

Diagnosticando Tuberculose com Redes Neurais Artificiais e Recursos BPPC

Diagnosing Tuberculosis with Artificial Neural Networks and BPPC Features

Diagnóstico de tuberculosis con redes neuronales artificiales y recursos BPPC

Afonso Ueslei Fonseca¹, Juliana Paula Felix¹, Gabriel Silva Vieira¹,
Bruno Moraes Rocha¹, Emília Alves Nogueira¹, Carlos Eduardo Egito Araújo¹,
Deborah Fernandes¹ e Fabrizzio Soares¹

¹ Instituto de Informática, Universidade Federal de Goiás

Autor correspondente: Afonso Ueslei da Fonseca
E-mail: afonsoueslei@ufg.br

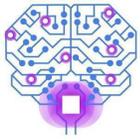
Resumo

Tuberculose é uma doença grave e contagiosa que mata milhões de pessoas, sendo um problema de saúde pública global. Enquanto isso, o uso da Inteligência Artificial na radiologia tem despertado crescente interesse de pesquisadores e da indústria. Soluções para auxiliar no diagnóstico já são uma realidade, mas ainda distante de populações vulneráveis e regiões subdesenvolvidas. Logo, soluções acessíveis são essenciais para populações altamente dependentes de ações e serviços públicos. Assim, propomos um método de baixo custo computacional e alta eficiência para auxiliar no diagnóstico de tuberculose. Utilizamos imagens de radiografia torácicas e construímos um modelo de rede neural artificial com recursos BPPC com e sem a geração de dados sintéticos. Os resultados equivalentes à literatura relacionada mostram o desempenho excepcional e de baixo custo da solução, colocando-a como uma solução alternativa viável.

Descritores: Tuberculose; Redes Neurais; Reconhecimento Automatizado de Padrão.

Abstract

Tuberculosis is a serious and contagious disease that kills millions of people, being a global public health problem. Meanwhile, Artificial Intelligence in radiology has aroused increasing interest from researchers and the industry. Solutions to assist in diagnosis are already a reality, but distant from vulnerable populations and underdeveloped regions.



Therefore, accessible solutions are essential for people that are highly dependent on public actions and services. Thus, we propose a method of low computational cost and high efficiency to aid in diagnosing tuberculosis. We used chest radiography images and built an artificial neural network model with BPPC features with and without synthetic data generation. The results comparable to the literature show the solution's exceptional performance and low cost, placing it as a viable alternative solution.

Keywords: Tuberculosis; Neural Networks; Pattern Recognition.

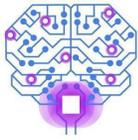
Resumen

La tuberculosis es una enfermedad grave y contagiosa que mata a millones de personas, siendo un problema de salud pública mundial. Mientras tanto, la Inteligencia Artificial en radiología ha despertado un interés creciente por parte de los investigadores y la industria. Las soluciones para auxiliar el diagnóstico ya son una realidad, pero lejanas a poblaciones vulnerables y regiones subdesarrolladas. Por lo tanto, las soluciones accesibles son fundamentales para las personas que dependen en gran medida de las acciones y servicios públicos. Por lo tanto, proponemos un método de bajo costo computacional y alta eficiencia para ayudar en el diagnóstico de la tuberculosis. Utilizamos imágenes de radiografía de tórax y construimos un modelo de red neuronal artificial con características BPPC con y sin generación de datos sintéticos. Los resultados comparables a la literatura muestran el excepcional desempeño y bajo costo, colocándola como una solución alternativa viable.

Descriptores: Tuberculosis; Redes Neuronales; Reconocimiento de Normas Patrones Automatizadas.

Introdução

A tuberculose (TB) é uma das doenças mais mortais do mundo e a segunda principal causa de morte infecciosa depois do SARS-CoV-2 (COVID-19). Embora descoberta no século XIX, mais de 4.100 pessoas morrem diariamente de TB, atingindo cerca de 10 milhões de pessoas infectadas e causando a morte de 1,5 milhão em todo o mundo somente em 2020⁽¹⁾. Assim, embora a TB seja prevenível, tratável e curável, ela



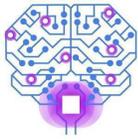
ainda representa um grave problema de saúde pública mundial, afetando principalmente as populações mais vulneráveis.

Os altos custos da cadeia de saúde fazem com que essas populações nem mesmo busquem um diagnóstico. Portanto, soluções acessíveis e escaláveis, de baixo custo, resposta rápida e fácil implementação são essenciais no combate à TB para auxiliar na triagem e diagnóstico corretos dos pacientes. A radiografia torácica (RXT), por exemplo, tem sido historicamente uma das principais ferramentas para detecção de TB, especialmente TB pulmonar. Seu baixo custo, fácil aquisição e alta sensibilidade tornam o RXT uma ferramenta valiosa para identificação de TB.

