

ANÁLISE DE LESÕES CUTÂNEAS PARA DETECÇÃO DE MELANOMA: EXPLORANDO O POTENCIAL DA VISÃO COMPUTACIONAL

CAIO DAMASCENO SILVA¹, RHYAN XIMENES DE BRITO¹, MATEUS ALVES VIEIRA NETO¹,
SAULO ANDERSON FREITAS DE OLIVEIRA¹, JANAIDE NOGUEIRA DE SOUSA XIMENES¹

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará - IFCE
<caio.damasceno.silva07@aluno.ifce.edu.br>, <rxbrito@gmail.com>, <mateus.vieira@ifce.edu.br>,
<saulo.oliveira@ifce.edu.br>, <nogueirajanaide@gmail.com>
DOI: 10.21439/conexoes.v18i0.3463

Resumo. O melanoma é uma doença que acomete pessoas no mundo inteiro, ocorrendo quando as células responsáveis pela pigmentação da pele tornam-se cancerígenas. O intuito deste estudo é examinar o desempenho de algoritmos de segmentação de imagens como, Otsu, Watershed, Chan-Vese, de extração de atributos, *Gray Level Co-occurrence Matrix*, *Local Binary Pattern* e *Structural Co-occurrence Matrix*, seguidos de algoritmos de classificação, como *Random Forest*, *K-Nearest Neighbors* e *Multilayer Perceptron*. Nesse sentido, o conjunto de dados PH² foi utilizado para avaliar as estratégias sugeridas. Os resultados obtidos mostraram taxas de acurácia de 95,83%, precisão de 96,20%, revocação de 100,00%, especificidade de 92,59% e *score-F1* de 95,85%, o que indica a efetividade dessas abordagens na identificação do melanoma. Esses resultados fornecem informações relevantes para futuras pesquisas e aplicações clínicas no campo do diagnóstico assistido por computador.

Palavras-chave: melanoma; câncer de pele; processamento digital de imagens; aprendizado de máquina; conjunto de dados PH².

ANALYSIS OF SKIN LESIONS FOR MELANOMA DETECTION: EXPLORING THE POTENTIAL OF COMPUTER VISION

Abstract. Melanoma is a disease that affects people all over the world, occurring when the cells responsible for skin pigmentation become cancerous. The purpose of this study is to examine the performance of image segmentation algorithms such as Otsu, Watershed, Chan-Vese, feature extractors such as the Gray Level Co-occurrence Matrix, Local Binary Pattern, and Structural Co-occurrence Matrix, followed by classification algorithms such as the Random Forest, the K-nearest Neighbors, and the Multilayer Perceptron. We used the PH² data set to evaluate the above mentioned tools and algorithms. Our results showed rates of accuracy of 95.83%, precision of 96.20%, recall of 100.00%, specificity of 92.59% and F1-score of 95.85%, which indicates the effectiveness of such approaches in identifying melanoma. Furthermore, we provide relevant information for future research and clinical applications in the field of computer-assisted diagnosis.

Keywords: melanoma; skin Cancer; digital image processing; machine learning; PH² dataset.

1 INTRODUÇÃO

A pele é um órgão vital do corpo humano, com funções de proteção, termorregulação, sensibilidade e produção de hormônios. Ela é composta por três camadas principais: epiderme, derme e tecido subcutâneo.

A epiderme é um epitélio estratificado com quatro camadas, sendo a córnea a mais externa, seguida pela camada granulosa e pela camada malpighiana. A camada germinativa, localizada na parte mais interna, é responsável pela formação dos queratinócitos, que impermea-

bilizam a pele (Pessoa *et al.*, 2020).

Salienta-se que o câncer de pele do tipo melanoma é menos comum no Brasil, representando 4,6% dos tumores malignos relacionados à pele, mas possui uma taxa de mortalidade mais elevada. O diagnóstico precoce é essencial para aumentar as chances de cura. No caso do melanoma, as células afetadas são os melanócitos, responsáveis pela produção de melanina (Pelegrini *et al.*, 2022).

O câncer epitelial pode ser classificado em dois subtipos da doença, são eles o não melanoma e o melanoma (Dazard *et al.*, 2000). O primeiro deles surge nas células basais, localizadas na parte inferior da epiderme, tornando-se o tipo mais comum e menos letal entre os pacientes, o segundo tipo apresenta uma menor incidência, porém a taxa de letalidade afeta as células que produzem melanina, chamadas melanócitos (INCA, 2022), fazendo com que seja a forma mais agressiva do câncer de pele, com casos mais comuns de metástase (Bishop, 2010).

Obter um diagnóstico rápido e preciso é essencial para que o paciente tenha boas chances de recuperação. Se tratando de uma detecção precoce para o câncer do subtipo melanoma, para melhorar o prognóstico e a sobrevida dos pacientes, essa detecção precoce é de extrema importância (Kaatsch *et al.*, 2006). Diversas abordagens têm sido propostas para extrair características relevantes das imagens de lesões, com o objetivo de classificar as lesões como benignas ou malignas.

A escolha da técnica de extração de características pode afetar diretamente a acurácia do diagnóstico, e, portanto, é importante investigar diferentes técnicas para selecionar a mais adequada para cada caso. Dentre os métodos diagnósticos computacionais para a doença, algumas etapas se destacam na utilização de técnicas de Processamento Digital de Imagens.

Nesse contexto, o presente estudo propõe a comparação de diferentes algoritmos de segmentação, extração e classificação de imagens no auxílio à detecção antecipada do melanoma. O objetivo principal é investigar a eficácia desses algoritmos na identificação precisa e confiável da doença, contribuindo assim para aprimorar a prática clínica e o tratamento dessa doença.

A relevância desta pesquisa se dá em sua contribuição para o avanço da área médica no que diz respeito ao diagnóstico precoce do melanoma. A detecção antecipada dessa doença é de extrema importância, uma vez que possibilita intervenções médicas, aumentando as chances de cura e melhorando a qualidade de vida dos pacientes. Além disso, a utilização de algoritmos de visão computacional podem fornecer uma abordagem objetiva e precisa na detecção e classificação do me-

lanoma, auxiliando os profissionais de saúde em suas decisões clínicas.

Ao longo deste trabalho, foram realizadas análises dos resultados obtidos pelos diferentes algoritmos estudados, avaliando medidas de desempenho, como acurácia, precisão, revocação, especificidade e *score-F1*. Ademais, serão identificados e discutidos os principais desafios e obstáculos encontrados na extração de características das imagens de lesões de pele. Este trabalho está organizado em 5 seções: A Seção 2 apresenta os trabalhos relacionados, discutindo diferentes abordagens dentro da perspectiva do processamento digital de imagens. A Seção 3 apresenta os materiais e métodos. A Seção 4 trata dos resultados e discussões. Por fim, a Seção 5 expõe as considerações finais e trabalhos futuros.

2 TRABALHOS RELACIONADOS

Esta seção apresenta uma análise de trabalhos relacionados ao Processamento Digital de Imagens (PDI) Bezdek *et al.* (2005) para rastreamento de melanoma. São discutidas diversas abordagens de detecção e classificação de lesões de pele, incluindo técnicas de segmentação de imagens, análise de textura e cor, além de métodos de aprendizado de máquina.

Alfred, Khelifi e Bouridane (2016) apresentaram uma melhoria na abordagem de *bag-of-words* ao combinar características do histograma de cores e momentos de primeira ordem com o Histograma de Gradientes Orientados (HOG). Os resultados experimentais demonstram um aumento significativo na precisão de detecção, alcançando uma revocação média de 91,20% e especificidade de 88,10%. O sistema proposto foi validado utilizando um conjunto de dados de 200 imagens com anotações médicas, obtidas do Hospital Pedro Hispano, incluindo 40 casos de melanoma e 160 casos não melanoma.

