Explorando superpixels para a segmentação
semiautomática de imagens médicas para
recuperação por conteúdo

Paulo Duarte Barbieri

SERVIÇO DE PÓS-GRADUAÇÃO DO ICMC-USP

Data de Depósito:

Assinatura: _____

Paulo Duarte Barbieri

Explorando superpixels para a segmentação semiautomática de imagens médicas para recuperação por conteúdo

Dissertação apresentada ao Instituto de Ciências
Matemáticas e de Computação – ICMC-USP,
como parte dos requisitos para obtenção do título
de Mestre em Ciências – Ciências de Computação e
Matemática Computacional. VERSÃO REVISADA

Área de Concentração: Ciências de Computação e
Matemática Computacional

Orientadora: Profa. Dra. Agma Juci Machado Traina

USP – São Carlos
Julho de 2016

Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Prof. Achille Bassi
e Seção Técnica de Informática, ICMC/USP,
com os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

B236e Barbieri, Paulo Duarte
Explorando superpixels para a segmentação
semiautomática de imagens médicas para recuperação
por conteúdo / Paulo Duarte Barbieri; orientadora
Agma Juci Machado Traina. -- São Carlos, 2016.
62 p.

Dissertação (Mestrado - Programa de Pós-Graduação
em Ciências de Computação e Matemática
Computacional) -- Instituto de Ciências Matemáticas
e de Computação, Universidade de São Paulo, 2016.

1. Superpixels. 2. Imagens Médicas. 3.
Segmentação. 4. Corpos Vertebrais. I. Traina, Agma
Juci Machado, orient. II. Título.

Paulo Duarte Barbieri

Exploiting superpixels to semi automatic medical image segmentation for content-based image retrieval

Master dissertation submitted to the Instituto de Ciências Matemáticas e de Computação – ICMC-USP, in partial fulfillment of the requirements for the degree of the Master Program in Computer Science and Computational Mathematics. FINAL VERSION

Concentration Area: Computer Science and Computational Mathematics

Advisor: Profa. Dra. Agma Juci Machado Traina

USP – São Carlos
July 2016

Dedicatória

Esta dissertação é dedicada à Tami res, o amor de minha vida. Mesmo depois de tanto tempo, você ainda é minha motivação e inspiração.

Agradecimentos

Gostaria de agradecer em primeiro lugar à minha esposa Tamires. Obrigado por cada segundo que você perdeu me ajudando, incentivando, criticando e revisando. Obrigado pela companhia nas madrugadas que passei desenvolvendo este trabalho, pelas conversas discutindo soluções, pelas dicas na hora de escrever e, principalmente, por estar sempre comigo. Ter você do meu lado faz toda a diferença.

Agradeço também à minha orientadora Agma pelo carinho, amizade e dedicação. É imensurável tudo o que pude aprender com você ao longo desses anos.

Obrigado aos meus pais, Denize e Claudio, por me apoiarem em cada etapa da minha formação. Obrigado por terem me mostrado o valor do trabalho e por terem me ensinado o que realmente importa nessa vida. Obrigado por cada sacrifício que vocês fizeram para que eu chegasse até este momento. Tudo o que sou hoje é por causa de vocês.

Agradeço aos meus sogros, Sandra e Pedro, pelo carinho, amizade e confiança. Ter vocês ao meu lado não é apenas importante, mas essencial.

Obrigado também aos meus irmãos João, Lucas e Samira. Estar com vocês nos momentos de folga foi, com certeza, fundamental para que houvesse ânimo nos momentos de trabalho.

Agradeço aos pesquisadores do HCRP-USP por toda ajuda e pela indispensável participação no desenvolvimento deste trabalho.

Por fim, agradeço a todos os professores, funcionários e pesquisadores que direta ou indiretamente contribuíram para o desenvolvimento deste trabalho, em especial às pessoas do GBDI pela imensa colaboração.

Resumo

Nesse trabalho foi desenvolvido o método VBSeg, um método de segmentação semiautomático de corpos vertebrais, que utiliza superpixels para aumentar a eficiência de técnicas de segmentação de imagens já estabelecidas na literatura, sem perder qualidade do resultado final. Experimentos mostraram que o uso de superpixels melhorou o resultado da segmentação dos corpos vertebrais em até 18%, além de aumentar a eficiência desses métodos, deixando a execução dos algoritmos de segmentação pelo menos 38% mais rápida. Além disso, o método desenvolvido possui baixa dependência do nível de especialidade do usuário e apresentou resultados comparáveis ao método Watershed, um método bem estabelecido na área de segmentação de imagens. Contudo, o método VBSeg segmentou 100% dos corpos vertebrais das imagens analisadas, enquanto que o método Watershed deixou de segmentar 44% dos corpos.

Palavras-chave: superpixels, imagens médicas, segmentação, corpos vertebrais.

Abstract

This work presents the development of a semi automatic vertebral body segmentation method VBSeg, which uses superpixels to increase efficiency of well established image segmentation methods without losing quality. Experiments have shown motivating results with superpixels improving vertebral bodies segmentation in 18% and making segmentation algorithms at least 38% faster. Furthermore, our VBSeg method has low dependency on the level of expertise and got similar results to Watershed method, a well-established image segmentation method. However, VBSeg method was able to segment 100% of the analyzed vertebral bodies while Watershed method missed 44% of those.

Keywords: superpixels, medical images, segmentation, vertebral bodys.

