

Segmentação de Imagens Médicas Visando a Construção de Modelos Médicos

Ana Sofia Azevedo Torres

Relatório Final do Trabalho de Projeto apresentado à
**Escola Superior de Tecnologia e Gestão
Instituto Politécnico de Bragança**

para obtenção do grau de Mestre em
Tecnologia Biomédica

Novembro de 2012

Segmentação de Imagens Médicas Visando a Construção de Modelos Médicos

Ana Sofia Azevedo Torres

Relatório Final do Trabalho de Projeto apresentado à
**Escola Superior de Tecnologia e Gestão
Instituto Politécnico de Bragança**

para obtenção do grau de Mestre em
Tecnologia Biomédica

Orientador:
Dr. Fernando Monteiro

“Este Trabalho de Projeto inclui as críticas e sugestões feitas pelo Júri”.

Novembro de 2012

"Mesmo desacreditado e ignorado por todos, não posso desistir,
pois para mim, vencer é nunca desistir."

Albert Einstein

Aos meus Pais, Avós e Irmão.

Agradecimentos

Este relatório é o culminar de um trabalho desenvolvido ao longo de um ano.

Durante a realização deste trabalho foram muitos os que contribuíram para que este chegasse a um bom porto, por isso quero agradecer:

Ao Professor Doutor Fernando Monteiro, por todos os conhecimentos transmitidos, disponibilidade, paciência, por toda a confiança depositada em mim e acima de tudo por me ter aberto novos horizontes.

À minha família, em especial aos meus Pais, Avós e Irmão por todo o apoio, incentivo, compreensão, carinho, e por toda a ajuda e força que demonstraram de forma incondicional não só durante a realização deste trabalho mas ao longo de toda a minha vida, pois a eles devo tudo o que sou.

A todos os meus Amigos e Amigas por todos os momentos de convívio e por todas as palavras de incentivo nos momentos mais difíceis.

E por fim, mas não menos importante, a todas as pessoas que, direta ou indiretamente, contribuíram para a elaboração deste trabalho.

Resumo

As imagens médicas, nomeadamente as imagens de Tomografia Computorizada são indispensáveis no diagnóstico e tratamento de doenças devido ao elevado grau de detalhe anatómico.

A segmentação é uma das principais técnicas utilizada para a análise de imagens e tem como objectivo a separação das regiões ou objectos nela representados mediante algumas propriedades de descontinuidade e similaridade. Esta técnica aplicada à prática clínica evita a árdua tarefa do especialista em segmentar as imagens manualmente, podendo concentrar-se apenas no órgão em análise.

No âmbito deste trabalho foram desenvolvidos dois métodos automáticos de segmentação de imagens, que têm por base a partição de um grafo substituindo a abordagem pixel a pixel por uma abordagem orientada à micro-região, de modo a reduzir o número de nós no grafo facilitando a sua partição. O grafo construído através da informação do gradiente presente na imagem e para a sua partição recorreu-se a métodos espectrais onde o grafo é representado por uma matriz. A imagem segmentada é obtida calculando os vetores próprios desta matriz. Para a obtenção das micro-regiões foram utilizados dois métodos: os superpixels e a transformada *watershed*.

Como não existem conjuntos de dados de imagens médicas de acesso público, com o respetivo *ground truth* e como não foi possível segmentar as imagens de TC manualmente, optamos por aplicar os nossos algoritmos de segmentação propostos a dois conjuntos de dados, ELCAP e BSR300 para poder estabelecer comparações de resultados com outros métodos já existentes.

Os resultados demonstram que os métodos desenvolvidos são aqueles que apresentam melhores resultados. Destes dois métodos o que obteve melhores resultados, relativamente

à medida F , foi o Método 2 obtendo um valor de mediana de 0.6 e uma média de 0.57 para o conjunto de imagens da base de dados BSR300. Posteriormente, este método foi aplicado às imagens de TC obtendo, também bons resultados.

Palavras chave: Imagens naturais, Imagens de Tomografia Computorizada, Medida F , Segmentação de Imagem, Superpixels, Transformada *Watershed*.

Abstract

Medical imaging, including CT scan images are essential in the diagnosis and treatment of diseases due to their high degree of anatomical detail.

Segmentation is one of the main techniques used for image analysis and aims to separate the regions or objects represented in it by some properties of discontinuity and similarity. This technique applied to clinical practice avoids the arduous task of manual segmentation by on specialist.

In this work we developed two automatic methods for image segmentation, which are based on the graph partitioning replacement of the pixel by pixel approach, by a micro-region approach in order to reduce the number of nodes in the graph, facilitating their partition. This graph is constructed by the gradient information present in the image and to is partitioned by spectral methods where the graph is represented by a matrix. The segmented image is obtained by calculating the eigenvectors of this matrix. To obtain the micro-regions we used two methods: the superpixels and watershed transform.

As there are no datasets of medical images for public access with appropriate ground truth and as it was not possible to segment the CT images manually, we decided to apply our algorithms to two datasets ELCAP and BSR300 in order to compare of results with other existing methods.

The results demonstrate that the proposed methods present better results. Of these two methods which yielded better results, in respect of the measure F, was the Method 2 obtaining a median value of 0.6 and an average of 0.57 for the set of images from database BSR300. This method was applied to CT images with good results also.

Keywords: Natural Images, Computed Tomography Images, F -measure, Image Segmentation, Superpixels, *Watershed* Transform.

Índice

Lista de Tabelas	ix
Lista de Figuras	xi
Lista de Abreviaturas	xiii
1 Introdução	1
1.1 Motivação e objetivos	2
1.2 Fundamentação teórica	2
1.2.1 Anatomia dos pulmões	2
1.2.2 Tomografia Computorizada	3
1.3 Estrutura do trabalho	5
2 Revisão Bibliográfica	7
2.1 Métodos baseados na binarização	8
2.2 Métodos baseados na Região	9
2.2.1 Crescimento de regiões	9
2.2.2 Transformada <i>Watershed</i>	10
2.2.3 Grafos	10
2.3 Métodos Estatísticos	15
2.4 Métodos baseados na forma	16
2.5 Métodos baseados no contorno	17
3 Método Proposto	19
3.1 Pré-processamento das imagens	20
3.2 Cálculo do gradiente	22

3.3	Sobre-segmentação	23
3.3.1	Transformada <i>Watershed</i>	24
3.3.2	Superpixels	25
3.4	Construção do grafo	26
3.5	Partição do grafo	29
4	Análise e Discussão dos Resultados	33
4.1	Imagens	33
4.2	Avaliação dos resultados	34
4.3	Resultados Obtidos	35
4.3.1	Discussão dos resultados	35
4.3.2	Comparação dos resultados com outros métodos de segmentação . .	42
4.3.2.1	Análise da comparação de todos os métodos testados . . .	50
4.3.3	Resultados do Método 2 aplicado às imagens da base de dados EL- CAP	52
5	Conclusão e Trabalhos Futuros	55
5.1	Conclusões	55
5.2	Trabalhos Futuros	56
	Referências Bibliográficas	57

Lista de Tabelas

4.1	Valores do número de segmentos, do σ_{ic} e do σ_I para o melhor valor da medida F dos Métodos 1 e 2 para cada imagem exemplo.	36
4.2	Comparação dos valores da medida F , de cada método, obtidos para cada imagem exemplo.	43

Lista de Figuras

1.1	Principais estruturas do pulmão humano.	3
3.1	(a) Imagem original, (b) Imagem filtrada (I^{fb}).	21
3.2	Gradiente da imagem. Primeira coluna: imagens originais; segunda coluna: resultado do gradiente.	23
3.3	Representação topográfica de uma imagem.	24
3.4	Resultado da aplicação da transformada <i>watershed</i>	25
3.5	Mapa dos superpixels representado numa imagem médica e numa imagem natural.	26
3.6	(a) Imagem original, (b) RSG correspondente.	27
3.7	Exemplificação de contorno forte e fraco através de uma imagem.	28
3.8	Resultados da segmentação relativos a uma imagem de TC aos pulmões e a uma imagem natural.	32
4.1	Resultados da segmentação através do Método 1, usando imagens da base de dados BSR300.	38
4.2	Gráficos que demonstram a relação entre <i>Precision</i> e <i>Recall</i> do Método 1 para cada imagem de teste.	39
4.3	Resultados da segmentação através do Método 2, usando imagens da base de dados BSR300.	40
4.4	Gráficos que demonstram a relação entre <i>Precision</i> e <i>Recall</i> do Método 2 para cada imagem de teste.	41
4.5	Comparação dos resultados obtidos para a imagem 3096 em cada um dos métodos.	44
4.6	Comparação dos resultados obtidos para a imagem 42049 em cada um dos métodos.	45

4.7	Comparação dos resultados obtidos para a imagem 135069 em cada um dos métodos.	46
4.8	Comparação dos resultados obtidos para a imagem 167062 em cada um dos métodos.	47
4.9	Comparação dos resultados obtidos para a imagem 238011 em cada um dos métodos.	48
4.10	Comparação dos resultados obtidos para a imagem 361084 em cada um dos métodos.	49
4.11	Comparação dos resultados dos métodos.	50
4.12	Número de imagens que cada método obteve melhor valor de medida F , para o conjunto de imagens BSR300.	51
4.13	Resultados da aplicação do Método 2 ao conjunto de Imagens ELCAP. . . .	53

Lista de Abreviaturas

3D	Do inglês <i>three-dimensional</i> ou três dimensões.
DICOM	Do inglês <i>Digital Imaging and Communications in Medicine</i> ou Comunicação de Imagens Digitais em Medicina
EDISON	Do inglês <i>Edge Detection and Image Segmentation</i> ou Detecção de Contornos e Segmentação de Imagem.
HRCT	Do inglês <i>High-Resolution Computed Tomography</i> ou Tomografia Computorizada de Alta Resolução.
LDCT	Do inglês <i>Low Dose Computed Tomography</i> ou Tomografia Computorizada de Baixa Dose de Radiação.
Ncut	Do inglês <i>Normalized cut</i> ou corte normalizado.
RAG	Do inglês <i>Region Adjacency Graph</i> ou grafo das regiões adjacentes.
RSG	Do inglês <i>Region Similarity Graph</i> ou grafo de semelhança de regiões.
SAMN	Segmentação por Agregação Usando o Método de Nyström.
SBG	Segmentação de imagem baseada em grafos.
SDPG	Segmentação Espectral por Decomposição Piramidal de Grafos.
TC	Tomografia Computorizada.

Capítulo 1

Introdução

A imagiologia médica, como meio complementar de diagnóstico, tem vindo a ser expandida para além das técnicas de visualização e exames minuciosos usados para exploração do corpo humano, bem como na decisão terapêutica.

A Tomografia Computorizada (TC) é uma modalidade imagiológica que permite a obtenção de imagens de secções do corpo humano, sem sobreposição de estruturas anatómicas [7], permitindo efectuar exames com um grande número de fatias de uma forma rápida e com elevada resolução espacial. A necessidade de realizar análises quantitativas em exames com muitas fatias tem impulsionado o desenvolvimento de novos métodos computacionais para a segmentação de órgãos.

A segmentação é uma das principais técnicas utilizada para a análise de imagens e tem como objectivo a separação das regiões ou objectos nela representados mediante algumas propriedades de descontinuidade e similaridade, como por exemplo nível de cinza, textura, entre outros. Segundo Ballard e Brown “ *na visão computacional, quando se agrupam partes de uma imagem genérica em unidades que são homogéneas relativamente a uma ou mais características resulta numa imagem segmentada*”[4].

1.1 Motivação e objetivos

Atualmente existe um crescente interesse no desenvolvimento de metodologias que permitam a análise de estruturas anatómicas, o que possibilita a criação de sistemas computacionais que realizem a segmentação com uma intervenção mínima do operador, ou seja de forma automática. Estes sistemas têm vindo a ser aprimorados a fim de obter resultados satisfatórios com o menor custo computacional.

A segmentação de órgãos a partir de exames de TC constitui um marco importante antes da decisão terapêutica. Adquiridas as imagens, estas serão analisadas e interpretadas o que gera frequentemente dificuldades no esclarecimento de determinadas estruturas presentes no exame. Normalmente, esta análise é efetuada por um especialista, que delimita manualmente a área de interesse em cada uma das fatias do exame. Este trabalho minucioso exige bastante prática e atenção e em exames com um elevado número de fatias, esta identificação de regiões torna-se uma tarefa morosa, estando sujeita à variabilidade de cada analisador. Por isso, com este relatório pretende-se desenvolver uma metodologia automática que permita ultrapassar este problema. Esta metodologia foi desenvolvida utilizando o software *MathWorks-MATLAB R2012a*.

1.2 Fundamentação teórica

O desenvolvimento de algoritmos para detetar o contorno dos pulmões, através de imagens de TC, requer o conhecimento básico das suas estruturas, formas e "cortes" utilizados na prática clínica. Assim, esta secção, visa esclarecer, a estrutura e fisiologia destes órgãos tão importantes para o corpo humano, bem como alguns dos aspetos relevantes relativos à formação de imagem em TC, abordando alguns conceitos básicos.

1.2.1 Anatomia dos pulmões

Os pulmões são os órgãos responsáveis pela respiração, estão situados um de cada lado no interior da cavidade torácica e separados um do outro pelo coração. Têm forma cónica, podendo descrever-se: um ápice arredondado que se situa para cima da abertura

superior da cavidade torácica, uma base semilunar que assenta sobre a superfície convexa do diafragma, uma face costal convexa que se adapta à forma torácica e uma face medial que exhibe uma concavidade, a impressão cardíaca, que acomoda o coração [39].

O pulmão direito está dividido em três lobos separados por duas fissuras. A fissura oblíqua separa o lobo médio do lobo inferior e a fissura horizontal separa o lobo superior do lobo médio. O pulmão esquerdo é mais pequeno que o pulmão direito e encontra-se separado, pela fissura oblíqua, em dois lobos o superior e o inferior (Figura 1.1) [39, 12, 30].

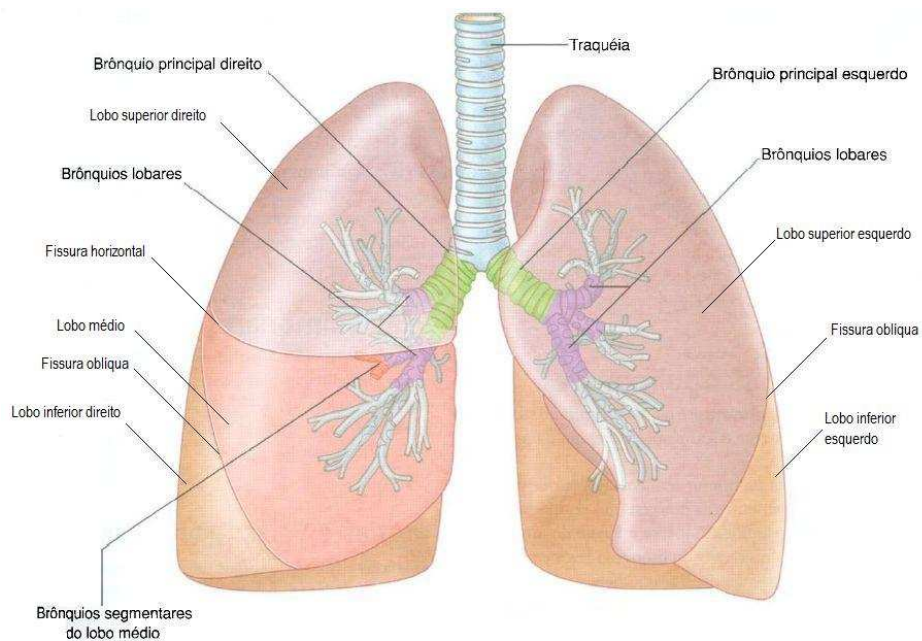


Figura 1.1: Principais estruturas do pulmão humano.

