

**DESCRITORES DE TEXTURA NA ANÁLISE DAS IMAGENS DE CÂNCER EM
TECIDO ANIMAL**

*TEXTURE DESCRIPTORS IN THE ANALYSIS OF CANCER IMAGES IN
ANIMAL TISSUE*

*DESCRIPTORES DE TEXTURA EN EL ANÁLISIS DE IMÁGENES DE
CÁNCER EN TEJIDO ANIMAL*

Thelma Sáfadi

E-mail: safadi@ufla.br

Antonio Mendes Magalhães Junior

E-mail: amendesmj@gmail.com

Luiz Otávio de Oliveira Pala

E-mail: luizpala@ufla.br

Como citar este artigo:

SÁFADI, T.; MAGALHÃES JUNIOR, A.M.; PALA, L. O. O. Descritores de textura na análise das imagens de câncer em tecido animal. **Desafios. Revista Interdisciplinar da Universidade Federal do Tocantins**. Palmas, v. 12, n. 7, p. 266-279, 2025. DOI: <https://doi.org/10.20873/saberesemcirculaçã6>

ABSTRACT:

In this work, we propose the separation of images of cancerous and healthy tissues obtained over time by combining machine learning methods with texture descriptors. Four sub-images were considered from each of the 128 images (covering healthy and cancerous areas), captured at a rate of 0.08 seconds, from a canine anaplastic mammary carcinoma, and another 128 images from a basosquamous carcinoma in the tail skin of a feline. For the analysis, Haralick texture descriptors were extracted from the images, and the most important descriptors for tissue classification were selected using the Random Forest method. Subsequently, the Independent Component Analysis (ICA) method was applied to these descriptors for each image under study. The weight matrix was then used for clustering the images. This methodology enabled the separation of sub-images of healthy and cancerous tissues, as well as distinguishing between images from cats and dogs.

KEYWORDS: ICA, Clustering; Image Analysis; Texture Descriptors; Oncology.

RESUMO:

Neste trabalho, propomos a separação de imagens de tecidos cancerígenos e saudáveis, obtidas ao longo do tempo, por meio da combinação de métodos de aprendizado de máquina com descritores de textura. Foram consideradas quatro subimagens de cada uma das 128 imagens (áreas saudáveis e com câncer), capturadas ao longo do tempo a uma taxa de 0,08 segundos, de um carcinoma mamário anaplásico canino e 128 imagens de um carcinoma basoescamoso na pele da cauda de um felino. Para a análise, foram extraídos os descritores de textura de Haralick das imagens e, por meio do método Random Forest, foram selecionados os descritores mais importantes para a classificação do tipo de tecido. Posteriormente, o método de Análise de Componentes Independentes (ICA) foi aplicado a esses descritores para cada imagem analisada. Utilizamos a matriz de pesos para o agrupamento das imagens. A metodologia permitiu a separação das subimagens de tecidos saudáveis e cancerígenos, assim como a distinção entre imagens de gatos e cães.

PALAVRAS CHAVE: ICA; Agrupamento; Análise de Imagem, Descritores de Textura, Oncologia.

RESUMEN:

En este trabajo proponemos la separación de imágenes de tejidos cancerígenos y sanos, obtenidas a lo largo del tiempo, mediante la combinación de métodos de aprendizaje automático con descriptores de textura. Se consideraron cuatro subimágenes de cada una de las 128 imágenes (áreas sanas y con cáncer), capturadas a lo largo del tiempo a una tasa de 0,08 segundos, de un carcinoma mamario anaplásico canino y 128 imágenes de un carcinoma basoescamoso en la piel de la cola de un felino. Para el análisis, se extrajeron los descriptores de textura de Haralick de las imágenes y, mediante Random Forest, se seleccionaron los descriptores más importantes para la clasificación del tipo de tejido. Posteriormente, se aplicó el método de componentes independientes a estos descriptores para cada una de las imágenes analizadas. Utilizamos la matriz de pesos para el agrupamiento de las imágenes. La metodología permitió la separación de las subimágenes de tejidos sanos y cancerígenos, así como la diferenciación entre imágenes de gatos y perros.

PALABRAS CLAVE: ICA, Agrupamiento; Análisis de Imágenes; Descriptores de Textura; Oncología.