Sumário

Lista de Figuras	xi
Lista de Tabelas	xv
Lista de Abreviaturas e Siglas	xvii
1 Introdução	1
1.1 Motivação	2
1.2 Objetivo	3
1.3 Organização do Texto	3
2 Segmentação de Imagens Médicas	5
2.1 Segmentação de Imagens	5
2.2 Métodos de Segmentação de Imagens 2D	7
2.3 Métodos 3D	8
2.4 Coeficientes de Similaridade	9
2.5 Considerações Finais	10
3 Métodos de Criação de Superpixels	11
3.1 Segmentação de Imagens Baseada em Grafo - Método F&H	11
3.2 Método Normalized Cut Framework	16
3.3 Algoritmo Simple Linear Iterative Clustering - SLIC	17
3.4 TurboPixels	20
3.5 Speeded-up Turbo Pixels	23
3.6 Outros Métodos	24
3.7 Considerações Finais	25

4	Método de Segmentação de Corpos Vertebrais VBSeg	27
4.1	Cálculo dos Superpixels	27
4.2	Segmentação de Corpos Vertebrais	29
4.2.1	Crescimento de Região	30
4.2.2	Particionamento de Grafo	33
4.3	Considerações Finais	34
5	Experimentos e Análises	35
5.1	Ambientes e Ferramentas de Desenvolvimento	35
5.2	Base de Imagens	36
5.3	Análise da Segmentação Utilizando Crescimento de Região	37
5.4	Análise da Segmentação Utilizando Particionamento de Grafo	38
5.5	Comparação entre as Duas Versões do Método VBSeg	41
5.6	Comparação com os Métodos de Segmentação Aplicados Sobre Todos os Pixels	42
5.7	Análise dos Resultados Obtidos com Diferentes Sementes	43
5.8	Análise de Tempo de Processamento	46
5.9	Comparação com a Literatura	50
5.10	Considerações Finais	50
6	Conclusões	53
6.1	Contribuições	54
6.2	Limitações	54
6.3	Trabalhos Futuros	55
	Referências	57

Lista de Figuras

3.1	Método F&H. (a) A imagem é representada por um grafo e as arestas são crescentemente ordenadas. (b) Seguindo a ordem obtida, verifica-se para cada aresta a evidência de uma fronteira entre as componentes ligadas por ela. Quando não houver evidências, as componentes são unidas. (c) Após verificar todas as arestas, a segmentação é dada pelas componentes resultantes.	12
3.2	Segmentação obtida pelo algoritmo que utiliza o atributo da Equação 3.3 aplicado sobre as imagens em (a) representadas por dois tipos de grafos: (b) definido a partir da grade da imagem e (c) definido a partir do espaço de características $(x; y; r; g; b)$. Retirada de [Felzenszwalb e Huttenlocher 2004].	15
3.3	Segmentação obtida pelo algoritmo que utiliza o atributo da Equação 3.3 usando grafos definidos a partir do espaço de características $(x; y; r; g; b)$. Retirada de [Felzenszwalb e Huttenlocher 2004].	15
3.4	Método NCF. (a) A imagem é representada por um grafo. (b) Particiona-se o grafo resolvendo um sistema de autovalores. (c) Os superpixels são dados pelas componentes resultantes do grafo particionado.	16
3.5	Superpixels gerados pelo método NCF.	18
3.6	Redução da região de busca do superpixel. Retirado de [Achanta et al. 2012].	18
3.7	Método SLIC. (a) Sementes são distribuídas ao longo da imagem e esta é dividida em regiões uniformes, cada uma contendo uma semente como centróide. (b) Cada pixel é atribuído ao centróide mais próximo segundo uma medida de distância que combina dissimilaridade de cor e proximidade na imagem. (c) Atualiza-se as posições dos centróides de cada região. (d) Os passos (b) e (c) são repetidos até os centróides convergirem. Os superpixels são definidos pelas regiões resultantes.	19

3.8	Imagens segmentadas pelo SLIC em superpixels de tamanho 64, 256 e 1024 pixels, aproximadamente. Retirada de [Achanta et al. 2012].	20
3.9	Método Turbopixels. Inicialmente, k sementes são regularmente espaçadas ao longo da imagem. (a) As bordas dos superpixels evoluem. (b) Atualiza-se o limite de crescimento entre os superpixels. (c) As velocidades de crescimento das bordas são atualizadas. (d) Os passos (a), (b) e (c) repetem até as bordas pararem de evoluir.	21
3.10	Resultados da execução do algoritmo TurboPixels, com zoom em regiões das imagens nas colunas do meio e da direita. Retirada de [Levinshtein et al. 2009].	23
3.11	Bordas dos superpixels nos passos (a) inicial, (b) intermediário e (c) final. . . .	24
3.12	Superpixels obtidos pela execução do STP. Retirada de [Cigla e Alatan 2010]. .	24
4.1	Etapas do método VBSeg (Vertebral Body Segmentation), proposto nessa dissertação.	28
4.2	Superpixels calculados pelo método SLIC, para a imagem de ressonância magnética RM_P5.tif que faz parte da base utilizada no trabalho.	29
4.3	Exemplo da nova representação da imagem após o cálculo dos superpixels. Neste caso foram obtidos 679 superpixels para a imagem RM_P5.tif.	30
4.4	Exemplo de segmentação utilizando um limiar por imagem.	32
4.5	Exemplo de segmentação utilizando um limiar por vértebra.	32
4.6	Exemplo da definição de superpixels vizinhos. Os superpixels em amarelo são vizinhos do superpixel em azul.	33
5.1	Exemplos de imagens utilizadas no trabalho.	36
5.2	Segmentações obtidas pelo VBSeg/Crescimento de Região utilizando três quantidades de superpixels para as imagens RM_P1.tif, RM_P2.tif e RM_P4.tif, respectivamente. Para cada imagem, à direita mostram-se as segmentações dos corpos vertebrais e, à esquerda, as bordas das segmentações sobre a imagem original.	38
5.3	Resultado obtido pelo método VBSeg na versão que utiliza crescimento de região.	39
5.4	Segmentações obtidas pelo VBSeg/Particionamento de Grafo utilizando três quantidades de superpixels para as imagens RM_P1.tif, RM_P2.tif e RM_P4.tif, respectivamente. Para cada imagem, à direita mostram-se as segmentações dos corpos vertebrais e, à esquerda, as bordas das segmentações sobre a imagem original.	40
5.5	Resultado obtido pelo método VBSeg na versão que utiliza particionamento de grafo.	41
5.6	Comparação entre os resultados obtidos pelas duas versões do método VBSeg. À esquerda, em azul, os resultados da versão que utiliza crescimento de região. À direita, em cinza, os resultados da versão que utiliza particionamento de grafo.	42

