

# Proposta de implementação de um algoritmo baseado em Inteligência Artificial (IA) para o diagnóstico de Cancro da Mama no Hospital Central de Maputo

Rafael Beto Mpfumo\* e Nércio Nhatave

Departamento de Tecnologias e Sistemas de Informação, Instituto Superior de Transportes e Comunicações, Prol. Av. Kim Il Sung, Edf. D1, Maputo, Moçambique

\*e-mail de contacto: [rmpfumo@isutc.ac.mz](mailto:rmpfumo@isutc.ac.mz)

**Resumo** – O cancro de mama (CM) é o tumor maligno mais frequente entre as mulheres em todo o mundo, sendo uma das principais causas de mortalidade global. Nos últimos anos em Moçambique, o cancro de mama se destaca como o tipo mais comum de cancro diagnosticado entre as mulheres, afetando principalmente aquelas com idades entre os 30 e 59 anos. Esse tipo de cancro também foi responsável por aproximadamente 8% de todas as mortes relacionadas com o cancro, abrangendo diversas causas. Este projecto tem como objectivo desenvolver um algoritmo baseado em Inteligência Artificial para diagnosticar com maior eficiência o cancro de mama no Hospital Central de Maputo (HCM). Apoiando-se nos princípios da metodologia de pesquisa científica *Design Science Research (DSR)*, optou-se pelo delineamento de uma pesquisa aplicada com enfoque exploratório e descritivo com uma abordagem mista, fazendo o uso de um estudo de caso. Como procedimentos para a recolha de informação foi utilizada uma combinação de questionários, entrevistas, observações e análise bibliográfica para melhor entender e sustentar a base de pesquisa, para além da consulta de trabalhos similares. Foram utilizadas ferramentas e tecnologias, incluindo de Inteligência Artificial, para criar o sistema, a destacar: *Python, Google Colaboratory (Colab), framework TensorFlow, Scikit-learn ou Sklearn, Pandas, NumPy, Matplotlib, Keras*. Resultados alcançados demonstram que o algoritmo desenvolvido pode melhorar significativamente a eficiência do diagnóstico, permitindo análises mais rápidas e precisas das imagens mamográficas e reduzindo a incidência de falsos diagnósticos, possibilitando tratamentos mais eficazes e precoces. Este trabalho pode dar uma contribuição significativa e contribuir de forma positiva de modo a diminuir os problemas relacionados com o diagnóstico do cancro de mama, reduzindo os riscos de perdas de vidas ao proporcionar diagnósticos mais rápidos e precisos.

**Palavras-chave** — Algoritmo, diagnostico, IA, cancro, Mama.

## I. INTRODUÇÃO

A telemedicina é um processo avançado para monitoramento de pacientes, troca de informações médicas e análise de resultados de diferentes exames. Estes exames são avaliados e entregues de forma digital, dando apoio para

a medicina tradicional. A telemedicina já é utilizada em todo mundo, de forma segura e legalizada, estando de acordo com a legislação e as normas médicas. A prática se popularizou mais durante a pandemia de *Covid-19* [1].

De acordo com Yadav [2], o Cancro de Mama (CM) é uma doença na qual as células da mama se desenvolvem de forma anormal e incontrolável, resultando numa massa chamada tumor. Se os caroços na mama não forem tratados, eles podem-se espalhar para outras regiões do corpo, incluindo os ossos, fígado e pulmões. Tanto homens como mulheres são afetados pelo CM, embora os homens estejam em menor risco.

O CM é o tumor maligno mais frequente na mulher no mundo e é uma das principais causas de mortalidade global. Os dados da OMS apontam que 2,3 milhões de mulheres foram diagnosticadas com CM em 2020. A doença causou 685 mil mortes em todo o mundo. No mesmo ano, havia 7,8 milhões de mulheres vivendo com CM nos últimos 5 anos [3].

Sendo a causa do Cancro da Mama ainda desconhecida, o meio mais importante para o seu controlo é a deteção precoce e o tratamento precoce. Esta ideia é reforçada por Álvarez *et al* [4], quando referem que muitos estudos têm demonstrado que o diagnóstico precoce do Cancro da Mama diminui a mortalidade uma vez que os tratamentos em estádios precoces são mais eficazes e menos invasivos.

Na visão de Tulsidás [5], os tumores de mama são divididos em quatro grupos: normal, benigno, carcinoma in situ (no lugar) e carcinoma invasivo. Um tumor benigno é uma coleção anormal, mas não cancerosa, de células em que ocorrem pequenas alterações na estrutura das células, e elas não podem ser consideradas células cancerosas. No entanto, o carcinoma in situ e o carcinoma invasivo são classificados como cancro. O carcinoma in situ permanece em seu órgão de origem e não afeta outros órgãos. Por outro lado, o carcinoma invasivo espalha-se para órgãos circundantes e causa o desenvolvimento de muitas células cancerosas nesses órgãos [6].

O cancro ocorre quando uma célula perde o controlo sobre o seu ciclo celular e se transforma num tumor devido às suas alterações genéticas. Essas células são consideradas células cancerígenas devido à proliferação inadequada, especificamente, não passam pelo processo de morte celular programada e conseguem, durante a formação de metástases, dissociar-se do tumor primário e invadir outros tecidos. A Figura 1 representa os locais comuns de incidência de CM.

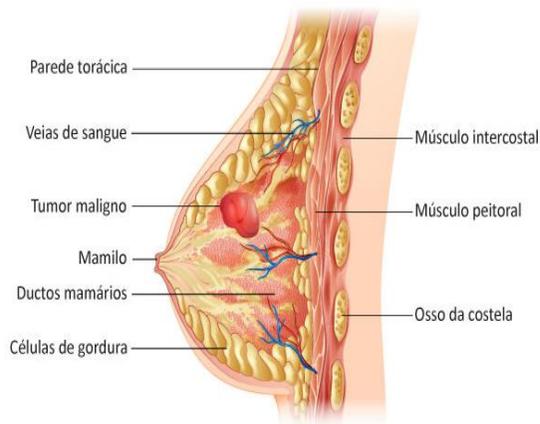


Figura 1. Locais comuns de incidência de CM [16].

Cerca de 95% dos casos de Cancro de Mama diagnosticados no início têm chance de cura [7]. O diagnóstico precoce é essencial para o tratamento eficaz, e isso pode envolver mamografias regulares, exames clínicos da mama e autoexames.

As mamas são estruturas anexas à pele especializadas na produção de leite. Existem em ambos os sexos, mas são bem rudimentares no sexo masculino. No sexo feminino elas se desenvolvem e se diferenciam na puberdade, atingindo o seu maior pico de desenvolvimento durante a gestação e o processo de lactação.