Nas últimas décadas, a Inteligência Artificial (IA) vem se mostrando como uma ferramenta útil para auxiliar profissionais médicos na interpretação, triagem ou mesmo no diagnóstico⁽²⁾ de certas doenças. Em especial, podemos citar o diagnóstico de TB em RXT por meio de técnicas de IA, que vem emergindo como uma área de interesse de pesquisa⁽³⁾. Assim, a disponibilidade de novas ferramentas computacionais que permitam auxiliar no diagnóstico de TB, sobretudo soluções rápidas, de baixo custo e alta eficácia, compõem uma área de interesse de estudo. As novas soluções podem se mostrar como uma alternativa para países em desenvolvimento, que não só costumam ter um maior índice de co-infecção, mas também sofrem com a escassez de radiologias⁽⁴⁾, dificultando o diagnóstico precoce e preciso da TB.

Diversas técnicas computacionais e métodos de inteligência artificial têm sido apresentadas para este fim, utilizando desde aprendizado de máquina clássico até o aprendizado profundo (DL)^(5,13,14,15,16,17). Além do método de aprendizado de máquina, tais abordagens variam entre si na extração de recursos das imagens de RXT, e também na seleção do conjunto final, que pode ocorrer de forma manual ou automática^(7,8,18). Por exemplo, alguns trabalhos utilizam recursos extraídos por meio de histogramas de intensidade, magnitude do gradiente, gradiente orientado e pirâmide de gradiente orientado, descritores de forma, textura, cor e borda, padrão binário local (BPL) e recursos robustos acelerados.

Entre os métodos de aprendizado de máquina, os mais utilizados são as máquinas de vetor de suporte (SVM), *multilayer perceptron* (MLP) e regressão logística linear. As *Feed-Forward Neural Networks* (FFNN), as primeiras e mais simples categorias de redes



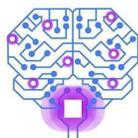
neurais artificiais (RNA) desenvolvidas⁽⁹⁾, também foram utilizadas em pesquisas relacionadas à TB^(10,11,12). As vantagens das FFNN estão no equilíbrio entre os recursos exigidos (menores que modelos DL) e o desempenho e capacidade preditiva, independente das informações de distribuição de probabilidade dos dados.

Buscando contribuir com esta área, apresentamos neste trabalho uma solução computacional de baixo custo e alta eficiência para auxiliar no diagnóstico de casos de tuberculose, especialmente desenvolvida para regiões, ambientes e equipamentos com poucos recursos. Nossa proposta é baseada na construção de uma FFNN e na inovadora extração de recursos a partir do padrão binário de congruência de fase (BPPC) de imagens RXT para construção de um modelo para diagnosticar casos de tuberculose entre casos Não-Tuberculose (saudáveis e doentes sem tuberculose).

Há poucos relatos de métodos baseados em congruência de fase (PC¹)⁽¹⁹⁾ para análise de casos de TB em radiografia torácica na literatura. Rijal *et al.*⁽²⁰⁾ extraíram recursos estatísticos de primeira ordem calculados a partir de 6 zonas distintas de imagens de PC derivadas de RXT para medir a transição entre pixels de tecido pulmonar saudável e infectado por TB. Ebrahimian *et al.*⁽²¹⁾ combinou PC e classificador discriminante linear em um algoritmo para diferenciar entre manifestações de TB e pneumonia na radiografia torácica. O BPPC, uma adaptação do BPL usando PC, foi usado pela primeira vez para reconhecimento facial⁽²²⁾ e mais tarde em outras aplicações^(23,24), e não encontramos nenhum trabalho aplicado a imagens RXT até o momento em que este artigo foi escrito.

Assim, nossa proposta é o primeiro trabalho, até onde sabemos, a utilizar extração de recursos BPPC de imagens RXT e aplicá-la na análise de casos de TB. Experimentos foram realizados e são reportados para uma base de dados de imagens de RXT pública, e uma técnica de sobreamostragem de dados para resolver o desbalanceamento entre as classes foi realizada. Os resultados apontam para uma solução rápida, barata, com alta especificidade, e que requer recursos computacionais de baixo consumo, se mostrando como uma alternativa para auxiliar no diagnóstico TB.

¹ PC do inglês *Phase Congruence*



Materiais e métodos

Nesta seção, descrevemos os principais passos do método em que recursos BPPC são extraídas das imagens RXT, as redes FFNN são construídas e treinadas, e diferentes esquemas de classificação são apresentados para os dados originais e com aumento de dados por sobreamostragem de minoria sintética (SMOTE).

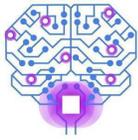
Conjuntos de dados

O conjunto de dados TBX11K disponibilizado por Liu *et al.*⁽¹³⁾ em cooperação com vários hospitais consiste em 11.200 RXT únicas, com um tamanho de resolução de 512x512 *pixels*, distribuídas em 5.000 casos saudáveis, 5.000 casos doentes sem TB, e 1.200 casos com manifestações de TB. Entre os 1.200 casos de manifestações de TB estão as infecções por TB ativa, TB latente e ambas (TB ativa e latente). TBX11K também inclui RXT dos conjuntos DA e DB⁽⁶⁾, Montgomery (MC) e Shenzhen (SHZ)⁽²⁵⁾.