Rastgoo *et al.* (2016) propuseram experimentos conduzidos no conjunto de dados PH² com validação cruzada com 10 *folds*, onde *Scale-Invariant Feature Transform* (SIFT) codificado esparsamente alcançou uma taxa de revocação com 90,30% e especificidade com 100%, usando o classificador Random Forest. Essas técnicas mostraram-se eficazes na codificação de estruturas discriminantes em imagens dermatoscópicas.

Sultana, Mandal e Puan (2018) demonstraram uma metodologia automatizada e não invasiva para detectar melanoma. O *framework* proposto utilizou aprendizado discriminativo regularizado com redes neurais convolucionais profundas para extrair características discriminativas de baixa dimensionalidade. O experimento foi

ANÁLISE DE LESÕES CUTÂNEAS PARA DETECÇÃO DE MELANOMA: EXPLORANDO O POTENCIAL DA VISÃO COMPUTACIONAL

realizado em diversas bases de dados, demonstrando a eficácia dos métodos ResNet+Eigen+SVM com acurácia de 97,50%, revocação de 85,50% e 100,00% de especificidade.

Já Ünver e Ayan (2019) utilizaram o algoritmo *GrabCut* e uma rede neural convolucional profunda chamada *You Only Look Once* (YOLO) para avaliar os datasets PH² e ISBI 2017. O conjunto de dados PH² apresentou as seguintes taxas, acurácia 92,99%, revocação 83,63%, especificidade 94,02%, coeficiente de Dice 88,13% e índice de Jaccard 79,54%. A abordagem recomendada para o conjunto de dados ISBI 2017 alcançou taxas de 93,33% para acurácia, revocação 90,82%, especificidade 92,68%, coeficiente de Dice 84,26% e para o índice de Jaccard 74,81%.

No trabalho de Maia (2019), apresentou-se uma metodologia para diagnóstico do melanoma, utilizando-se de características a partir dos modelos de *Convolutional Neural Network* (CNNs) e regra ABCD no dataset PH². Concatenou-se os conjuntos de atributos e utilizou-se dos classificadores SVM e RF em diferentes cenários. Contudo o classificador RF obteve em comparação com o SVM os melhores resultados, com 92% para acurácia, 91,88% para especificidade e 92,50% para a revocação, a partir do balanceamento dos dados de treinamento com o *Sythetic Minority Oversampling* (SMOTE) e a regra *Edited Nearest Neighbor* (EENN).

No trabalho realizado por Shan *et al.* (2020) foi utilizado uma arquitetura de rede neural convolucional *Fully Convolutional Dual Path Network* (FC-DPN), que combina características das redes *DenseNet* e *Dual Path Network* (DPN), para tarefa de segmentação de imagens. Utilizando o conjunto de dados PH², obtiveram os seguintes resultados, taxa de acurácia 93,63%, revocação 94,77% e 96,28% de especificidade. Os dados resultantes do experimento demonstraram a eficácia da arquitetura proposta.

No artigo de Rodrigues *et al.* (2020) utilizou-se os modelos (*textitXception*, *textitDenseNet* e *textitMobileNet*) e uma combinação de classificadores (KNN, MLP e SVM-RBF) para classificar lesões de pele em imagens digitais usando uma técnica baseada em aprendizado de transferência e CNNs. O método alcançou uma precisão média de 90,5% no conjunto de dados PH². Foram avaliadas as seguintes métricas, acurácia com 93,16%, F1-score, 93,25% para a precisão e 93,16% para a revocação. A abordagem mostrou-se confiável e eficiente para o auxílio no diagnóstico de lesões de pele.

Já o trabalho de Bechelli e Delhommelle (2022) comparou os modelos de aprendizado de máquina e aprendizado profundo para classificação de câncer de pele por imagens dermatoscópicas a partir dos datasets

HAM10000 e ISIC. Os resultados mostraram que o modelo VGG16 apresentou um melhor desempenho geral em ambos os datasets considerando a acurácia de 88%, precisão 93%, revocação 83% e score-F1 de 88% para a base de dados ISIC(*Kaggle database*) e 88% de acurácia, 68% de precisão, 71% de revocação e 70% de score-F1 para a base HAM10000.

Jiang *et al.* (2022) desenvolveram uma abordagem utilizando *Pyramid Residual Attention Network* (PRAN) para segmentação de imagens dermatoscópicas nos datasets ISIC2017 e ISIC2018 baseada em redes neurais convolucionais. Com este método os autores obtiveram 93,17% de acurácia, 93,86% de sensibilidade e 92,51% de especificidade para o dataset ISIC2017, já para o dataset ISIC2018 resultaram 95,56% para acurácia, sensibilidade 96,15% e 94,98% para a especificidade.

3 MATERIAIS E MÉTODOS

A metodologia adotada neste estudo segue as etapas ilustradas na Figura 1. Na primeira etapa, conforme descrito por Mendonça *et al.* (2013), foi realizada a aquisição das imagens a partir do conjunto de dados PH².

Figura 1: Metodologia aplicada.



ANÁLISE DE LESÕES CUTÂNEAS PARA DETECÇÃO DE MELANOMA: EXPLORANDO O POTENCIAL DA VISÃO COMPUTACIONAL

A segunda etapa consistiu no pré-processamento das imagens, em que técnicas de processamento de imagem foram aplicadas para realçar as estruturas relevantes contidas nas imagens. Na etapa três, foram utilizados os algoritmos, a saber, *Otsu* (Ostu, 1979), *Chan-veze* (Chan; Vese, 2001), e *Watershed* (Vincent; Soille, 1991) para realizar a segmentação das imagens, além da procura pelo centro de massa e recorte de *pixels* (400 e 500) ao redor do mesmo.

Em seguida, na quarta etapa, foi realizada a extração de características, utilizando os algoritmos *Gray Level Co-occurrence Matrix* (GLCM) (Haralick; Shanmugam; Dinstein, 1973), *Local Binary Pattern* (LBP) (Ojala; Pietikainen; Harwood, 1994) e *Structural Co-occurrence Matrix* (SCM) (Ramalho *et al.*, 2016). Na quinta etapa, as imagens foram classificadas como melanoma ou não melanoma, empregando-se os classificadores *Random Forest* (RF) (Wang *et al.*, 2023), *k-Vizinhos mais Próximos* (k-NN) (Yan; Xu, 2010) e *Multilayer Perceptron* (MLP) (Abirami; Chitra, 2020). Por fim, o processo foi finalizado com a validação dos resultados obtidos. Essa abordagem metodológica visou encontrar o método mais eficiente e por fim contribuir para o desenvolvimento de ferramentas de rastreamento mais eficazes nessa área.

3.1 Aquisição do banco de imagens

A base de dados PH², criada por Mendonça *et al.* (2013), é uma referência essencial para pesquisas sobre detecção e análise de melanoma. A sua sigla é derivada do nome do Hospital Pedro Hispano, em Portugal, onde a base de dados foi adquirida. Ela foi projetada para fins de estudo e *benchmarking* nessa área e contém imagens dermatoscópicas de pacientes com uma variedade de lesões de pele, abrangendo tanto casos de melanoma quanto de nevos melanocíticos. As informações completas sobre a base de dados e *download* encontram-se disponíveis em <<https://www.fc.up.pt/addi/ph2%20database.html>>.

Salienta-se ainda que a base de dados consiste em 200 imagens dermatoscópicas de lesões melanocíticas, capturadas clinicamente com o uso de um dermatoscópio. Do total de amostras, 160 correspondem a casos benignos (exemplo na Figura 2), enquanto 40 correspondem a casos malignos (exemplo na Figura 3). As imagens estão no formato *Windows Bitmap* (BMP) e possuem dimensões de 767 × 576 *pixels*.