Adaptado de: [12].

1.2.2 Tomografia Computorizada

A palavra **tomografia** deriva da palavra grega "*tomos*" que significa corte e pode ser definida como sendo um meio para "cortar" um objecto em vários planos imagiológicos transaxial, coronal e sagital [19].

A TC foi o primeiro meio complementar de diagnóstico, não invasivo, a adquirir imagens do interior do corpo humano sem sobreposição de estruturas anatómicas [7].

Na TC os raios X que atravessam o paciente são absorvidos de diferentes formas pelos tecidos que constituem o corpo humano. As diferenças de atenuação são registadas por detetores para a obtenção de imagens digitais. O processo de formação da imagem em TC pode ser dividido em três etapas: **aquisição**, **reconstrução** e **apresentação da imagem** [6].

Durante a **aquisição** da imagem o paciente encontra-se posicionado correctamente no interior da *gantry* e sob a zona a analisar atravessam os fotões que depois atingem um conjunto de detetores que se encontram posicionados diametralmente opostos ao tubo de raios X. Os detetores recebem apenas a projecção da secção em estudo de um determinado ângulo.

O sinal gerado no detetor é uma medida de atenuação do feixe ao longo do caminho percorrido por ele, isto é, o sinal do detetor é proporcional à intensidade do raio. Ao atravessar o corpo humano o raio é atenuado exponencialmente. A determinação desta atenuação, ao longo do percurso percorrido pelo raio em diferentes ângulos, é a base para reconstruir uma fatia do exame.

Após a **reconstrução**, uma imagem de TC é constituída por vários elementos de volume, os *voxels*, e cada *voxel* pode ser representado numa matriz bidimensional pelo menor elemento da imagem, o *pixel*. A altura do *voxel* corresponde à espessura de corte.

O campo de visão FOV (Field of View) é definido como o produto do tamanho do pixel pelo tamanho da matriz de reconstrução. Assim sendo, o tamanho do pixel é dado pela razão entre o campo de visão e a matriz de reconstrução que normalmente apresenta um tamanho de 512×512 , nos modelos de tomógrafos recentes a matriz poderá ser apresentada com tamanho de 1024×1024 [32].

A gama de tons de cinzento que podem existir numa imagem é muito superior à capacidade de discriminação do olho humano por isso para a **apresentação da imagem** é necessário introduzir os conceitos de nível de janela e largura de janela. O nível de janela é o centro escolhido para escalas de cinzentos, cuja escolha depende das estruturas anatómicas pelos tons médios de cinzento nessa imagem. A largura de janela é a variedade de tons da escala de cinza que se encontram no intervalo em estudo. Para o pulmão a largura de

janela varia entre $[-1000 - 250]$ Unidades de Hunsfield.

1.3 Estrutura do trabalho

Este relatório encontra-se dividido em vários capítulos. O presente capítulo faz o enquadramento dos assuntos abordados ao longo do trabalho referindo a motivação, os objectivos e a estrutura do trabalho. O capítulo 2 apresenta um breve resumo das técnicas de segmentação pulmonar mais utilizadas encontradas na literatura para o problema da segmentação do pulmão. No capítulo 3 é descrito o método de segmentação proposto. No capítulo 4 são apresentados e analisados os resultados obtidos, para os diferentes métodos testados. Por fim, no capítulo 5 são apresentadas as conclusões e sugeridos trabalhos futuros.

Capítulo 2

Revisão Bibliográfica

Neste capítulo é apresentada uma revisão bibliográfica com o objetivo de fornecer um breve resumo das metodologias mais utilizadas para a segmentação de imagens. São, também descritos e com mais detalhe os métodos de segmentação usados para comparação de resultados.

Os métodos de segmentação de imagens pretendem catalogar as imagens em diferentes regiões. Estas deverão ser homogêneas e uniformes mediante algumas características, como por exemplo cor, textura, brilho, entre outros.

Muitos autores propõem diferentes classificações para os algoritmos de segmentação de imagens de TC. Estes são classificados mediante a técnica usada para criar os segmentos. A aplicação de várias técnicas no mesmo algoritmo é muito comum o que dificulta a sua classificação.

Os métodos de segmentação podem ser divididos nas seguintes categorias:

- **Binarização** (ex: *threshold*)
- **Baseados na região** (ex: *crescimento de regiões, watershed, grafos*)
- **Métodos estatísticos** (ex: *fuzzy C-means, K-means*)
- **Métodos baseados na forma** (ex: *level sets, snakes*)
- **Baseados no contorno** (ex: *waveletes*).

2.1 Métodos baseados na binarização

Hu *et al.*[20] desenvolveram um algoritmo de segmentação que opera principalmente em 3D. O método proposto permite escolher um valor ótimo de *threshold* mediante a escala de cinza das imagens usadas, seguido de uma análise topográfica na qual extraem as regiões da imagem onde os pulmões esquerdo e direito se encontram unidos; aplicam uma erosão e obtêm, assim, os dois pulmões separadamente. Por fim suavizam os contornos dos pulmões ao longo do mediastino. O método foi aplicado a 24 exames de TC de oito pacientes diferentes. Os resultados demonstram que a segmentação automática é muito semelhante à segmentação manual. Aplicando a fórmula da raiz quadrada da diferença entre o contorno manual e o contorno determinado automaticamente obtiveram um erro médio de 0.54 mm.

Leader *et al.*[23] propuseram um sistema de segmentação automatizado que realiza, fatia a fatia, as seguintes operações: pré-processamento da imagem para remover o fundo, determinação de um valor de *threshold* para a identificação do tecido pulmonar e aperfeiçoamento das regiões segmentadas onde os pulmões aparecem unidos e quando as vias respiratórias são segmentadas. O desempenho deste método foi testado em 101 exames de TC (91 dos casos a espessura de fatia era de 5-10 mm e os restantes 10 casos a espessura do fatia era de 2.5 mm). Os resultados obtidos foram de 94.0% de sucesso para o conjunto de imagens de maior espessura e 97.6% de sucesso para o conjunto de imagens de menor espessura.

Tseng *et al.*[43] criaram um método no qual determinam o valor *threshold* e de acordo com esse valor convertem a imagem original numa imagem binária. Posteriormente, através de um conjunto de operações matemáticas, aplicadas à imagem binarizada, obtêm uma imagem apenas com os pulmões. A esta nova imagem é efectuada uma operação morfológica de fecho com um elemento estruturante do tipo disco com tamanho cinco, permitindo, assim, preencher as depressões existentes nos pulmões. Nas imagens onde os pulmões se encontram unidos é aplicada uma função baseada numa *split curve* que separa os pulmões. Este método foi testado num conjunto de 914 imagens de TC de cinco pacientes diferentes. Comparando a segmentação automática com a manual obtiveram uma taxa de sucesso de 98%. O erro principal da segmentação ocorreu quando a traqueia ou as vias respiratórias não eram eliminadas pelo processo acima referido.

2.2 Métodos baseados na Região

2.2.1 Crescimento de regiões

Adams *et al.* [2] apresenta um novo método o crescimento de regiões através de sementes. Este método é controlado pela escolha de um número, geralmente pequeno, de pixels (conhecidos como sementes). Esta forma de controlo e o seu resultado são prontamente conceptualizados, o que permite que os utilizadores sejam capazes de alcançar uma boa segmentação. Para implementar o algoritmo é necessário ter um conhecimento prévio da composição das imagens para determinar a posição das sementes.

Yim *et al.* [48] propõem um método automático para identificar as regiões pulmonares. O método consiste em três etapas: primeiro os pulmões e as vias respiratórias são segmentadas através do crescimento de regiões; em segundo lugar a traqueia e as vias respiratórias são delineadas a partir dos pulmões através de um crescimento de regiões tridimensional; por fim, a segmentação dos pulmões é obtida subtraindo a imagem do segundo passo à imagem obtida no primeiro. Este método foi aplicado a 10 conjuntos de dados de pacientes com cancro do pulmão ou embolia pulmonar. Os resultados foram avaliados aplicando a fórmula da raiz quadrada da diferença média entre a segmentação automática e a manual, obtendo um erro de 1.2 pixels.

Sun *et al.*[37] apresentaram um método 3D que realiza a segmentação dos pulmões através do crescimento de regiões baseado em três critérios: o nível de cinza, a homogeneidade da região e a magnitude do gradiente. Após a extração dos pulmões, as cavidades dos volumes segmentados foram preenchidas, aplicando uma operação morfológica de fecho. O método foi testado usando um conjunto de 20 imagens de TC. Os resultados foram comparados com a segmentação manual e obtiveram um resultado de 88.5% de sucesso.

Grady *et al.* [18] desenvolveram metodologias que tem início a partir de uma semente e em seguida são aglomerados os pixels que satisfazem o critério de homogeneidade, por exemplo: intensidade, cor ou textura. Para demonstrar o desempenho do algoritmo este é aplicado a imagens naturais e imagens médicas produzindo bons resultados.

2.2.2 Transformada *Watershed*

Beucher *et al.* [5] introduziram a transformada *watershed* no âmbito da morfologia matemática aplicada à segmentação de imagens, desenvolvendo um método não paramétrico para a extração dos contornos fechados em imagens. O objetivo principal deste tipo de segmentação é encontrar as linhas de divisão de *watershed*. A ideia é simples: considerando o gradiente da imagem como um relevo topográfico e admitindo que é efectuado um orifício em cada mínimo local a superfície topográfica é colocada sobre a água e permite-se que a água entre pelos orifícios a uma velocidade constante. Quando a água preenche vales distintos e começa a transbordar na margem desse vale é construída uma barragem, ou seja é criada uma linha de divisão *watershed*. Para testar o desempenho o algoritmo foi aplicado a imagens de micrografia de fraturas em aço e imagens radiográficas produzindo resultados satisfatórios.

Shojaii *et al.*[35] desenvolveram um método automático que combina marcadores que identificam a região pulmonar com o gradiente da imagem original para posteriormente aplicar a transformada *watershed* obtendo, assim, os contornos dos pulmões. Esta abordagem elimina a árdua tarefa de encontrar um *threshold* ótimo. Para testar a eficácia do algoritmo foram selecionadas imagens de 16 exames de TC ao tórax, não sendo apresentados resultados percentuais.

2.2.3 Grafos

Wu *et al.* [47] introduziram a ideia de segmentar imagens a partir da partição de um grafo em k subgrafos, de modo que o corte máximo inter-subgrafo seja minimizado. O algoritmo funciona recursivamente dividindo um segmento em duas regiões, A e B, por um corte mínimo:

$$MinCut(A, B) = \min \{cut(A, B)\}, \quad (2.1)$$

onde $cut(A, B) = \sum_{i \in A, j \in B} w_{i,j}$ e $w_{i,j}$ corresponde ao valor da ligação. O algoritmo foi aplicado a imagens do cérebro, conseguindo separar, com alguma precisão, os tecidos constituintes do cérebro.

Wang *et al.* [44] desenvolveram uma modificação do *min-cut*, propondo o *mean cut*:

$$MeanCut(A, B) = \frac{cut(A, B)}{L}, \quad (2.2)$$

onde L corresponde ao comprimento do contorno que divide as regiões A e B . O algoritmo é aplicado a imagens de cenários, imagens naturais e imagens médicas, obtendo resultados razoáveis.

Shi *et al.* [34] conceberam uma versão normalizada do *cut* e propõem que a segmentação ótima da imagem corresponde à partição do grafo que minimiza a medida do *normalized cut (Ncut)*:

$$NCut(A, B) = \frac{cut(A, B)}{links(A, V)} + \frac{cut(A, B)}{links(B, V)} \quad (2.3)$$

onde: $cut(A, B) = \sum_{i \in A, j \in B} w_{i,j}$ e $links(B, V)$, corresponde às ligações possíveis do nó B com a totalidade de nós no grafo V . O método foi aplicado a diferentes tipos de imagens produzindo bons resultados.

Fowlkes *et al.*[14] apresentam uma técnica semelhante que introduz uma modificação do *Ncut* e permite obter uma solução aproximada da partição espectral do grafo através da extensão de Nyström aplicado à segmentação de imagem (Método SGB). O método de Nyström é uma técnica que procura encontrar aproximações numéricas para a função:

$$\int_a^b W(x, y)\phi(y)dy = \lambda\phi(x), \quad (2.4)$$

onde W é a matriz de afinidade, λ e ϕ correspondem aos valores e vetores próprios, respectivamente. Esta equação pode ser aproximada por um conjunto de amostras espaçadas uniformemente $\xi_1, \xi_2, \dots, \xi_n$ no intervalo $[a, b]$ e ,aplicando uma regra de quadratura simples, vem:

$$\frac{(b-a)}{n} \sum_{j=1}^n W(x, \xi_j)\hat{\phi}(\xi_j) = \lambda\hat{\phi}(x), \quad (2.5)$$

na qual $\hat{\phi}(x)$ é uma aproximação ao valor real de $\phi(x)$. Substituindo x por ξ_i obtemos o seguinte sistema de equações:

$$\frac{(b-a)}{n} \sum_{j=1}^n W(\xi_i, \xi_j)\hat{\phi}(\xi_j) = \lambda\hat{\phi}(\xi_i) \quad \forall i \in 1 \dots n. \quad (2.6)$$

Considerando o intervalo $[a, b]$ como um intervalo $[0, 1]$ e estruturando o sistema através da matriz de valores próprios, vem:

$$A\hat{\Phi} = n\hat{\Phi}\Lambda, \quad (2.7)$$

onde $A_{ij} = W(\xi_i, \xi_j)$ e $\Phi = [\phi_1, \phi_2 \dots \phi_n]$ são os n vetores próprios de A com n valores próprios correspondentes, $\lambda_1, \lambda_2 \dots \lambda_n$.

Substituindo a equação (2.7) em (2.5) resulta na *extensão de Nyström* para cada $\hat{\phi}_i$:

$$\frac{1}{n\lambda_i} \sum_{j=1}^n W(x, \xi_j) \hat{\phi}_i(\xi_j) \quad (2.8)$$

Felzenszwalb *et al.* [13] abordam o problema de segmentação de imagem baseado na teoria dos grafos, no qual uma imagem deve ser partida de tal forma que, para qualquer par de regiões, a variação de intensidade entre as regiões vizinhas deverá ser maior do que a variação de intensidade dentro de cada região individual (Método SAMN).

Numa imagem, um grafo pode ser definido por $G = (V, E)$. Onde $v_i \in V$ representam os nós e $(v_i, v_j) \in E$ as ligações entre os nós.

O agrupamento de regiões é baseado na comparação da informação intra-regiões, $C \subseteq V$, maximizando o peso do *minimum spanning tree* da região, $MST(C, E)$,

$$Int(C) = \max_{e \in MST(C, E)} w(e), \quad (2.9)$$

e na informação inter-regiões, $C_1, C_2 \subseteq V$, minimizando o peso da ligação entre as regiões, mediante a equação (2.10).

$$Dif(C_1, C_2) = \min_{v_i \in C_1, v_j \in C_2, (v_i, v_j) \in E} w((v_i, v_j)). \quad (2.10)$$

Caso não exista ligação entre C_1 e C_2 então $Dif(C_1, C_2) = \infty$.

Para controlar o grau para o qual a diferença inter-regiões deve ser maior que a diferença intra-regiões define-se uma função *Predicate*, D :

$$D(C_1, C_2) = \begin{cases} \text{verdadeiro} & \text{se } Dif(C_1, C_2) > MInt(C_1, C_2) \\ \text{falso} & \text{caso contrário} \end{cases} \quad (2.11)$$

onde, $MInt(C_1, C_2) = \min(Int(C_1) + \tau(C_1), Int(C_2) + \tau(C_2))$ e $\tau(C_1), \tau(C_2)$ correspondem ao *threshold* das regiões C_1 e C_2 , respetivamente.