Todas as imagens em TBX11K foram rotuladas seguindo o padrão-ouro e depois divididas em subconjuntos de treinamento, validação e teste. Os rótulos associados a cada caso foram fornecidos para os subconjuntos de treinamento e validação, enquanto para o subconjunto de teste, eles não estão disponíveis. Assim, considerando a indisponibilidade de rótulos para as imagens RXT do subconjunto de teste, utilizamos apenas as 8.976 imagens RXT com rótulos disponíveis, distribuídos conforme **Tabela 1**.

Tabela 1 – Descrição sumarizada do conjunto de dados TBX11K usado neste estudo.

	Classe	Amostras	Subtotal
Não-Tuberculose (Não-TB)	Saudáveis	3800 (42,33%)	7600 (84,67%)
	Doentes Não-Tuberculose	3800 (42,33%)	
Tuberculose (TB)	Tuberculose Ativa	630 (7,02%)	1376 (15,33%)
	Tuberculose Latente	140 (1,56%)	
	Ambas (Ativa e Latente)	30 (0,33%)	
	DA & DB	176 (1,96%)	



MC & SHZ 400 (4,45%)

TOTAL 8976 (100%)

Técnica de sobreamostragem de minoria sintética (SMOTE)

O conjunto de dados TBX11K é composto por um número desbalanceado de amostras entre classes, como visto na **Tabela 1**. Para contornar esta situação, aplicamos a técnica de reamostragem de dados para avaliar se, como e quanto o equilíbrio entre as classes impacta no modelo construído. Portanto, a classe com amostras minoritárias foi aumentada sinteticamente utilizando a técnica de sobreamostragem de minoria sintética (SMOTE) para acomodar um número igual de amostras da classe majoritária. SMOTE⁽²⁶⁾ é uma técnica de aumento de dados que realiza a reamostragem de dados tomando a vizinhança da amostra como referência e criando uma nova instância conectando-se a esta vizinhança.

Na **Figura 1**, ilustramos o resultado da aplicação do SMOTE sobre os dados originais com gráficos *t-Distributed Stochastic Neighbor Embedding* (t-SNE)⁽²⁷⁾, gerados utilizando-se a distância euclidiana. O número final de amostras em cada classe após o SMOTE é igual ao número de amostras da classe majoritária. Assim, na classificação entre TB e Não-TB, após o uso do SMOTE, o número de amostras em cada classe será 7600, aumentando a classe TB em 5.623 amostras sintéticas.

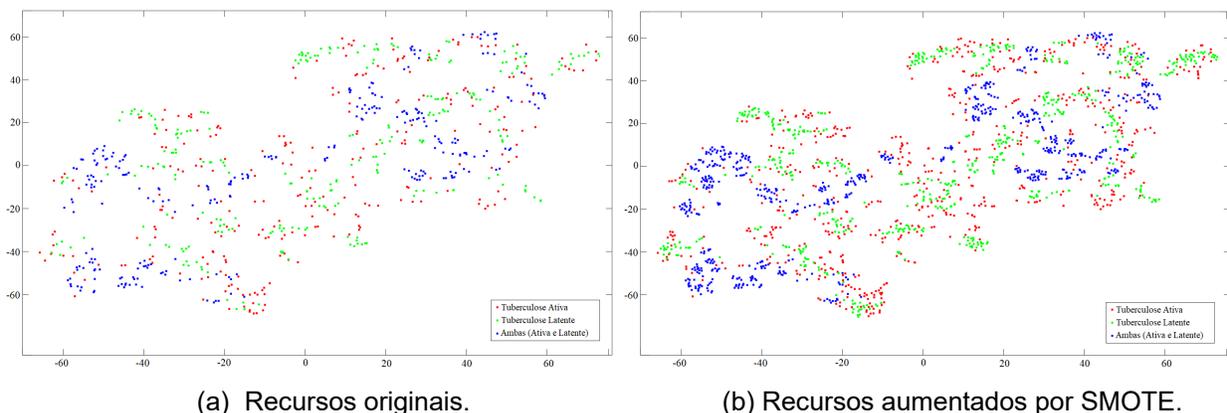
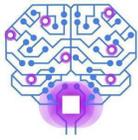


Figura 1 – Gráficos t-SNE sobre classes de estágio TB em recursos reais e depois de SMOTE.

Congruência de fase (PC)



Modelos PC⁽¹⁹⁾ são descritores de padrões essenciais, pois fornecem uma medida independente da magnitude geral do sinal, tornando-o invariante à iluminação da imagem e às variações de contraste. Além disso, ao contrário dos detectores de borda focados na detecção de mudanças repentinas de intensidade, eles captam pontos de ordem no espectro de fase. Esse atributo confere a esses modelos uma alta capacidade de discriminação, desejável em modelos que visam separar amostras entre classes. Ao calcular o PC de uma imagem, são necessárias informações sobre sua frequência espacialmente localizada, geralmente obtida por transformada *wavelet*.