As mamas são compostas pelas células produtoras de leite, que representam 63% do total da massa mamária, e a parte restante da composição mamária é formada pelo tecido glandular que se localiza a cerca de 3 cm da base do mamilo. Em relação à histologia a mama, é composta por tecido adiposo subcutâneo, tecido intra-glandular, tecido glandular (retro mamário), tecido mioepitelial, tecido conjuntivo interlobular e músculo peitoral. Anatomicamente as mamas estão situadas entre as camadas superficial e profunda da pele, as mamas estendem-se entre a segunda e a sexta costelas e do esterno à linha axilar média [8].

Nos últimos anos em Moçambique, o CM destacou-se como o tipo mais comum de cancro diagnosticado entre as mulheres, afetando principalmente aquelas com idades entre 30 e 59 anos. Esse tipo de cancro também foi responsável por aproximadamente 8% de todas as mortes relacionadas com o cancro, abrangendo diversas causas [9].

Em Moçambique, 8 em cada 100 novos casos de todos os carcinomas na mulher são casos de carcinoma da mama. De acordo com o relatório do *GLOBOCAN* de 2008, neste ano ocorreram em Moçambique 945 casos novos de CM com 512 mortes, o que significa que 54 em cada 100 mulheres com CM morrem. Como o diagnóstico dos casos é feito já em fases avançadas da doença não é possível o tratamento [10].

O Hospital Central de Moçambique (HCM) é uma entidade pública de referência, elevado nível de competência, e oferece atendimento, bem como campo de desenvolvimento de atividades assistenciais, de formação e investigação [11].

Segundo a OMS (Organização Mundial da Saúde) citado por Tulsidás [12], em 2020, haviam 1,6 mamógrafos, 1,6 tomógrafos computadorizados e 0,4 máquinas de RM (Ressonância Magnética) por 10.000 pacientes com cancro

em Moçambique, o que está abaixo dos valores medianos da Região Africana da OMS (10,4 mamógrafos, 11,5 tomógrafos computadorizados e 1,3 máquinas de ressonância magnética por 10.000 pacientes com cancro). Tomógrafos por emissão de positrões ainda não estão disponíveis em Moçambique. Para além da escassez de recursos de imagem especializados, parte do equipamento disponível está obsoleta ou inoperante devido à falta de manutenção adequada.

O último relatório da OMS sobre recursos humanos em saúde a nível mundial mostrou que havia 72,6 cirurgiões por 10.000 pacientes com cancro em Moçambique em 2013; o valor mediano correspondente na Região Africana da OMS era de 52 por 10.000 em 2019. Um artigo discutindo a vigilância do cancro e os recursos em Moçambique afirmou que não existem cirurgiões oncológicos neste contexto. Em Moçambique, como em muitos outros países em desenvolvimento, a cirurgia é altamente centrada em condições agudas, e o tratamento cirúrgico do cancro é realizado por cirurgiões gerais com conhecimentos limitados em cirurgia oncológica, de acordo com boas práticas oncológicas [13].

Diante destes pressupostos levantados acima, surge a necessidade do desenvolvimento de um algoritmo baseado em inteligência artificial para o diagnóstico de cancro de mama com eficiência e precisão no HCM.

## II. TÉCNICAS UTILIZADAS

### 2.1. Tipo de pesquisa

Neste projecto, foi utilizada a pesquisa aplicada, que segundo Gerhardt [14], objectiva gerar conhecimentos para aplicação prática, dirigidos à solução de problemas específicos. Envolve verdades e interesses “locais”. Foi escolhida por ser a abordagem mais adequada para alcançar os objetivos práticos e específicos do projeto, oferecendo uma solução inovadora e eficaz para o diagnóstico do CM.

Quanto a abordagem foi escolhida a pesquisa mista, pois ela envolveu a coleta e análise de dados numéricos e descritivos usando técnicas de pesquisa quantitativa e qualitativa. A pesquisa quantitativa foi fundamental para mensurar a eficácia dos métodos diagnósticos existentes e validar as melhorias propostas, através da coleta e análise de dados estatísticos.

Quanto aos objetivos foi escolhida a pesquisa exploratória pois esta permitiu identificar os problemas existentes nos métodos tradicionais de diagnóstico, determinando suas limitações e lacunas a serem resolvidas. As informações obtidas possibilitaram o desenvolvimento de um protótipo funcional do algoritmo, destinado a melhorar a precisão e a eficiência do diagnóstico do CM.

Quanto aos procedimentos foram escolhidas as pesquisas bibliográficas e estudo de campo. Foi realizado mediante a busca de pesquisas e estudos previamente conduzidos sobre o cancro de mama, em recursos como livros, artigos científicos, *websites* nacionais e internacionais. O estudo de caso teve como base o HCM.

## 2.2. Técnicas para a recolha e análise de dados

### 2.2.1. Análise documental

Foram identificados, selecionados e analisados documentos com recursos a bibliotecas físicas e virtuais, nomeadamente livros, trabalhos investigativos e artigos publicados, relacionados com a IA e o CM a fim de obter informações relevantes para o desenvolvimento da pesquisa.

### 2.2.2. Entrevistas e questionários

Foram feitas entrevistas a médicos e paciente do HCM, para melhor entender o processo de diagnóstico e tratamento do CM.

### 2.2.3. Conjunto de dados

O conjunto de dados utilizado para o desenvolvimento da solução é uma parte do CBIS-DDSM (conjunto curado de imagens mamográficas de base de dados digital para o rastreamento mamográfico) dos autores Lee et al. [15]. Este conjunto de dados consiste em imagens médicas de mamografias, divididas em três conjuntos: treino, teste e validação. Cada conjunto está organizado em duas pastas principais, denominadas "malignas" e "benignas", que correspondem à duas classes distintas de condições mamárias.

## 2.3. Metodologia de pesquisa

Para guiar esta pesquisa, adotou se pelos princípios da metodologia de pesquisa DSR, ilustrado na Figura 2.

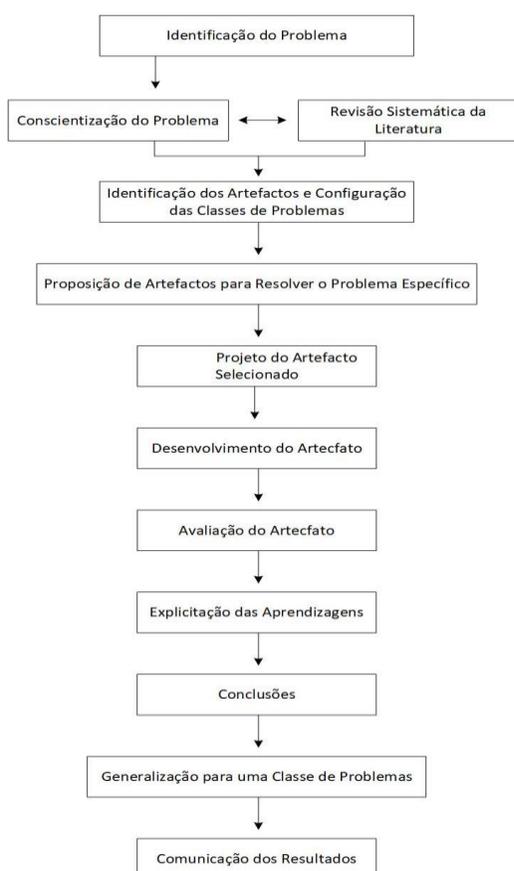


Figura 2. Fluxograma da condução da pesquisa no DSR [17].