O *dataset* também inclui informações clínicas essenciais, como idade, sexo e diagnóstico final (melanoma ou não melanoma), que são cruciais para verificar a precisão das informações obtidas na classificação. A integração dessas informações visuais e clínicas é fun-

damental para validar e aplicar os métodos desenvolvidos neste estudo.

Figura 2: Exemplo de imagem de não melanoma da base de dados PH².



Figura 3: Exemplo de imagem de melanoma da base de dados PH².



3.2 Etapa de pré-processamento

Para a etapa de pré-processamento, foi utilizado o algoritmo *Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization* (CLAHE) de Premaladha e Ravichandran (2016) amplamente utilizado para melhorar o contraste e realçar detalhes em imagens dermatoscópicas, pois ele atua de forma diferente da equalização de histograma tradicional. O CLAHE aplica uma equalização adaptativa local, limitando o contraste em regiões específicas da imagem para evitar a amplificação excessiva de ruídos. Na Figura 4, pode-se observar a diferença entre a imagem original e a imagem após a aplicação do algoritmo. Na Figura 5, é observada a comparação entre os histogramas da imagem original e da imagem resultante.

ANÁLISE DE LESÕES CUTÂNEAS PARA DETECÇÃO DE MELANOMA: EXPLORANDO O POTENCIAL DA VISÃO COMPUTACIONAL

Figura 4: Imagem original (à esquerda) e imagem após a aplicação do CLAHE (à direita).

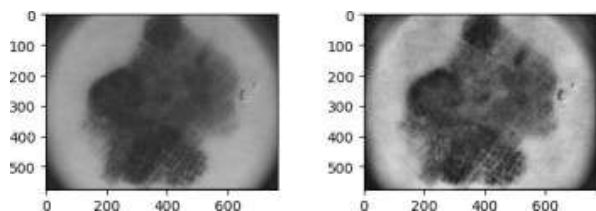
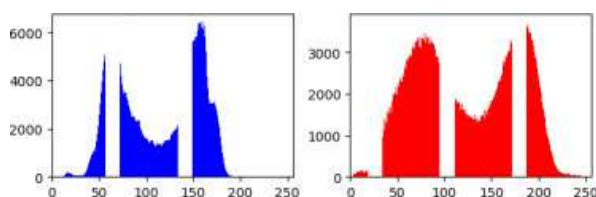


Figura 5: Histograma da imagem original (à esquerda) e histograma equalizado após a aplicação do CLAHE (à direita).



3.3 Etapa de segmentação

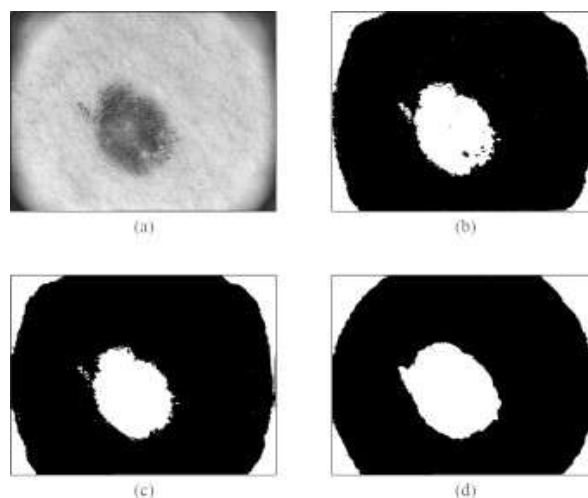
A etapa de segmentação utilizou três métodos diferentes: *Otsu*, *Watershed*, *Chan-Vese*. O método de *Otsu* realizou a segmentação com base na distribuição dos níveis de cinza. O *Watershed* separou regiões com base em linhas de *watershed*. O *Chan-Vese* utilizou modelos de contorno ativos para delimitar as regiões de interesse. Vale salientar que a imagem binária gerada após a execução de cada um dos métodos de segmentação *Otsu*, *Watershed* e *Chan-Vese* é chamada de máscara binária (Gonzalez, 2009).

Na Figura 6, observa-se o resultado da segmentação utilizando os três métodos mencionados no parágrafo anterior, em uma mesma imagem da base de dados PH². A área na cor branca é a região de interesse Region of Interest (ROI) da imagem e a área na cor preta é a área de não interesse. Pode-se notar o nível de detalhamento para cada método, o que será essencial para a etapa de processamento e extração de características.

Nessa etapa, a máscara binária gerada pela segmentação é sobreposta à imagem original, mantendo apenas as regiões onde a máscara é na cor branca. As áreas onde a máscara é na cor preta são excluídas na imagem resultante. Essa fase é demonstrada na Figura 7.

A última fase da etapa de segmentação consistiu em encontrar o centro de massa de cada imagem dermatoscópica e realizar um recorte ao redor desse ponto central, considerando uma quantidade de *pixels* predefinida. O centro de massa foi calculado com base nas coordenadas dos *pixels* da região de interesse. Em se-

Figura 6: Comparação entre os métodos. Imagem normalizada (a), método *Otsu* (b), método *Watershed* (c), método *Chan-Vese* (d).



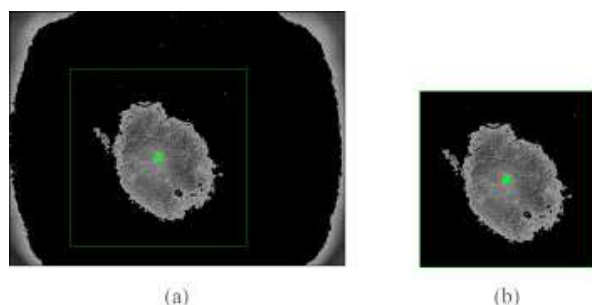
guida, foi delimitada uma região ao redor do centro de massa, definindo a quantidade de *pixels* a serem recortados em cada direção, para o trabalho utilizou-se recortes de 400 e 500 *pixels*, buscando encontrar o melhor método possível.

Figura 7: Processo de sobreposição das máscaras.



Essa abordagem isolou e concentrou a análise nas áreas mais relevantes das lesões cutâneas, removendo sombras causadas pela lente do dermatoscópio e facilitando a extração de características. A Figura 8 mostra o centro de massa na mancha e os 400 *pixels* recortados. O mesmo processo foi repetido com 500 *pixels*.

Figura 8: Definição do centro de massa (a) e recorte de 400 pixels ao redor do mesmo (b).



3.4 Etapa de extração de características

A etapa de extração de características foi realizada utilizando os algoritmos selecionados: GLCM, LBP e SCM.

Ainda na etapa de extração de características, foi gerado um arquivo *Comma-Separated Values* (CSV) contendo as informações extraídas de cada imagem. Esse formato de arquivo possui uma estrutura tabular, onde cada linha representa uma imagem e cada coluna corresponde a um atributo específico extraído, seguindo os atributos citados na subseção 3.3 para cada método. Essa estrutura organizada do arquivo CSV facilita a etapa de análise, permitindo a aplicação de algoritmos de classificação para o rastreamento do melanoma.

3.5 Etapa de Classificação

Na etapa de classificação, foram aplicados os algoritmos RF, k-NN e MLP para realizar a tarefa de classificar as imagens entre melanoma e não melanoma. Antes da aplicação dos algoritmos, foi realizada a normalização dos dados para garantir que todas as características tivessem a mesma escala.

Para a normalização, foi utilizada a técnica *min-max*, na qual os valores de cada característica foram ajustados para um intervalo específico, entre 0 e 1. Essa normalização permite um melhor desempenho dos algoritmos e evita o viés causado por características com escalas diferentes (Han; Kamber; Pei, 2011).