Seja I a imagem RXT, x cada ponto de *pixel* da imagem, e M_n^e e M_n^o as *wavelets* simétricas ímpares e pares na escala n , respectivamente. A resposta de cada par de filtros de quadratura forma um vetor de resposta dado por : $[e_n(x), O_n(x)] = [I(x) * M_n^e, I(x) * M_n^o]$. A informação de amplitude e fase da transformada em uma dada escala *wavelet* como é formulada como: $A_n(x) = \sqrt{e_n(x)^2 + o_n(x)^2}$ e $\varphi_n(x) = \text{atan2}(e_n(x), o_n(x))$.

Então o PC é expresso como a energia local normalizada pela soma das componentes de amplitude de *Fourier* como: $PC(x) = \frac{E(x)}{\sum_n A_n(x)}$, onde $E(x)$ é a energia local definida como: $E(x) = \sqrt{F(x)^2 + H(x)^2}$, com $F(x) = \sum_n e_n(x)$ e $H(x) = \sum_n o_n(x)$. Assim, considerando o ruído, a expressão do PC pode ser modificada como: $PC(x) = \frac{[E(x) - T]}{\sum_n A_n(x) + \varepsilon}$, onde $[\]$ denotam que a quantidade incluída é igual a si mesma quando seu valor é positivo e zero caso contrário; T é um limite de ruído determinado a partir das estatísticas de respostas de filtro aos dados calculados como em⁽¹⁹⁾, e ε é um pequeno deslocamento para evitar a divisão por zero.

Um banco de filtros orientados é projetado para detectar recursos de imagem RXT em várias orientações. Adotamos o número padrão de seis δ direções e as *wavelets* logarítmicas de Gabor.

Padrão binário de congruência de fase (BPPC)

O BPPC é uma adaptação ao BPL, onde o valor de intensidade necessário para calcular o BPL tradicional é substituído pelo valor PC no *pixel* correspondente. Como a

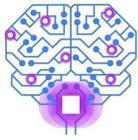


imagem do PC descreve diferentes categorias de recursos, o código BPL também é projetado para descrever diferentes categorias.

O primeiro passo no BPPC é encontrar o PC da imagem em diferentes orientações. Então, tomando seis direções dividindo o plano de frequência uniformemente, o conjunto resultante de recursos da imagem de entrada é obtido pela concatenação do histograma de cada imagem BPPC em uma direção. Para cada um, foi utilizado o número de 177 faixas formando um vetor final com 1062 recursos. O processo de extração de recursos BPPC é visto na **Figura 2(a)** com RXT de entrada, suas PC, seguidas pelas imagens BPPC correspondentes e, finalmente, o histograma BPPC representando os recursos extraídos.

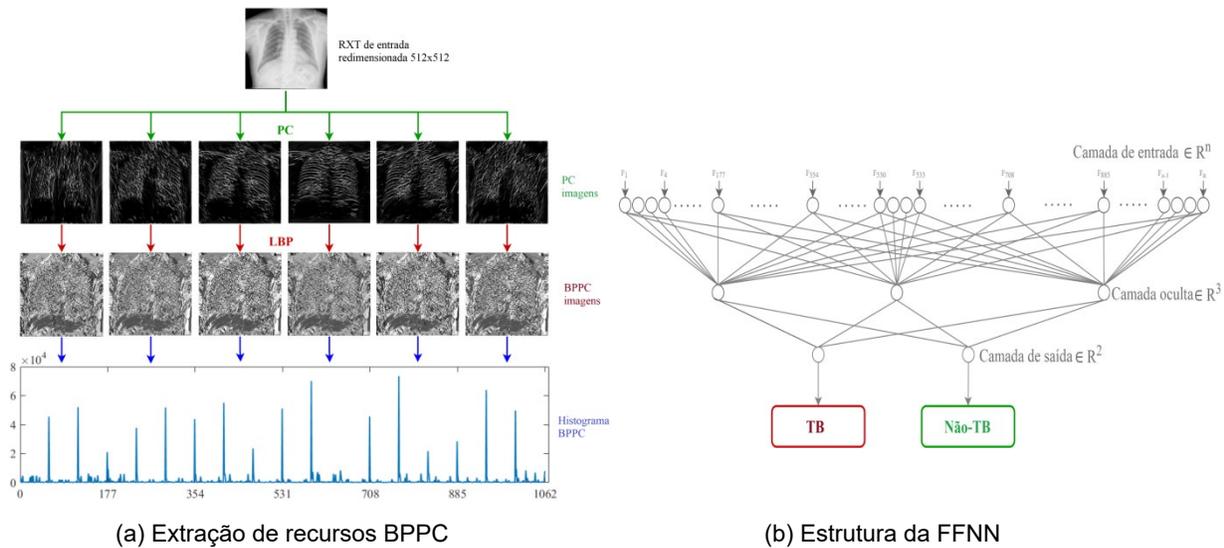
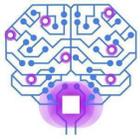


Figura 2 – (a) Processo de extração de recursos BPPC para uma imagem RXT de entrada e (b) Modelo FFNN com n nós de entrada, uma camada oculta com três neurônios e a camada de saída para classificação entre TB e Não-TB.