5.7	Comparação entre os resultados obtidos pelo método VBSeg/Crescimento de Região (à direita, em azul) e Crescimento de Região sobre todos os pixels (à esquerda, em cinza).	43
5.8	Comparação entre os resultados obtidos pelo método VBSeg/Particionamento de Grafo (à direita, em azul) e Particionamento de Grafo sobre todos os pixels (à esquerda, em cinza).	44
5.9	Tempo de execução do método SLIC em função da quantidade de superpixels. .	47
5.10	Tempo médio de execução do método SLIC em função do número de pixels presentes na imagem.	47
5.11	Comparação do tempo médio de execução em função do número de pixels presentes na imagem entre os métodos VBSeg/Crescimento de Região e Crescimento de Região puro.	48
5.12	(a) Comparação do tempo médio de execução em função do número de pixels presentes na imagem entre os métodos VBSeg/Particionamento de Grafo e Particionamento de Grafo puro. No gráfico em (b), os tempos de execução do método VBSeg são mostrados em zoom-in.	49
5.13	Comparação entre as segmentações dos corpos vertebrais obtidas pelos métodos VBSeg/Crescimento de Região (esquerda) e Watershed (direita).	51
5.14	Gráfico comparando as segmentações dos corpos vertebrais obtidas pelos métodos VBSeg/Crescimento de Região (azul) e Watershed (vermelho).	52

Lista de Tabelas

3.1	Características dos Métodos de Criação de Superpixels	26
5.1	Formação e nível de conhecimento dos usuários que participaram do experimento.	44
5.2	Jaccard médio entre usuários - 676 superpixels	45
5.3	Jaccard médio entre usuários - 1444 superpixels	45
5.4	Jaccard médio entre usuários - 2500 superpixels	45
5.5	Resolução das imagens utilizadas na análise de tempo de processamento	46

Lista de Abreviaturas e Siglas

CBIR	Content-based Image Retrieval
HCRP	Hospital das Clínicas de Ribeirão Preto
NCF	Normalized Cut Framework
RM	Ressonância Magnética
SLIC	Simple Linear Iterative Clustering
STP	Speeded-up Turbo Pixels
USP	Universidade de São Paulo
VBSeg	Vertebral Body Segmentation

Introdução

O desenvolvimento de um sistema de recuperação de imagens por conteúdo (do inglês Content-based Image Retrieval - CBIR) para apoiar o diagnóstico médico é um tema muito estudado atualmente, havendo recebido interesse significativo como uma abordagem promissora para enfrentar o desafio da gestão das informações dadas pelo aumento rápido e crescente da quantidade de imagens médicas geradas e em uso [Antani, Long e G.Thoma 2008]. Contudo, a aplicação de recuperação de imagens baseada em conteúdo (do inglês Content-based Image Retrieval - CBIR) ao domínio médico ainda enfrenta restrições devidas principalmente a lacunas semânticas que precisam ser fechadas para que essa tecnologia possa ser viável em prática clínica [Welter et al. 2012].

Uma das lacunas semânticas que existe e precisa ser tratada é a lacuna de conteúdo. Isto refere-se a considerar o conteúdo da imagem em função do contexto de aplicação médica para a qual o sistema está sendo desenvolvido. É muito comum encontrar um modelo de recuperação de imagens que tem como principal objetivo encontrar imagens médicas que são semelhantes em sua classe e categorização. O fator crítico, nesse processo, é a patologia que se busca analisar, e esta é expressa em termos de detalhes na imagem, como por exemplo a forma de uma vértebra, a textura de uma lesão ou sua forma [Antani, Long e G.Thoma 2008].

O processo de descrição de uma imagem baseia-se na extração de suas características descritivas principais. Algoritmos de processamento de imagens são largamente utilizados como métodos automáticos e semiautomáticos para obter tais características das imagens. Um primeiro passo fundamental para que as características das imagens sejam obtidas mais fielmente é a sua segmentação.

A segmentação é um processo pelo qual uma imagem é dividida em suas partes constituintes, objetos ou regiões de interesse. Este processo é fundamental na descrição, no reconhecimento ou na classificação de uma imagem ou objetos que a compõe, sendo que o nível de detalhe em que a subdivisão da imagem é realizada depende do problema a ser resolvido. O resultado do processo de segmentação pode ser, muitas vezes, uma região de interesse de uma imagem biomédica, que representa a área em que o especialista está concentrado devido à suspeita de qualquer anomalia ou mesmo para examinar suas características mais detalhadamente [Rangayyan 2005, Azevedo-Marques e Rangayyan 2013].

