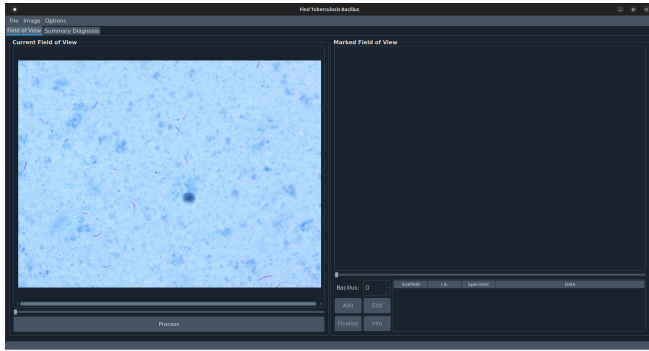
Diagrama de caso de uso com as funcionalidades do protótipo construído.



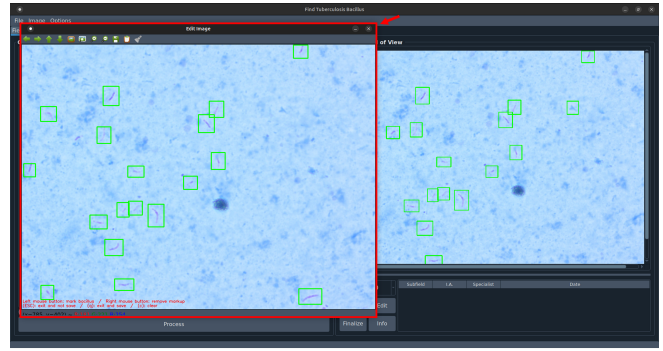
Protótipo do sistema CADx desenvolvido: Tela Inicial.



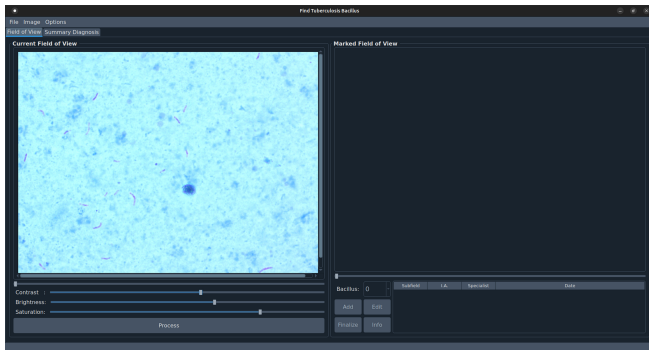
Protótipo do sistema CADx desenvolvido: Menu de acesso às funcionalidades de carregar uma imagem ou uma fonte de imagem em tempo real.



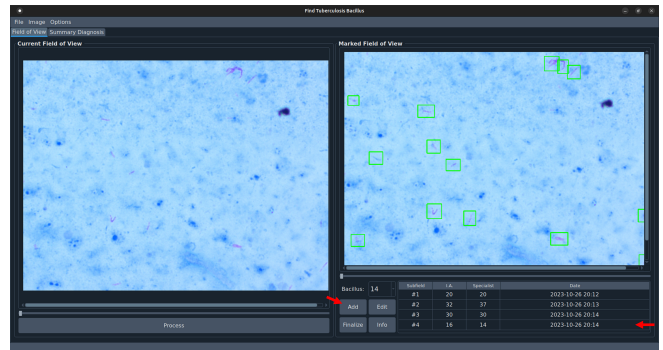
Protótipo do sistema CADx desenvolvido: Visualização da imagem obtida em um determinada fonte.



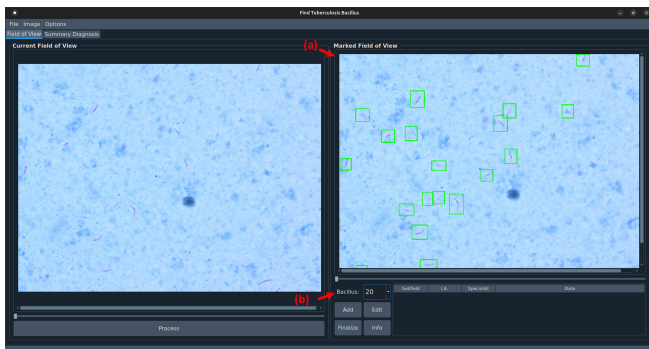
Protótipo do sistema CADx desenvolvido: Interface de edição das marcações realizadas na imagem.