## III. MÉTODOS E RESULTADOS

### 3.1. Algoritmo de IA

Optou-se por empregar o algoritmo Rede Neural Convulsional para trabalhar como as imagens captadas fornecidas. O algoritmo foi treinado utilizando um conjunto de dados de mamografias e testado para verificar sua precisão e sensibilidade.

#### 3.1.2. Google Colaboratory (Colab)

Foi o ambiente de desenvolvimento utilizado, por ser adequado principalmente para aprendizado de máquina e não acarretar custos. Permitiu escrever, executar e partilhar código *Python* que posteriormente foi armazenado no *Google Drive*.

### 3.2. Tecnologias utilizadas para o desenvolvimento

#### 3.2.1. Python

Linguagem de programação utilizada para implementar algoritmos de *Machine Learning*.

#### 3.2.2. TensorFlow

Este *framework* de código aberto permitiu construir, treinar e avaliar o modelo para classificação de imagens de mamografias.

#### 3.2.3. Scikit-learn ou Sklearn

Está biblioteca permitiu gerar relatórios de classificação para mostrar as métricas de desempenho do modelo de classificação. As métricas são apresentadas adiante.

#### 3.2.4. Pandas

É uma biblioteca do *Python*, que serviu para manipular e analisar dados fornecidos para tratamento.

#### 3.2.5. NumPy

Esta biblioteca do *Python* foi utilizada para realizar operações matemáticas noa *arrays*. Permitiu criar, manipular e realizar operações com matrizes, vetores e tensores grandes

#### 3.2.6. Matplotlib

Foi utilizado para a criação de gráficos *2D* e *3D* com visualizações estáticas, animadas e interativas.

### 3.3. Testes de software

Para testar o algoritmo, foram realizados os testes de avaliação de desempenho, onde são apresentados os gráficos de acurácia e perda em relação as épocas, a matriz de confusão e as métricas de avaliação.

O Modelo mostrou-se capaz de analisar imagens de mamografias para identificar e classificar características anormais, como a forma e os contornos de massas mamárias. Utilizando um conjunto de dados que inclui imagens

completas de mamografias, o algoritmo pretende distinguir diferentes tipos de massas com base nos seus atributos, visando melhorar o diagnóstico e a deteção precoce de anomalias nas mamografias.

Com este algoritmo, é possível que um utilizador carregue uma imagem de mamografia a partir do seu dispositivo para que o modelo de IA possa analisá-la e fazer uma previsão. Após o utilizador selecionar e carregar a imagem, esta é automaticamente processada e ajustada para o formato exigido pelo modelo. Em seguida, o modelo analisa a imagem e fornece uma previsão indicando se a anomalia detetada é maligna ou benigna.

Nas Figuras 3 e 4, subsequentes são apresentados o processo de carregamento de imagens e os resultados das imagens carregadas.

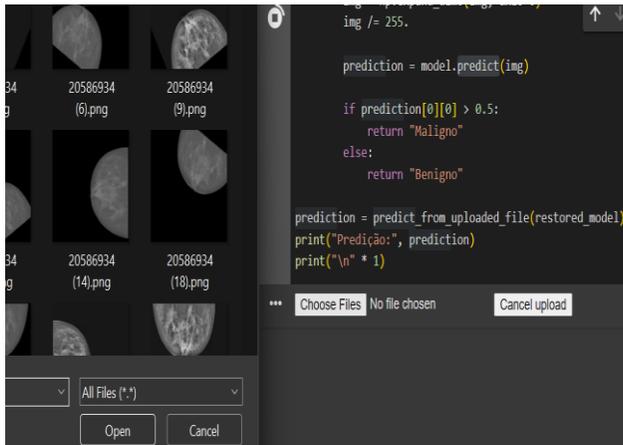


Figura 3. Carregamento das imagens mamográficas.

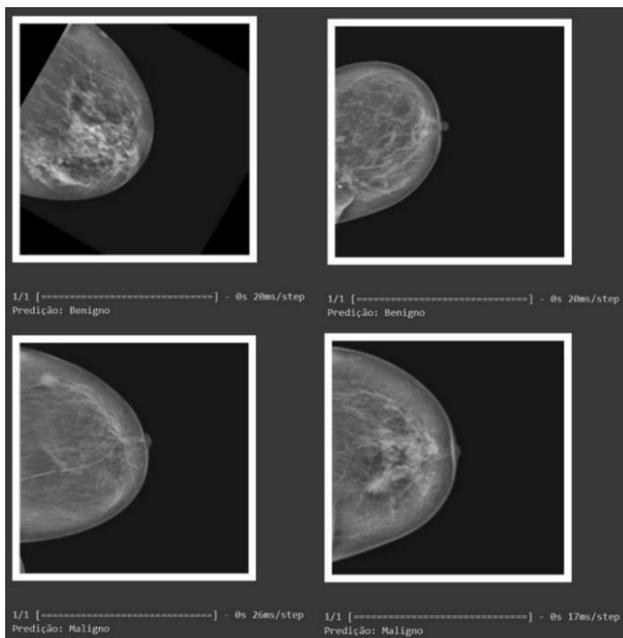


Figura 4. Resultados das imagens carregadas.

### 3.4. Procedimentos utilizados para a recolha e análise de dados

#### 3.4.1. Entrevistas e questionários

Foram realizadas entrevistas com os médicos com a finalidade de obter informações sobre o tratamento atual do CM e explorar a perspetiva médica sobre a implementação

de sistemas informáticos para diagnóstico dessa doença, foram realizadas também, entrevistas para pacientes pós-cancro do HCM, visando entender melhor suas experiências desde o diagnóstico até o tratamento.

#### 3.4.2. Análise documental

Através de recursos como bibliotecas físicas e virtuais, foi possível ter acesso a documentos como livros, trabalhos investigativos, artigos, entre outros, relacionados com a IA e o CM.

#### 3.4.3. Conjunto de dados

Tabela 1. Distribuição do conjunto de dados

Conjunto	Benigno	Maligno	Total
Treino	1,260	2,556	3,816
Teste	630	1,278	1,908
Validação	630	1,278	1,908
<b>Total de imagens</b>	<b>2,520</b>	<b>5,112</b>	<b>7,632</b>

No conjunto de treino, existem 3816 imagens, enquanto no conjunto de teste e no conjunto de validação existem 1908 imagens cada, todas distribuídas nas mesmas duas classes, totalizando 7632 imagens (Tabela 1). Este arranjo permitiu uma avaliação eficaz do desempenho do modelo em diferentes conjuntos de dados, garantindo sua robustez e generalização.