Existe na literatura diferentes abordagens propostas para a segmentação de imagens, como os algoritmos de crescimento de região [Haralick e Shapiro 1985], métodos baseados em histogramas e limiarização [Navon, Miller e Averbuch 2005] e algoritmos baseados em grafos [Shi e Malik 2000, Cour, Benezit e Shi 2005]. Especificamente na medicina, a segmentação de estruturas anatômicas e de patologias em imagens de ressonância magnética (RM) é um problema fundamental, uma vez que os resultados possuem papel crucial em várias avaliações médicas, como medição de volumes de tecidos, diagnósticos, planos de tratamento e navegação cirúrgica.

1.1 Motivação

Um exemplo de estudo que busca extrair características de imagens médicas para a detecção de patologias é apresentado em [Frighetto-Pereira et al. 2015], onde os autores buscam desenvolver um sistema de auxílio ao diagnóstico de fraturas em vértebras usando imagens de RM, para ajudar na diferenciação entre fraturas malignas e benignas. Contudo, as segmentações das vértebras nesse trabalho são realizadas manualmente, o que não é desejável, pois além de ser uma tarefa extremamente demorada, a segmentação manual pode variar caso-a-caso, pois está diretamente relacionada com a percepção da pessoa que a executa, e esta percepção pode variar de uma pessoa para outra.

Portanto, a segmentação automática ou semiautomática de imagens de RM feita com precisão é clinicamente desejável. Entretanto, os métodos para segmentação de estruturas vertebrais estabelecidos foram desenvolvidos principalmente para tomografias computadorizadas, que requerem exposição à radiação para serem obtidas. Uma segmentação conviável e eficiente de imagens de RM poderia diminuir muito a necessidade de tomografias computadorizadas e beneficiar o atendimento a pacientes [Suzani et al. 2014], uma vez que existe uma necessidade reconhecida de se reduzir a dose de radiação em pacientes devido a procedimentos de obtenção de imagens médicas [Semelka et al. 2007].

A segmentação de corpos vertebrais em imagens de RM é bastante complexa e desafiadora devido a variações no contraste dos tecidos e a artefatos presentes na imagem [Zheng et al. 2013]

sendo que um grande problema presente nos métodos encontrados na literatura é o tempo de execução, principalmente quando se trata de imagens de alta resolução.

Para diminuir a quantidade de cálculos em algoritmos de segmentação de imagens, pode-se representá-las de modo sumarizado. No lugar dos pixels, as imagens podem ser representadas por superpixels, diminuindo a quantidade de informação a ser processada nos métodos de segmentação. O uso de superpixels, que nada mais são do que agrupamentos de pixels homogêneos, tende a capturar redundâncias locais nos dados [Fulkerson, Vedaldi e Soatto 2009], redundâncias que serviriam apenas para consumir mais tempo de processamento dos algoritmos de segmentação. Além disso, uma vez que os superpixels preservam as bordas dos objetos da imagem, pode-se melhorar a qualidade da segmentação dos corpos vertebrais procurando pelos superpixels que fazem parte deles.

1.2 Objetivo

O objetivo deste projeto de pesquisa foi estudar e desenvolver uma técnica computacional semiautomática de segmentação de corpos vertebrais em imagens de RM de coluna, fazendo uso de superpixels para ganhar eficiência computacional, sem prejudicar a qualidade da segmentação. É importante que a técnica desenvolvida possa ser incorporada a sistemas de apoio a diagnóstico médico, que realize classificação de imagens e recuperação por conteúdo.

1.3 Organização do Texto

Esta dissertação está organizada em 6 capítulos, incluindo o primeiro de introdução. No Capítulo 2 são apresentados métodos de segmentação de imagens médicas presentes na literatura, que são importantes para a compreensão e desenvolvimento desta pesquisa. Em seguida, os métodos de criação de superpixels estudados no trabalho são discutidos no Capítulo 3. No Capítulo 4 é descrito o método proposto, que utiliza superpixels para segmentar corpos vertebrais em imagens de ressonância magnética de coluna de modo mais eficiente e com maior qualidade. O Capítulo 5 traz experimentos realizados para avaliar o método proposto, comparando-o com algoritmos de segmentação de imagens que utilizam todos os pixels. Por fim, as contribuições e limitações do trabalho desenvolvido, e as pesquisas futuras, são apresentadas no Capítulo 6.

Segmentação de Imagens Médicas

Neste capítulo são apresentados alguns trabalhos de segmentação de vértebras em imagens de RM e tomografia computadorizada encontrados na literatura. Na Seção 2.4, dois coeficientes de similaridade que podem ser usados para comparar segmentações de imagens são apresentados. Na Seção 2.2, são descritos os trabalhos que fazem a segmentação em duas dimensões e, na Seção 2.3, discute-se os trabalhos com propostas de segmentação volumétrica das vértebras.

2.1 Segmentação de Imagens

Segmentação é a divisão de uma imagem em regiões ou objetos que a constituem. O nível de detalhe no qual subdivisões são executadas vai depender do problema sendo resolvido, ou seja, a segmentação deve parar quando os objetos ou regiões de interesse de uma aplicação forem detectados.

A segmentação de imagens complexas é uma das tarefas mais difíceis em processamento de imagens, e sua precisão pode determinar o sucesso ou falha de procedimentos de análises computadorizadas, como o auxílio ao diagnóstico que utiliza imagens médicas, por exemplo. Por isso, considerável cuidado deve ser tomado para melhorar ao máximo a probabilidade de segmentações precisas.

A maioria dos algoritmos de segmentação são baseados em uma de duas propriedades básicas dos valores de intensidade dos pixels que compõe uma imagem: descontinuidade e similaridade. No primeiro caso, busca-se particionar a imagem com base em diferenças abruptas na intensidade dos pixels. Já no segundo caso, as principais abordagens são baseadas no particionamento da imagem em regiões similares de acordo com um conjunto de critérios predefinidos.