Além disso, técnicas de balanceamento de classes foram utilizadas para lidar com possíveis desequilíbrios

entre as classes melanoma e não melanoma. Neste trabalho, foi adotada a estratégia de balanceamento 4 para 1, utilizando o *Synthetic Minority Oversampling Technique* (SMOTE) (Chawla *et al.*, 2002), ou seja, para cada imagem de melanoma, foram selecionadas aleatoriamente quatro imagens de não melanoma. Essa abordagem visa evitar que o modelo de classificação seja enviesado em direção à classe majoritária.

Para otimizar os hiperparâmetros dos algoritmos e buscar a configuração que melhor se adequasse aos dados, foi empregada a técnica de *GridSearch*. Essa técnica consiste em explorar diferentes combinações de hiperparâmetros definidos previamente, a fim de encontrar a combinação que maximiza o desempenho do modelo (Bergstra; Bengio, 2012).

A divisão dos dados em conjuntos de treinamento e teste foi realizada utilizando a proporção de 70% para treinamento e 30% para teste (*hold-out*). Essa divisão permitiu avaliar a capacidade de generalização do modelo, uma vez que ele foi treinado com uma parte dos dados e testado em uma outra parte não utilizada durante o treinamento. Assim, evitando o sobreajuste (*overfitting*), que ocorre quando o modelo se adapta muito bem aos dados de treinamento.

3.5.1 Hiperparâmetros utilizados

A metodologia adotada para o *Random Forest* envolveu a busca pelos melhores hiperparâmetros utilizando *GridSearch*, conforme valores testados na Tabela 1.

Tabela 1: Espaço de hiperparâmetros testados pela busca em grade por classificador.

Hiperparâmetros Usados nos Classificadores	
Classificador	Hiperparâmetro
RF	Número de estimadores (<i>n estimators</i>): 50, 100 e 200; profundidade máxima das árvores (<i>max depth</i>): 5, 10, 20, 40 e 80; número mínimo de amostras para divisão (<i>min samples split</i>): 2, 5 e 10.
	hiperparâmetro K (<i>n neighbors</i>): 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15.
MLP	Configurações de camadas ocultas: • Primeira: uma camada oculta com 50 neurônios; • Segunda: duas camadas ocultas, cada uma com 100 neurônios; • Terceira: três camadas ocultas com 50, 100 e 50 neurônios, respectivamente.
	Funções de ativação testadas: "relu", "tanh" e "logistic"; Taxa de aprendizado (<i>learning rate</i>) = 0.01; Tamanho do lote (<i>batch size</i>) = 200.

ANÁLISE DE LESÕES CUTÂNEAS PARA DETECÇÃO DE MELANOMA: EXPLORANDO O POTENCIAL DA VISÃO COMPUTACIONAL

Foram explorados três parâmetros principais para o *Random Forest*: número de estimadores que se refere ao número de árvores de decisão independentes que serão construídas durante o treinamento do modelo, profundidade máxima das árvores, ou seja, o número máximo de nós da árvore a partir da folha e número mínimo de amostras necessárias para realizar uma divisão em um nó interno é um parâmetro importante que controla a decisão de dividir um nó durante o processo de construção da árvore (Hastie; Tibshirani; Friedman, 2013).

No caso do algoritmo k-NN, o valor do hiperparâmetro k que define o número de vizinhos mais próximos a serem considerados para tomada de decisão no processo de classificação ou mesmo regressão (Hastie; Tibshirani; Friedman, 2013), foi encontrado por meio do *GridSearch*, considerando os valores especificados na lista "*n_neighbors*" do parâmetro "*params*".

No algoritmo MLP, diferentes configurações de camadas ocultas foram testadas. Essas camadas consistem em conjuntos de neurônios que recebem entradas das camadas anteriores e geram *outputs* para as camadas de saída (Haykin, 2001). Além disso, elas foram testadas juntamente com três funções de ativação: "*relu*", "*tanh*" e "*logistic*". Essas configurações influenciam a forma como os neurônios nas camadas ocultas processam e propagam os sinais. Outros hiperparâmetros, como a taxa de aprendizado (*learning rate*) e o tamanho do lote (*batch size*), foram mantidos com os valores padrão do *MLPClassifier* do *scikit-learn*, sendo a taxa de aprendizado adaptativa e o tamanho do lote definido como 200.

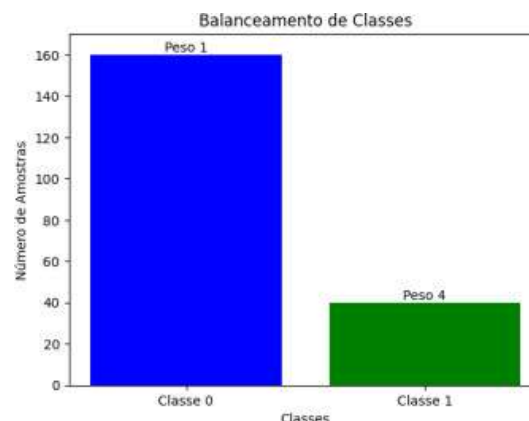
O principal objetivo do *GridSearch* foi encontrar a melhor combinação de parâmetros para o melhor desempenho do modelo. Para balancear as classes, a técnica SMOTE foi utilizada, atribuindo peso 1 para a classe majoritária (não melanoma) e peso 4 para a classe minoritária (melanoma), considerando 160 amostras de não melanoma e 40 de melanoma, conforme Figura 9.

4 RESULTADOS E DISCUSSÕES

Nesta seção são apresentados os resultados obtidos a partir da aplicação da metodologia proposta. Assim sendo discutidos e analisados os resultados das etapas de segmentação e extração de características, bem como os resultados da etapa de classificação utilizando os algoritmos RF, k-NN e MLP.

As métricas de avaliação utilizadas, foram acurácia (A), precisão (P), revocação (R), especificidade (E) e *score-F1* (S-F1). Assim faz-se necessário compreender que:

Figura 9: A imagem ilustra o balanceamento de classes realizado no conjunto de dados PH².



- **Acurácia (A)** quantifica a proporção de previsões corretas (verdadeiros positivos e verdadeiros negativos) em relação ao total de previsões feitas pelo modelo. Oferece uma medida geral de sua precisão, especialmente relevante quando todas as classes têm igual importância (James *et al.*, 2013);
- **Precisão (P)** mede a proporção de verdadeiros positivos (instâncias corretamente classificadas como positivas) sobre o total de instâncias previstas como positivas (verdadeiros positivos e falsos positivos), refletindo a exatidão das previsões positivas do modelo (Bishop, 2016);
- **Revocação (R)** conhecida como sensibilidade ou taxa de verdadeiros positivos, quantifica a proporção de verdadeiros positivos em relação ao total de instâncias positivas reais (verdadeiros positivos e falsos negativos). Avalia quão bem o modelo identifica todas as instâncias positivas, sendo fundamental em cenários onde minimizar falsos negativos é crucial (Bishop, 2016);
- **Especificidade (E)** mede a proporção de verdadeiros negativos sobre o total de instâncias que são realmente negativas (verdadeiros negativos e falsos positivos). Avalia a capacidade do modelo em identificar corretamente todas as instâncias negativas. Essencial em cenários onde a minimização de falsos positivos é uma prioridade (Hastie; Tibshirani; Friedman, 2013);
- **score-F1 (S-F1)** média harmônica de precisão e revocação, equilibra essas métricas, ideal para conjuntos de dados desbalanceados, onde a acurácia pode ser menos indicativa. A avaliação de forma

abrangente o desempenho do modelo, especialmente em cenários com disparidades significativas entre as classes (Goodfellow; Bengio; Courville, 2016).