Na Figura 5, são apresentados dois tipos diferentes de cancro. Nesta pesquisa, o benigno é classificado como o tipo menos grave, enquanto o maligno é considerado o tipo mais grave.

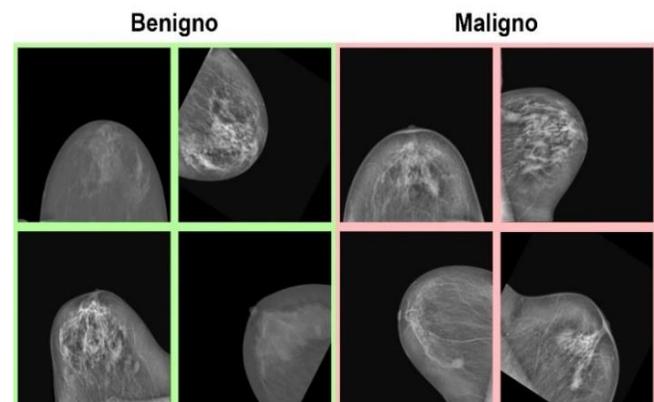


Figura 5. Amostras do conjunto de dados CBIS-DDSM.

### 3.2. Diagrama do modelo proposto

Cada bloco no diagrama representa uma camada do modelo, as setas indicam a direção do fluxo de dados através do modelo, representando as conexões entre as camadas. As formas nas caixas denotam as dimensões dos tensores em cada camada, e detalhes adicionais sobre as camadas, como o tipo de camada e o número de unidades ou filtros, estão incorporados nos blocos correspondentes. A Figura 6 representa o diagrama do modelo do algoritmo.

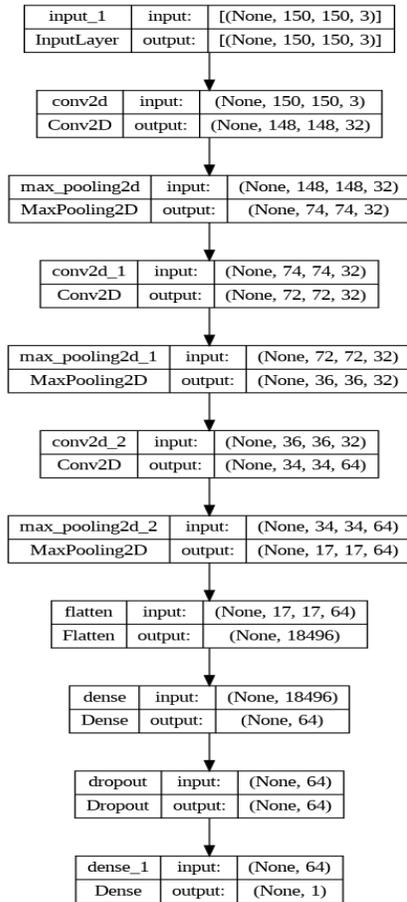


Figura 6. Diagrama do modelo do algoritmo.

### 3.3. Construção do modelo

A arquitetura definida para a construção do modelo para este algoritmo foi a sequencial *API (Application Programming Interface)*, que é simplesmente organizar as camadas do *Keras* numa ordem sequencial. Ela permite criar modelos de forma sequencial, empilhando camadas uma após a outra, sem a necessidade de especificar manualmente conexões entre camadas. Para este contexto, o uso da estrutura sequencial resultou na clareza da arquitetura do modelo. Cada camada foi adicionada sequencialmente, o que tornou mais fácil entender a ordem das operações e a sequência de transformações que os dados sofrem à medida que passam pela rede.

#### a) Camada de entrada (Input layer)

A primeira camada adicionada no modelo foi a camada de entrada, especificando o formato dos dados de entrada. A camada de entrada define o formato dos dados que serão alimentados na rede neural. Para este modelo a camada de entrada recebe tensores tridimensionais, onde a primeira dimensão representa a altura da imagem, a segunda dimensão representa a largura da imagem e a terceira dimensão representa os canais de cor (vermelho, verde e azul).

#### b) Camadas convulsionais (Convolutional layers)

A camada convulsionais é o componente mais importante de qualquer arquitetura de *CNN*. Foram adicionadas três camadas convulsionais com 32, 32 e 64 filtros 3 \* 3,

respetivamente. Foram adicionados filtros 3x3 porque filtros menores capturam características locais mais finas da imagem, enquanto filtros maiores podem capturar características mais globais e porque filtros menores são computacionalmente mais eficientes do que filtros maiores. A representação matemática da camada convulsional é a seguinte:

$$G(x,y) = Entrada * Filtro = \sum_{y=0}^{colunas} \left( \sum_{x=0}^{linhas} Entrada(x-p,y-q) Filtro(x,y) \right)$$

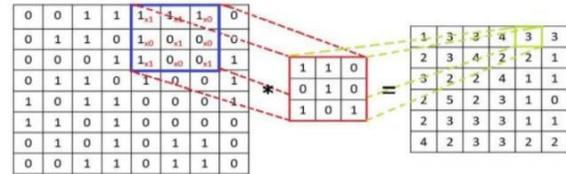


Figura 7. Representação da arquitectura de camadas totalmente conectadas [18].

#### c) Camadas de agrupamento (Pooling layers)

As camadas de agrupamento são usadas para reduzir os mapas de características (produzidos após operações de convolução), ou seja, elas pegam nos mapas de características de tamanho maior e os reduzem para mapas de características de tamanho menor. Ao reduzir os mapas de características, elas sempre preservam as características mais dominantes (ou informações) em cada etapa de agrupamento. Existem diferentes técnicas de agrupamento usadas em diferentes camadas de agrupamento, como *max pooling*, *min pooling*, *average pooling*, entre outras.

Para este algoritmo, o uso do *max pooling* (Figura 8) permitiu a preservação das características mais dominantes em cada região de agrupamento.

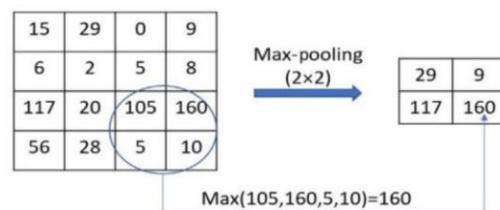


Figura 8. Representação do processo de *pooling* [20].

#### d) Camada Flatten

Esta camada converte uma camada tridimensional na rede num vetor unidimensional para ajustar a entrada de uma camada totalmente conectada para classificação. Para este caso, o tensor tridimensional resultante das camadas convulsionais e de agrupamento foi transformado num vetor unidimensional para ser a entrada de uma camada totalmente conectada. A saída das camadas convulsionais e de *pooling* foram de um tensor de tamanho 17 \* 17 \* 64, a camada *flatten* converteu esse tensor em um vetor de tamanho 18496 (17 \* 17 \* 64), que foi então alimentado para as camadas densas para a etapa final de classificação.