Cour *et al.* [11] segmentam as imagens usando o corte normalizado do grafo (Método SDPG). Dada uma imagem I é construído o grafo, $G = (V, E, W)$, onde os pixels correspondentes aos nós, V e E são as ligações entre pixels com uma distância $\leq G_r$. $W(i, j)$ mede a probabilidade dos pixels i e j pertencerem à mesma região. A qualidade da segmentação depende do emparelhamento dos pixels e da afinidade destes na construção do grafo. A segmentação da imagem é obtida através do peso das ligações do grafo através intensidade e dos contornos. Da intensidade, porque os pixels com intensidades semelhantes tendem a ser agrupados ao mesmo objeto, segundo a seguinte equação:

$$W_I(i, j) = e^{-\|X_i - X_j\|^2 / \sigma_x - \|I_i - I_j\| / \sigma_I}, \quad (2.12)$$

onde X_i e I_i denotam a localização e intensidade do pixel, respetivamente.

Para avaliar a afinidade entre dois pixels, medindo a magnitude da imagem dos contornos, é usada a seguinte equação:

$$W_C(i, j) = e^{-\max_{x \in \text{line}(i, j)} \|Edge(x)\|^2 / \sigma_C}, \quad (2.13)$$

onde $\text{line}(i, j)$ e $Edge(x)$ representam a linha reta que liga os pixels i e j e a resistência do contorno na localização x , respetivamente.

Para a partição do grafo $V = A \cup B$, o custo do corte normalizado é definido por:

$$Ncut(A, B) = \frac{Cut(A, B)}{\text{links}(A) \times \text{links}(B)}. \quad (2.14)$$

Reescrevendo a equação (2.14) usando uma função indicadora de binarização por grupo $X_l \in \{0, 1\}^N$, vem $X_l(i) = 1$ se e só se o *pixel* i pertencer ao segmento l . Sendo $X = [X_1, X_2]$ e D uma matriz diagonal, onde $D(i, i) = \sum_j W(i, j)$, então o critério de segmentação equivale ao seguinte:

$$\text{maximize } \in (X) = \frac{1}{2} \sum_{l=1}^2 \frac{X_l^T W X_l}{X_l^T D X_l}, \quad (2.15)$$

sujeito a $X \in \{0, 1\}^{N \times 2}$ e $X1_2 = 1_N$ (1_N é um vetor de N uns).

Uma técnica espectral de partição do grafo, permite a resolução deste problema usando uma solução de espaço contínuo através do cálculo dos vetores próprios, K , correspondentes aos K maiores valores próprios:

$$WU = \lambda DU. \quad (2.16)$$

Para discretizar U em X primeiramente é necessário normalizar as linhas de U em U' e procurar a rotação, R , que transforma U' num binário o mais próximo possível do indicador do vetor X .

Para fazer a separação dos *links* em diferentes escalas de acordo com a sua separação espacial:

$$W = W_1 + W_2 + \dots + W_S \quad (2.17)$$

na qual W_s contém a afinidade entre *pixels* com uma certa gama de separação: $W_s(i, j) \neq 0$ apenas se $G_{r,s-1} < r_{i,j} \leq G_{r,s}$

Ali *et al.*[3] propõem uma técnica automática de segmentação da região pulmonar, utilizando os *grafos* como método de otimização para obter a segmentação ideal. A teoria dos *grafos* é usada para combinar os níveis de cinza e as relações espaciais entre os identificadores de cada região, a fim de preservar os detalhes. Para avaliar o desempenho do método aplicaram-no a um conjunto de 23 exames de TC de baixa dose de radiação ao tórax. Os resultados foram comparados com a segmentação de um radiologista, não apresentando resultados percentuais.

Massoptier *et al.*[27] criaram um método de segmentação pulmonar que tem por base os *grafos*. Inicialmente é aplicada uma máscara às imagens. Esta máscara é produzida automaticamente através do *threshold* e de técnicas morfológicas. Para o estudo foram utilizados 11 exames de TC de alta dose de radiação, num total de 168 fatias e a segmentação obtida foi comparada com a segmentação manual obtendo 97.42% de precisão e uma distância média de erro de 0.92mm. Segundo os autores, a principal limitação consistiu em segmentar os pulmões com padrões de doenças extremamente graves enquanto que a sub-segmentação surgiu apenas num número limitado de imagens.

2.3 Métodos Estatísticos

Comaniciu *et al.* [10] descrevem uma técnica, não paramétrica, de segmentação baseada no algoritmo mean-shift (Método EDISON). O algoritmo mean-shift [9] é projetado para localizar os pontos de densidade máxima num determinado espaço de características. Os vetores de características, contendo as informações da escala de cinza ou de cor, bem como as coordenadas são calculadas para cada pixel. Em seguida o algoritmo procura uma vizinhança no espaço centrado no vetor de características de cada pixel e de acordo com a equação (2.18) repete os seguintes passos de forma iterativa :

- coloca uma janela (kernel) centrada em cada amostra;
- calcula a média de todos os pontos para cada janela, ou seja, calcula o centro de massa;
- move a janela para a respetiva média;
- repete os passos anteriores até convergir.

$$K_{h_s, h_r}(\mathbf{x}) = \frac{C}{h_s^2 h_r^p} k\left(\left\|\frac{\mathbf{x}^s}{h_s}\right\|^2\right) k\left(\left\|\frac{\mathbf{x}^r}{h_r}\right\|^2\right), \quad (2.18)$$

onde:

- \mathbf{x}^s corresponde à parte espacial,
- \mathbf{x}^r é a gama de valores do vetor de características,
- $k(x)$ é o perfil comum usado nos dois domínios,
- h_s e h_r são as larguras de banda do kernel,
- C é a constante de normalização, e
- p representa os vectores de localização e escala de dimensão $d = p + 2$, que são concatenados no domínio espacial, e que por serem de natureza diferente têm de ser normalizados adequadamente.

Wang *et al.* [45] sugeriu uma nova métrica para melhorar a robustez do *Fuzzy C-means* (FCM) que se distingue da distância Euclidiana. Com esta alteração a técnica FCM atribui diferentes pesos a diferentes características para melhorar o desempenho da agregação.

Gomathi *et al.* [15] apresentam uma nova abordagem de segmentação pulmonar o *Probabilistic Fuzzy C-means* (FPCM). O novo algoritmo foi formulado a partir do FCM padrão, modificando a forma de cálculo da distância, permitindo assim utilizar a informação dos pixels vizinhos e restringir o efeito do ruído durante a segmentação. Na nova formulação incluem, também, um novo critério de paragem da função objetivo. O método foi testado e comparado com os métodos *FCM padrão* e *FCM modificado* obtendo 92% de similaridade, a mais alta dos métodos avaliados pelos autores. Para esta avaliação foram usados dois conjuntos de imagens de TC ao tórax.

2.4 Métodos baseados na forma

Kass *et al.* [46] introduziu os contornos ativos aplicados à segmentação de imagem. Dada uma aproximação inicial para o contorno desejado, o contorno ativo localiza o contorno mais próximo através de forças internas para manter o contorno ativo suave e através de forças externas que o atraem para as características da imagem.

Silveira *et al.* [36] propõem um método automático que realiza a segmentação pulmonar utilizando um contorno geométrico ativo robusto. É iniciado em torno dos pulmões, divide-se em dois, automaticamente, e realiza a segmentação durante a evolução da curva. As imagens do tórax usadas foram adquiridas com gamas de atenuação que variam entre -1024 a 3071 unidades Hounsfield. Os resultados obtidos demonstram a robustez do método, não apresentando resultados percentuais.

Lai *et al.* [22] desenvolveram um método que executa a segmentação pulmonar baseado em contornos ativos. O algoritmo proposto permite que a curva de evolução altere a sua topologia sem que para isso seja necessário monitorizar a deformação. Obtiveram bons resultados contudo não apresentam resultados percentuais.

Zang *et al.* [49] propõem um modelo de contornos activos. Para a construção de uma região utilizam a informação estatística do interior e do exterior do contorno com base na

função de forças de pressão (spf) que é capaz de controlar a direcção da evolução do contorno. A função spf proposta tem sinais opostos em torno do limite do objeto, de tal modo que o contorno pode encolher e expandir quando está fora ou dentro do objeto, respectivamente.

2.5 Métodos baseados no contorno

Talakoub *et al.* [38] desenvolveram um método automático que executa a segmentação pulmonar aplicando as *wavelets*. Segundo os autores, as *wavelets* utilizadas não envolvem custos computacionais elevados e o método em si não necessita de iterações para convergir para a solução. Para avaliar a performance do método foi selecionado um conjunto de imagens de TC pediátricas de uma base de dados composta por 330 imagens. Os resultados obtidos são comparados com a segmentação de um radiologista experiente, contudo não apresentam resultados percentuais. Apenas comparam o seu método com outros referindo que o método proposto é mais rápido e aufere melhores resultados.

Canny [8] desenvolveu o método de detecção de contornos canny. Este método visa encontrar os locais onde o gradiente da imagem é máximo. O algoritmo utiliza dois *thresholds* para a detecção de contornos fracos e fortes. A imagem resultante é composta por todos os contornos fortes encontrados e por contornos fracos que se encontram ligados aos fortes.

Capítulo 3

Método Proposto

Neste capítulo é apresentado um método híbrido para a segmentação de imagem.

O objetivo principal deste trabalho consiste em substituir a abordagem pixel a pixel e passar a usar uma abordagem micro-região a micro-região para orientar a segmentação usando a informação da intensidade e do gradiente da imagem para a partição do grafo de semelhança de regiões (RSG), através do corte normalizado.

As motivações para a substituição dos pixels por micro-regiões foram:

1. os pixels não serem entidades naturais, uma vez são apenas uma consequência da representação discreta de imagens;
2. o elevado número de pixels presentes numa imagem, o que torna a partição do grafo, ao nível dos pixels, intratável, pois cada pixel representa um nó no grafo.

Normalmente, os métodos de segmentação existentes modelam o grafo com base nas regiões adjacentes, tendo em conta apenas a informação local da imagem. O grafo escolhido foi o RSG, em detrimento do RAG, pois considerou-se que ter em conta a informação global da imagem produzirá melhores resultados de segmentação uma vez que para regiões uniformes, mas que ocupem uma grande área da imagem, o grafo de adjacências poderá levar à sua partição em vários segmentos [29, 41, 42].

O método proposto pode ser dividido em cinco etapas:

- A primeira etapa consiste num pré-processamento das imagem, para a redução do ruído e do número de regiões do processo da terceira etapa, através da aplicação do filtro bilateral;
- A segunda etapa baseia-se no cálculo do gradiente da imagem que será utilizado para obter as micro-regiões usando a transformada *watershed* e para a determinação de contornos essenciais para a construção do grafo de semelhança de regiões;
- Na terceira etapa é criada a imagem sobre-segmentada, para obter as micro-regiões, recorrendo à transformada *watershed* ou ao método dos superpixels;
- A quarta etapa consiste na construção do grafo com base na imagem sobre-segmentada, onde cada micro-região representa um nó no grafo;
- Por fim, na quinta etapa, é aplicado o corte normalizado, proposto por Shi e Malik [34], ao grafo que foi obtido na etapa anterior, obtendo-se a imagem segmentada.

3.1 Pré-processamento das imagens

A filtragem é considerada como uma das operações fundamentais em processamento de imagem e visão computacional [40].

No processamento de imagens, as técnicas de filtragem têm como objectivo a suavização de regiões da imagem, realce dos contornos das regiões, extracção de características presentes na imagem, com a finalidade de restaurar ou melhorar a qualidade da imagem para a sua visualização, segmentação ou classificação de padrões [21].

As imagens de TC usadas neste trabalho são de baixa dose de radiação por isso apresentam ruído, que foi eliminado através da aplicação do filtro bilateral, pois os algoritmos utilizados para a criação das micro-regiões, bem como o cálculo do gradiente, são muitos sensíveis ao ruído.

O filtro bilateral, proposto por C. Tomasi e R. Manduchi [40], consiste num filtro não linear que suaviza as imagens preservando os contornos [40, 31], bem como a sua estrutura, uma vez que apenas atua sobre os vizinhos que fazem parte da “mesma” região do núcleo

[29]. Este filtro combina os níveis de cinza com base em dois parâmetros, a **similaridade** e a **distância**.

Considerando uma imagem em tons de cinza I , o resultado do filtro bilateral I^{fb} é dado por:

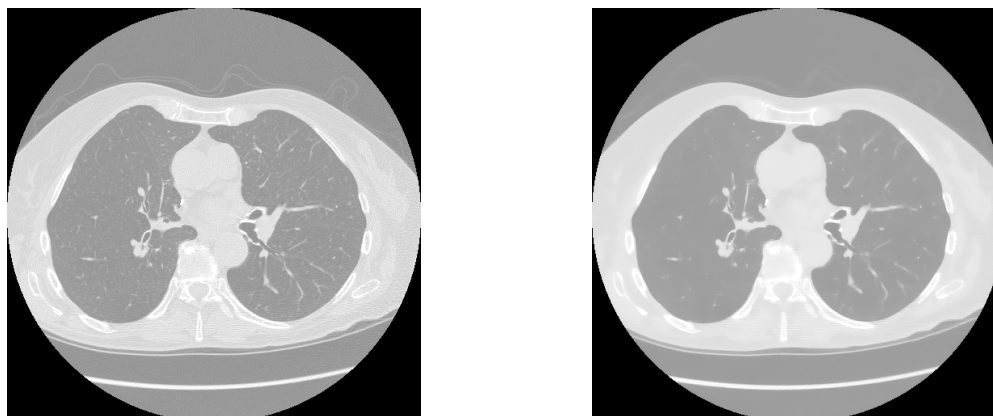
$$I^{fb}(p_0) = \frac{\sum_{p \neq p_0} I(p) \cdot c(p, p_0) \cdot s(I(p), I(p_0))}{\sum_{p \neq p_0} c(p, p_0) \cdot s(I(p), I(p_0))}, \quad (3.1)$$

onde a similaridade da cor, $s(I(p), I(p_0))$, e a similaridade relativa à distância, $c(p, p_0)$, podem ser obtidas através das equações (3.2) e (3.3), respetivamente.

$$s(I(p), I(p_0)) = \exp\left(-\frac{(I(p) - I(p_0))^2}{2\sigma_s^2}\right) \quad (3.2)$$

$$c(p, p_0) = \exp\left(-\frac{(p - p_0)^2}{2\sigma_r^2}\right) \quad (3.3)$$

Na figura 3.1 é apresentado o resultado da aplicação do filtro bilateral a uma imagem, com uma conseqüente diminuição do ruído da imagem **(a)** para a imagem **(b)**, principalmente no interior dos pulmões.



(a)

(b)

Figura 3.1: (a) Imagem original, (b) Imagem filtrada (I^{fb}).

3.2 Cálculo do gradiente

O cálculo do gradiente constitui uma das operações fundamentais para realizar a segmentação [24].

Tendo em vista a necessidade de calcular o gradiente, para a construção do grafo e para a obtenção das micro-regiões via *watershed*, foi imprescindível a determinação do gradiente presente na imagem (figura 3.2), pois é mediante esta informação que serão, também, determinados os contornos fracos ou fortes, essenciais para a construção do grafo.