A análise dos resultados tem como objetivo avaliar a eficácia do sistema proposto na detecção de melanoma, considerando a segmentação precisa e a classificação correta das lesões cutâneas e comparando com resultados de metodologias propostas por outros autores.

4.1 Resultados

A seguir, na Tabela 2, reporta-se os resultados das combinações propostas entre classificadores, segmentadores e descritores, i.e., $\{Watershed, Otsu, ChanVese\} \times \{Random Forest, MLP, k-NN\} \times \{GLCM, SCM, LBP\}$, na Tabela 2.

4.2 Discussões

Em relação aos melhores resultados obtidos por cada classificador, tem-se o seguinte resumo:

- **RF** com o método de segmentação *Watershed* em conjunto SCM. A acurácia alcançada foi de 91,67%, evidenciando a capacidade do modelo em classificar corretamente a região de interesse. Além disso, a precisão e a revocação foram de 92,45% e 91,67%, respectivamente, indicando a habilidade do modelo em identificar de forma correta as amostras positivas. Por fim, a especificidade foi de 100,00%, e o *score-F1* foi de 90,78%;
- **MLP** com *Watershed* em conjunto com o SCM. A acurácia alcançada foi de 91,67%, refletindo a capacidade do modelo em realizar classificações corretas da região de interesse. A precisão foi de 85,42%, indicando a habilidade do modelo em identificar corretamente as amostras positivas. A revocação foi de 97,62%, especificidade foi de 87,04%, e *score-F1* foi de 91,11%;
- **k-NN** com o método de segmentação Otsu em conjunto com SCM. Ao considerar o recorte de 400 pixels, o modelo alcançou uma acurácia de 95,83%, uma precisão de 96,20%, uma revocação de 100,00%, uma especificidade de 92,59% e um *score-F1* de 95,85%.

Embora alguns estudos anteriores tenham utilizado redes convolucionais para alcançar bons resultados, optou-se neste trabalho por algoritmos tradicionais de

aprendizagem de máquina. Adotar soluções desta natureza, em vez de abordagens *end-to-end*, pode ser particularmente interessante por várias razões. Primeiramente, a abordagem modular permite uma melhor compreensão e controle sobre cada estágio do processo. Além disso, soluções nível por nível podem melhorar a interpretabilidade do modelo, tornando mais fácil analisar como cada componente contribui para o resultado final. Como visto, verificou-se que, apesar da estratégia empregada ser tradicional, o método utilizado foi igualmente eficiente. Portanto, pode-se afirmar que a metodologia proposta foi efetiva na tarefa de classificação do conjunto de dados PH².

A Tabela 3 foi utilizada para comparar diferentes abordagens adotadas por pesquisadores anteriores e a metodologia empregada neste estudo para analisar os resultados da classificação do conjunto de dados PH². Embora alguns estudos anteriores tenham utilizado redes convolucionais para alcançar bons resultados, optou-se neste trabalho por algoritmos menos complexos na abordagem utilizada. Dessa forma verificou-se que, apesar da estratégia empregada ser menos complexa, o método utilizado foi igualmente eficiente.

Comparando os resultados deste trabalho com estudos relacionados que utilizaram o mesmo conjunto de dados, constatou-se que os resultados obtidos aqui foram superiores em média. Em comparação ao estudo realizado por Sultana, Mandal e Puan (2018), embora tenha-se obtido uma acurácia ligeiramente inferior, a revocação foi significativamente maior, resultando em um melhor equilíbrio geral. Isso é ainda mais relevante considerando que foram utilizadas técnicas com menor complexidade em comparação com as empregadas pelo autor. Por outro lado não foram relatados resultados relacionados a precisão nem ao *score-F1* assim não possuindo dados para uma comparação.

Para um comparativo com o trabalho de Rodrigues *et al.* (2020) percebe-se que os autores não possuem dados para a especificidade, porém para as demais métricas: acurácia, revocação, especificidade, precisão e *score-F1* observa-se que este trabalho obteve melhores resultados com ganhos significativos mesmo com o emprego de técnicas menos complexas.

Analisando os trabalhos de Bechelli e Delhommelle (2022), Jiang *et al.* (2022), mesmos os autores não utilizando a mesma base de dados PH², nota-se que esta proposta obteve 95,83% para a acurácia enquanto que Bechelli e Delhommelle (2022) obteve 88%. Igualmente para o trabalho de Jiang *et al.* (2022) percebe-se que para o melhor caso com a base ISIC2018 obteve-se os seguintes resultados, 95,56% para acurácia, 96,15% sensibilidade e 94,98% para especificidade. Pode-se in-

ANÁLISE DE LESÕES CUTÂNEAS PARA DETECÇÃO DE MELANOMA: EXPLORANDO O POTENCIAL DA VISÃO COMPUTACIONAL

Tabela 2: Combinações entre classificadores, segmentadores e descritores. Os quadrados em verde representam a melhor combinação para aquele grupo de experimentos, ao passo que, as em vermelho calor representam as segundas melhores.

Otsu

500px		
GLCM - RF	GLCM - KNN	GLCM - MLP
Acurácia: 86.67% ± 0.3399 Precisão: 85.77% ± 0.3500 Revocação: 86.67% ± 0.3294 Especificidade: 95.83% ± 0.3266 Score-F1: 85.60% ± 0.3472	Acurácia: 84.36% ± 0.0652 Precisão: 86.46% ± 0.0670 Revocação: 84.36% ± 0.0621 Especificidade: 72.22% ± 0.0711 Score-F1: 84.30% ± 0.0734	Acurácia: 89.58% ± 0.3055 Precisão: 86.35% ± 0.3265 Revocação: 90.48% ± 0.3047 Especificidade: 88.89% ± 0.3844 Score-F1: 88.37% ± 0.3821
LBP - RF	LBP - KNN	LBP - MLP
Acurácia: 76.61% ± 0.2083 Precisão: 74.51% ± 0.4127 Revocação: 76.61% ± 0.3534 Especificidade: 90.38% ± 0.3529 Score-F1: 74.96% ± 0.3652	Acurácia: 87.56% ± 0.0321 Precisão: 86.72% ± 0.0412 Revocação: 88.24% ± 0.0265 Especificidade: 80.15% ± 0.0341 Score-F1: 86.91% ± 0.0288	Acurácia: 79.52% ± 0.0632 Precisão: 81.17% ± 0.0726 Revocação: 79.52% ± 0.0632 Especificidade: 79.89% ± 0.0619 Score-F1: 78.96% ± 0.0671
SCM - RF	SCM - KNN	SCM - MLP
Acurácia: 91.67% ± 0.2095 Precisão: 92.45% ± 0.3021 Revocação: 91.67% ± 0.2784 Especificidade: 90.13% ± 0.3317 Score-F1: 90.78% ± 0.3006	Acurácia: 90.62% ± 0.0217 Precisão: 91.66% ± 0.0286 Revocação: 90.62% ± 0.0165 Especificidade: 85.15% ± 0.0228 Score-F1: 90.66% ± 0.0291	Acurácia: 94.38% ± 0.3462 Precisão: 80.00% ± 0.3117 Revocação: 85.71% ± 0.3778 Especificidade: 83.33% ± 0.3284 Score-F1: 82.70% ± 0.3889