Além dessas duas abordagens, existe também uma abordagem baseada na morfologia da imagem. Alguns exemplos de métodos dessas categorias são apresentados a seguir. As informações presentes nesta Seção são baseadas no material presente em [Gonzalez e Woods 2006].

Detecção de Bordas é um exemplo de método baseado em descontinuidade. Trata-se de um método desenvolvido para encontrar pixels de borda, que são pixels nos quais a intensidade de uma função da imagem muda abruptamente. Um conjunto de pixels de borda conectados compõe um segmento de borda, e este pode ser visto como um segmento no qual a intensidade do fundo da imagem em ambos os lados da linha é muito maior ou muito menor do que a intensidade dos pixels que a compõe. Derivadas de primeira e segunda ordem funcionam muito bem na detecção dessas mudanças abruptas na intensidade dos pixels.

Entre os métodos baseados na similaridade encontram-se os Métodos de Limiarização (do inglês Thresholding). Métodos de limiarização são simples de ser implementados, computacionalmente rápidos e possuem propriedades intuitivas. Estes particionam diretamente a imagem em regiões de acordo com os valores de intensidade dos seus pixels e/ou propriedades desses valores. Para isso, buscam um limiar T para separar os objetos do fundo (background) da imagem tal que, qualquer ponto $(x; y)$ na imagem no qual $f(x; y) > T$ é chamado ponto de objeto. Caso contrário, trata-se de um ponto de fundo. Múltiplos limiares podem ser usados para segmentar a imagem em mais do que duas classes.

Crescimento de Região é outro método baseado na similaridade. Como o próprio nome sugere, é um procedimento que utiliza um critério de crescimento pré-definido para agrupar pixels ou subregiões em regiões maiores. A abordagem básica consiste em distribuir um conjunto de "sementes" ao longo da imagem e, a partir dessas, ir anexando a cada semente os pixels vizinhos que possuem propriedades similares à semente, fazendo com que o tamanho de suas respectivas regiões cresçam. A escolha da posição das sementes pode ser baseada na natureza do problema. Para a segmentação de corpos vertebrais em uma imagem de coluna, por exemplo, pode-se colocar uma semente em cada corpo vertebral que se deseja segmentar. Já o critério de similaridade pode levar em conta tanto características de cor como propriedades espaciais, como textura por exemplo. Pode-se também combinar várias características. A seleção do critério depende do problema considerado e também do tipo de imagem disponível.

Como um exemplo de segmentação baseada na morfologia da imagem tem-se uma abordagem que utiliza o conceito de Watersheds (bacias hidrográficas). Tal conceito consiste em visualizar a imagem em três dimensões: as duas coordenadas espaciais versus a intensidade dos pixels. A ideia do método consiste em encontrar os mínimos locais na topografia da imagem e, colocar em cada um desses pontos uma fonte de água. Agora imagine que de cada fonte jorre água a uma taxa constante, inundando a topografia, e que uma barreira é construída quando as águas de fontes diferentes se encontram. Ao final, a segmentação da imagem é dada pelo conjunto de todas as barreiras construídas.

Conforme poderá ser visto no Capítulo 4, o método desenvolvido neste trabalho utiliza tanto propriedades de descontinuidade quanto de similaridade descritos acima.

2.2 Métodos de Segmentação de Imagens 2D

Uma ressonância magnética possui várias imagens cada uma representando uma "fatia" da parte do corpo que está sendo investigada. O método proposto em [Peng et al. 2005] constrói um perfil de intensidade dos pixels para encontrar a fatia da RM com o maior número de vértebras e discos intervertebrais visíveis. Após encontrar essa fatia, um método de busca utiliza o perfil de intensidades construído e uma função polinomial para encontrar evidências de discos intervertebrais. Os centros das vértebras são então identificados e o detector de bordas de Canny [Canny 1986] é usado para encontrar as bordas dos corpos vertebrais. O método foi testado em uma base de cinco imagens de RM contendo cada uma sete fatias com 512 pixels $\times$ 1012 pixels e obteve êxito na identificação, segundo os autores, de 94:56% dos cantos das bordas dos corpos vertebrais.

Em [Huang et al. 2009] é apresentado um sistema automático de detecção e segmentação de vértebras em imagens de RM. O método inicia com um número de imagens que são utilizadas para treinar um detector de vértebras baseado no framework AdaBoost [Huang, Wu e Lai 2006]. Uma representação wavelet [Law e Siu 2002] é usada para seleção de características da imagem. O detector então encontra as vértebras e, para recuperar possíveis vértebras não encontradas, um algoritmo baseado no método RANSAC (do inglês RANdom SAMple Consensus) [Fischler e Bolles 1981] é aplicado para ajustar uma curva da coluna vertebral a partir dos resultados de detecção das vértebras. Por fim, os centros destas são utilizados como sementes iniciais em um algoritmo NCut (do inglês NormalizedCut) que extrai os contornos de cada vértebra. Segundo os autores, o sistema obteve um coeficiente de similaridade de Dice (Seção 2.4) de 0:96 na segmentação de corpos vertebrais.

Os autores em [Egger et al. 2012] utilizam um algoritmo de segmentação baseado em retângulo para configurar um grafo direcionado a partir de um ponto, dentro do objeto a ser segmentado, definido pelo usuário. Então, um fator de suavização é adicionado para forçar o algoritmo de partição a preferir um formato retangular. Após a construção do grafo, o algoritmo de partição s-t cut [Boykov e Kolmogorov 2004] é usado para obter os conjuntos com custo mínimo, gerando a segmentação ótima da imagem. O método, executado sobre uma base de nove imagens, obteve coeficiente de similaridade de Dice médio de 0:91, comparado com a segmentação manual.