Dada uma imagem, I , a orientação dos contornos pode ser determinada através da seguinte equação:

$$OE_{0^\circ} = (I * f_1)^2 + (I * f_2)^2, \quad (3.4)$$

onde OE_{0° é a orientação dos contornos com resposta máxima para os contornos horizontais, $*$ representa o operador de convolução, f_1 , equação (3.5), corresponde a derivadas de filtros gaussianos e f_2 , equação (3.6), corresponde à transformada de Hilbert.

$$f_1(x, y) = G''_{\sigma_1}(y)G_{\sigma_2}(x), \quad (3.5)$$

na qual $G_\sigma(x)$ representa um Gaussiano com desvio padrão σ .

$$f_2(x, y) = Hilbert(f_1(x, y)). \quad (3.6)$$

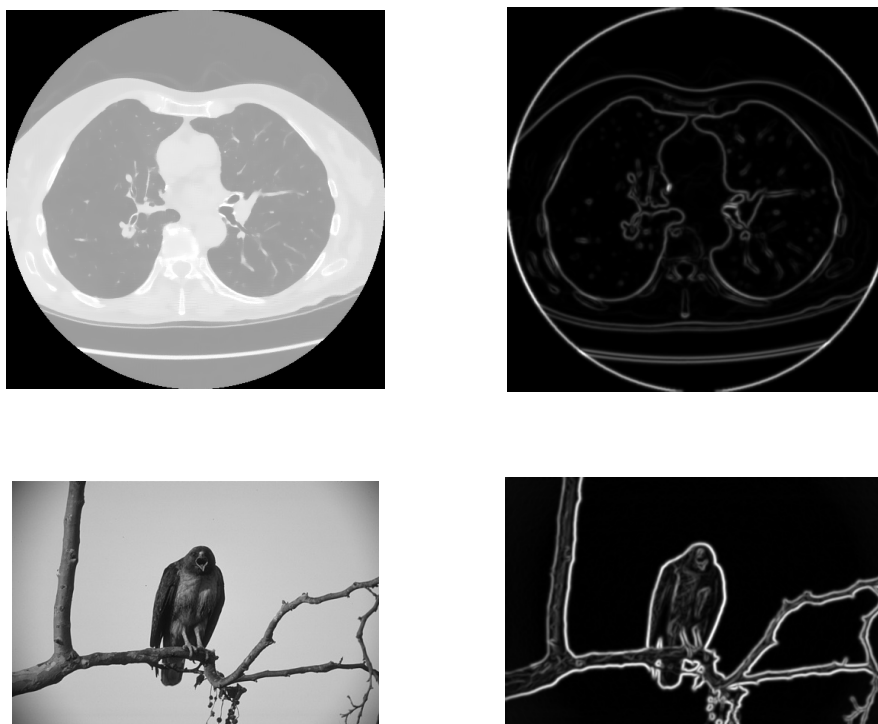


Figura 3.2: Gradiente da imagem. Primeira coluna: imagens originais; segunda coluna: resultado do gradiente.

3.3 Sobre-segmentação

A sobre-segmentação ocorre quando regiões da imagem são segmentadas num grande número de regiões.

Com o intuito de diminuir o número de nós do grafo foi substituída a abordagem pixel a pixel por uma abordagem orientada à micro-região sendo o centróide o elemento identificador de cada região. Estas micro-regiões foram obtidas através da aplicação da **transformada watershed** e através do método dos **superpixels**.

3.3.1 Transformada *Watershed*

Para a segmentação de imagens, a ideia da transformada *watershed* é bastante simples, basta considerar a imagem do gradiente como um relevo topográfico (Figura 3.3), onde os valores de intensidade ou do gradiente são interpretados como a altura na imagem topográfica [17]. Neste tipo de interpretação são considerados dois tipos de pontos:

1. aqueles que pertencem a um mínimo local, e
2. aqueles em que a água poderá deslocar-se para mais que um destes mínimos.

Os pontos que satisfazem a primeira condição, de um mínimo local específico, são chamados mínimos desses *watersheds*. Os conjuntos de pontos que satisfazem a segunda condição, ou seja, os picos ou vértices da superfície topográfica, são chamados linhas de divisão ou linhas de *watershed* [16]. Na figura 3.4 encontram-se dois exemplos de imagens obtidas através da aplicação da transformada *watershed*, às respectivas imagens do gradiente, com as linhas de divisão produzidas pela transformada *watershed*.

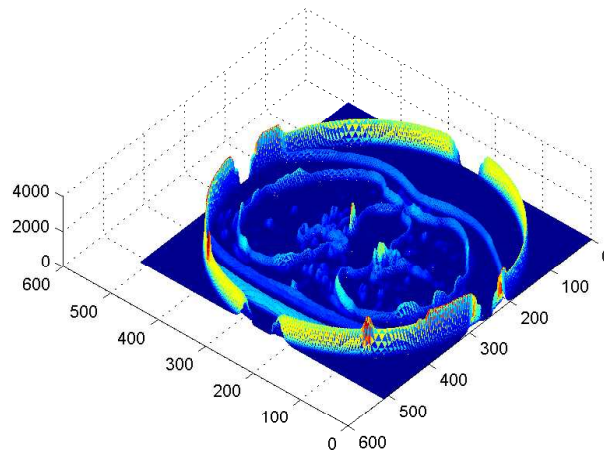


Figura 3.3: Representação topográfica de uma imagem.

Na figura 3.4 verificamos que as partições obtidas através da transformada *watershed* são heterogêneas, contudo preservam os contornos da imagem.

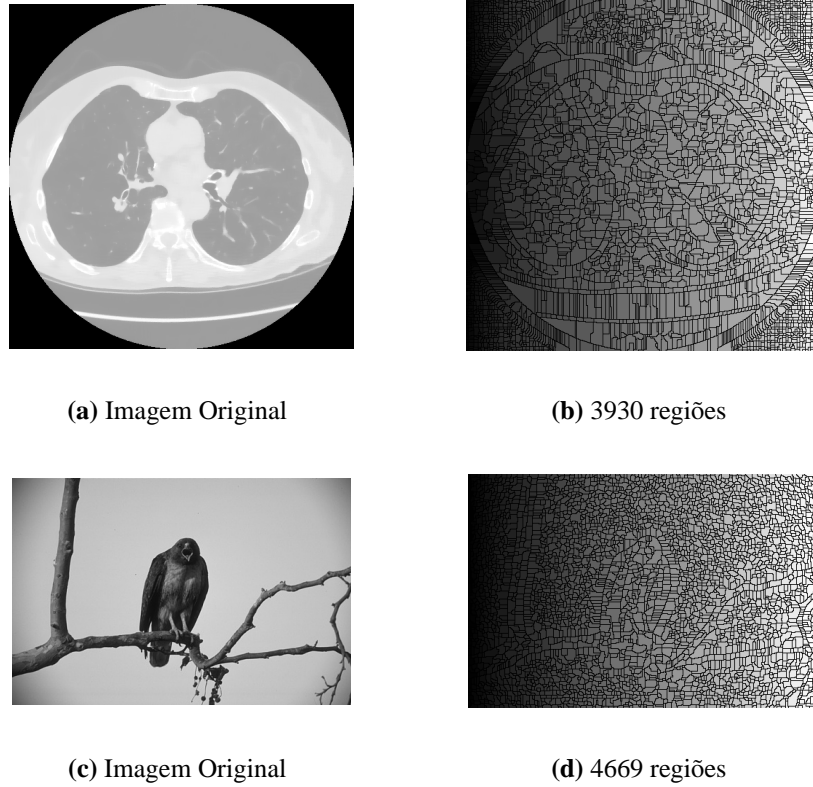


Figura 3.4: Resultado da aplicação da transformada *watershed*.

3.3.2 Superpixels

Os superpixels [33] surgiram como forma de reduzir a informação a tratar presente numa imagem, produzindo uma imagem sobre-segmentada como a apresentada na figura 3.5. Um superpixel é constituído por um conjunto de pixels com características semelhantes.

Para construir o mapa dos superpixels usa-se uma medida de similaridade de textura, $T(q, S)$ *intra-região* e *inter-região*. A similaridade de textura *intra-região* é dada por:

$$\mathbf{T}_{int}(S) = \sum_{q \in S} T(q, S), \quad (3.7)$$

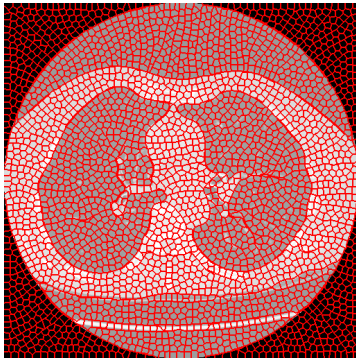
e a similaridade *inter-região* é dada pelo somatório de todos os superpixels de uma partição

inicial ∂S :

$$\mathbf{T}_{ext}(S) = \sum_{q \in \partial S} T(q, S'(q)), \quad (3.8)$$

onde $S'(q)$ é o segmento adjacente ao superpixel q . No caso de existirem múltiplos segmentos adjacentes a um “superpixel” é calculada a média de similaridade entre eles.

Na figura 3.5 é possível observar que as que as partições obtidas pelo método dos superpixels são aproximadamente homogéneas em tamanho e forma, facto que simplifica a computação em fases posteriores, além de serem coincidentes com a percepção humana.



(a) 4000 regiões



(b) 4700 regiões

Figura 3.5: Mapa dos superpixels representado numa imagem médica e numa imagem natural.

3.4 Construção do grafo

Os métodos espectrais usam vetores próprios e valores próprios combinados numa matriz construída através das semelhanças entre pares de características. Este efeito que é obtido através da construção de um grafo completamente ligado.

O tipo de grafo usado, foi proposto por Monteiro e Campilho [28], o grafo **RSG** (Grafo de Semelhança de Regiões) representado na figura 3.6. Este é um grafo não direcionado no qual cada nó corresponde ao centróide de uma micro-região e onde, para cada par de micro-regiões, as ligações ou “pesos” representam medidas de similaridade e o conjunto de ligações representa as relações entre as micro-regiões.

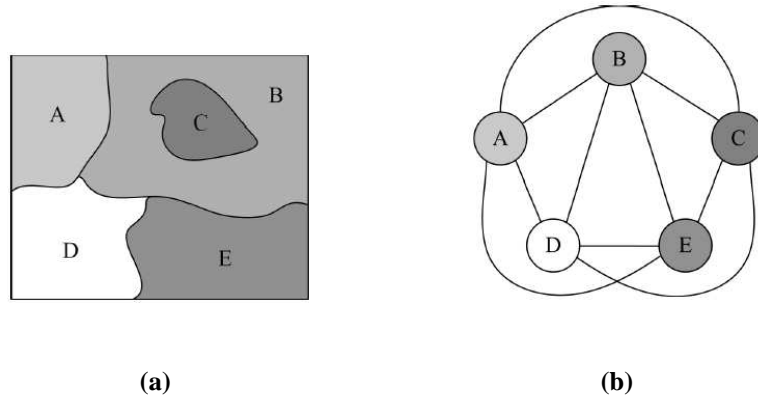


Figura 3.6: (a) Imagem original, (b) RSG correspondente.

Fonte: [28].

A escolha deste tipo de grafo é vantajoso em dois aspetos:

1. o RSG permite a existência de ligações entre pares de regiões não contíguas, importante quando o fundo da imagem ocupa uma grande área, como no exemplo da figura 3.4 c).
2. e é definido apenas uma vez e não precisa de nenhuma atualização dinâmica ao agrupar regiões.

No grafo RSG, para cada par de nós, a similaridade está inversamente correlacionada com os valores do gradiente máximo encontrado ao longo da linha que liga os centróides das regiões. No caso de existirem gradientes fortes entre dois centróides, é muito provável que estas micro-regiões pertençam a segmentos diferentes e, com tal, devem ser rotuladas como diferentes. Considerando i, j, k , três centróides de micro-regiões distintas representados na figura 3.7, mediante a explicação anterior, podemos considerar que as micro-regiões j e k pertencem a segmentos diferentes, pois existem gradientes fortes ao longo da linha que liga estes dois centróides, ao contrário do que acontece entre os centróides das micro-regiões i e j .

As ligações dos centróides com os seus pesos associados são definidos usando: a semelhança de intensidade entre nós e a força dos *intervening contours* [24] entre os centróides das micro-regiões.

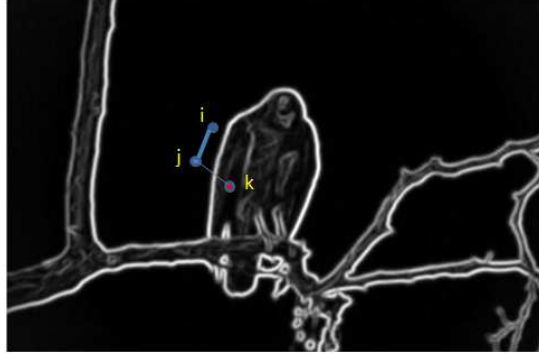


Figura 3.7: Exemplicação de contorno forte e fraco através de uma imagem.

Considerando i e j duas micro-regiões com magnitude de gradiente OE^* entre elas, a contribuição da similaridade dos *intervening contours* é calculada pela seguinte equação:

$$w_{ic}(i, j) = \exp \left[-\frac{\max_{t \in \text{line}(i, j)} \|OE^*(\bar{x}_i, \bar{x}_j)\|^2}{\sigma_{ic}^2} \right], \quad (3.9)$$

onde $\text{line}(i, j)$ corresponde à linha entre os centróides \bar{x}_i e \bar{x}_j , formada por t pixels.

A contribuição da média da intensidade de cada região para o “peso” da ligação no grafo é dada por:

$$w_I(i, j) = \exp \left(-\frac{(I_{\bar{x}_i} - I_{\bar{x}_j})^2}{\sigma_I^2} \right), \quad (3.10)$$

onde $I_{\bar{x}_i}, I_{\bar{x}_j}$ corresponde à média da intensidade, I , da micro-região representada pelos centróides \bar{x}_i e \bar{x}_j .

Estas duas equações são combinadas numa função de similaridade, ou ligações entre nós do grafo, com selecção dos valores ótimos σ_{ic} e σ_I de modo a maximizar a amplitude dinâmica da matriz \mathbf{W} , representativa do grafo:

$$\mathbf{W}(i, j) = w_{ic}(i, j) \times w_I(i, j). \quad (3.11)$$

3.5 Partição do grafo

Para uma dada imagem, é construído o grafo $G = (V, E, W)$, considerando cada micro-região como um nó (V), definindo as ligações entre nós (E) usando uma função de semelhança entre micro-regiões e associando a matriz de “pesos” ($w_{i,j} \in \mathbb{R}_0^+$) a cada ligação com base em algumas características das micro-regiões que agrega, como por exemplo: a cor, a intensidade, a posição, entre outros.

Como mencionado na revisão bibliográfica (Shi *et al.* [34]), este grafo pode ser partido em dois conjuntos distintos A e B , onde $A \cup B = V$ e $V_A \cap B = \emptyset$. O total de ligações entre A e B , $links(A, B)$, é dado por:

$$links(A, B) = \sum_{i \in A, j \in B} w_{i,j}. \quad (3.12)$$

De modo a evitar pequenas partições, propõem uma medida de dissociação entre dois grupos, o corte normalizado ($Ncut$), para a bipartição do grafo:

$$Ncut(A, B) = \frac{links(A, B)}{links(A, V)} + \frac{links(A, B)}{links(B, V)} \quad (3.13)$$

Esta medida visa não só a partição das ligações mais fracas, mas também a formação de subgrafos o mais densos possível, ou seja a medida $Ncut(A, B)$ mede o peso das ligações entre dois grupos, normalizado pelo "volume" que estes ocupam no grafo.