400px		
GLCM - RF	GLCM - KNN	GLCM - MLP
Acurácia: 81.67% ± 0.2987 Precisão: 79.35% ± 0.3421 Revocação: 81.67% ± 0.3154 Especificidade: 93.75% ± 0.2893 Score-F1: 79.71% ± 0.3315	Acurácia: 87.50% ± 0.0329 Precisão: 90.28% ± 0.0412 Revocação: 87.50% ± 0.0387 Especificidade: 77.78% ± 0.0345 Score-F1: 87.50% ± 0.0288	Acurácia: 88.54% ± 0.2947 Precisão: 81.63% ± 0.0146 Revocação: 95.24% ± 0.0226 Especificidade: 83.33% ± 0.0123 Score-F1: 87.91% ± 0.0187
LBP - RF	LBP - KNN	LBP - MLP
Acurácia: 80.00% ± 0.2986 Precisão: 77.20% ± 0.3103 Revocação: 80.00% ± 0.3375 Especificidade: 91.84% ± 0.2887 Score-F1: 78.17% ± 0.3291	Acurácia: 85.42% ± 0.0481 Precisão: 87.13% ± 0.0534 Revocação: 85.42% ± 0.0469 Especificidade: 76.00% ± 0.0502 Score-F1: 85.32% ± 0.0556	Acurácia: 78.12% ± 0.3886 Precisão: 73.58% ± 0.0072 Revocação: 84.78% ± 0.0101 Especificidade: 73.00% ± 0.0088 Score-F1: 78.79% ± 0.0097
SCM - RF	SCM - KNN	SCM - MLP
Acurácia: 81.67% ± 0.2021 Precisão: 79.30% ± 0.2254 Revocação: 81.67% ± 0.2118 Especificidade: 97.92% ± 0.2259 Score-F1: 78.95% ± 0.2047	Acurácia: 93.83% ± 0.0480 Precisão: 95.20% ± 0.0421 Revocação: 100.00% ± 0.0447 Especificidade: 92.89% ± 0.0431 Score-F1: 95.85% ± 0.0480	Acurácia: 83.33% ± 0.3462 Precisão: 76.60% ± 0.0038 Revocação: 90.48% ± 0.0169 Especificidade: 77.78% ± 0.0074 Score-F1: 82.61% ± 0.0143

Watershed

500px		
GLCM - RF	GLCM - KNN	GLCM - MLP
Acurácia: 78.33% ± 0.2914 Precisão: 79.19% ± 0.2861 Revocação: 78.33% ± 0.2972 Especificidade: 78.33% ± 0.3102 Score-F1: 78.74% ± 0.2785	Acurácia: 82.36% ± 0.0413 Precisão: 84.27% ± 0.0489 Revocação: 82.36% ± 0.0413 Especificidade: 73.89% ± 0.0503 Score-F1: 82.14% ± 0.0418	Acurácia: 77.83% ± 0.0489 Precisão: 79.21% ± 0.0574 Revocação: 77.83% ± 0.0538 Especificidade: 68.95% ± 0.0503 Score-F1: 77.54% ± 0.0586
LBP - RF	LBP - KNN	LBP - MLP
Acurácia: 85.00% ± 0.2923 Precisão: 84.36% ± 0.2597 Revocação: 85.00% ± 0.2910 Especificidade: 97.62% ± 0.2625 Score-F1: 82.42% ± 0.2694	Acurácia: 88.54% ± 0.0229 Precisão: 90.62% ± 0.0293 Revocação: 88.54% ± 0.0245 Especificidade: 79.63% ± 0.0217 Score-F1: 88.56% ± 0.0238	Acurácia: 84.38% ± 0.3324 Precisão: 78.72% ± 0.0032 Revocação: 88.10% ± 0.0124 Especificidade: 81.48% ± 0.0153 Score-F1: 83.15% ± 0.0948
SCM - RF	SCM - KNN	SCM - MLP
Acurácia: 91.67% ± 0.3216 Precisão: 92.04% ± 0.3274 Revocação: 91.67% ± 0.3261 Especificidade: 60.86% ± 0.3670 Score-F1: 91.70% ± 0.3348	Acurácia: 83.75% ± 0.0335 Precisão: 84.53% ± 0.0412 Revocação: 83.75% ± 0.0387 Especificidade: 68.89% ± 0.0351 Score-F1: 83.77% ± 0.0395	Acurácia: 87.50% ± 0.3052 Precisão: 82.61% ± 0.0076 Revocação: 90.48% ± 0.0102 Especificidade: 85.19% ± 0.0128 Score-F1: 86.36% ± 0.0383

400px		
GLCM - RF	GLCM - KNN	GLCM - MLP
Acurácia: 80.00% ± 0.2301 Precisão: 78.71% ± 0.2425 Revocação: 80.00% ± 0.2353 Especificidade: 95.83% ± 0.2412 Score-F1: 75.77% ± 0.2610	Acurácia: 85.42% ± 0.0471 Precisão: 88.90% ± 0.0523 Revocação: 85.42% ± 0.0516 Especificidade: 74.07% ± 0.0482 Score-F1: 85.37% ± 0.0532	Acurácia: 87.50% ± 0.3059 Precisão: 78.60% ± 0.0038 Revocação: 97.62% ± 0.0125 Especificidade: 76.63% ± 0.0107 Score-F1: 87.23% ± 0.0029
LBP - RF	LBP - KNN	LBP - MLP
Acurácia: 78.33% ± 0.2489 Precisão: 73.45% ± 0.2715 Revocação: 78.33% ± 0.2665 Especificidade: 93.75% ± 0.2947 Score-F1: 74.61% ± 0.2573	Acurácia: 90.75% ± 0.0472 Precisão: 84.53% ± 0.0546 Revocação: 90.75% ± 0.0531 Especificidade: 88.89% ± 0.0499 Score-F1: 90.77% ± 0.0483	Acurácia: 82.29% ± 0.3570 Precisão: 73.58% ± 0.0045 Revocação: 92.86% ± 0.0032 Especificidade: 74.07% ± 0.0059 Score-F1: 82.11% ± 0.0028
SCM - RF	SCM - KNN	SCM - MLP
Acurácia: 80.00% ± 0.2827 Precisão: 76.67% ± 0.2904 Revocação: 80.00% ± 0.3101 Especificidade: 93.75% ± 0.2925 Score-F1: 77.25% ± 0.2659	Acurácia: 82.71% ± 0.0357 Precisão: 83.75% ± 0.0421 Revocação: 82.71% ± 0.0376 Especificidade: 87.04% ± 0.0342 Score-F1: 82.74% ± 0.0415	Acurácia: 91.67% ± 0.2541 Precisão: 85.42% ± 0.2894 Revocação: 97.62% ± 0.2636 Especificidade: 87.04% ± 0.2314 Score-F1: 91.11% ± 0.2743

Chan-Vese

500px		
GLCM - RF	GLCM - KNN	GLCM - MLP
Acurácia: 83.33% ± 0.1634 Precisão: 86.21% ± 0.1821 Revocação: 83.33% ± 0.1562 Especificidade: 89.27% ± 0.1728 Score-F1: 78.17% ± 0.1886	Acurácia: 88.54% ± 0.0348 Precisão: 90.62% ± 0.0397 Revocação: 88.54% ± 0.0385 Especificidade: 79.63% ± 0.0349 Score-F1: 88.56% ± 0.0370	Acurácia: 84.36% ± 0.3380 Precisão: 77.55% ± 0.0024 Revocação: 90.48% ± 0.0121 Especificidade: 79.63% ± 0.0105 Score-F1: 83.52% ± 0.0029
LBP - RF	LBP - KNN	LBP - MLP
Acurácia: 73.33% ± 0.3207 Precisão: 69.62% ± 0.3331 Revocação: 73.33% ± 0.3194 Especificidade: 87.50% ± 0.3252 Score-F1: 71.20% ± 0.3084	Acurácia: 93.75% ± 0.0272 Precisão: 94.12% ± 0.0285 Revocação: 93.75% ± 0.0280 Especificidade: 90.74% ± 0.0265 Score-F1: 93.77% ± 0.0278	Acurácia: 78.12% ± 0.3828 Precisão: 69.81% ± 0.0021 Revocação: 88.10% ± 0.0123 Especificidade: 70.73% ± 0.0108 Score-F1: 77.80% ± 0.0018
SCM - RF	SCM - KNN	SCM - MLP
Acurácia: 86.67% ± 0.2280 Precisão: 88.57% ± 0.2597 Revocação: 86.67% ± 0.2383 Especificidade: 87.03% ± 0.2518 Score-F1: 83.85% ± 0.2423	Acurácia: 88.58% ± 0.0205 Precisão: 90.90% ± 0.0244 Revocação: 89.58% ± 0.0218 Especificidade: 83.33% ± 0.0220 Score-F1: 89.62% ± 0.0234	Acurácia: 81.25% ± 0.3619 Precisão: 71.43% ± 0.0022 Revocação: 95.24% ± 0.0135 Especificidade: 70.37% ± 0.0112 Score-F1: 81.63% ± 0.0021