Em [Zheng et al. 2013] foi desenvolvido um método de segmentação automática de corpos vertebrais em imagens de RM de coluna. A primeira etapa é um pré-processamento das imagens por difusão anisotrópica [Perona e Malik 1990]. Em seguida, uma matriz de afinidade é construída com a dissimilaridade entre os valores de pares de pixels. Para calcular o valor de cada pixel, utiliza-se uma janela de corte em volta deste para obter informações locais de intensidade, criando um vetor com a intensidade de cinza dos pixels dentro dessa janela, e informações espaciais, aplicando-se uma função Gaussiana sobre os pixels da janela. Então, um parâmetro de escalonamento local adaptativo é usado para refinar a segmentação, evitando o

uso de parâmetros manuais. Por fim, a matriz construída é utilizada por um método de segmentação baseado em grafo. Os autores apresentam o resultado do método em cinco imagens de 512 pixels $\times$ 512 pixels, obtendo um coeficiente de similaridade de Dice médio de 0.96, comparando com a segmentação manual, com tempo de execução médio de 51:47 segundos, mais 0.3366 segundos para o cálculo da matriz de afinidade.

2.3 Métodos 3D

Em [Kim e Kim 2009], é apresentado um método automático de segmentação de vértebras em tomografias computadorizadas que utiliza barreiras (do inglês fence) 3D deformáveis. O método inicialmente procura vales (regiões com intensidade significativamente mais escura que os arredores) para encontrar a coluna vertebral da imagem. Em seguida, encontra os discos intervertebrais e gera uma barreira 3D sobre cada um deles separando as vértebras adjacentes. Por fim, a segmentação volumétrica final da vértebra é obtida por um algoritmo de crescimento de região que agrupa os pixels homogêneos confinados entre as cercas. Os autores apresentam uma avaliação subjetiva do método, que consiste em classificar a corretude da cerca 3D em cinco níveis: excelente, bom, ruim, péssimo e errado. Nenhuma avaliação estatística com relação ao volume vertebral segmentado é apresentado.

Um sistema automático para detecção, identificação e segmentação de vértebras em tomografias computadorizadas é proposto em [Klinder et al. 2009]. Com o objetivo de encontrar a coluna vertebral, o método utiliza pequenos segmentos em forma de tubos que são adaptados e concatenados progressivamente para rastrear qualquer estrutura tubular presente na imagem [Peters et al. 2008]. Em seguida, para simplificar a detecção, uma correção no plano curvo [Vrtovec, Likar e Pernu 2005] é realizada no volume da coluna extraída e, sobre a imagem corrigida, a transformada de Hough generalizada [Ballard 1981] é utilizada para detectar vértebras. O sistema então identifica as vértebras comparando-as com modelos de predefinidos. Por fim, as vértebras são segmentadas utilizando uma abordagem que ajusta malhas triangulares à imagem [Weese et al. 2001]. O sistema foi testado em uma base de 56 tomografias computadorizadas obtendo um erro médio de 1:12 mm na segmentação das vértebras.

Os autores em [Neubert et al. 2012] apresentam uma abordagem para a extração automática de segmentações volumétricas de discos intervertebrais e corpos vertebrais em imagens de RM utilizando análises estatísticas de forma e registro dos perfis de intensidade de nível de cinza. O algoritmo proposto por eles pode ser dividido em duas etapas principais: (1) localização da espinha, baseada no algoritmo proposto em [Vrtovec et al. 2007], e (2) segmentação dos discos intervertebrais e corpos vertebrais com uma estratégia baseada no conceito de modelo de forma ativo (do inglês active shape model) [Heimann e Meinzer 2009]. Comparada com a segmentação manual, esta abordagem obteve, segundo os autores, coeficiente de similaridade de Dice médio de 0.91 ao ser aplicada em uma base de 14 imagens de RM.

Em [Suzani et al. 2014] é descrito um método semiautomático para segmentação de corpos vertebrais em imagens de RM volumétricas. O método primeiro aplica um algoritmo de correção de intensidade para deixar a imagem mais homogênea. Em seguida, a imagem é suavizada por um algoritmo de difusão anisotrópica [Perona e Malik 1990] que procura preservar as bordas dos objetos da imagem. Após a imagem ser pré-processada, o usuário deve clicar em cada uma das cinco vértebras lombares (L1 a L5) e, para cada uma delas, um algoritmo de detecção de bordas é aplicado para mapear os corpos vertebrais em potenciais regiões da imagem volumétrica. Por fim, uma técnica de maximização de expectativa (do inglês Expectation Maximization - EM) [Rasouljan, Rohling e Abolmaesumi 2013] é usada para alinhar modelos de corpos vertebrais, previamente extraídos de outras imagens, com os pontos de borda extraídos na etapa anterior. Para avaliar os resultados, os autores utilizam o erro médio, que calcula a média das distâncias entre cada ponto da segmentação manual (padrão ouro) e o seu ponto mais próximo no modelo obtido. O método apresenta um erro médio de $\frac{10}{100} = 0,1$ mm em uma base de nove imagens de 512×512 pixels, com um tempo de execução médio de menos de 2 minutos para cada imagem.

2.4 Coeficientes de Similaridade

Nesta seção são descritos dois coeficientes de similaridade de conjuntos que podem ser utilizados na comparação entre duas segmentações de imagem. São eles o coeficiente de Jaccard e o de Dice. Estes coeficientes são bastante utilizados na literatura e foram utilizados neste trabalho.