Para maximizar a afinidade dentro de cada grupo, temos de minimizar a similaridade inter-segmentos e maximizar a similaridade intra-segmentos. Esta formulação pode ser decomposta num somatório dos termos individuais formando uma solução dinâmica de corte normalizado, o $Ncut_k$:

$$Ncut_k(T) = \frac{links(\mathbf{V}_1, \mathbf{V} - \mathbf{V}_1)}{links(\mathbf{V}_1, \mathbf{V})} + \frac{links(\mathbf{V}_2, \mathbf{V} - \mathbf{V}_2)}{links(\mathbf{V}_2, \mathbf{V})} + \dots + \frac{links(\mathbf{V}_k, \mathbf{V} - \mathbf{V}_k)}{links(\mathbf{V}_k, \mathbf{V})}, \quad (3.14)$$

na qual \mathbf{V}_i representa um subconjunto de \mathbf{V} .

Como referido em [29], para uma dada partição k dos nós do grafo G , é necessário reorganizar as linhas e colunas da matriz \mathbf{W} do seguinte modo:

$$W = \begin{bmatrix} W_{11} & W_{12} & \dots & W_{1k} \\ W_{21} & W_{22} & \dots & W_{2k} \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ W_{k1} & W_{k2} & \dots & W_{kk} \end{bmatrix}$$

Nesta representação da matriz \mathbf{W} as linhas correspondem aos nós em \mathbf{V}_i .

Considerando \mathbf{D} a matriz $n \times n$ de modo que \mathbf{D}_i representa a soma dos “pesos” de todas as ligações de um nó i : $\mathbf{D}_i = \sum_{j=1}^k \mathbf{W}_{i,j}$, então vem:

$$\text{links}(\mathbf{V}_i, \mathbf{V} - \mathbf{V}_i) = \mathbf{D}_i - \mathbf{W}_{ii} \quad e \quad \text{links}(\mathbf{V}_i, \mathbf{V}) = \mathbf{D}_i. \quad (3.15)$$

Para resolver o problema $NCut_k$ determina-se a partição T que minimize a função:

$$NCut_k(T) = \frac{\mathbf{D}_1 - \mathbf{W}_{11}}{\mathbf{D}_1} + \frac{\mathbf{D}_2 - \mathbf{W}_{22}}{\mathbf{D}_2} + \dots + \frac{\mathbf{D}_k - \mathbf{W}_{kk}}{\mathbf{D}_k} \quad (3.16)$$

O problema da partição do grafo G pode ser formulado através de um indicador de matriz $X = [x_1, \dots, x_k]$ de tamanho $n \times k$, onde $X_l(i) = 1$ se $i \in V_l$ e 0 caso contrário [11, 29, 34, 42]:

$$NCut_k(T) = \frac{\mathbf{x}_1^T (\mathbf{D} - \mathbf{W}) \mathbf{x}_1}{\mathbf{x}_1^T \mathbf{D} \mathbf{x}_1} + \dots + \frac{\mathbf{x}_k^T (\mathbf{D} - \mathbf{W}) \mathbf{x}_k}{\mathbf{x}_k^T \mathbf{D} \mathbf{x}_k} = k - \left(\frac{\mathbf{x}_1^T \mathbf{W} \mathbf{x}_1}{\mathbf{x}_1^T \mathbf{D} \mathbf{x}_1} + \dots + \frac{\mathbf{x}_k^T \mathbf{W} \mathbf{x}_k}{\mathbf{x}_k^T \mathbf{D} \mathbf{x}_k} \right) \quad (3.17)$$

onde $\text{links}(\mathbf{V}_i, \mathbf{V} - \mathbf{V}_i) = \mathbf{x}_i^T (\mathbf{D} - \mathbf{W}) \mathbf{x}_i$ e $\text{links}(\mathbf{V}_i, \mathbf{V}) = \mathbf{x}_i^T \mathbf{D} \mathbf{x}_i$.

Uma solução aproximada deste problema pode ser obtido através de métodos espectrais [34], o que implica calcular os valores próprios e os vetores próprios do sistema:

$$(\mathbf{D} - \mathbf{W})X = \Phi \mathbf{D}X, \quad (3.18)$$

onde X representa o conjunto de vetores próprios associado ao conjunto de menores valores próprios $\Phi = \{0 = v_1 \leq \dots \leq v_k\}$ do sistema.

Encontrar uma solução ótima do sistema (3.18) é um problema NP-completo [11, 34], ou seja não tem solução única. Uma solução aproximada pode ser obtida usando a matriz

de valores contínuos \widetilde{W} , fazendo $y_i = \mathbf{D}^{1/2}x_i$ e $Y = [y_1, y_2, \dots, y_k]$ a solução da matriz \mathbf{W} pode ser expressa da seguinte forma:

$$\widetilde{W}Y = Y\Lambda, \quad (3.19)$$

onde $\widetilde{W} = D^{-1/2}WD^{-1/2}$, com $\Lambda = \{1 = \lambda_1 \geq \dots \geq \lambda_k\}$ e $\lambda_i = 1 - v_i$.

Os k vetores próprios que correspondem aos k maiores valores próprios em (3.19) podem ser calculados através da seguinte equação:

$$\min_{X^TDX=I_k} kNCut(T) = k - \max_{Y^TY=I_k} trace(Y^T\widetilde{W}Y), \quad (3.20)$$

onde $Y^TY = I_k$, I_k representa a matriz identidade, e $trace(Y^T\widetilde{W}Y)$ corresponde ao somatório dos vetores próprios. Estes vetores próprios correspondem aos k valores próprios em Y .

O algoritmo LANCZOS fornece uma solução otimizada para este problema com uma complexidade de tempo $O(n^{3/2}k)$, no qual n e k correspondem a dimensão da matriz e ao numero de vetores próprios, respetivamente.

Os resultados da segmentação podem ser observados na figura seguinte:

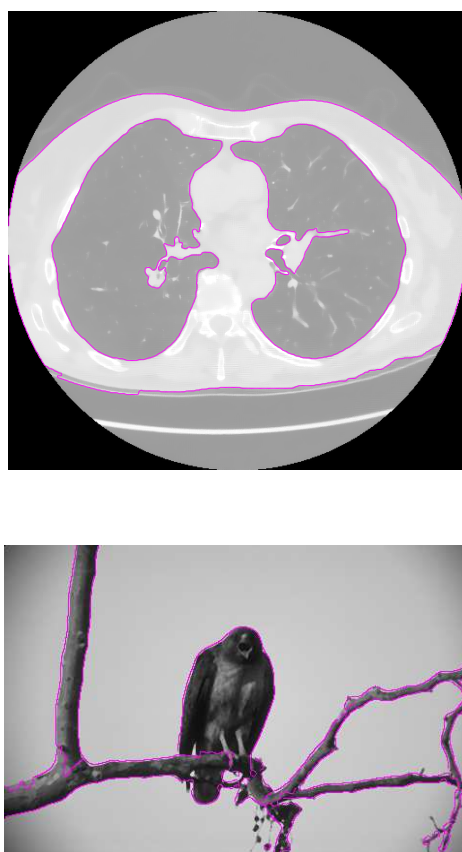


Figura 3.8: Resultados da segmentação relativos a uma imagem de TC aos pulmões e a uma imagem natural.

Capítulo 4

Análise e Discussão dos Resultados

4.1 Imagens

Como não existem conjuntos de dados de imagens médicas, de acesso público, com o respetivo *ground truth* e como, também, não foi possível segmentar as imagens de TC manualmente, optou-se por aplicar os nossos algoritmos de segmentação de imagens a dois conjuntos de dados, para poder estabelecer comparação e resultados.

Os conjuntos de dados¹ utilizados neste trabalho foram:

- **ELCAP (Early Lung Cancer Action Program)** [1]
- **BSD300 (Berkeley Segmentation Dataset)** [25]

A base de dados **ELCAP** é constituída por um conjunto de exames de tomografia de baixa dose de radiação ao tórax. As imagens foram adquiridas com uma corrente no tubo de 80 mA, uma tensão de 120KV e uma espessura de fatia de 1,25mm e foram armazenadas com tamanho de 512×512 pixels codificadas em 16 bits e 0.6-0.75 mm de resolução. Estas imagens estão em tons de cinza e encontram-se no formato *DICOM*.

A **Berkeley Segmentation Dataset** é constituída por 300 imagens naturais com os respetivos *ground truth*, obtidos através da segmentação manual de no mínimo 5 indivíduos

¹Estes conjuntos de dados são de acesso público.

para cada imagem. Este *ground truth* é essencial para podermos estabelecer comparação de resultados e também para avaliar os resultados das segmentações obtidas. Estas imagens são constituídas por 481×321 pixels, encontram-se no formato *jpg* e estão disponíveis a cores e em tons de cinza, neste trabalho foram utilizadas as imagens que se encontram em tons de cinza.

4.2 Avaliação dos resultados

Martin [26] propôs as medidas *Precision* e *Recall* para avaliar os resultados da segmentação. A medida *Precision*, equação (4.1), corresponde à razão entre o número de pixels comuns ao *ground truth* e à segmentação obtida ($matched(S, T)$) e o número de *pixels* da segmentação obtida (S).

$$P = \frac{matched(S, T)}{|S|}, \quad (4.1)$$

A medida *Recall*, equação (4.2), corresponde à razão entre o número de pixels comuns ao *ground truth* e à segmentação obtida ($matched(S, T)$) e o número de pixels do *ground truth*, (T).

$$R = \frac{matched(S, T)}{|T|}, \quad (4.2)$$

Estas duas medidas podem ser combinadas numa única, a medida F :

$$F = \frac{RP}{\alpha R + (1 - \alpha) P} \quad (4.3)$$

Dando a mesma importância ao *precision* e ao *recall*, ou seja $\alpha = 0.5$, a equação (4.3), tal como [26] pode ser expressa da seguinte forma:

$$F = \frac{2RP}{R + P} \quad (4.4)$$

Os valores da medida F estão compreendidos entre 0 e 1. Quanto mais próximos de 1 os valores estiverem melhor é o resultado da segmentação, pois significa que o número de

pixels encontrados no resultado da segmentação é próximo do número de pixels do *ground truth*.

Na base de dados de imagens naturais estão disponíveis as imagens resultantes da segmentação dos humanos. O número de segmentações feitas pelos humanos varia de imagem para imagem, podendo ter no mínimo 5 e no máximo 7 segmentações. Dado este facto foi calculado o *precision*, o *recall* e a medida F fazendo a comparação com cada uma das segmentações dos humanos. As medidas finais apresentadas são o resultado dos valores da média da respectiva medida. O número de segmentos usado para cada imagem foi obtido através da média do número de segmentos que o conjunto de humanos usou para segmentar cada imagem.

4.3 Resultados Obtidos

Todos os algoritmos foram implementados no software MATLAB R2012a.

As micro-regiões, no algoritmo proposto, foram obtidas por duas vias por esta razão decidimos atribuir o nome de “**Método 1**” quando usamos a partição gerada pela transformada *watershed* e “**Método 2**” quando usamos a partição gerada pelo método dos super-pixels.

Com a finalidade de otimizar o desempenho de todos os algoritmos implementados filtramos as imagens com o filtro bilateral com valores de $\sigma_r = 28$ e $\sigma_s = 3$.

Dada a elevada quantidade de imagens, serão apenas demonstrados os resultados da segmentação para algumas imagens seleccionadas, bem como as respectivas medidas *Precision*, *Recall* e F .

4.3.1 Discussão dos resultados

Foram testados vários valores dos parâmetros σ_I e σ_{ic} , tendo sido seleccionados os seis valores que produziram melhores resultados.

Assim obteve-se um intervalo de valores para o σ_{ic} entre 2 e 20 e para σ_I entre 0.0007 e 0.07, que representam o valor máximo e o valor mínimo do σ_{ic} e do σ_I das imagem

exemplo. Na tabela 4.1 são apresentados valores do σ_{ic} e do σ_I ótimos, relativamente a cada imagem exemplo.

Os resultados do podem ser observados nas figuras 4.1 a 4.4. Nestas figuras estão representados os resultados da segmentação, sobrepostos à imagem original, para cada imagem exemplo e os respetivos gráficos de relação *Precision* e *Recall*. Estes gráficos demonstram a interferência da variação dos parâmetros σ_{ic} e σ_I .

Tabela 4.1: Valores do número de segmentos, do σ_{ic} e do σ_I para o melhor valor da medida F dos Métodos 1 e 2 para cada imagem exemplo.

Imagem	Nsegs	Método 1		Método 2	
		σ_{ic}	σ_I	σ_{ic}	σ_I
3096	5	10	0.006	8	0.06
42049	19	20	0.00007	20	0.00007
135069	4	2	0.006	3	0.005
167062	7	11	0.06	10	0.06
238011	12	2	0.07	3	0.07
361084	25	3	0.06	3	0.07

Analisando os gráficos de relação do *Precision* com o *Recall*, representados nas figuras 4.2 e 4.4, verificou-se que para as imagens 3096, 135069 e mantendo o valor do σ_I e à medida que o σ_{ic} aumentava, o valor do *Recall*, também aumentava, enquanto que o valor do *Precision* diminuía, ou seja, eram encontrados mais segmentos na imagem resultado que nas imagens dos humanos. Quando se fez variar o valor do σ_I , mantendo constante o valor do σ_{ic} , verificou-se que à medida que este valor diminuía o valor do *Precision* aumentava e o valor do *Recall* diminuía. Para as imagens 42049, 167062, 238011 e 361084 verificou-se que mantendo o σ_{ic} e aumentando o σ_I , o *Recall* aumenta e o *Precision* diminui. Quando se mantém o valor do σ_I e se aumenta o valor do σ_{ic} , o *Recall* diminui e o *Precision* aumenta. Estes factos podem ser explicados pelo facto de nas imagens 3096 e 135069, terem poucos segmentos marcados pelos humanos e não existir uma grande variação de tonalidade no interior das regiões.

Comparando os resultados, das imagens exemplo, do Método 1 com os resultados do Método 2, observamos que para as imagens 3096, 42049 e 135069 o Método 1 aufere melhores resultados que o Método 2; para as imagens 167062 e 238011 o Método 2 produz melhores resultados e por último para a imagem 301084 os dois métodos obtêm o mesmo

valor da medida F .

Como referido anteriormente, Método 2 produziu melhores resultados que o Método 1, este facto pode ser explicado pelo resultado da partição dos superpixels ser mais uniforme em tamanho e forma, contrariamente ao que acontece com o resultado da partição via transformada *watershed*, onde as micro-regiões são mais díspares, relativamente a estas características.

Depois de aplicar todos os métodos às com a imagens da base de dados BSR300 e dada a inexistência de imagens de TC pré-segmentadas por um especialista, será escolhido o método com melhores resultados para aplicar às imagens de TC ao tórax, com o intuito de obter uma boa segmentação do pulmão.