Feed-Forward Neural Network

As FFNN foram as primeiras e mais simples redes neurais artificiais desenvolvidas⁽⁹⁾, tendo sido aplicadas com sucesso em diversos problemas, incluindo aplicações médicas^(28,29). Nessas redes, as conexões entre nós não formam um *loop*, então as informações só se movem em uma direção --para frente-- dos nós da camada de entrada, passando pelos da camada oculta, para os da camada de dados de saída.

Neste estudo, escolhemos essas redes por sua grande capacidade preditiva, independente das informações de distribuição de probabilidade dos dados. Isso é



importante na pesquisa clínica, pois seus eventos podem ter uma distribuição não específica. Nossa FFNN foi construída com uma única camada oculta de 3 neurônios alimentados com recursos BPPC. Utilizamos função de treinamento *backpropagation* de Levenberg-Marquardt⁽³⁰⁾, para atualização dos pesos e vieses; Função de transferência *Softmax*; Taxa de aprendizagem 0,001; Função de ativação *Tansig*; Número máximo de épocas 50 e um número máximo de falhas de validação igual a 5 para prevenir *overfitting*. A estrutura reduzida do modelo proposto garante treinamento rápido, baixo consumo de recursos computacionais e um alto desempenho.

Avaliação

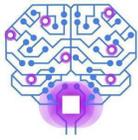
Este estudo utilizou validação cruzada (CV) com dez dobras (estratificada por classe de incidência) para medir a generalização do modelo. Amplamente utilizado em problemas de classificação, essa técnica divide amostras de um conjunto de dados em subconjuntos mutuamente exclusivos, que são usados nas rodadas de treinamento e teste. Assim, a estratégia de CV permite medir como os resultados de uma análise estatística do modelo se generalizam para um conjunto de dados independente.

Utilizamos as seguintes medidas de avaliação: *Acurácia* (ACC) que representa a taxa de acerto entre o total de casos examinados; *Sensibilidade* ou *Taxa de Verdadeiros Positivos* (TVP) que representa a taxa de indivíduos pertencentes à classe positiva (casos de TB) que foram corretamente identificados como TB, e *Especificidade* ou *Taxa de Verdadeiros Negativos* (TVN) que mede a percentual de pessoas pertencentes à classe negativa (Casos Saudáveis ou Doentes Não-TB) que foram corretamente identificados. Portanto, após a finalização dos casos de teste no processo de 10-CV, os resultados médios de cada medida são relatados.

Análise dos resultados e discussão

Nesta seção, apresentamos os resultados obtidos para o modelo construído e discutimos o impacto do uso de aumento de dados pela técnica SMOTE. Além disso, trazemos comparações com a literatura para posicionar os resultados deste trabalho.

Na **Tabela 2** e na **Tabela 3** são apresentados os resultados para cada dobra do processo de validação cruzada no conjunto de dados original e no aumentado por



SMOTE, respectivamente. As curvas da Característica Operacional do Receptor (ROC) e diagramas Sankey⁽³¹⁾ também são apresentadas na **Figura 3**.

Tabela 2 – Resultados por dobra do modelo com o conjunto de dados original.

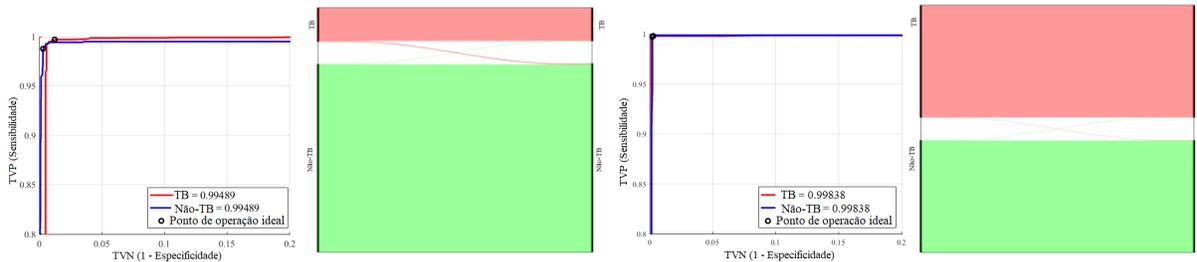
Dobra	Matriz de confusão				ACC	TVP	TVN
	VP	FP	VN	FN			
1	121	12	748	16	96,88%	88,32%	98,42%
2	121	10	750	17	96,99%	87,68%	98,68%
3	136	0	760	2	99,78%	98,55%	100%
4	138	0	760	0	100%	100%	100%
5	138	0	760	0	100%	100%	100%
6	138	0	760	0	100%	100%	100%
7	138	0	760	0	100%	100%	100%
8	137	0	760	0	100%	100%	100%
9	137	0	760	0	100%	100%	100%
10	135	0	760	2	99,78%	99,54%	100%
TOTAL	1339	22	7578	37	99,34±1,27	97,31±4,94	99,71±0,61

VP: verdadeiros positivos, **FP:** falsos positivos, **VN:** verdadeiros negativos e **FN:** falso negativos

Tabela 3 – Resultados por dobra do modelo com o conjunto aumentado por SMOTE.