O coeficiente de Jaccard [Jaccard 1912] é definido como o tamanho da intersecção entre dois conjuntos, A e B, dividido pelo tamanho da união entre eles, o que é indicado pela Equação 2.1. O coeficiente de Jaccard possui valores entre 0 e 1, sendo que, quando os dois conjuntos A e B forem idênticos, o valor do coeficiente é igual a 1. No caso da segmentação de imagens, ele mede a razão entre o número pixels compartilhados pelas duas segmentações e o número de pixels que fazem parte de qualquer uma das segmentações.

$$J(A; B) = \frac{|A \cap B|}{|A \cup B|} = \frac{|A \cap B|}{|A| + |B| - |A \cap B|} \quad (2.1)$$

Já o coeficiente de Dice [Dice 1945] é definido como duas vezes o tamanho da intersecção entre dois conjuntos, dividido pela soma do tamanho dos dois conjuntos, conforme mostrado na Equação 2.2. Assim como o coeficiente de Jaccard, o coeficiente de Dice também possui valores entre 0 e 1, e para dois conjuntos idênticos, seu valor é igual a 1. No caso da segmentação de imagens, ele mede a razão entre duas vezes o número de pixels compartilhados pelas duas segmentações e a soma do número de pixels de cada segmentação.

$$D(A; B) = \frac{2|A \cap B|}{|A| + |B|} \quad (2.2)$$

Ambos os coeficientes são semelhantes entre si. A diferença entre eles se dá pelo fato de que apenas o coeficiente de Jaccard define uma medida de dissimilaridade que é propriamente uma distância métrica. Uma função D é uma distância métrica se, dados três pontos quaisquer p ; q ; e z , ela satisfaz três propriedades [Gonzalez e Woods 2006]:

1. É positivamente definida;

$$D(p; q) \geq 0; \text{ considerando } (D(p; q) = 0 \text{ se } p = q) \quad (2.3)$$

2. É simétrica;

$$D(p; q) = D(q; p) \quad (2.4)$$

3. Obedece a desigualdade triangular.

$$D(p; z) \leq D(p; q) + D(q; z) \quad (2.5)$$

A medida de dissimilaridade de Dice, $d_D(A; B) = 1 - \frac{2|A \cap B|}{|A| + |B|}$ não satisfaz a propriedade da desigualdade triangular (Equação 2.5) e, portanto, não é uma distância métrica. Já a medida de dissimilaridade de Jaccard, $d_J(A; B) = 1 - \frac{|A \cap B|}{|A \cup B|}$, é uma distância métrica pois satisfaz as três propriedades definidas pelas Equações 2.3 a 2.5.

2.5 Considerações Finais

Nota-se nos trabalhos encontrados na literatura que, apesar de nem todos darem informações sobre o tempo de execução de seus respectivos métodos, a eficiência computacional é um problema para a maioria deles. Tão importante quanto gerar segmentações de qualidade, é gerá-las em um tempo curto, especialmente se o sistema for ser utilizado em bases muito grandes, o que normalmente seria o caso em um sistema CBIR. Além disso, apesar dos bons resultados apresentados, a maior parte dos trabalhos utilizou bases muito pequenas, alguns com menos de dez imagens testadas. Isso pode ser justificado pela dificuldade em se realizar a segmentação manual para a comparação, mas bases pequenas talvez não sejam suficientes para garantir a qualidade de método ou mesmo para corroborar as medidas de precisão obtidas, pois as bases podem ser tendenciosas (bias). Algumas patologias podem modificar as características das vértebras, como sua forma e intensidade de níveis de cinza, conforme será mostrado na Seção 5.2, e os trabalhos descritos aparentemente não consideram este tipo de vértebras.

Métodos de Criação de Superpixels

A geração de superpixels utiliza uma técnica de segmentação de imagens baseada em regiões e tem o objetivo de representar as imagens com um número limitado de grupos de pixels homogêneos [Ren e Malik 2003]. A geração dos superpixels deve ser rápida, fácil de usar e produzir segmentações de boa qualidade [Achanta 2011], gerando superpixels de tamanho praticamente uniforme e geralmente convexos. Neste capítulo serão brevemente descritas abordagens representativas de geração de superpixels.

3.1 Segmentação de Imagens Baseada em Grafo - Método F&H

Em [Felzenszwalb e Huttenlocher 2004] é apresentado um algoritmo para segmentação de imagens baseado em um atributo que mede a evidência de uma fronteira entre duas regiões, utilizando uma representação da imagem baseada em grafo. Por simplicidade esse algoritmo será chamado de método F&H. Os autores mostram que a ordem de complexidade do algoritmo, que será detalhado a seguir, é de $O(m \log m)$ para grafos com m arestas. Mostram também que o método tem a habilidade de preservar os detalhes em regiões de pouca variabilidade da imagem, e de ignorá-los em regiões de alta variabilidade, evitando o problema de super-segmentação. Na Figura 3.1 é apresentado um diagrama com os principais passos desse método.

Assim como certos métodos clássicos de agrupamento [Urquhart 1982, Zahn 1971], o método basicamente seleciona arestas de um grafo, cujos vértices representam cada pixel da imagem e pixels vizinhos estão ligados por arestas não-direcionadas. O peso de cada aresta

Figura 3.1: Método F&H. (a) A imagem é representada por um grafo e as arestas são crescentemente ordenadas. (b) Seguindo a ordem obtida, verifica-se para cada aresta a evidência de uma fronteira entre as componentes ligadas por ela. Quando não houver evidências, as componentes são unidas. (c) Após verificar todas as arestas, a segmentação é dada pelas componentes resultantes.

mede a dissimilaridade entre os pixels ligados por ela. Contudo, diferentemente dos métodos clássicos, o critério de segmentação da técnica é ajustado adaptativamente de acordo com o grau de variabilidade entre regiões vizinhas da imagem.