### e) Camadas densas ou totalmente conectadas (Dense layers)

Para este algoritmo, foram adicionadas duas camadas densas com 64 e 1 unidades, respetivamente. Com 64 unidades, a primeira camada densa é responsável por aprender representações intermediárias complexas das características extraídas pelas camadas convulsionais anteriores. E para a última camada densa, como este é um problema de classificação binária, é necessário apenas um neurónio na camada de saída para produzir a saída final do modelo (Figura 9).

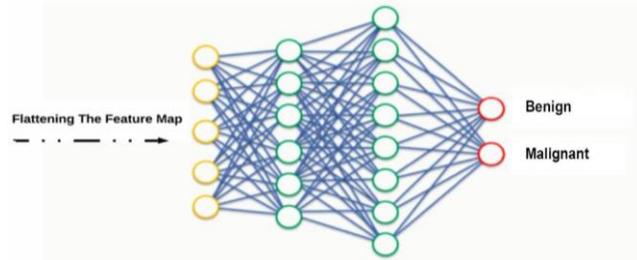


Figura 9. Representação da arquitetura de camadas totalmente conectadas [19].

### f) Funções de ativação (Activation functions)

As funções de ativação introduzem não linearidades nas redes neurais, a não-linearidade é necessária para produzir fronteiras de decisão não lineares, de modo que a saída não possa ser escrita como uma combinação linear das entradas. Se uma função de ativação não linear não estivesse presente, arquiteturas de *CNN* se tornariam equivalentes a uma única camada convulsional, o que não teria um desempenho tão bom. As funções de ativação usadas neste algoritmo são:

- **ReLU**

A opção pelo uso da *ReLU* para este algoritmo deve-se principalmente às suas vantagens em comparação com outras funções de ativação. A representação matemática da *ReLU* é a seguinte:

$$f(x)_{ReLU} = \max(0, x)$$

- **Sigmoide (Sigmoid)**

A função de ativação sigmoide recebe números reais como entrada e vincula a saída no intervalo entre 0 e 1.

Para este algoritmo, optou-se por utilizar a função de ativação sigmoide na camada de saída devido ao tipo de problema que está a ser abordado, que é uma tarefa de classificação binária. A representação matemática da sigmoide é:

$$f(x)_{sigm} = \frac{1}{1 + e^{-x}}$$

### g) Regularização do algoritmo

Para melhorar a regularização evitando o *overfitting* neste modelo foi adicionada a camada *dropout*. O *dropout* introduz regularização dentro da rede, o que melhora a generalização ao ignorar aleatoriamente algumas unidades ou conexões com uma certa probabilidade. Em redes

neurais, múltiplas conexões que aprendem uma relação não linear às vezes são coadaptadas, o que causa *overfitting*. Essa eliminação aleatória de algumas conexões ou unidades produz várias arquiteturas de rede mais finas, e finalmente, uma rede representativa é selecionada com pequenos pesos. Essa arquitetura selecionada é então considerada uma aproximação de todas as redes propostas.

```

Model: "sequential"
-----
Layer (type)                Output Shape                Param #
-----
conv2d (Conv2D)              (None, 148, 148, 32)       896
max_pooling2d (MaxPooling2D) (None, 74, 74, 32)         0
conv2d_1 (Conv2D)            (None, 72, 72, 32)         9248
max_pooling2d_1 (MaxPoolin   (None, 36, 36, 32)         0
g2D)
conv2d_2 (Conv2D)            (None, 34, 34, 64)         18496
max_pooling2d_2 (MaxPoolin   (None, 17, 17, 64)         0
g2D)
flatten (Flatten)            (None, 18496)              0
dense (Dense)                 (None, 64)                 1183808
dropout (Dropout)            (None, 64)                 0
dense_1 (Dense)              (None, 1)                  65
-----
Total params: 1212513 (4.63 MB)
Trainable params: 1212513 (4.63 MB)
Non-trainable params: 0 (0.00 Byte)

```

Figura 10. Arquitetura do modelo.

A taxa de *dropout* especificada para este modelo foi de 0.5 (50%), que representa a fração das unidades (neurónios) que serão desativadas aleatoriamente durante cada época de treinamento. Noutras palavras, durante o treinamento, a cada passo, cada unidade na camada *dropout* tem uma probabilidade de 0,5 de ser temporariamente ignorada, o que impede que ela contribua para a propagação do erro e a atualização dos pesos da rede. Essa aleatoriedade resultou em uma prevenção eficaz da dependência excessiva entre as unidades, evitando que elas se coadaptassem aos dados de treinamento. Como consequência, o uso do *dropout* permitiu reduzir o *overfitting* e promover uma representação mais robusta das características aprendidas pelo modelo. A Figura 10 ilustra arquitetura do modelo.

## 3.4. Compilação do modelo

### a) Função de perda (Loss)

Neste caso, tratando-se de um problema de classificação binária, optou-se por usar a função entropia cruzada binária (*binary\_crossentropy*). Essa função compara a distribuição de probabilidade prevista pelo modelo com a distribuição real dos rótulos das classes. Ao fazer isso, a entropia cruzada binária quantifica o quão bem o modelo está a fazer previsões em comparação com os rótulos verdadeiros e fornece um *feedback* útil para ajustar os parâmetros do modelo durante o processo de treinamento.

### b) Optimizador (Optimizer)

O otimizador escolhido para este algoritmo foi o *Adam*, que, é um algoritmo para técnica de otimização para o gradiente descendente (ajustar os parâmetros do modelo na direção oposta ao gradiente da função de perda, a fim de minimizá-la). O método é realmente eficiente ao lidar com problemas grandes que envolvem muitos dados ou parâmetros. Requer menos memória e é eficiente.

### c) Métricas de Avaliação (Metrics)

Neste modelo, a métrica de acurácia foi escolhida para medir a proporção de instâncias corretamente classificadas em relação ao total de instâncias.

### 3.4. Treinamento do modelo

O treinamento do modelo foi realizado por 100 épocas. A Tabela 4 descreve o progresso do modelo ao longo de 100 épocas, mostrando métricas de desempenho como a acurácia e perda tanto para os conjuntos de treinamento quanto para validação.

Tabela 4. Resultados do modelo ao longo de diferentes números de épocas de treinamento.