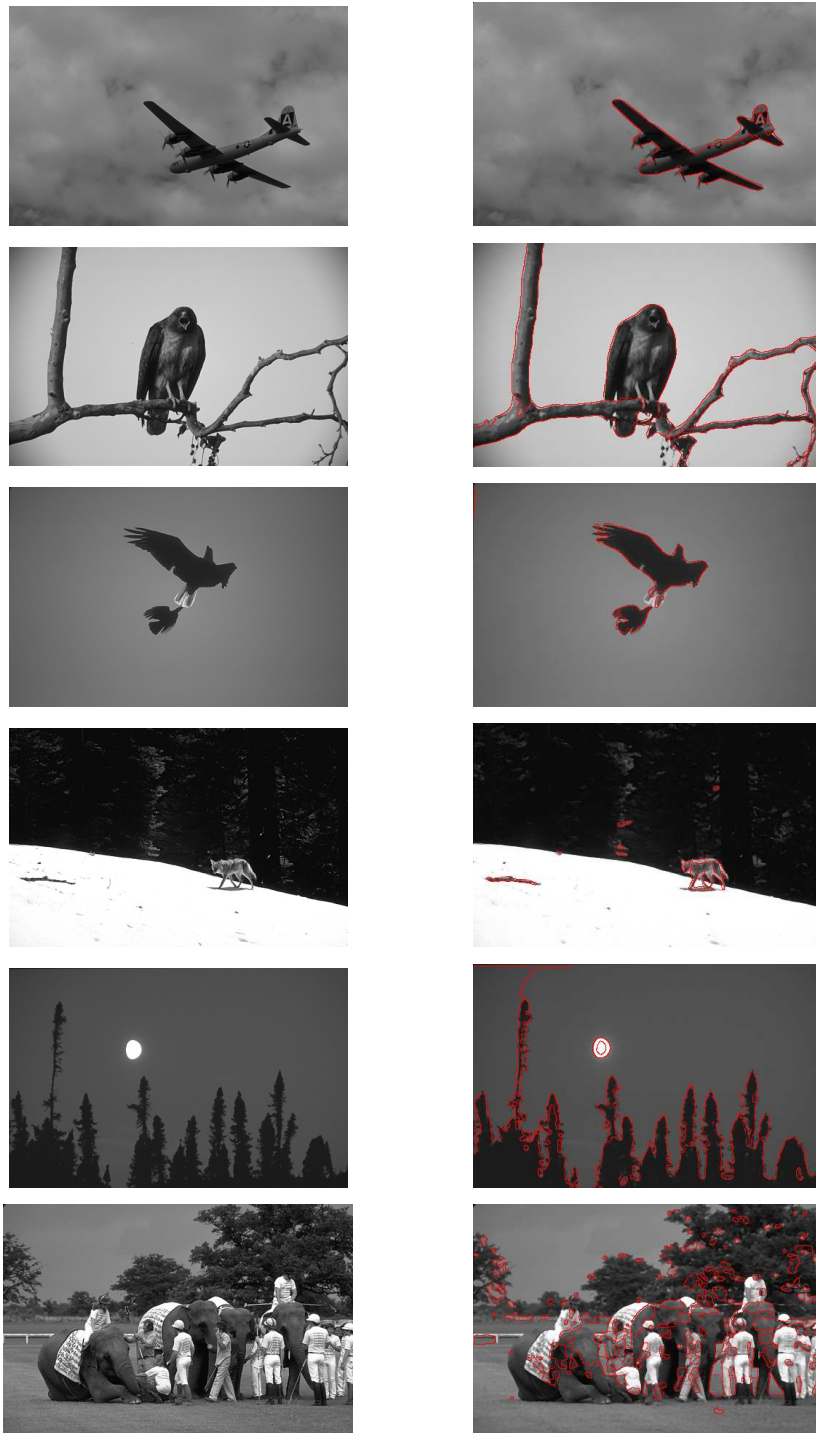


Figura 4.1: Resultados da segmentação através do Método 1, usando imagens da base de dados BSR300.

CAPÍTULO 4. ANÁLISE E DISCUSSÃO DOS RESULTADOS

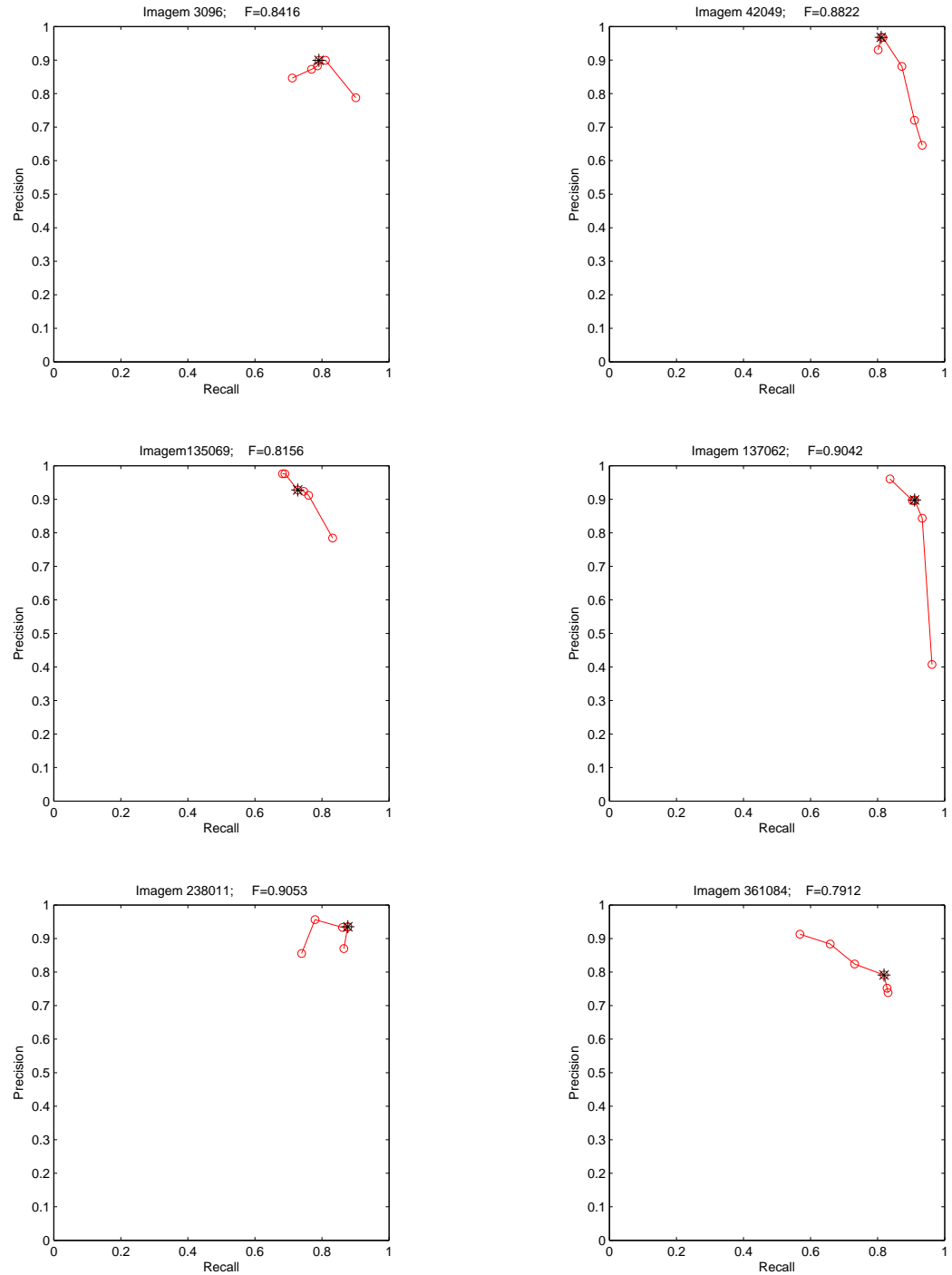


Figura 4.2: Gráficos que demonstram a relação entre *Precision* e *Recall* do Método 1 para cada imagem de teste.

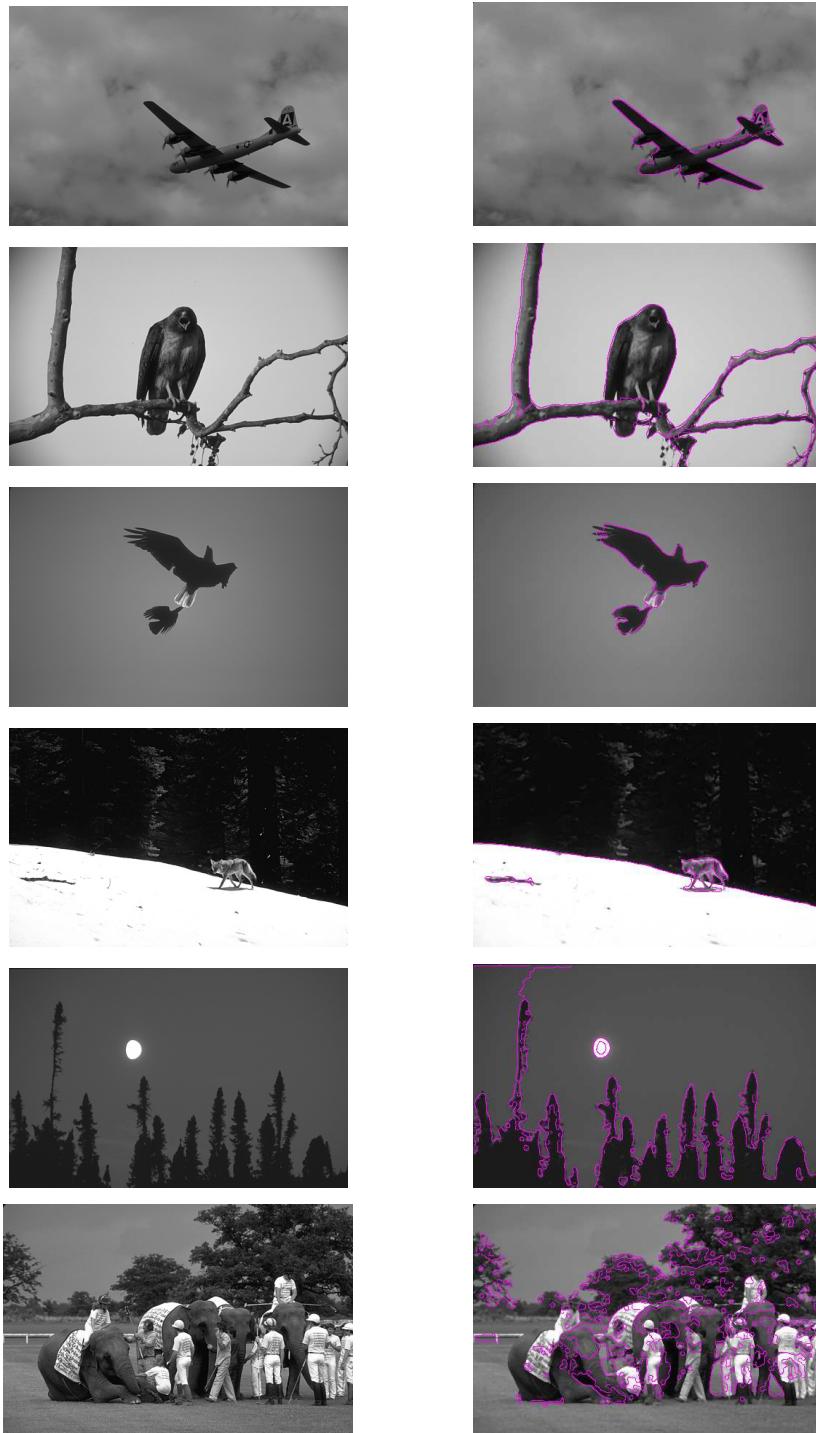


Figura 4.3: Resultados da segmentação através do Método 2, usando imagens da base de dados BSR300.

CAPÍTULO 4. ANÁLISE E DISCUSSÃO DOS RESULTADOS

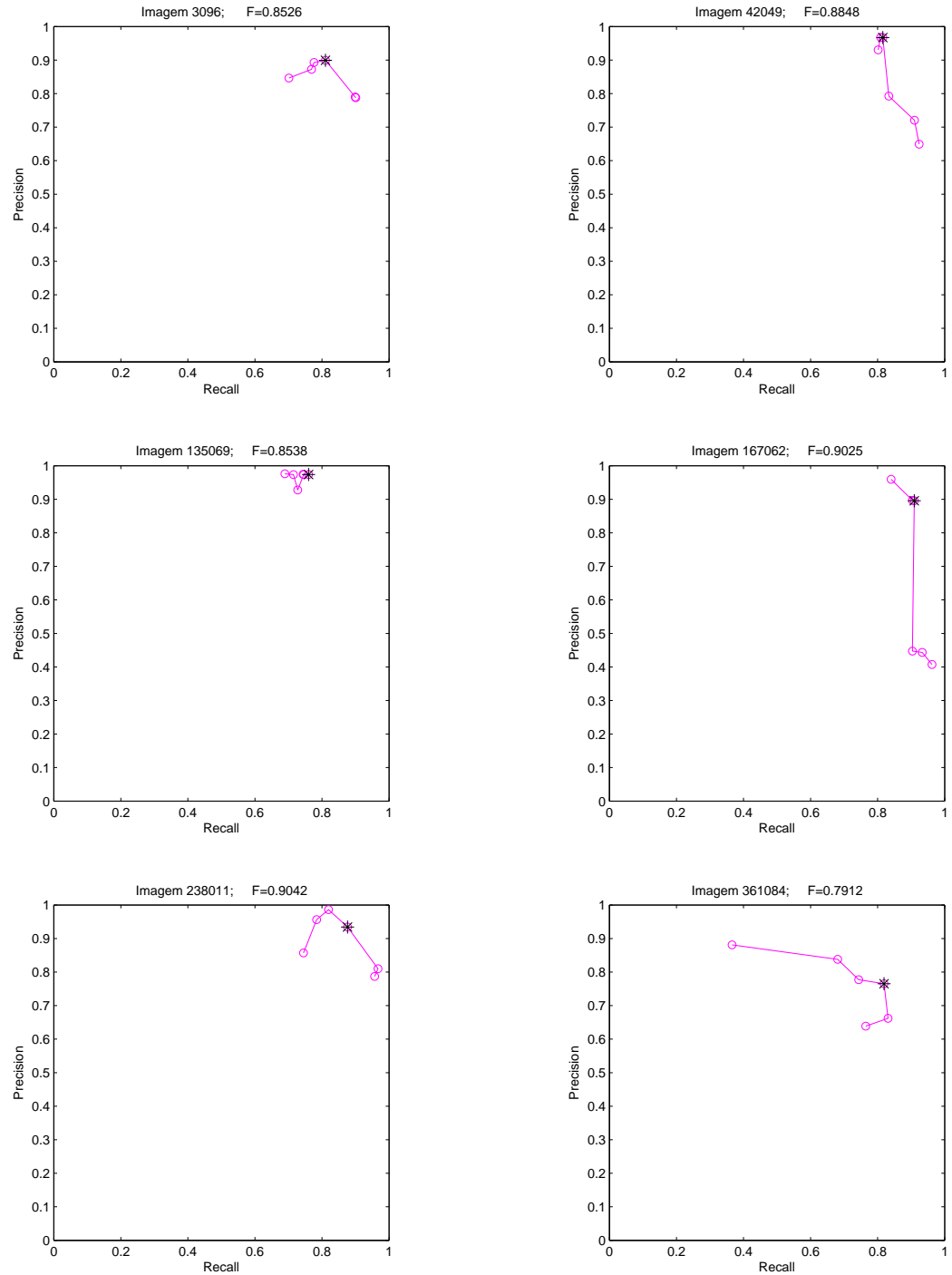


Figura 4.4: Gráficos que demonstram a relação entre *Precision* e *Recall* do Método 2 para cada imagem de teste.

4.3.2 Comparação dos resultados com outros métodos de segmentação

O algoritmo usado no Método SDPG, proposto por Cour, Bénézit e Shi [11] permite fazer a variação do parâmetros *scales* e *weight*. Os autores sugerem que sejam usados $scales = [1, 2, 4]$ e $weight = [2000, 4000, 1000]$, contudo foram também efectuados testes fazendo variar os referidos parâmetros, mas os valores sugeridos pelos autores foram os que auferiram melhores resultados para o conjunto de imagens usado.

