

# Classificação de Coloração Imuno-histoquímica em Imagens Combinando Cor e Textura Como Descritor de Características

Marcelo Dornbusch L.<sup>1</sup>, Antonio C. Sobieranski<sup>1</sup>, Eros Comunello<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade do Vale do Itajaí (UNIVALI)

<sup>4</sup>Vision Lab

{marcelo.cc, asobieranski, eros.com}@univali.br

**Abstract.** *The objective of this work is to define a Feature Vector (FV), for staining recognition in immunohistochemistry image analysis. The FV is composed by color information and statistic measures, obtained after applying a filtering method known as Local Binary Pattern. A group of experiments was defined to evaluate the FV. After the experiments it is expected that the defined FV will increase the color recognition Precision in comparison with the FV that only considers color information.*

## 1. Introdução

Imuno-histoquímica (IHC) consiste em uma tecnologia aplicada no diagnóstico patológico, amplamente utilizada como uma ferramenta para a detecção de proteínas em amostras de tecido, através da aplicação de anticorpos específicos. Esta tecnologia permite o monitoramento e a quantificação da expressão de proteínas, com fins de diagnóstico e prognóstico. Os anticorpos são marcados com uma coloração específica, a intensidade da referida expressão está relacionada com a intensidade da coloração alcançada no processo [Wemmert et al. 2013].

O problema de pesquisa a ser abordado está relacionado à descrição, classificação e mensuração automatizada da expressão de coloração em imagens microscópicas de IHC. O objetivo deste trabalho é definir um Descritor de Características (DC) que combina atributos de cor, no espaço cromático RGB (*Red Blue Green* - Vermelho Verde Azul) e atributos de textura, baseado no método LBP (*Local Binary Pattern* - Padrão Binário Local), conforme apresentado em [Ojala et al. 1996].

## 2. Materiais e Métodos

No campo do reconhecimento de padrões, uma abordagem bastante utilizada emprega vetores para descrições de características quantitativas. O DC proposto segue a forma:  $DC = [R, G, B, T_1 \dots T_N]$ , onde  $R$ ,  $G$  e  $B$  formam a componente definida por cor e representam os valores de vermelho, verde e azul do píxel a ser descrito. Os valores de  $T$  formam a componente definida por textura<sup>1</sup> e  $N$  representa a quantidade de medidas que serão usadas no descritor. Serão consideradas quatro janelas de amostragem e cinco medidas estatísticas, fornecendo um descritor 23-dimensional (para cada píxel).

Cada DC descreve um píxel da imagem além das três componentes de cor. As quatro janelas de amostragem (vizinhança) tem dimensões distintas ( $3 \times 3$ ,  $5 \times 5$ ,  $7 \times 7$  e  $9 \times 9$ ), e tem como centro o píxel a ser descrito. Para cada vizinhança, cinco medidas estatísticas

<sup>1</sup>Extraídas da imagem filtrada com o método LBP

(média, desvio padrão, assimetria, curtose e energia) são computadas. Desta forma o DC é arranjado.

O método de classificação segue uma abordagem supervisionada, onde um grupo de DC é definido para a etapa de aprendizagem e um grupo de imagens (diferentes das empregadas para gerar o conjunto de treinamento) é utilizado na etapa de classificação propriamente dita. O referido método é baseado na projeção polinomial da distância de Mahalanobis, proporcionando um reconhecedor de padrões que não seguem uma distribuição linear no espaço de características, conforme apresentado em [Grudic and Mulligan 2006].

Um grupo de experimentos foi definido para avaliar o DC proposto. O conjunto de dados a ser utilizado é proveniente do portal HPA (Human Protein Atlas)<sup>2</sup>, um projeto que proporciona a pesquisa sistemática do proteoma humano através da análise de microarranjos de tecidos [Uhlen et al. 2010]. Na categoria linha de célula o HPA fornece para cada imagem original de IHC, uma imagem de anotação contendo metadados a respeito do padrão de interesse<sup>3</sup>.

### 3. Considerações Finais

O trabalho encontra-se na fase final de implementação. A avaliação irá correlacionar os resultados de classificação contra as imagens de anotação (metadados). Os experimentos serão pareados entre um descritor que considera somente a componente de cor contra o DC definido, com iterações variando o grau de projeção polinomial, conforme o método de classificação empregado. Ao final do trabalho espera-se que o descritor definido aumente a Precisão do método de classificação<sup>4</sup>, quando comparado com o descritor que utiliza apenas as informações de cor.

### Referências

- Grudic, G. and Mulligan, J. (2006). Outdoor path labeling using polynomial mahalanobis distance. In *Proceedings of Robotics: Science and Systems*, Philadelphia, USA.
- Ojala, T., Pietikäinen, M., and Harwood, D. (1996). A comparative study of texture measures with classification based on featured distributions. *Pattern Recognition*, 29(1):51 – 59.
- Uhlen, M., Oksvold, P., Fagerberg, L., Lundberg, E., Jonasson, K., Forsberg, M., Zwahlen, M., Kampf, C., Wester, K., Hober, S., Wernerus, H., Bjorling, L., and Ponten, F. (2010). Towards a knowledge-based Human Protein Atlas. *Nat Biotech*, 28(12):1248–1250.
- Wemmert, C., Kruger, J. M., Forestier, G., Sternberger, L., Feuerhake, F., and Gancarski, P. (2013). Stain unmixing in brightfield multiplexed immunohistochemistry. In *ICIP'13*, pages 1125–1129.

---

<sup>2</sup><http://www.proteinatlas.org/>

<sup>3</sup>Para cada imagem de IHC uma máscara (imagem com segmentação do padrão de interesse).

<sup>4</sup>Será empregado o teste não paramétrico Mann-Whitney, para a análise dos ensaios.