INTRODUÇÃO

O câncer é uma das principais causas de mortalidade no mundo, tomando essencial o desenvolvimento de métodos computacionais eficientes para auxiliar no seu diagnóstico precoce. A análise de imagens, seja de humanos ou animais, desempenha um papel crucial nesse contexto, permitindo a extração de características que ajudam a diferenciar tecidos saudáveis de malignos.

Entre as técnicas utilizadas para a análise de imagens, os descritores de textura de Haralick são amplamente empregados para capturar padrões estruturais, fornecendo informações detalhadas sobre a distribuição espacial dos pixels. Esses descritores, extraídos da matriz de coocorrência de níveis de cinza, oferecem uma representação quantitativa da textura do tecido. Os descritores de Haralick têm sido utilizados em diversas aplicações.

Estudos como o de Vargas et al. (2011) demonstram que a análise de textura pode ser utilizada na detecção de câncer de próstata por meio de ressonância magnética. A segmentação de imagens de culturas utilizando Haralick permite identificar padrões de saúde das plantas [Mishra e Deshmukh, 2015]. Estudos como o de Bouzid-Daho et al. (2019) aplicaram a análise de textura para identificação de células sanguíneas anormais.

O algoritmo de aprendizado de máquina *Random Forest* é utilizado para realizar a classificação, devido à sua robustez e capacidade de lidar com dados complexos e de alta dimensionalidade. Os descritores de textura de maior influência são selecionados com a utilização do *Random Forest*. Para otimizar o processo de classificação, a técnica de componentes independentes, ICA, pode ser aplicada para reduzir a dimensionalidade dos dados, eliminando redundâncias e melhorando a separação entre as classes.

Hussain et al (2025) exploraram uma abordagem multimodal para a classificação do câncer de mama. A ICA foi utilizada para extrair características independentes de diferentes modalidades de imagem, melhorando a precisão da detecção ao ser combinada com técnicas de aprendizado profundo. Zhu et al (2025) analisaram o uso de imagens multimodais de fluorescência intraoperatória para prever metástases linfonodais em pacientes com câncer colorretal. A ICA auxiliou na separação de padrões relevantes, permitindo diagnósticos mais precisos e ajudando cirurgiões a tomar decisões em tempo real.

Estudos recentes demonstram que métodos baseados em descritores de textura são eficazes na diferenciação entre tecidos normais e cancerígenos. Modelos baseados em redes neurais convolucionais (CNNs), como U-Net e Unet++, têm sido aplicados para segmentação de imagens de tecidos cancerígenos, melhorando a acurácia da detecção e

diagnóstico automático (Ronnenberg et al, 2015; Yao et al, 2024). Além disso, abordagens que combinam descritores de textura com técnicas de aprendizado profundo têm se mostrado promissoras para análise histopatológica, permitindo classificar diferentes estágios do câncer de forma mais precisa (Yao et al, 2024).

A evolução recente inclui o uso de redes neurais profundas, como Transformers para segmentação de imagens médicas, permitindo a extração de características mais complexas e detalhadas (Yao et al, 2024). Contudo, desafios ainda existem, como a necessidade de grandes conjuntos de dados rotulados e a interpretabilidade dos modelos preditivos.

Neste artigo, propomos o uso de descritores de textura e componentes independentes na separação de imagens de câncer, avaliando sua eficácia na diferenciação entre tecidos saudáveis e cancerígenos. O diferencial deste trabalho está no fato das imagens serem obtidas ao longo do tempo e na análise conjunta de duas classes de câncer, carcinoma anaplástico e carcinoma basoescamoso, sendo o primeiro em mama canina e o segundo em pele de felino.