O Método SBG, criado por Fowlkes, Belongie, Chung, e Malik, [14], permite fazer a variação do parâmetros: *threshold*, *min_size*, que corresponde à área mínima que cada região deve ter e *n_radius* que corresponde ao modelo que calcula a de vizinhança de cada *pixel*. O valores que produziram melhores resultados foram: $threshold = \{0.5; 0.5; 0.5\}$; $min_size = \{1; 200; 300\}$ e $n_radius = \{1; 1; 1\}$.

O Método EDISON, proposto por Comaniciu e Meer [10] permite variar os parâmetros: *hs*, *hr* e *M*. O valores que produziram melhores resultados foram $hs = \{10; 20; 30\}$; $hr = \{10; 10; 11\}$ e $M = \{0.6; 0.5; 0.6\}$.

O algoritmo SAMN, desenvolvido por Felzenszwalb e Huttenlocher [13] permite a variação dos seguintes parâmetros:

- *sigmac* - sigma para a cor;
- *sigmap* - sigma para a proximidade;
- *n* - número de iterações do k-means;
- *niter* - número de iterações;
- *nsamp* - número de amostras da matriz de afinidade.

Os valores que produziram melhores resultados foram: $sigmac = \{0.2; 0.3; 0.2\}$, $sigmap = \{100; 100; 50\}$, $n = \{25; 25; 25\}$, $niter = \{5; 5; 5\}$ e $nsamp = \{100; 100; 100\}$.

Nas figuras 4.5, à 4.10 encontram-se os melhores resultados, relativamente ao melhor valor da medida F , para cada método.

Na tabela 4.2 são apresentados os melhores valores obtidos da medida F , para todos os métodos das imagens exemplo.

Tabela 4.2: Comparação dos valores da medida F , de cada método, obtidos para cada imagem exemplo.

Imagem	Met. 1	Met. 2	SBG	SDPG	SAMN	EDISON
3096	0.8416	0.8526	0.4780	0.6132	0.6699	0.6485
42049	0.8822	0.8848	0.8680	0.8750	0.8753	0.5314
135069	0.8156	0.8538	0.7430	0.6104	0.7700	0.7179
167062	0.9042	0.9025	0.4000	0.7266	0.7206	0.4870
238011	0.9053	0.9042	0.8530	0.7268	0.7579	0.4870
361084	0.7912	0.7912	0.6929	0.5398	0.7579	0.5920



(a) Método 1



(b) Método 2



(c) SBG



(d) SDPG

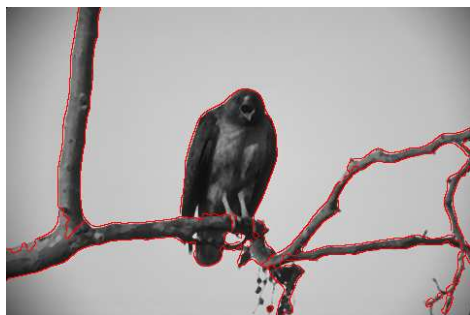


(e) SAMN

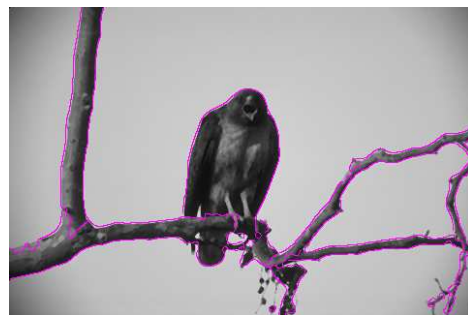


(f) EDISON

Figura 4.5: Comparação dos resultados obtidos para a imagem 3096 em cada um dos métodos.



(a) Método 1



(b) Método 2



(c) SBG



(d) SDPG



(e) SAMN



(f) EDISON

Figura 4.6: Comparação dos resultados obtidos para a imagem 42049 em cada um dos métodos.



(a) Método 1



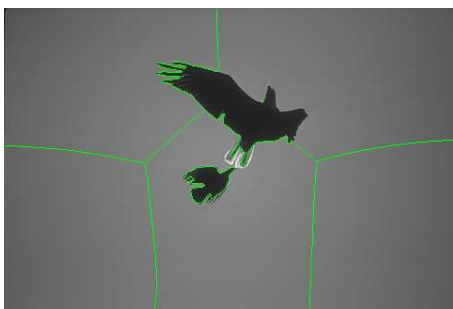
(b) Método 2



(c) SBG



(d) SDPG



(e) SAMN



(f) EDISON

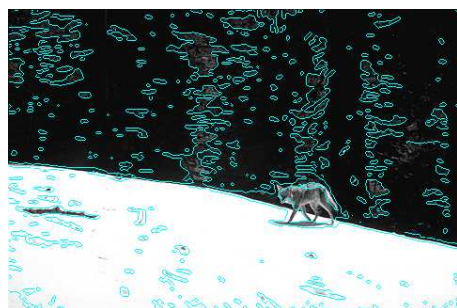
Figura 4.7: Comparação dos resultados obtidos para a imagem 135069 em cada um dos métodos.



(a) Método 1



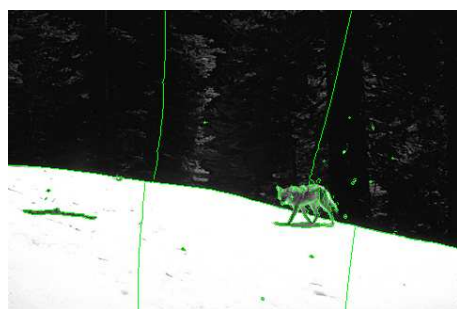
(b) Método 2



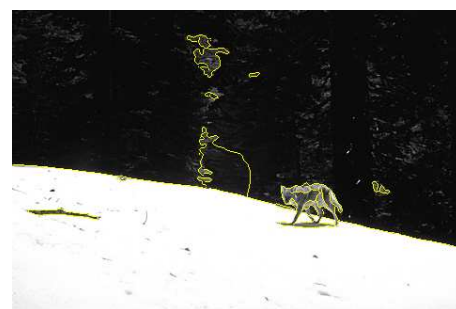
(c) SBG



(d) SDPG

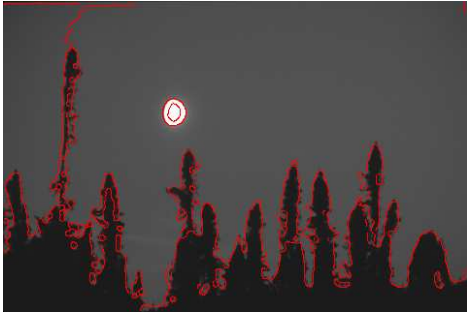


(e) SAMN

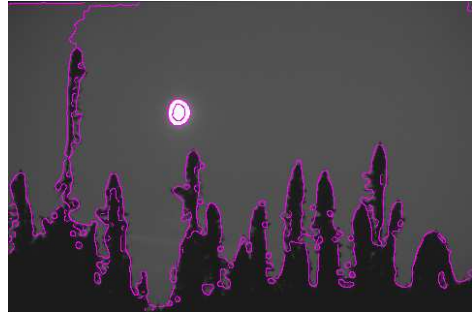


(f) EDISON

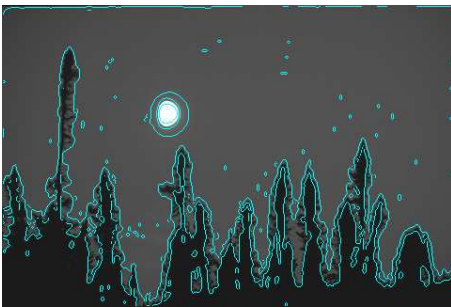
Figura 4.8: Comparação dos resultados obtidos para a imagem 167062 em cada um dos métodos.



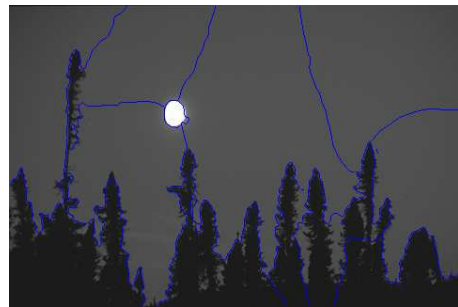
(a) Método 1



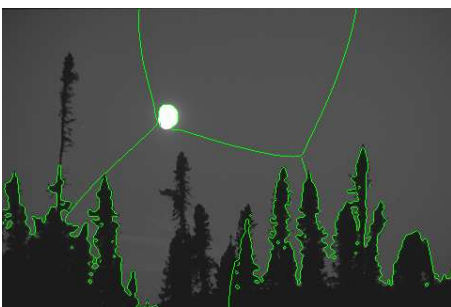
(b) Método 2



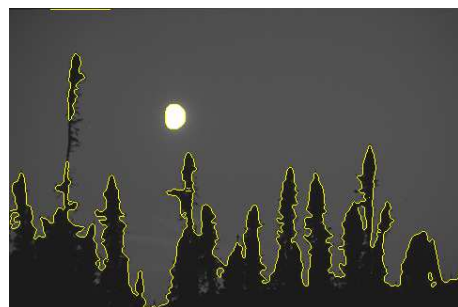
(c) SBG



(d) SDPG



(e) SAMN



(f) EDISON

Figura 4.9: Comparação dos resultados obtidos para a imagem 238011 em cada um dos métodos.



(a) Método 1



(b) Método 2



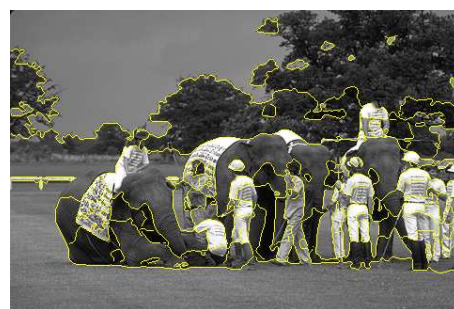
(c) SBG



(d) SDPG



(e) SAMN



(f) EDISON

Figura 4.10: Comparação dos resultados obtidos para a imagem 361084 em cada um dos métodos.

4.3.2.1 Análise da comparação de todos os métodos testados

Dada a quantidade de resultados e devido ao facto das medidas média e desvio-padrão não serem representativas do conjunto de valores da medida F , foi construído um gráfico do tipo *boxplot*. Optou-se por um gráfico deste tipo, pois estas medidas são afetadas, de uma forma exagerada, por valores extremos. Além disso, apenas com estas duas medidas não conseguimos ter uma ideia da assimetria da distribuição dos valores. Os resultados da medida F para todas as imagens e de todos os algoritmos encontram-se representados na figura 4.11.

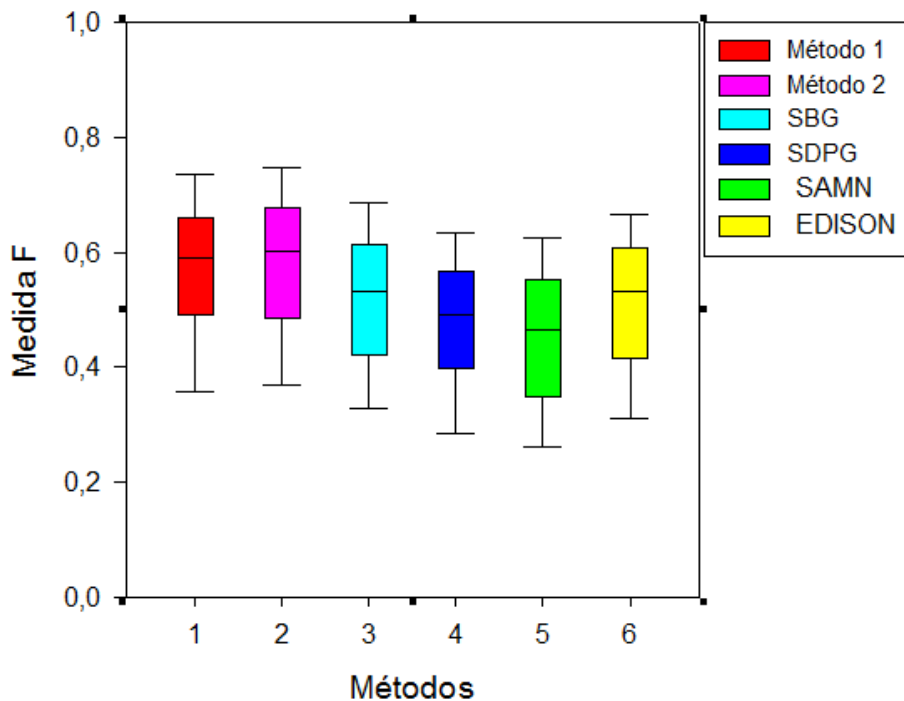


Figura 4.11: Comparação dos resultados dos métodos.

Através da figura 4.11 podemos concluir que o Método 2 foi o que produziu melhores resultados, obtendo uma mediana de 0.6. No entanto o número de imagens com valor de avaliação inferior ao valor da mediana é maior relativamente ao número de imagens

com valor superior ao desta medida. Existem também imagens com valores da medida F muito baixo e muito elevado, quando comparados com o valor da mediana, como se pode observar pelo desvio-padrão. O Método 1 foi o segundo método com melhores resultados e apresenta uma avaliação semelhante ao Método 2. Dos métodos de comparação os que obtiveram melhores resultados para o conjunto de imagens foram o EDISON e o SGB, com resultados de mediana idênticos, apesar de no EDISON a percentagem de valores da medida F que se encontram abaixo da mediana serem superiores aos que se encontram acima deste valor. O método que apresentou piores resultados foi o SAMN.

Para termos uma melhor percepção do comportamento de cada método foi construído um gráfico de barras, figura 4.12, no qual se apresenta o número de imagens onde cada método produziu melhores resultados.

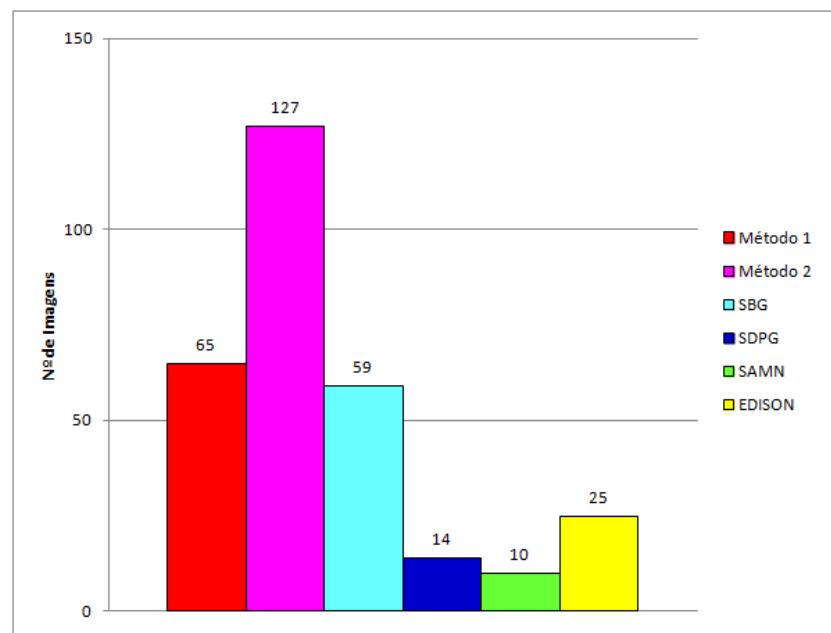


Figura 4.12: Número de imagens que cada método obteve melhor valor de medida F , para o conjunto de imagens BSR300.