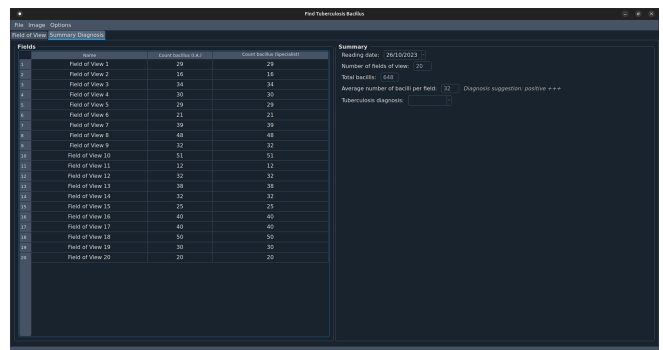
Protótipo do sistema CADx desenvolvido: Opções de ajuste de cores da funcionalidade de visualização da imagem.



Protótipo do sistema CADx desenvolvido: Funcionalidade de adicionar imagens que representam um mesmo campo de visualização (subcampos).



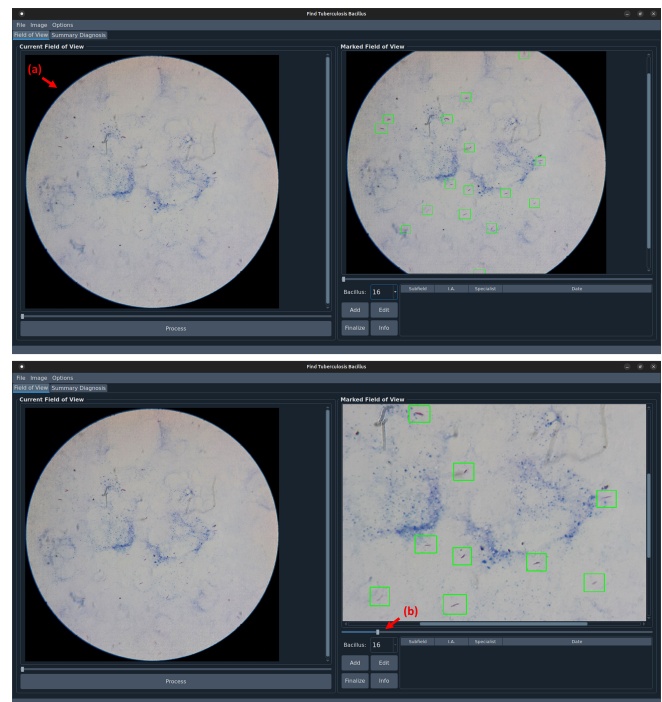
Protótipo do sistema CADx desenvolvido: Visualização da imagem após análise do método de DL, (a) realçando os bacilos da TB identificados com um box verde, e (b) permitindo que o especialista altere a quantidade de bacilos contados.



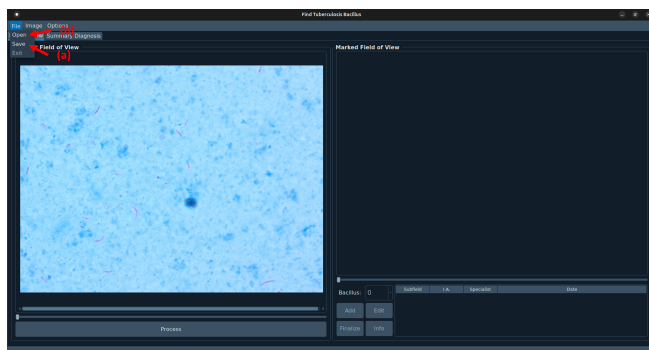
Protótipo do sistema CADx desenvolvido: Interface que permite acessar informações que são geradas durante análise das imagens.

Find Tuberculosis Bacilli			
Field of View			Summary
Fields			Reading date: 26/10/2023
	name	count bacilli (x4)	count bacilli (x1000x)
1	Field of View 1	29	29
2	Field of View 2	16	16
3	Field of View 3	34	34
4	Field of View 4	30	30
5	Field of View 5	29	29
6	Field of View 6	21	21
7	Field of View 7	38	38
8	Field of View 8	46	46
9	Field of View 9	32	32
10	Field of View 10	31	31
11	Field of View 11	12	12
12	Field of View 12	32	32
13	Field of View 13	38	38
14	Field of View 14	32	32
15	Field of View 15	25	25
16	Field of View 16	40	40
17	Field of View 17	40	40
18	Field of View 18	30	30
19	Field of View 19	30	30
20	Field of View 20	20	20

Protótipo do sistema CADx desenvolvido: Funcionalidade para o especialista definir o diagnóstico da lâmina que está sendo analisada.



Protótipo do sistema CADx desenvolvido: (a) simulação da visualização de um campo de visão obtido pelo smartphone e enviado para o sistema, e (b) opção de zoom sendo utilizado na visualização da imagem com os bacilos da TB detectados.



Protótipo do sistema CADx desenvolvido: Menu com opções de (a) salvar e (b) abrir um diagnóstico realizado.