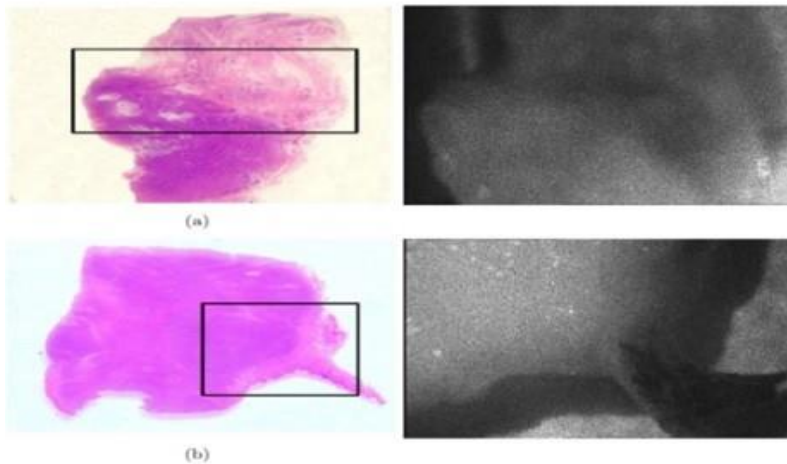
MATERIAL E MÉTODOS

Consideramos um conjunto de 128 imagens interferométricas de tecidos de mama (canina) e pele (rabo felino). As imagens interferométricas foram obtidas através de método óptico utilizando o padrão de interferência formado quando um material biológico é iluminado por laser, denominado técnica de Biospeckle laser (BSL). Um conjunto de laser de HeNe com 10mw, de 632nm, foi aberto e iluminou a amostra direcionada por um espelho. A câmera CCD e o computador foram responsáveis pela montagem da imagem com 486×640 pixels para os tecidos animais somando 128 frames para os tecidos numa taxa de 0,08s (Detalhes em Braga et al, 2012).

Braga et al. (2012) mostraram que com essas 128 imagens é possível separar diferentes tecidos de um mesmo material através da assinatura de frequência, e através da associação de resultados gráficos e numéricos das imagens do biospeckle laser.

Na Figura 1 é possível observar as imagens dos cortes histológicos com os tecidos neoplásicos basofílicos. Os tecidos neoplásicos foram classificados histologicamente como carcinoma mamário anaplásico em uma fêmea canina e carcinoma basoescamoso na pele do felino.

Figura 1- Análise histológica de amostras com: (a) um câncer de mama na área escura conectado a um tecido sadio (à esquerda) e uma imagem iluminada (à direita), (b) um câncer de pele na área escura conectado a um tecido sadio (à esquerda) e uma imagem iluminada (à direita).



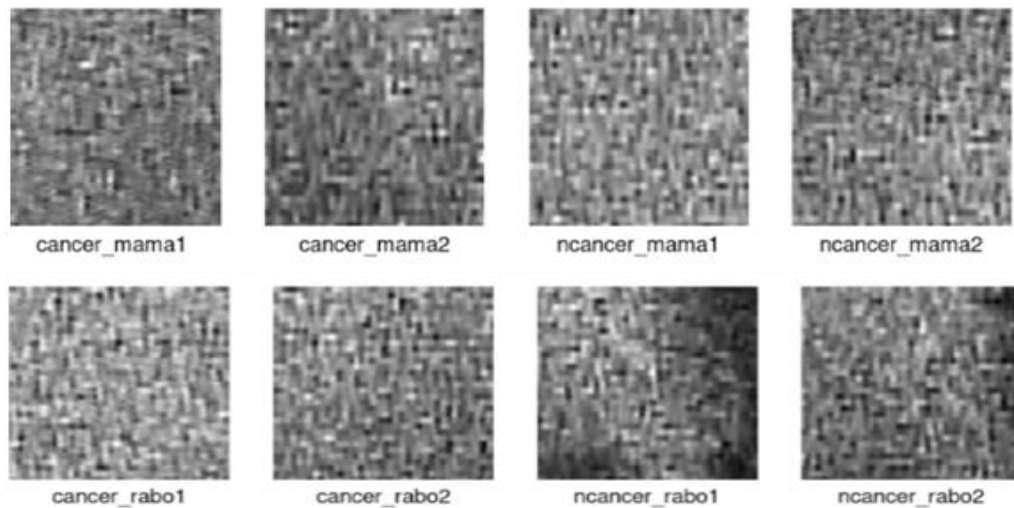
O carcinoma mamário anaplásico, além de sua origem celular distinta, apresentou menor diferenciação se comparado ao carcinoma basoescamoso. Por sua vez, o carcinoma mamário anaplásico era rico em estroma fibroso, enquanto era raro no basoescamoso, e além disso o carcinoma mamário anaplásico tinha áreas de processos inflamatório dominadas por neutrófilos (caracterizadas por áreas esbranquiçadas) que estavam ausentes no carcinoma basoescamoso.