Número de épocas	Acurácia (%)	Perda (%)	Acurácia de validação (%)	Perda de validação (%)
1	66,92	64,44	66,81	63,48
10	67,40	60,10	66,54	59,36
20	71,38	55,75	71,23	53,20
30	78,62	45,89	78,72	42,26
40	83,52	36,88	85,40	31,76
50	87,77	28,74	90,14	23,42
60	90,25	24,24	93,97	17,66
70	91,39	19,21	95,42	14,28
80	92,77	16,64	96,01	11,72
90	94,08	14,05	96,44	10,42
100	94,48	13,26	97,14	8,24

Inicialmente, a acurácia de treinamento é baixa e a perda é alta. Ao longo das épocas, a acurácia de treinamento aumenta progressivamente e a perda diminui. Da mesma forma, a acurácia de validação também melhora significativamente, enquanto a perda de validação reduz.

Um ponto notável de melhoria na acurácia de validação ocorre entre as épocas 40-50, indicando que o modelo começa a generalizar melhor. Além disso, a redução constante na perda de validação sugere que o modelo está a tornar-se mais eficiente em suas previsões, sem apenas memorizar os dados de treinamento.

Em épocas posteriores, a acurácia de validação atinge valores muito altos, com a perda de validação a diminuir para valores muito baixos. Esses números indicam que o modelo tem uma capacidade robusta de generalizar bem para dados não vistos.

Portanto, o que está a acontecer é um processo de aprendizagem contínua, onde o modelo ajusta os seus parâmetros com base nos dados de treinamento. A melhoria das métricas de validação sugere que o modelo está a

aprender a prever novos dados com alta precisão e baixa perda, demonstrando um treinamento bem-sucedido.

### 3.5. Arquitetura do algoritmo

A Figura 11 apresenta a arquitetura geral do algoritmo escolhida para bem responder com os requisitos do mesmo.

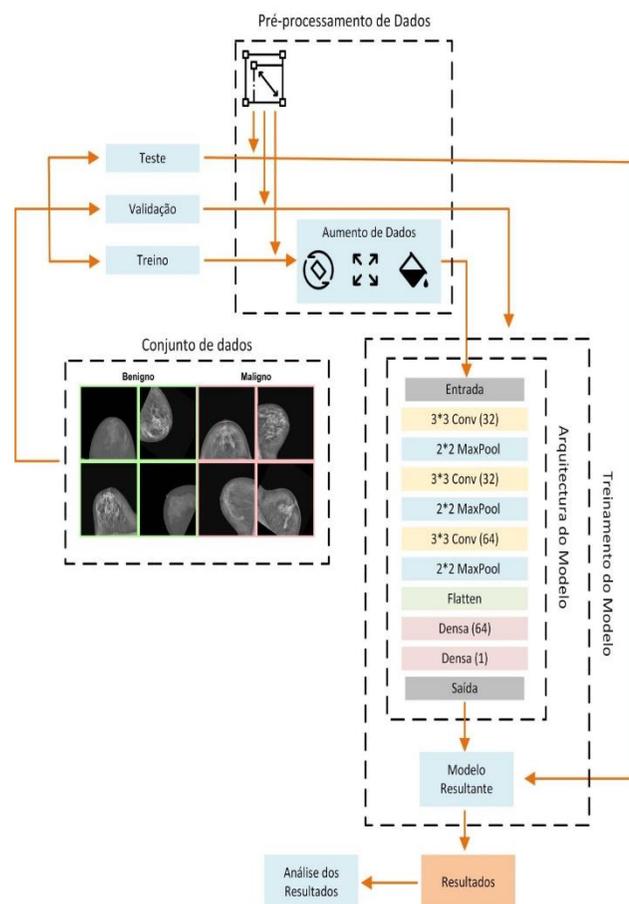


Figura 11. Arquitetura do modelo.

### 3.6. Testes

As Figuras 12 e 13 representam os resultados dos testes de Acurácia, perda em relação as épocas de treinamento, desempenho do modelo.

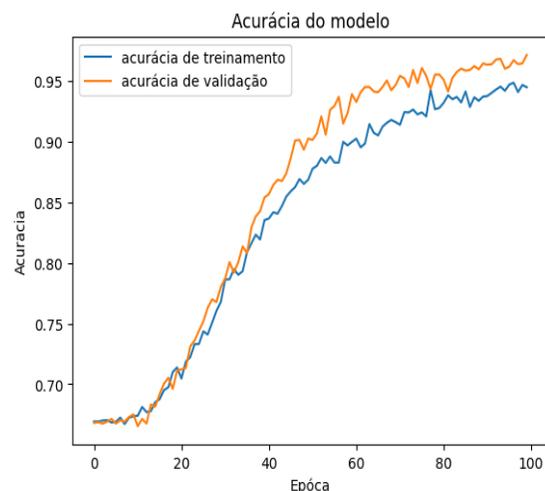


Figura 12. Gráfico da acurácia em relação as épocas de treinamento

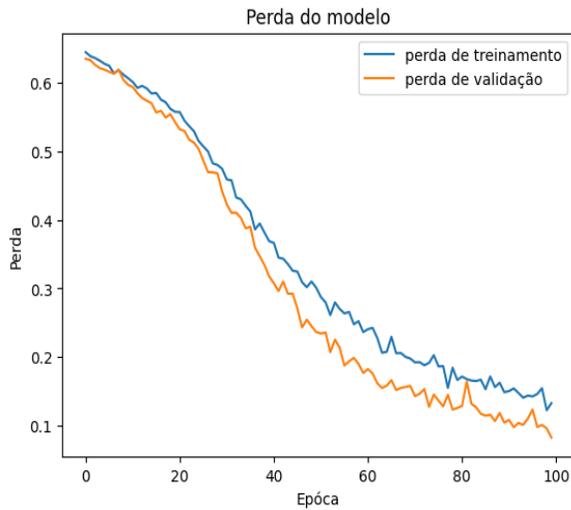


Figura 13. Gráfico da perda em relação às épocas de treinamento.

Na Figura 14 são apresentadas as métricas de desempenho do modelo após ter sido treinado e testado no conjunto de dados. O valor de 0,079 para a perda no teste indica o quão bem o modelo se está a ajustar aos dados durante o teste, sendo que valores mais baixos indicam um melhor ajuste. Já a precisão de 0,9725 indica a proporção de previsões corretas feitas pelo modelo durante o teste, sendo desejáveis valores mais próximos de 1,0. Estes resultados sugerem que o modelo está a desempenhar muito bem, com uma precisão elevada e uma perda relativamente baixa, indicando que está a aprender e a generalizar bem a partir dos dados de treino.

Perda de teste: 0.07977471500635147 / Acurácia de teste: 0.9725215435028076

Figura 14. Desempenho do modelo no conjunto de teste.