400px		
GLCM - RF	GLCM - KNN	GLCM - MLP
Acurácia: 79.17% ± 0.0475 Precisão: 84.58% ± 0.0481 Revocação: 79.17% ± 0.0486 Especificidade: 64.81% ± 0.0502 Score-F1: 78.92% ± 0.0487	Acurácia: 79.17% ± 0.0476 Precisão: 84.58% ± 0.0512 Revocação: 79.17% ± 0.0488 Especificidade: 64.81% ± 0.0476 Score-F1: 78.92% ± 0.0512	Acurácia: 72.92% ± 0.3799 Precisão: 66.00% ± 0.0012 Revocação: 79.57% ± 0.0045 Especificidade: 68.52% ± 0.0426 Score-F1: 71.74% ± 0.0024
LBP - RF	LBP - KNN	LBP - MLP
Acurácia: 75.00% ± 0.1884 Precisão: 63.16% ± 0.2032 Revocação: 75.00% ± 0.1971 Especificidade: 93.75% ± 0.2017 Score-F1: 68.57% ± 0.2072	Acurácia: 90.82% ± 0.0197 Precisão: 91.86% ± 0.0223 Revocação: 90.82% ± 0.0201 Especificidade: 85.19% ± 0.0208 Score-F1: 90.86% ± 0.0216	Acurácia: 79.17% ± 0.3358 Precisão: 73.81% ± 0.0031 Revocação: 80.85% ± 0.0025 Especificidade: 77.78% ± 0.0272 Score-F1: 77.27% ± 0.0019
SCM - RF	SCM - KNN	SCM - MLP
Acurácia: 81.67% ± 0.1826 Precisão: 79.30% ± 0.1941 Revocação: 81.67% ± 0.2065 Especificidade: 97.92% ± 0.1963 Score-F1: 78.95% ± 0.1980	Acurácia: 83.33% ± 0.0457 Precisão: 86.81% ± 0.0512 Revocação: 83.33% ± 0.0485 Especificidade: 72.22% ± 0.0485 Score-F1: 81.67% ± 0.0511	Acurácia: 82.29% ± 0.3212 Precisão: 74.51% ± 0.0023 Revocação: 90.48% ± 0.0037 Especificidade: 75.00% ± 0.0271 Score-F1: 81.72% ± 0.0026

ferir que esta proposta de forma geral apresentou um desempenho significativo, mesmo o trabalho de Jiang *et al.* (2022) apresentando uma especificidade com ganho mais significativos.

Em conclusão, a análise comparativa revelou que, mesmo com alguns estudos utilizando redes convolucionais e arquiteturas mais complexas, na abordagem empregada neste trabalho, algoritmos menos complexos, obtiveram resultados comparáveis. Portanto, pode-se afirmar que a metodologia proposta foi efetiva na tarefa de classificação do conjunto de dados PH².

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS E TRABALHOS FUTUROS

Foram avaliados os métodos de segmentação, extração e classificação, nos quais foram alcançados resultados excelentes para o conjunto de dados PH². Ao analisar os melhores resultados obtidos para cada classificador levando em consideração cada uma das técnicas de segmentação, percebeu-se que o RF apresentou uma média geral de 91,48% para as métricas de acurácia, precisão, revocação, especificidade e *score*-F1. Por sua vez, o classificador MLP obteve uma média geral de 88,11%. Já o classificador k-NN, em contra partida, demonstrou resultados excelentes para essas métricas, com uma média de 93,18%, evidenciando sua habilidade notável na tarefa de classificação de melanoma, indicando um alto nível de assertividade.

É importante citar que, mesmo que os resultados obtidos sejam promissores, é fundamental realizar uma validação clínica desses métodos de detecção e classificação. A colaboração de especialistas médicos é essencial para validar os resultados e avaliar o desempenho em um ambiente clínico real. A incorporação dessas técnicas como ferramentas complementares no diagnóstico de melanoma requer uma avaliação cuidadosa de sua eficácia, sensibilidade e especificidade em condições clínicas reais.

Como trabalho futuro, sugere-se explorar outras técnicas de segmentação para melhorar o desempenho do modelo. Além disso, propõe-se expandir o conjunto de dados para incluir mais tipos de imagens de lesões de melanoma com características únicas. Esta abordagem contribuirá para uma compreensão mais completa do sistema e melhorará a sua eficácia. Ao avaliar o desempenho em diferentes cenários, a confiabilidade dos resultados obtidos pode ser melhorada. Portanto, expandir o banco de dados e explorar novas técnicas de segmentação são aspectos fundamentais que precisam ser considerados para o desenvolvimento futuro desta pesquisa.

Este estudo estabeleceu uma base sólida para a detecção e classificação de lesões de melanoma por meio de técnicas de processamento de imagem e aprendizado de máquina. As abordagens adotadas apresentaram resultados promissores, abrindo caminho para futuras pesquisas e aplicações clínicas no diagnóstico assistido por computador. A melhoria contínua dessas técnicas, a expansão do conjunto de dados e a validação clínica são aspectos cruciais para avançar na detecção precoce do melanoma, proporcionando sistemas precisos e confiáveis para auxiliar os profissionais de saúde no diagnóstico.

REFERÊNCIAS

- ABIRAMI, S.; CHITRA, P. Energy-efficient edge based real-time healthcare support system. *In: Advances in computers*. Índia: Elsevier, 2020. v. 117, n. 1, cap. 14, p. 339–368.
- ALFED, N.; KHELIFI, F.; BOURIDANE, A. Improving a bag of words approach for skin cancer detection in dermoscopic images. *In: 2016 International Conference on Control, Decision and Information Technologies (CoDIT)*. Malta: IEEE, 2016. p. 024–027.
- BECHELLI, S.; DELHOMMELLE, J. Machine learning and deep learning algorithms for skin cancer classification from dermoscopic images. *Bioengineering*, MDPI, v. 9, n. 3, p. 97, 2022.
- BERGSTRA, J.; BENGIO, Y. Random search for hyper-parameter optimization. *Journal of machine learning research*, v. 13, n. 2, p. 281–305, 2012.
- BEZDEK, J. C.; KELLER, J.; KRISNAPURAM, R.; PAL, N. *Fuzzy models and algorithms for pattern recognition and image processing*. 1. ed. Massachusetts: Springer Science & Business Media, 2005. v. 4.
- BISHOP, C. *Pattern Recognition and Machine Learning*. Springer New York. 2016.
- BISHOP, J. A. N. Lentigos, melanocytic naevi and melanoma. *Rook's textbook of dermatology*, Wiley Online Library, v. 1, n. 1, p. 1–57, 2010.
- CHAN, T. F.; VESE, L. A. Active contours without edges. *IEEE Transactions on image processing*, IEEE, v. 10, n. 2, p. 266–277, 2001.
- CHAWLA, N. V.; BOWYER, K. W.; HALL, L. O.; KEGELMEYER, W. P. Smote: synthetic minority