A imagem de carcinoma mamário anaplásico é mostrado na Figura 1a e está situado na área escura inferior da imagem. Tecidos considerados sadios situam-se na parte superior da imagem, em tonalidade mais clara.

A imagem de carcinoma basoescamoso pode ser visto na área escura, disponível na Figura 1b, onde um tecido sadio encontra-se na parte inferior direita da imagem com luz (eosinófilo), em um formato de cauda. À direita estão as imagens iluminadas do carcinoma mamário anaplásico e do carcinoma basoescamoso.

Consideramos 4 sub-imagens (64 x 64 pixels) em cada uma das 128 imagens, duas para a área saudável e duas para a área com câncer. A localização de tecidos saudáveis e cancerosos foi baseada na pesquisa de Braga et al. (2012). Na Figura 2 apresentamos exemplo para cada imagem em algum tempo t . Assim, foram obtidas 1024 imagens sendo 256 para cada caso.

Figura 2 - Exemplo das imagens recortadas para algum instante de tempo t. (a) Imagens para a mama canina e (b) Imagens para a pele de rabo de felino, sendo as duas primeiras para tecidos com câncer (cancer) e as duas ultimas para tecidos sadios (ncancer).



O aplicativo *visionaRy - AI* (2025) de Magalhães Jr (2025) foi utilizado na obtenção dos descritores de textura de Haralick para as imagens mostradas na Figura 2.

DESCRITORES DE TEXTURA

A textura é uma característica essencial na análise e reconhecimento de objetos ou regiões específicas dentro de imagens. Embora não haja uma definição única e consensual para o termo, há um entendimento comum entre os pesquisadores em dois aspectos principais:

- (a) A textura reflete variações entre pixels vizinhos, indicando uma certa não uniformidade nos níveis de cinza ou cores.
- (b) Apesar dessas variações locais, a textura apresenta um padrão relativamente homogêneo quando observada em uma escala espacial mais ampla.

Essa característica desempenha um papel importante na interpretação de padrões visuais, auxiliando na distinção de superfícies e regiões com propriedades diferentes. A textura pode ser vista como resultado da combinação de elementos como forma, tamanho, sombreamento e tonalidade dos objetos presentes na imagem, gerando a percepção visual de suavidade ou aspereza em determinada superfície.

Um dos métodos amplamente utilizados para análise de textura é a Matriz de

Coocorrência de Níveis de Cinza (GLCM - Gray Level Co-occurrence Matrix). A partir da GLCM, os descritores de Haralick (Haralick et al., 1973) são extraídos com base em estatísticas de segunda ordem, permitindo a quantificação das propriedades texturais. Entre os descritores definidos pelos autores estão: segundo momento angular, contraste, correlação, variância (soma de quadrados), momento da diferença inversa, soma da média, soma da variância, soma da entropia, entropia, diferença da variância, diferença da entropia, medidas de informação de correlação, e o coeficiente de correlação máxima.

As definições detalhadas de cada descritor podem ser consultadas em: <https://pyradiomics.readthedocs.io/en/latest/features.html>.

É importante observar que muitos desses descritores apresentam alta correlação entre si, o que levou os próprios autores a sugerirem o uso de subconjuntos ou combinações lineares dos mesmos. Diversos estudos reforçam essa abordagem. Por exemplo, em Pacifici et al. (2009), apenas seis descritores são destacados como mais relevantes na análise de textura: energia, contraste, variância, correlação, entropia e momento da diferença inversa. Resultados semelhantes também são apresentados por Weszka et al. (1976) e Connors et al. (1984), que optam por um conjunto reduzido para melhorar a eficiência e evitar redundâncias.

ANÁLISE ESTATÍSTICA

O *Random Forest* (RF) é um algoritmo de aprendizado supervisionado amplamente utilizado em problemas de classificação e regressão. Sua estrutura baseia-se em um conjunto de árvores de decisão independentes, formando uma “floresta” de modelos, o que inspira o nome do método. A principal vantagem desse modelo é a sua capacidade de reduzir o sobreajuste por meio da agregação de múltiplas previsões, melhorando a robustez e a acurácia do sistema como um todo (Breiman, 2001).