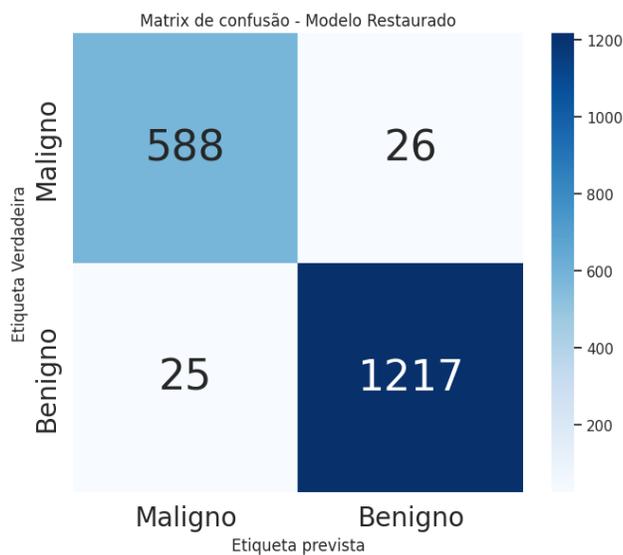


Figura 15. Matriz de confusão.

A Figura 15 mostra a matriz de confusão usada para avaliar o desempenho do modelo. O modelo corretamente classificou 588 casos como malignos e 1217 casos como benignos, indicando um bom desempenho. No entanto, houve alguns erros: 26 casos malignos foram incorretamente classificados como benignos (FN) e 25 casos benignos

foram incorretamente classificados como malignos (FP). Isso sugere que o modelo é eficaz na maioria das previsões, mas ainda apresenta pequenas taxas de erro.

Além da acurácia e da perda, o desempenho do algoritmo também foi avaliado utilizando outras métricas essenciais, como precisão, *recall* e *F1-score*.

No contexto deste modelo, como é mostrado na Figura 16, os resultados mostram uma precisão de 0,96 para a classe Benigno e 0,98 para a classe Maligno, o que significa que, para a classe Benigno, 96% das instâncias classificadas como benignas realmente são benignas, e para a classe Maligno, 98% das instâncias classificadas como malignas realmente são malignas.

Em relação ao *recall*, obteve-se 0,96 para a classe Benigno e 0,98 para a classe Maligno, indicando que 96% das instâncias benignas foram corretamente identificadas como benignas, enquanto 98% das instâncias malignas foram corretamente identificadas como malignas. Além disso, a métrica *F1-score*, que é a média harmônica entre precisão e *recall*, foi de 0,96 para a classe Benigno e 0,98 para a classe Maligno.

Esses valores destacam o bom equilíbrio entre precisão e *recall* para ambas as classes, indicando que o modelo é capaz de realizar previsões precisas e recuperar eficientemente instâncias relevantes para ambas as classes. Na Figura 16 estão representados os dados da avaliação do modelo.

	precision	recall	f1-score	support
Benigno (Class 0)	0.96	0.96	0.96	613
Maligno (Class 1)	0.98	0.98	0.98	1243
accuracy			0.97	1856
macro avg	0.97	0.97	0.97	1856
weighted avg	0.97	0.97	0.97	1856

Figura 16. Resultados da avaliação do modelo.

A média macro (*macro avg*) calcula a média de cada métrica separadamente para cada classe e depois calcula a média dessas médias. Esta média é calculada através da seguinte fórmula:

$$Macro = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N Métrica_i$$

A média ponderada (*weighted avg*) leva em consideração o número de instâncias em cada classe ao calcular a média das métricas. Esta é calculada através da equação:

$$Ponderada = \frac{\sum_{i=1}^N Métrica * Suporte}{\sum_{i=1}^N Suporte}$$

A média macro é particularmente útil quando todas as classes devem ser tratadas igualmente, independentemente de sua frequência, o que forneceu uma visão clara do desempenho geral do modelo em todas as classes. Por outro lado, a média ponderada é especialmente importante em conjuntos de dados não balanceados, onde algumas classes são mais frequentes que outras, e isso proporcionou uma

avaliação mais precisa do desempenho do modelo considerando a distribuição real das classes.

A representação visual da Figura 17 fornece uma visão abrangente da precisão do modelo. A maioria das imagens na grade apresenta classificações corretas, com alta probabilidade. Isso indica que o modelo está-se desempenhando bem na tarefa de diferenciar entre tumores benignos e malignos. A alta taxa de acertos demonstra a capacidade do modelo de aprender com os dados de treinamento e generalizar para novos casos. Apesar da alta precisão geral, algumas imagens na grade apresentam discrepâncias entre a classificação predita pelo modelo e a classificação real da amostra. Estes casos representam erros do modelo, categorizados como FP (Falso Positivo) ou FN (Falso Negativo).

A Figura 17 representa a grade de 25 imagens de mamográficas, cada uma com uma classificação de "Benigno" ou "Maligno", gerada pelo modelo. A grade também inclui a classificação real da amostra (eixo vertical) e a probabilidade da classificação (eixo horizontal), variando de 0 a 1. Um valor mais alto indica maior confiança do modelo.

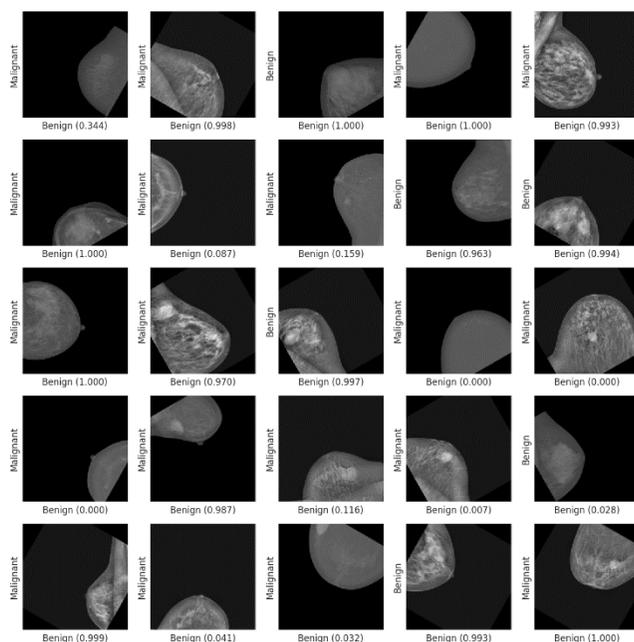


Figura 17. Representação visual da predição do modelo.

#### IV. CONCLUSÕES

Foi estudado o processo de diagnóstico de CM de forma geral, incluindo a análise de métodos tradicionais. Foram investigados desafios enfrentados pelos profissionais de saúde, como a interpretação das imagens e a precisão dos diagnósticos, além das limitações dos métodos tradicionais e a necessidade de diagnósticos mais rápidos e precisos.

Analisada a situação atual do diagnóstico do CM no HCM, e realizadas investigações em outros trabalhos sobre os métodos e práticas utilizados, constatou-se que o diagnóstico de CM ainda depende majoritariamente de métodos tradicionais, enfrentando desafios de precisão e interpretação devido às limitações na infraestrutura e recursos.