Dobra	Matriz de confusão				ACC	TVP	TVN
	VP	FP	VN	FN			
1	743	20	740	17	97,57%	97,76%	97,37%
2	760	2	758	0	99,87%	100%	99,74%
3	760	0	760	0	100%	100%	100%
4	760	0	760	0	100%	100%	100%
5	760	0	760	0	100%	100%	100%
6	760	0	760	0	100%	100%	100%
7	760	0	760	0	100%	100%	100%
8	760	0	760	0	100%	100%	100%
9	760	0	760	0	100%	100%	100%
10	760	0	760	0	100%	100%	100%
TOTAL	7583	22	7578	17	99,74±0,77	99,78±0,71	99,71±0,83

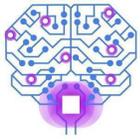
VP: verdadeiros positivos, **FP:** falsos positivos, **VN:** verdadeiros negativos e **FN:** falso negativos



(a) Original - Curvas ROC (b) Original - Sankey (c) SMOTE - Curvas ROC (d) SMOTE - Sankey

Figura 3 – (a), (b), (c) e (d) curvas ROC e diagrama Sankey para o modelo construído sobre conjunto original, e conjunto aumentado por SMOTE, respectivamente.

Podemos ver pelos resultados que o modelo tem um TVN alto e consistente com baixa variância entre as dobras do conjunto de dados original e aumentado. Em relação ao TVP, balancear as amostras no conjunto de dados aumentado promove essa taxa, aumentando seu valor e reduzindo sua variância inter-fold em relação ao conjunto de dados original. As curvas *Receiver Operating Characteristic* (ROC) deste modelo ajudam a entender seu desempenho mostrando um ponto de operação ideal, apontando para uma área sob a curva ROC (AUC) maior que 99%, e estável para diferentes limites de classificação. O baixo fluxo de erros de classificação entre classes nos diagramas de Sankey mostra a alta precisão do modelo.



Como mencionado anteriormente, nosso modelo foi pensado e projetado para uso em regiões, ambientes e equipamentos com poucos recursos (físicos, financeiros, computacionais). Portanto, características do modelo como tempo (construção, treinamento e teste) e tamanho (espaço de armazenamento, memória de processamento, etc.) são essenciais para sua adoção como solução. Assim, embora os modelos baseados em redes neurais profundas sejam inquestionáveis em muitas tarefas e a primeira escolha de muitas soluções, eles falham em alguns aspectos porque são construídos com milhares de parâmetros, exigem alto poder de processamento e tempo e, às vezes, são difíceis de interpretar. Além disso, os modelos DL geralmente exigem processamento paralelo usando equipamentos caros.

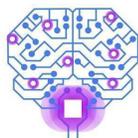
Desta forma, nossa proposta baseada em redes neurais artificiais rasas possui maior eficiência de parâmetros, apenas 1062 recursos de entrada e uma única camada oculta com apenas três neurônios; portanto, menos graus de liberdade e menos propenso a *overfitting*. Vale mencionar também que, usando equipamento de desktop padrão sem aceleração ou memória gráfica, a extração de recursos BPPC leva em média 1,5s por imagem CXR. Para construção e treinamento de modelos, a memória necessária é inferior a 200Kb com uma média de 0,15s para processar cada imagem. Uma vez que o modelo é treinado, leva apenas 7ms para inferir uma nova entrada.

Comparação de Resultados com Literatura Relacionada

Na **Tabela 4**, trazemos uma breve comparação dos resultados obtidos com outros trabalhos recentes na literatura que fazem a detecção da tuberculose. Dado o número limitado de estudos utilizando a base de dados TBX11K, incluímos nesta comparação estudos que utilizaram outras bases de dados conhecidas na literatura. Embora os trabalhos usem diferentes metodologias, conjuntos de dados e esquemas de divisão de dados, a comparação ainda fornece uma visão do estado da arte da detecção de tuberculose e apoia a avaliação de nossa proposta.

Conclusões

Este trabalho apresentou uma solução de baixo custo e alta eficiência para diagnosticar e classificar casos de tuberculose. Nossa proposta, construída sobre



modelos FFNN e recursos BPPC, requer poucos recursos computacionais, memória, tempo e energia, apresentando resultados equivalentes aos da literatura.

Nossa proposta foi avaliada em dois esquemas de classificação, com e sem aumento de dados, comportando-se de forma estável e apresentando valores significativos de ACC, TVP, TVN e AUC. Além disso, os diagramas de Sankey mostraram baixos fluxos de erros entre as classes em todos os modelos. Por fim, os modelos construídos demonstraram que os recursos do BPPC são úteis e eficazes na discriminação de casos de TB em RXT, representando uma alternativa válida de solução computacional por inteligência artificial para diagnóstico de TB.