O *Random Forest* foi implementado no pacote *caret* (Kuhn e Max, 2008), disponível no programa R (R Core team, 2023), utilizando validação cruzada com três repetições. Para o treinamento do algoritmo foram consideradas 70% das imagens (90 imagens) de cada classe, em esquema de validação cruzada com 10 *folds*, 300 árvores e $m = 8$. E, nessa etapa, foram selecionados os descritores de textura de maior importância.

Para os descritores selecionados foi aplicada a análise de componentes independentes com 4 componentes. A Análise de Componentes Independentes (ICA) é uma técnica de redução de dimensionalidade que se baseia na suposição de que os dados multivariados observados são compostos por fatores estatisticamente independentes. Por

meio dessa abordagem, é possível decompor os dados de entrada em componentes independentes, o que a torna especialmente eficaz na separação de sinais misturados e na redução de ruído ou artefatos presentes nos dados.

Assim como a Análise de Componentes Principais (PCA), a ICA realiza transformações lineares nos sinais observados. Contudo, a diferença fundamental entre as duas técnicas está no tipo de relação entre os componentes extraídos. Enquanto o PCA busca gerar componentes não correlacionados, ordenados pela variância explicada, a ICA vai além, ao tentar encontrar componentes estatisticamente independentes — uma restrição mais forte que a simples ausência de correlação.

Os algoritmos de PCA se baseiam em estatísticas de segunda ordem, ou seja, utilizam apenas informações relacionadas à variância e covariância dos dados. Já os métodos de ICA podem explorar estatísticas de ordem superior, como assimetria (skewness) e curtose, o que permite identificar independência estatística entre os componentes (Comon, 1994). Por essa razão, a ICA é mais adequada para dados com distribuições não gaussianas, já que a separação de componentes independentes requer que, no máximo, um dos sinais seja gaussiano (Hysäriinen e Oja, 2000 e Cardoso, 1999).

Diversos algoritmos foram propostos para implementar a ICA ao longo dos anos. Entre eles, os trabalhos de Karhunen et al (1998) tiveram papel essencial ao propor uma interpretação da ICA como uma extensão não linear da PCA, aprofundando a compreensão do problema de separação cega de fontes em contextos multivariados. Posteriormente, Hysäriinen e Oja, (2000) desenvolveram o FastICA (Fast Independent Component Analysis), um algoritmo amplamente difundido, baseado na maximização da não-gaussianidade, que se mostrou computacionalmente eficiente e robusto em diversas aplicações.

Dado um conjunto de dados $Y = (y_{ij})_{m \times N} = (y_1, y_2, \dots, y_m)^T$ cujas m linhas são séries temporais N -dimensionais, cada elemento y_{ij} na matriz Y corresponde ao valor no tempo j para a i -ésima série. Consideramos que a matriz Y é gerada pela mistura de m componentes mutuamente independentes expressos por

$$Y_{m \times N} = A_{m \times m} \cdot S_{m \times N}, \quad (1)$$

onde A é a matriz de coeficientes (a_{ij}) da combinação linear, denominada matriz de mistura, enquanto S é a matriz de componentes independentes s_j .

Visando a redução de tamanho, um número $k < m$ de componentes independentes (CI) pode ser selecionado usando a análise de componentes principais (PCA) como pré-processamento para o ICA, de modo que

$$\mathbf{Y}_{m \times N} \approx \mathbf{A}_{m \times k} \mathbf{S}_{k \times N}. \quad (2)$$

Cada série y_i é decomposta em uma combinação linear de CIs (base) dada por

$$y_i = a_{i1}s_1 + a_{i2}s_2 + \dots + a_{ik}s_k, \quad (3)$$

para cada $i = 1, 2, \dots, m$, de modo que cada série é representada pelos coeficientes de cada componente independente da mistura.