Foram investigadas e avaliadas diversas técnicas de IA,

selecionando aquelas mais adequadas para o desenvolvimento do algoritmo para o diagnóstico do CM, tais como *SVM*, *CNN*, *LR* e *KNN*. O estudo concluiu que as *CNN* são particularmente eficazes para a análise de imagens de mamografias.

Foi desenvolvido um algoritmo de IA para o diagnóstico do CM utilizando as *CNN*. O algoritmo foi treinado utilizando um conjunto de dados de mamografias e testado para verificar sua precisão e sensibilidade.

Simulações e testes extensivos foram realizados para avaliar o desempenho do algoritmo. Os resultados indicaram uma alta precisão e sensibilidade na detecção de tumores malignos e benignos, com métricas de desempenho como acurácia, precisão, *recall* e F1-score demonstrando a eficácia do modelo desenvolvido.

Em resumo, o estudo alcançou os seus objetivos principais, apesar de algumas limitações encontradas, como a falta de autorização para a análise passo a passo do processo de diagnóstico do CM atual do hospital. O desenvolvimento do algoritmo de IA demonstrou ser uma abordagem viável e promissora para melhorar o diagnóstico precoce do CM em Moçambique. A implementação deste algoritmo no sistema de saúde pode potencialmente salvar vidas ao proporcionar diagnósticos mais rápidos e precisos.

#### V. REFERÊNCIAS

- [1] Jorge, Monica. "O que é Telemedicina e como funciona?". 22 de Marco, 2021. Disponível em: <https://portaltelemedicina.com.br/telemedicina-o-que-e-e-como-funciona>.
- [2] Yadav, R. K., Singh, P. and Kashtriya, P. (2022). "Diagnosis of Breast Cancer Using Machine Learning Techniques -A Survey." *Procedia Computer Science* 218: 1434-43. <https://doi.org/10.1016/j.procs.2023.01.122>.
- [3] Nações Unidas. 2022. "Mês Da Conscientização Do Câncer de Mama Alerta Para Prevenção," 1-6.
- [4] Álvarez, A., Carreras, I., Eguino, A., Fernández, A., Garcia, G., Marques, C. & Pascual, C. (2002). *Câncer de mama: um guia prático*. Madrid: Asociación Española Contra el Câncer.
- [5] Tulsidas, Satish. (n.d). "Normas Nacionais Para o Controlo Do Cancro Da Mama," 28. [https://extranet.who.int/ncdccs/Data/MOZ\\_D1\\_Normas Cancro da Mama web.pdf](https://extranet.who.int/ncdccs/Data/MOZ_D1_Normas_Cancro_da_Mama_web.pdf).
- [6] Madani, Mohammad, Mohammad Mahdi Behzadi, and Sheida Nabavi. 2022. "The Role of Deep Learning in Advancing Breast Cancer Detection Using Different Imaging Modalities: A Systematic Review." *Cancers* 14 (21): 1-36. <https://doi.org/10.3390/cancers14215334>.
- [7] Capomaccio, Sandra. (2021). "Diagnosticado Em Fase Inicial," 1-2.
- [8] Vieira, Lucas Gabriel, and Géssica Faria Martins. (2018). "Fisiologia Da Mama e Papel Dos Hormônios Na Lactação," 1-6.
- [9] Tulsidas, Satish, Filipa Fontes, Mariana Brandão, Nuno Lunet, and Carla Carrilho. (2023). "Oncology in Mozambique: Overview of the Diagnostic, Treatment, and Research Capacity." *Cancers* 15 (4): 1-14. <https://doi.org/10.3390/cancers15041163>.
- [10] MISAU, USAID, UNFPA, & OMS. (2012). "cancro da mama: o diagnóstico e tratamento precoce são o melhor caminho."

- [11] Munguambe Júnior, José Catine. (2022). “Proposta de Um Sistema de Controlo de Acesso Em Áreas Restritas Do Bloco Operatório Do Hospital Central de Maputo Usando Autenticação Por RFID e Interface Web.” <http://monografias.uem.mz/handle/123456789/2793>.
- [12] Tulsidás, Satish, Filipa Fontes, Mariana Brandão, Nuno Lunet, and Carla Carrilho. (2023). “Oncology in Mozambique: Overview of the Diagnostic, Treatment, and Research Capacity.” *Cancers* 15 (4): 1–14. <https://doi.org/10.3390/cancers15041163>.
- [13] Tulsidás, Satish, Filipa Fontes, Mariana Brandão, Nuno Lunet, and Carla Carrilho. (2023). “Oncology in Mozambique: Overview of the Diagnostic, Treatment, and Research Capacity.” *Cancers* 15 (4): 1–14. <https://doi.org/10.3390/cancers15041163>.
- [14] Gerhardt, Tatiana Engel, and Denise Tolfo Silveira. 2009. *Métodos de Pesquisa*.
- [15] Lee, Rebecca Sawyer, Francisco Gimenez, Assaf Hoogi, Kanae Kawai Miyake, Mia Gorovoy, and Daniel L Rubin. (2016). “Curated Breast Imaging Subset of Digital Database for Screening Mammography (CBIS-DDSM) [Data Set].” *Scientific Data* 4 (December): 170177. <https://doi.org/https://doi.org/10.7937/K9/TCIA.2016.7002S9CY>.
- [16] Abdul Halim, Ahmad Ashraf, Allan Melvin Andrew, Mohd Najib Mohd Yasin, Mohd Amiruddin Abd Rahman, Muzammil Jusoh, Vijayarveswari Veeraperumal, Hasliza A. Rahim, Usman Illahi, Muhammad Khalis Abdul Karim, and Edgar Scavino. (2021). “Existing and Emerging Breast Cancer Detection Technologies and Its Challenges: A Review.” *Applied Sciences (Switzerland)* 11 (22). <https://doi.org/10.3390/app112210753>.
- [17] Angeluci, Alan Cesar Belo, Gabriela Leal Redigolo, Patricia Jaqueline Arakaki, and Paulo Sergio Felix da Silva. (2020). “Design Science Research Como Método Para Pesquisas Em TDIC Na Educação.” *Congresso Internacional de Educação e Tecnologias*, 1–13.
- [18] Ghosh T, Monika & Vimal Katiyar V (2020) Emergingsustainable nanostructured materialsfacilitated by herbal bioactive agents for ediblefood packaging. *Nano-food Eng*.
- [19] Ghosh T, Monika & Vimal Katiyar V (2020) Emergingsustainable nanostructured materialsfacilitated by herbal bioactive agents for ediblefood packaging. *Nano-food Eng*.
- [20] Purwono, Purwono, Alfian Ma’arif, Wahyu Rahmانيar, Haris Imam, Haris Imam Karim Fathurrahman, Aufaclav Frisky, and Qazi Mazhar Ul Haq. (2023). “Understanding of Convolutional Neural Network (CNN): A Review” 2: 739–48. <https://doi.org/10.31763/ijrcs.v2i4.888>.