ANÁLISE DE LESÕES CUTÂNEAS PARA DETECÇÃO DE MELANOMA: EXPLORANDO O POTENCIAL DA VISÃO COMPUTACIONAL

- p>over-sampling technique.
- Journal of artificial intelligence research**
- , v. 16, n. 1, p. 321–357, 2002.
- DAZARD, J.-E.; PIETTE, J.; BASSET-SEGUIN, N.; BLANCHARD, J.-M.; GANDARILLAS, A. Switch from p53 to mdm2 as differentiating human keratinocytes lose their proliferative potential and increase in cellular size. **Oncogene**, Nature Publishing Group, v. 19, n. 33, p. 3693–3705, 2000.
- GONZALEZ, R. C. **Digital image processing**. India: Pearson education, 2009.
- GOODFELLOW, I.; BENGIO, Y.; COURVILLE, A. **Adaptive computation and machine learning series**. 2016.
- HAN, J.; KAMBER, M.; PEI, J. **Data Mining: Concepts and Techniques**. Elsevier Science. 2011.
- HARALICK, R. M.; SHANMUGAM, K.; DINSTEN, I. H. Textural features for image classification. **IEEE Transactions on systems, man, and cybernetics**, IEEE, v. 1, n. 6, p. 610–621, 1973.
- HASTIE, T.; TIBSHIRANI, R.; FRIEDMAN, J. **The Elements of Statistical Learning: Data Mining, Inference, and Prediction**. 1. ed. New York: Springer, 2013. ISBN 9780387216065.
- HAYKIN, S. **Redes neurais: princípios e prática**. 2. ed. São Paulo: Bookman Editora, 2001.
- INCA. **Instituto Nacional de Câncer**. 2022. Disponível em: <https://www.gov.br/inca/pt-br/assuntos/cancer/tipos/pele-melanoma>. Acesso em: 4 jun. 2023.
- JAMES, G.; WITTEN, D.; HASTIE, T.; TIBSHIRANI, R. **An introduction to statistical learning: with applications in R**. 2013.
- JIANG, Y.; CHENG, T.; DONG, J.; LIANG, J.; ZHANG, Y.; LIN, X.; YAO, H. Dermoscopic image segmentation based on pyramid residual attention module. **Plos one**, Public Library of Science San Francisco, CA USA, v. 17, n. 9, p. e0267380, 2022.
- KAATSCH, P.; STELIAROVA-FOUCHER, E.; CROCETTI, E.; MAGNANI, C.; SPIX, C.; ZAMBON, P. Time trends of cancer incidence in european children (1978–1997): report from the automated childhood cancer information system project. **European Journal of Cancer**, Elsevier, v. 42, n. 13, p. 1961–1971, 2006.
- MAIA, L. B. **Aprendizagem Profunda Aplicada ao Diagnóstico de Melanoma**. Dissertação (Mestrado em Ciência da Computação) — Universidade Federal do Maranhão, São Luis, 2019. 86 p.
- MENDONÇA, T.; FERREIRA, P. M.; MARQUES, J. S.; MARCAL, A. R.; ROZEIRA, J. Ph 2-a dermoscopic image database for research and benchmarking. In: **2013 35th annual international conference of the IEEE engineering in medicine and biology society (EMBC)**. Osaka, Japan: IEEE, 2013. p. 5437–5440.
- OJALA, T.; PIETIKAINEN, M.; HARWOOD, D. Performance evaluation of texture measures with classification based on kullback discrimination of distributions. In: **Proceedings of 12th international conference on pattern recognition**. Jerusalem, Israel: IEEE, 1994. v. 1, p. 582–585.
- OSTU, N. A threshold selection method from gray-level histograms. **IEEE Trans SMC**, v. 9, n. 1, p. 62, 1979.
- PELEGRI, J. G. R.; FRIZON, G. J.; SOBRINHO, A. G.; TAVARES, D.; DOMINGUES, V. C.; LIMA, B. M. de. Tendência de incidência do câncer de pele melanoma e não melanoma na grande cuiabá, capital do estado de mato grosso: Incidence trend of melanoma and non-melanoma skin cancer in the great cuiabá, capital of the state of mato grosso. **Brazilian Journal of Health Review**, v. 5, n. 4, p. 13239–13252, 2022.
- PESSOA, D. L.; FERREIRA, L. P.; SILVA, R. S. da; TEIXEIRA, F. F. N.; ABREU, C. B.; SILVA, E. H. O. da; REIS, P. F. F.; NEVES, A. A. P. F. Análise do perfil epidemiológico do câncer de pele não melanoma no estado de roraima no período de 2008 a 2014. **Brazilian Journal of Health Review**, v. 3, n. 6, p. 18577–18590, 2020.
- PREMALADHA, J.; RAVICHANDRAN, K. Novel approaches for diagnosing melanoma skin lesions through supervised and deep learning algorithms. **Journal of medical systems**, Springer, v. 40, n. 4, p. 1–12, 2016.
- RAMALHO, G. L. B.; FERREIRA, D. S.; FILHO, P. P. R.; MEDEIROS, F. N. S. de. Rotation-invariant feature extraction using a structural co-occurrence matrix. **Measurement**, Elsevier, v. 94, n. 1, p. 406–415, 2016.
- RASTGOO, M.; LEMAÎTRE, G.; MOREL, O.; MASSICH, J.; GARCIA, R.; MÉRIAUDEAU,

F.; MARZANI, F.; SIDIBÉ, D. Classification of melanoma lesions using sparse coded features and random forests. *In: Medical Imaging 2016: Computer-Aided Diagnosis*. California: SPIE, 2016. v. 9785, p. 73–81.

RODRIGUES, D. d. A.; IVO, R. F.; SATAPATHY, S. C.; WANG, S.; HEMANTH, J.; FILHO, P. P. R. A new approach for classification skin lesion based on transfer learning, deep learning, and iot system. *Pattern Recognition Letters*, Elsevier, v. 136, n. 1, p. 8–15, 2020.

SHAN, P.; WANG, Y.; FU, C.; SONG, W.; CHEN, J. Automatic skin lesion segmentation based on fc-dpn. *Computers in Biology and Medicine*, Elsevier, v. 123, n. 1, p. 103762, 2020.

SULTANA, N. N.; MANDAL, B.; PUHAN, N. B. Deep residual network with regularised fisher framework for detection of melanoma. *IET Computer Vision*, Wiley Online Library, v. 12, n. 8, p. 1096–1104, 2018.

ÜNVER, H. M.; AYAN, E. Skin lesion segmentation in dermoscopic images with combination of yolo and grabcut algorithm. *Diagnostics*, MDPI, v. 9, n. 3, p. 72, 2019.

VINCENT, L.; SOILLE, P. Watersheds in digital spaces: an efficient algorithm based on immersion simulations. *IEEE Transactions on Pattern Analysis & Machine Intelligence*, IEEE Computer Society, v. 13, n. 06, p. 583–598, 1991.

WANG, D.-f.; YANG, X.-y.; WEI, Y.-R.; LI, J.-J.; BOLATI, H.; MENG, X.-x.; TUERXUN, G.; NUERDAN, N.; WU, J.-y. Genome characterization of the caprine arthritis-encephalitis virus in china: A retrospective genomic analysis of the earliest chinese isolates. *Journal of Integrative Agriculture*, Elsevier, v. 22, n. 3, p. 872–880, 2023.

YAN, Z.; XU, C. Combining knn algorithm and other classifiers. *In: 9th IEEE International Conference on Cognitive Informatics (ICCI'10)*. Beijing, China: IEEE, 2010. p. 800–805.