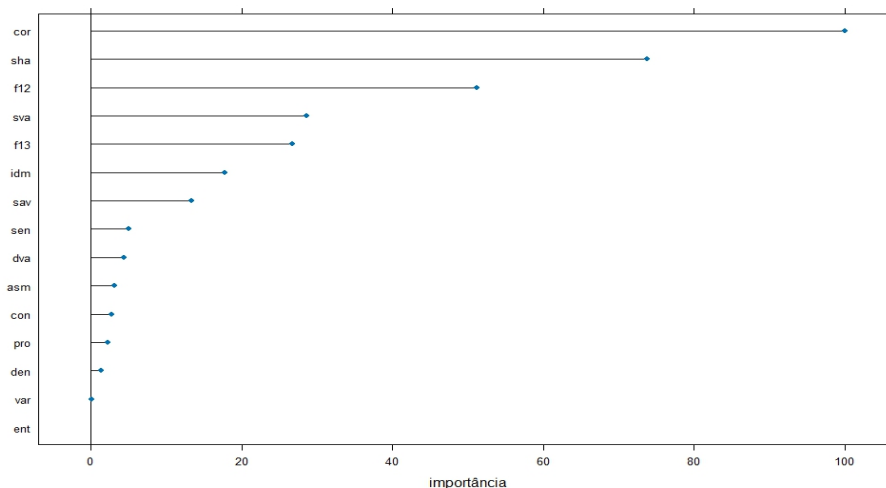
Com base nas estimativas das linhas \mathbf{a}_i da matriz de mistura \mathbf{A} , um método de ligação completa é realizado para identificar grupos com base nos componentes independentes.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

No processo de seleção de descritores de maior importância para a classificação de tecidos via algoritmo *Random Forest*, obteve-se acurácia de 82,89%, variando entre 78,18% e 86,95% ao nível de confiança de 95%, com índice kappa = 0,8045, sugerindo boa concordância de classificação.

Os descritores de maior importância estão apresentados na Figura 3. O primeiro descritor cor (correlação) é uma medida entre 0 (ausência de correlação) e 1 (perfeitamente correlacionados) que mostra a dependência linear dos valores de níveis de cinza em relação aos seus respectivos *voxels* na GLCM.

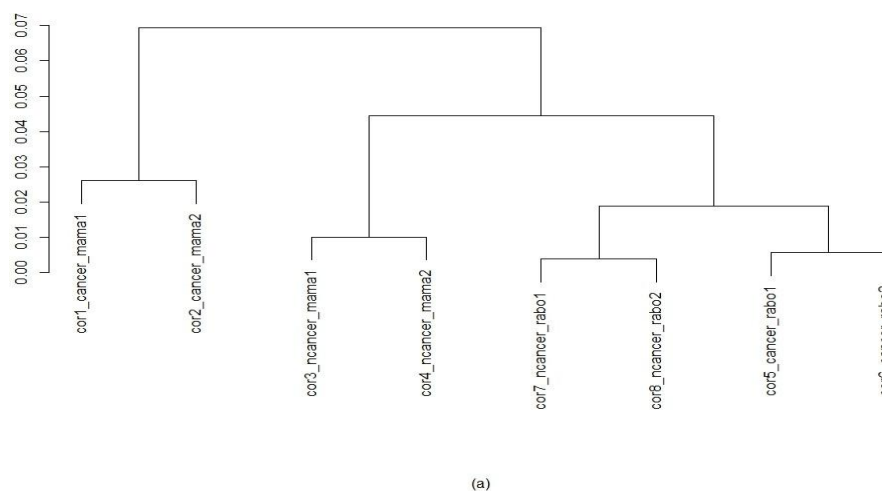
Figura 3 - Ordem de importância dos descritores de textura para as imagens de câncer e tecidos saudáveis.



O segundo descritor *sha* (“*cluster shade*”) é uma medida da assimetria e uniformidade da GLCM. Um “*cluster shade*” mais alto implica maior assimetria em relação à média.

O terceiro e último descritor a ser usado na análise, *f12* (Medida de Informação de Correlação) avalia a correlação entre as distribuições de probabilidade de *i* e *j*, quantificando a complexidade da textura usando informação mútua. Consideramos para a análise de componentes independentes os 3 descritores de maior importância: correlação, *sha* e *f12*.