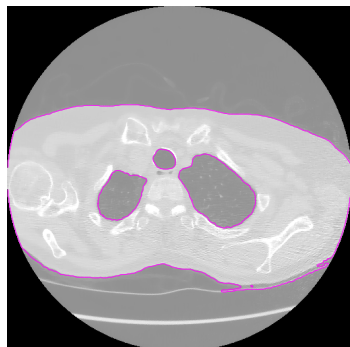
Observando a figura 4.12 verificamos que o Método 2 foi o que conseguiu obter melhores resultados para um maior conjunto de imagens, destacando-se dos restantes com

um número de 127 imagens. Segue-se o Método 1 com 65 imagens. Dos métodos usados para comparação o melhor foi o SBG, com um resultado de segmentação superior em 59 imagens. Estes dois últimos métodos tiveram um número semelhante de imagens onde produziram um melhor resultado, contudo, a média das avaliações dos resultados do Método 1 é superior à média dos resultados do método SGB. Para as 65 imagens o Método 1 obteve uma média de 0.64 e o método SBG, para as 59 imagens, obteve uma média de 0.58. O método que apresentou uma pior segmentação, sendo melhor em apenas 10 imagens, foi o método SAMN.

4.3.3 Resultados do Método 2 aplicado às imagens da base de dados ELCAP

O conjunto de dados ELCAP é constituído por 10 exames de TC ao tórax, constituídos por, no mínimo, 240 e, no máximo, por 288 imagens. Destes exames foram seleccionadas, aleatoriamente, algumas imagens que representam a parte superior, intermédia e inferior do pulmão.

O Método 2 demonstrou ser capaz de localizar com bastante precisão a zona dos pulmões, como é possível observar através na figura 4.13. As imagens apresentadas foram testadas com o mesmo intervalo de valores para os parâmetros usados nas imagens naturais. O melhor resultado da segmentação das imagens de TC foi determinado pela observação da sobreposição do resultado obtido às imagens originais, com $\sigma_{ic} = 3$ e $\sigma_I = 0.06$.



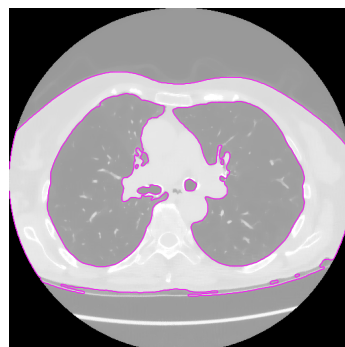
(a) fatia 27



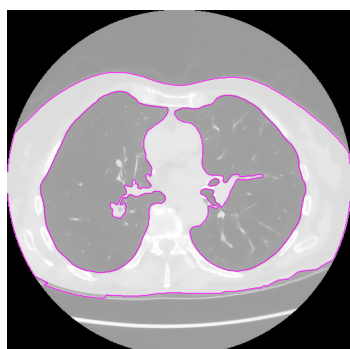
(b) fatia 82



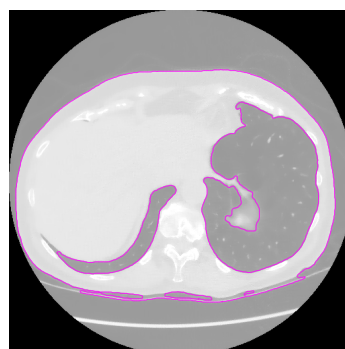
(c) fatia 89



(d) fatia 100



(e) fatia 114



(f) fatia 189

Figura 4.13: Resultados da aplicação do Método 2 ao conjunto de Imagens ELCAP.

Capítulo 5

Conclusão e Trabalhos Futuros

Ao longo deste trabalho foram estudados métodos automáticos de segmentação de imagens. Estes métodos são imprescindíveis quando pretendemos identificar ou localizar regiões presentes nas imagens.

Esta técnica quando aplicada a imagens médicas, nomeadamente à segmentação pulmonar, permite identificar e localizar os pulmões com bastante precisão.

5.1 Conclusões

Para fazer a detecção pulmonar, usualmente um especialista desenha manualmente o contorno dos pulmões, o que é uma tarefa morosa e monótona dado o volume de dados que um exame de TC ao tórax envolve. Com a finalidade de tornar esta identificação mais rápida e com a mínima interferência do operador, foram criados dois métodos de segmentação de imagem.

Os métodos de segmentação desenvolvidos têm por base a partição de um grafo, construído através da informação do gradiente e da semelhança de intensidades da imagem. A partição deste grafo foi realizada através do corte normalizado.

Para ter a possibilidade de efectuar comparações dos métodos implementados com os métodos já existentes, retratados na revisão bibliográfica, os métodos desenvolvidos foram aplicados às imagens naturais da base de dados BSR300. Os resultados mostraram um bom

desempenho dos métodos propostos, pois foram os que obtiram melhores resultados, em termos globais, de medida F .

Os bons resultados obtidos pelos métodos de segmentação desenvolvidos provam que a abordagem orientada à micro-região é mais eficaz do que a abordagem pixel a pixel no que respeita à obtenção de uma boa segmentação, diminuindo a complexidade do grafo gerado, facilitando assim, a sua partição.

Dos métodos desenvolvidos o Método 2 foi o que obteve melhores resultados, por isso foi este método que foi aplicado às imagens de TC ao toráx. Na prática clínica é extremamente importante que a segmentação de imagens médicas seja o mais precisa possível, pois o resultado da segmentação não deve ter influência negativa no diagnóstico, ou seja eliminar ou “esconder” patologias alterar a imagem, entre outros.

5.2 Trabalhos Futuros

O problema da segmentação de imagem continua a ser uma área em constante investigação com resultados encorajadores.

Sugire-se como trabalhos futuros:

- Aplicar os métodos propostos a imagens de TC que tenham o respetivo *ground truth*, para poder estabelecer comparações e poder provar a validade da segmentação;
- Num universo mais lato, aplicar os algoritmos a diferentes imagens naturais e médicas, nomeadamente, exames de Ressonância Magnética, Tomografia por Emissão de Positrões, entre outros;
- Testar novas formas de obtenção das micro-regiões;
- A criação de um programa de reconstrução tridimensional das imagens de TC resultantes da segmentação, com a finalidade de poder fornecer aos especialistas a possibilidade de estudar o biomodelo conseguindo assim um melhor planeamento cirúrgico.

Referências Bibliográficas

- [1] ELCAP - Base de dados Pública de Imagens Pulmonares <http://www.via.cornell.edu/databases/lungdb.html>, (Página consultada em Abril 2011).
- [2] ADAMS, R., AND BISCHOF, L. Seeded region growing: a new approach. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 16, 6 (1994), 641–647.
- [3] ALI, A. M. AND FARAG, A. A. Automatic Lung Segmentation of Volumetric Low-Dose CT Scans Using Graph Cuts. *Proceedings of the 4th International Symposium on Advances in Visual Computing* (2008), 258–267.
- [4] BALLARD, D., H. AND BROWN, C., M. *Computer Vision*. Prentice-Hall, 1982.
- [5] BEUCHER, S. AND LANTUÉJOUL, C. Use of watersheds in contour detection. *Proceedings of International Workshop on Image Processing: Real-Time Edge and Motion detection/estimation* (1979).
- [6] BUSHBERG, J. T.; SEIBERT, J. A.; LEIDHOLDT JR., E. M. AND BOONE, J. M. *The Essential Physics of Medical Imaging*, 2nd ed. Williams & Wikins, 2002.
- [7] BUZUG, T. M. *Computed Tomography: From Photon Statistics to Modern Cone-Beam CT*. Springer, 2008.
- [8] CANNY, J. A Computational Approach to Edge Detection. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence PAMI-8* (1986), 679–698.
- [9] CHENG, Y. Mean Shift, modeseeking, and clustering. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 17 (1995), 790–799.

- [10] COMANICIU, D. AND MEER, P. Mean Shift: A Robust Approach Toward Feature Space Analysis. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 24 (2002), 603–619. Código fonte disponível em: <http://coewww.rutgers.edu/riul/research/code/EDISON/index.html>.
- [11] COUR, T.; BÉNÉZIT, F. AND SHI, J. Spectral Segmentation with Multiscale Graph Decomposition. *Proceedings of the Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition* 2 (2005), 1124–1131. Código fonte disponível em: http://www.timotheecour.com/software/ncut_multiscale/ncut_multiscale.html.
- [12] DRAKE, R. L.; MITCHELL, A. W. M.; VOGL, W. *Gray's anatomia para estudantes*, 2nd ed. Elsevier, 2005.
- [13] FELZENSZWALB, P. F. AND HUTTENLOCHER, D. P. Efficient Graph-Based Image Segmentation. *International Journal of Computer Vision* 59 (2004), 167–181. Código fonte disponível em: <http://www.mathworks.com/matlabcentral/fileexchange/25866-efficient-graph-based-image-segmentation>.
- [14] FOWLKES, C.; BELONGIE, S.; CHUNG, F. AND MALIK, J. Spectral Grouping Using the Nyström Method. *IEEE Transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 26 (2004), 214–225. Código fonte disponível em: <http://www.cs.ucdavis.edu/~davidson/courses/ECS289-09/ClusteringHomeWork/spectral/>.
- [15] GOMATHI, M. AND THANGARAJ, P. A New Approach to Lung Segmentation using Fuzzy Possibilistic C-Means Algorithm. *International Journal of Computer Science and Information Security* 7 (2010), 222–228.
- [16] GONZALEZ, R. C. AND WOODS, R. E. *Digital Image Processing*, 3rd ed. Pearson Prentice Hall, 2008.
- [17] GONZALEZ, R. C.; WOODS, R. E. AND EDDINS, S. L. . *Digital Image Processing using MATLAB*. Pearson Prentice Hall, 2004.
- [18] GRADY, L. Random walks for image segmentation. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 28, 11 (2006), 1768–1783.

- [19] HSIEH, J. *Computed Tomography: Principles, Desig, Artifacts and Recent Advances*, 2nd ed. SPIE and John Wiley & Sons, Inc., 2009.
- [20] HU, S.; HOFFMAN, E. A. AND J. M. REINHARDT. Automatic Lung Segmentation for Accurate Quantitation of Volumetric X-Ray CT Images. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 20 (2001), 490–498.
- [21] JÚNIOR, J. B. O. A. Renderização não fotorrealística: Uma abordagem para abstracção de imagens coloridas digitais. Tese de mestrado, Universidade Federal de Campina Grande, 2010.
- [22] LAI, J. AND YE, M. Active Contour Based Lung Field Segmentation. *International Conference on Intelligent Human-Machine Systems and Cybernetics 1* (2009), 288–291.
- [23] LEADER, J. K.; ZHENG, B.; ROGERS, R. M.; SCIURBA, F. C.; PEREZ, A.; CHAPMAN, B. E.; PATEL, S.; FUHRMAN, C. R. AND GUR, D. Automated Lung Segmentation in X-Ray Computed Tomography: Development and Evaluation of a Heuristic Threshold- Based Scheme. *Academic Radiology* 10 (2003), 1224–1236.
- [24] MALIK, J.; BELONGIE, S. L. T., AND SHI, J. Contour and texture analysis for image segmentation. *International Journal of Computer Vision* 43 (2001), 7–27.
- [25] MARTIN, D.; FOWLKES, C. T. D., AND MALIK, J. A database of human segmented natural images and its application to evaluating segmentation algorithms and measuring ecological statistics. 416–423.
- [26] MARTIN, D. *An empirical approach to grouping and segmentation*. PhD thesis, University of California, Berkeley, 2002.
- [27] MASSOPTIE, L.; MISRA, A. AND SOWMYA, A. Automatic Lung Segmentation in HRCT Images Diffuse Parenchymal Lung Disease Using Graph Cuts. *24th International Conference Image and Vision Computing* (2008), 266–270.
- [28] MONTEIRO, F., AND CAMPILLO, A. Watershed framework to region-based image segmentation. *In Proceedings of the International Conference on Pattern Recognition* (2008), 1–4.

- [29] MONTEIRO, F. J. C. Region-based spatial and temporal image segmentation. Tese de doutoramento, Faculdade de Engenharia da Universidade do Porto, 2007.
- [30] MUDRY, K., M.; PLONSEY, R. AND BRONZINO, J., D. *Biomedical Imaging*. CRC Press, 2005.
- [31] PARIS, S. AND DURAND, F. A fast approximation of the bilateral filter using a signal processing approach. *Proceedings of the European Conference on Computer Vision* (2006), 568–580.
- [32] PROKOP, M. AND GALANSKI, M. *Spiral and Multislice Computed Tomography of the Body*. Thieme, 2003.
- [33] REN, X. AND MALIK, J. Learn Classification model for Segmentation. *Proceedings 9th International Conference on Computer Vision I* (2003), 10–17.
- [34] SHI, J. AND MALIK, J. Normalized Cuts and Image Segmentation. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 22 (2000), 888–905.
- [35] SHOJAII, R.; ALIREZAIE, J. AND BABYN, P. Automatic Lung Segmentation in CT Images using Watershed Transform. *IEEE International Conference on Image Processing 2* (2008), II – 1270–3.
- [36] SILVEIRA, M.; NASCIMENTO, J. AND MARQUES, J. Automatic segmentation of the lungs using robust level sets. *Proceedings of the 29th Annual International Conference of the IEEE EMBS* (2008), 4414–4417.
- [37] SUN, X.; ZANG, H. AND DUAN, H. 3D Computerized Segmentation of Lung Volume With Computed Tomography. *Academic Radiology* 13 (2006), 670–677.
- [38] TALAKOUB, O.; ALIREZAIE, J.; BABYN, P. Lung Segmentation in Pulmonary CT Images Using Wavelet Transform. *Acoustics, Speech and Signal Processing 1* (2007), I–453–I456.
- [39] TEIXEIRA, C. *Apontamentos das aulas de Anatomo-histo-fisiologia*. 2008/2009.
- [40] TOMASI, C. AND MANDUCHI, R. Bilateral Filtering for Gray and Color Images. *Proceedings of the 1998 IEEE International Conference on Computer Vision* (1998).

- [41] TORRES, A. S. AND MONTEIRO, F. C. Brain Segmentation in Head CT Images. *Proceedings of the International Conference on Bio-inspired Systems and Signal Processing* (2012), 434–437.
- [42] TORRES, A. S. AND MONTEIRO, F. C. Image Segmentation by Graph Partitioning. *Proceedings of the International Conference on Numerical Analysis and Applied Mathematics* (2012), 802–805.
- [43] TSENG, L. Y. AND HUANG, L. C. An Adaptive Thresholding Method for Automatic Lung Segmentation in CT Images. *IEEE AFRICON* (2009), 1–5.
- [44] WANG, S., AND SISKIND, J. Image segmentation with minimum mean cut. *Proc. of IEEE International Conference on Computer Vision, Vancouver, Canada I* (2001), 517–524.
- [45] WANG, X., WANG, Y., AND WANG, L. Improving fuzzy C-means clustering based on feature-weight learning. *Pattern Recognition Letters* 25 (2004), 1123–1132.
- [46] WITKIN, M. K. A., AND TERZOPOULOS, D. Snakes: active contour models. *Int. Journal of Computer Vision* 1, 4 (1988), 321–331.
- [47] WU, Z., AND LEAHY, R. An optimal graph theoretic approach to data clustering: theory and its application to image segmentation. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 15, 11 (1993), 1101–1113.
- [48] YIM, Y.; HONG, H. AND SHIN, Y. G. Hybrid Lung Segmentation in Chest CT Images for Computer-aided Diagnosis. *Proceedings of 7th International Workshop on Enterprise Networking and computing in Healthcare Industry* (2005), 378–383.
- [49] ZHANG, K.; ZHANG, L.; SONG, H. AND ZHOU, W. Active contours with selective local or global segmentation: A new formulation and level set method. *Image and Vision Computing* (2008), 668–676.