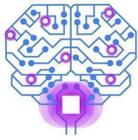
Tabela 4 – Comparativo da detecção de tuberculose com estudos relacionados.

Ano	Estudo	Metodologia	Conjunto	Partição tre/val/tes	Resultados em testes (%)			
					ACC±σ	TVP	TVN	AUC±σ
2018	Vajda <i>et al.</i> ⁽⁷⁾	(1) FE(SetA,B,C), FS weary, MLP	MC SH	10-CV	84,7±11,16	-	-	91 99±0,05
2020	Rahman <i>et al.</i> ⁽¹⁴⁾	(1) DenseNet201	MCSH+BNR	5-CV	97±1,71	98,56	98,54	-
2021	Karaka <i>et al.</i> ⁽¹⁸⁾	(2) DFE from 5 DCNNs, SVM	MC	5-CV	98,6	-	-	100
2021	Rajaraman <i>et al.</i> ⁽¹⁶⁾	(3) VGG-16 Fine-tuned	SH,BE,IND	80/20	98,9	96,9	85,6	95,3
2022	Fonseca <i>et al.</i> ⁽⁸⁾	(1) FE(LBP), FS(MBO), KNN	MC SH MCSH	10-CV	92,3	65,5 85,42 80	96,25 95,4 93,8	82,9 92,4 88,9
2022	Nafisah & Muhammad ⁽¹⁷⁾	(1) EfficientNetB3, DA (1) InceptionRenNetV2, DA (1) EfficientNetB3, DA	MC SH MCSH	5-CV	83,3±7,16 90,3±3,06 87±3,29	89,3 93,6 98,3	90,7 93,8 99	-
2020	Liu <i>et al.</i> ⁽¹³⁾	(2) Faster R-CNN (ResNet w/FPN)	TBX11K	≈59/16/25	89,7	91,2	89,9	93,6
2022	Ngoc <i>et al.</i> ⁽¹⁵⁾	(3) EfficientNet-B5-FPA(KD)	TBX11K	≈94/2/4	96,8	88,5	97,9	96,7
2022	Nosso método	(2) FE(BPPC), FFNN (2) FE(BPPC), FFNN + DA (Smote)	TBX11K	10-CV	99,34±1,27 99,74±0,77	97,31 99,78	99,71 99,71	99,49 99,84

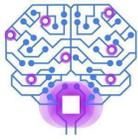
FE: Processo de extração de recursos, DFE: Processo de extração profunda de recursos, FS: Processo de seleção de recursos, DA: Aumento de dados. *Conjunto de dados*: MC: Montgomery e SH: Shenzhen⁽²⁵⁾, MCSH: MC e SH, IND: Índia⁽⁶⁾, BNR: formado por imagens RXT selecionadas de Belarus⁽³²⁾, NIADID⁽³³⁾ e RSNA⁽³⁴⁾. *Em partição*: porcentagem de treino/validação/teste ou treino/teste, n-CV: validação cruzada com n-dobras. (1): Segmentação de mascaras pulmonares, (2): Nenhuma segmentação e (3): Segmentação em recorte de caixa.

Referências

1. WHO, "Global tuberculosis report 2021," p. 1, 2021.
2. V. Phillips, "AI has huge potential to address the crisis in medical imaging," <https://thejournalofmhealth.com/ai-has-huge-potential-to-address-the-crisis-in-medical-imaging/>, 2022, accessed: 2022-07-17.
3. L. M. Pinto *et al.*, "Scoring systems using chest radiographic features for the diagnosis of pulmonary tuberculosis in adults: a systematic review," *European Respiratory Journal*, vol. 42, no. 2, pp. 480–494, 2013.
4. S. Kulkarni and S. Jha, "Artificial intelligence, radiology, and tuberculosis: a review," *Academic radiology*, vol. 27, no. 1, pp. 71–75, 2020.