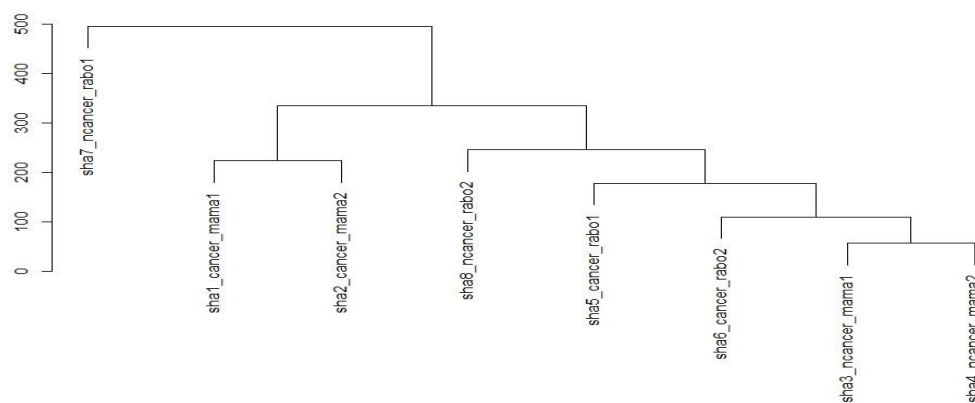
Figura 4 - Agrupamento considerando a matriz de pesos dos Componentes independentes para o descritor correlação



(a)

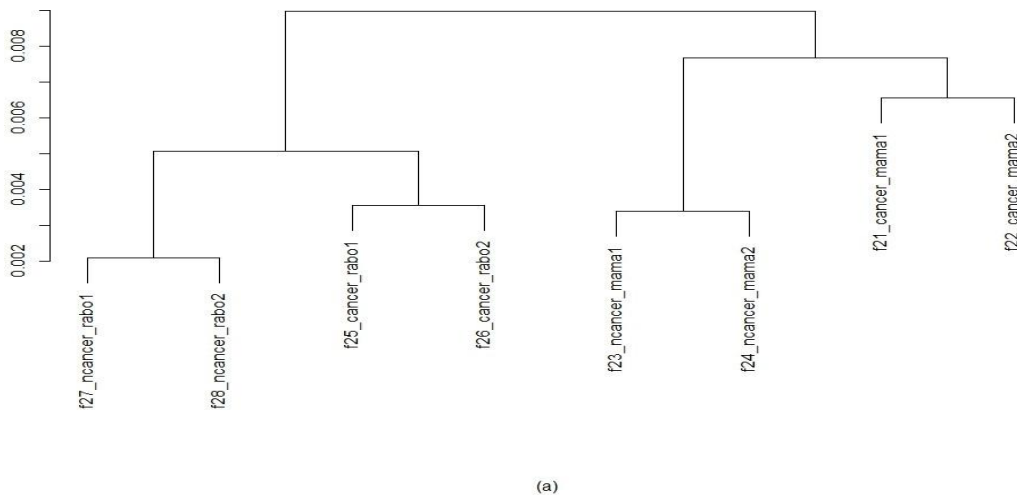
Em toda análise foram considerados 4 componentes independentes e as Figuras 4, Figura 5 e Figura 6 mostram os agrupamentos obtidos para os descritores de maior importância.

Figura 5 - Agrupamento considerando a matriz de pesos dos Componente Independentes para o descritor “cluster Shade”.



(a)

Figura 6 - Agrupamento considerando a matriz de pesos dos Componentes Independentes para o descritor f12.



É possível observar nas Figuras 4 e 6 onde a textura envolve medidas de correlação os agrupamentos formados separam além da espécie (gato e cachorro), os tecidos saudáveis e cancerígenos. Enquanto o descritor de textura cluster shade (Figura 5) separa os tecidos de mama canina mas não os de pele em felino. É interessante observar que mesmo os tecidos considerados saudáveis em mama canina, que apresentavam área esbranquiçada devido a infecções foram separados de forma correta.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

O uso de descritores de textura de Haralick juntamente com componentes independentes foi eficiente na separação de imagens de 2 tipos distintos de câncer (carcinoma anaplástico e carcinoma basoescamoso) e imagens de tecidos saudáveis, distinguindo também tecidos de cães e gatos. Observa-se também que embora as imagens recortadas tenham seguido informações de localização de tecidos saudáveis e cancerígenos tem uma margem de erro devido a subjetividade. Os resultados obtidos com a utilização de textura de correlação mostraram resultados bem satisfatórios. A metodologia pode ser empregada a diferentes tipos de imagens, incluindo desde imagens de sementes a imagens de tecidos em humanos.

Referências Bibliográficas

BOUZID-DAHO, A., BOUGHAZI, M., PETIT, E. Detection of abnormal blood cells

- by segmentation and classification. **Int. J. Med. Eng. Inform.**, 11(1), 57–70, 2019.
- BRAGA, R. A., CARDOSO, R.R., BEZERRA, P.S., WOUTERS,F., SAMPAIO, G.R. AND VARASCHIM, M.S. Biospeckle numerical values over spectral image maps of activity. **Optics Communications**. 285: 553-561, 2012.
- BREIMAN, L. Random forests. Machine Learning, **Springer Science and Business Media LLC**, v. 45, n. 1, p. 5–32, 2001.
- CARDOSO, J.F. High-order contrast for independent component analysis. **Neural Computation** v. 11(1), p. 157–192, 1999.
- CONNERS, R. W.; TRIVEDI, M. M.; HARLOW, C. A. Segmentation of a high-resolution urban scene using texture operators. **Computer vision, graphics, and image processing, Elsevier**, v. 25, n. 3, p. 273–310, 1984.
- HARALICK, R. M., SHANMUGAM, K., DINSTEN, I. Textural Features for Image Classification. **IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics**, 3(6), 610–621, 1973.
- HUSSAIN, S.; TEEVNO, M. ALI; NASEEM,U. ; AVALOS, D. B. A.; CARDONA-HUERTA, S AND TAMEZ-PENA, J. G. Multiview Multimodal Feature Fusion for Breast Cancer Classification Using Deep Learning, **in IEEE Access**, vol. 13, pp. 9265-9275, doi: 10.1109/ACCESS.2024.3524203., 2025,
- HYVÄRINEN, A.; OJA, E. Independent component analysis: algorithms and applications. **Neural Networks**, v. 13(4), p. 411–430, 2000.
- KARHUNEM, J.; PAJUNEN, P.; OJA, E., The nonlinear PCA criterion in blind source separation: relations with other approaches, **Proc. Neurocomput.**, London 22 (1) 5–20. DOI: 10.1016/S0925-2312(98)00046-0, 1998
- KUHN, M. Building Predictive Models in R Using the caret Package. **Journal of Statistical Software**, 28(5), 1–26. <https://doi.org/10.18637/jss.v028.i05>., 2008.
- MAGALHAES JUNIOR, A. M. Desenvolvimento de uma interface gráfica para utilização de algoritmos de aprendizado de máquina na classificação de imagens: um estudo de caso na seleção de grãos de sementes. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agropecuária) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG. 2025.
- MISHRA, S., DESHMUKH, A. P. Detection of leukemia using Matlab. **Int. J. Adv. Res. Electron. Commun. Eng.**, 4(2), 394–398, 2015.
- PACIFICI, F.; CHINI, M.; EMERY, W. J. A neural network approach using multi-scale textural metrics from very high- resolution panchromatic imagery for urban land-use classification. **Remote Sensing of Environment, Elsevier**, v. 113, n. 6, p. 1276–1292, 2009.

- R Core Team (2023). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.
- RONNEBERGER, O., FISCHER, P., BROX, T. U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11263-015-0816-y>, 2015.
- VARGAS, H. A., AKIN, O., FRANIEL, T., ET AL. Diffusion-weighted endorectal MR imaging at 3T for prostate cancer: tumor detection and assessment of aggressiveness. **Radiology**, 259, 775–784, 2011.
- VisionaRy-AI, disponível em <https://ammagjr.shinyapps.io/visionaRy/> 2025
- WESZKA, J. S.; DYER, C. R.; ROSENFELD, A. A comparative study of texture measures for terrain classification. **IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, IEEE**, n. 4, p. 269–285, 1976.
- YAO, W., BAI, J., LIAO, W. ET AL. From CNN to Transformer: A Review of Medical Image Segmentation Models. **J Digit Imaging. Inform. med.** 37, 1529–1547 <https://doi.org/10.1007/s10278-024-00981-7>, 2024.
- ZHU, X. ET AL., "Prediction of Lymph Node Metastasis in Colorectal Cancer Using Intraoperative Fluorescence Multi-Modal Imaging, in **IEEE Transactions on Medical Imaging**, vol. 44, no. 3, pp. 1568-1580, doi: 10.1109/TMI.2024.3510836, , March 2025.