5. P. Lakhani and B. Sundaram, "Deep learning at chest radiography: automated classification of pulmonary tuberculosis by using convolutional neural networks," *Radiology*, vol. 284, no. 2, pp. 574–582, 2017.
6. A. Chauhan *et al.*, "Role of gist and phog features in computer-aided diagnosis of tuberculosis without segmentation," *PloS one*, vol. 9, no. 11, p. e112980, 2014.
7. S. Vajda *et al.*, "Feature selection for automatic tuberculosis screening in frontal chest radiographs," *Journal of medical systems*, vol. 42, no. 8, pp. 1–11, 2018.
8. A. U. Fonseca *et al.*, "Tuberculosis Detection in Chest Radiography - A Combined Approach of Local Binary Pattern Features and Monarch Butterfly Optimization Algorithm," in *2022 IEEE 46th Annual Computers, Software, and Applications Conference (COMPSAC)*. IEEE, 2022, pp. 1408–1413.
9. J. Schmidhuber, "Deep learning in neural networks: An overview," *Neural networks*, vol. 61, pp. 85–117, 2015.
10. O. Er *et al.*, "Tuberculosis disease diagnosis using artificial neural networks," *Journal of medical systems*, vol. 34, no. 3, pp. 299–302, 2010.
11. A. Fojnica *et al.* "Dynamical model of tuberculosis-multiple strain prediction based on artificial neural network," in *2016 5th Mediterranean Conference on Embedded Computing (MECO)*, 2016, pp. 290–293.
12. S. Khobragade *et al.*, "Automatic detection of major lung diseases using chest radiographs and classification by feed-forward artificial neural network," in *2016 IEEE 1st International Conference on Power Electronics, Intelligent Control and Energy Systems (ICPEICES)*, 2016, pp. 1–5.
13. Y. Liu *et al.*, "Rethinking computer-aided tuberculosis diagnosis," in *2020 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, 2020.
14. T. Rahman *et al.*, "Reliable Tuberculosis Detection Using Chest X-Ray With Deep Learning, Segmentation and Visualization," *IEEE Access*, vol. 8, 2020.
15. H. N. Ngoc *et al.*, "An efficient approach for tuberculosis diagnosis on chest x-ray," in *2022 IEEE 19th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI)*, 2022.
16. S. Rajaraman *et al.*, "Improved semantic segmentation of tuberculosis—Consistent findings in chest x-rays using augmented training of modality-specific U-Net models with weak localizations," *Diagnostics*, vol. 11, no. 4, p. 616, 2021.
17. S. I. Nafisah *et al.*, "Tuberculosis detection in chest radiograph using convolutional neural network architecture and explainable artificial intelligence," *Neural Computing and Applications*, pp. 1–21, 2022.
18. B. K. Karaca *et al.*, "Comparative study for tuberculosis detection by using deep learning," in *2021 44th International Conference on Telecommunications and Signal Processing (TSP)*, 2021, pp. 88–91.
19. P. Kovesi *et al.*, "Image features from phase congruency," *Videre: Journal of computer vision research*, vol. 1, no. 3, pp. 1–26, 1999.



20. O. Mohd Rijal *et al.*, “Determining features for discriminating ptb and normal lungs using phase congruency model,” in Proceedings of 2012 IEEE-EMBS International Conference on Biomedical and Health Informatics, 2012, pp. 341–344.
21. H. Ebrahimian *et al.*, “Phase congruency parameter estimation and discrimination ability in detecting lung disease chest radiograph,” in 2014 IEEE Conference on Biomedical Engineering and Sciences (IECBES), 2014, pp. 729–734.
22. S. Shojaeilangari *et al.*, “Feature extraction through binary pattern of phase congruency for facial expression recognition,” in 2012 12th International Conference on Control Automation Robotics & Vision (ICARCV), 2012, pp. 166–170.
23. D. Dall’Alba and P. Fiorini, “Bipco: ultrasound feature points based on phase congruency detector and binary pattern descriptor,” International journal of computer assisted radiology and surgery, vol. 10, no. 6, pp. 843–854, 2015.
24. L. Cai *et al.*, “Robust phase-based texture descriptor for classification of breast ultrasound images,” Biomedical engineering online, vol. 14, no. 1, pp. 1–21, 2015.
25. S. Jaeger *et al.*, “Two public chest x-ray datasets for computer-aided screening of pulmonary diseases,” Quantitative imaging in medicine and surgery, vol. 4, 2014.
26. N. V. Chawla *et al.*, “Smote: synthetic minority over-sampling technique,” Journal of artificial intelligence research, vol. 16, pp. 321–357, 2002.
27. L. Van der Maaten and G. Hinton, “Visualizing data using t-SNE.” Journal of machine learning research, vol. 9, no. 11, 2008.
28. N. A. Almansour *et al.*, “Neural network and support vector machine for the prediction of chronic kidney disease: A comparative study,” Computers in biology and medicine, vol. 109, pp.101–111, 2019.
29. A. J. Aljaaf *et al.*, “A fusion of data science and feed-forward neural network-based modelling of covid-19 outbreak forecasting in IRAQ,” Journal of Biomedical Informatics, vol. 118, p. 103766, 2021.
30. S. Sapna *et al.*, “Backpropagation learning algorithm based on levenberg marquardt algorithm,” Comp Sci Inform Technol (CS and IT), vol. 2, pp. 393–398, 2012.
31. T. Keiderling, “Der brockhaus,” Große Lexika und Wörterbücher Europas: Europäische Enzyklopädien und Wörterbücher in historischen Porträts, 2012.
32. B. P. Health. [Online], “BELARUS TUBERCULOSIS PORTAL,” 2020, Available: <http://tuberculosis.by/>. [Accessed on 09-June-2020].
33. A. Rosenthal *et al.*, “The tb portals: an open-access, web-based platform for global drug-resistant-tuberculosis data sharing and analysis,” Journal of clinical microbiology, vol. 55, no. 11, pp. 3267–3282, 2017.
34. X. Wang *et al.*, “Chestx-ray8: Hospital-scale chest x-ray database and benchmarks on weakly-supervised classification and localization of common thorax diseases,” IEEE conference on computer vision and pattern recognition, 2017, pp. 2097–2106.