Para medir a evidência de uma fronteira entre duas regiões, o método compara duas quantidades: uma baseada no peso das arestas entre pixels de regiões distintas, e outra baseada no peso das arestas entre pixels vizinhos dentro de cada região. Caso exista uma fronteira entre duas regiões, espera-se, intuitivamente, que o peso das arestas que atravessam esta fronteira sejam grandes quando comparados aos pesos das arestas dentro de pelo menos uma dessas regiões.

Seja a imagem representada por um grafo $G = (V; E)$ não direcionado com vértices $v \in V$ e arestas $(v_i; v_j) \in E$, cada uma com um peso $w(v_i; v_j)$ que mede a dissimilaridade entre os elementos vizinhos v_i e v_j . A medida de dissimilaridade pode ser calculada de diferentes maneiras e a formulação a seguir independe de como ela é feita. Uma segmentação S de G é uma divisão de V em componentes, tal que cada componente $C \in S$ corresponde a uma componente conectada em um grafo $G^0 = (V; E^0)$, onde $E^0 \subseteq E$. Ou seja, qualquer segmentação é obtida por um subconjunto de arestas em E . Há diferentes modos de se medir a qualidade de uma

segmentação, mas geralmente o que se quer é que elementos dentro de uma componente sejam similares.

Como dito anteriormente, para medir a evidência de uma fronteira os autores definem um atributo D chamado atributo de comparação de pares de regiões. Este atributo compara as diferenças entre pixels inter-componentes com as diferenças entre pixels intra-componentes.

A diferença interna de uma componente C $\square V$ é definida como o maior peso na árvore de extensão mínima da componente, $AEM(C; E)$, de acordo com a Equação 3.1.

$$Int(C) = \max_{e \in AEM(C; E)} w(e) \quad (3.1)$$

Já a diferença entre duas componentes $C_1; C_2$ $\square V$ é definida como o valor da aresta de menor peso que conecta as duas componentes, como é mostrado na Equação 3.2. Se não houver arestas conectando C_1 e C_2 , então $Dif(C_1; C_2) = \bullet$.

$$Dif(C_1; C_2) = \min_{v_i \in C_1; v_j \in C_2; (v_i; v_j) \in E} w(v_i; v_j) \quad (3.2)$$

O atributo de comparação de pares de regiões avalia se há evidência de uma fronteira entre um par de componentes medindo se a diferença entre estas componentes, $Dif(C_1; C_2)$, é muito maior que a diferença interna de pelo menos uma das componentes, $Int(C_1)$ e $Int(C_2)$. Para controlar o quanto a diferença entre as duas componentes deve ser maior que a diferença interna mínima é usada uma função limiar. O atributo de comparação é definido pela Equação 3.3,

$$D(C_1; C_2) = \begin{cases} \text{true;} & Dif(C_1; C_2) > MInt(C_1; C_2) \\ \text{false;} & \text{caso contrário} \end{cases} \quad (3.3)$$

onde a diferença interna mínima, $MInt$, é definida como,

$$MInt(C_1; C_2) = \min(Int(C_1) + t(C_1); Int(C_2) + t(C_2)): \quad (3.4)$$

Na Equação 3.4, t é a função limiar que controla o quanto a diferença entre as duas componentes deve ser maior que suas diferenças internas para que haja a evidência de uma fronteira entre elas. Qualquer função não negativa pode ser usada para t . Em [Felzenszwalb e Huttenlocher 2004] é utilizada uma função limiar baseada no tamanho da componente,

$$t(C) = k|C| \quad (3.5)$$

onde $|C|$ é o tamanho da componente C , e k é uma constante. Note que, com esta função, é necessário que exista uma forte evidência de uma fronteira quando as componentes são pequenas.

Segundo os autores, em [Felzenszwalb e Huttenlocher 2004] é apresentado um algoritmo de segmentação que utiliza o atributo da Equação 3.3, que possui complexidade $O(m \log m)$.

Este algoritmo recebe como entrada um grafo $G = (V; E)$, com n vértices e m arestas, e gera como saída uma segmentação de V em componentes $S = (C_1; \dots; C_r)$. Seu primeiro passo consiste em ordenar E crescentemente em relação ao peso das arestas. O algoritmo começa com uma segmentação S^0 na qual cada vértice está isolado em uma componente própria. A seguir, verifica para cada aresta a evidência de uma fronteira, obtendo assim a segmentação S^q a partir da S^{q-1} , onde q indica a posição da aresta sendo analisada, e_q , segundo a ordenação obtida. Isto é feito do seguinte modo: sejam v_i e v_j os vértices conectados pela q -ésima aresta, C_i^{q-1} a componente de S^{q-1} que contém v_i e C_j^{q-1} a componente que contém v_j . Se $C_i^{q-1} \cap C_j^{q-1} \neq \emptyset$ e $w(e_q) \leq \text{MI nt}(C_i^{q-1}; C_j^{q-1})$, então S^q é obtido a partir de S^{q-1} pela junção de C_i^{q-1} e C_j^{q-1} . Caso contrário, $S^q = S^{q-1}$. Ou seja, se v_i e v_j estão em componentes disjuntas de S^{q-1} e o peso da aresta que os conecta é pequeno quando comparado à diferença interna destas componentes, é feita a junção destas componentes. Caso contrário, nada é feito. Após analisar todas as arestas, o algoritmo retorna a segmentação $S = S^m$.

Na Figura 3.2 são apresentados os resultados do algoritmo utilizando dois tipos de representação da imagem em grafo, sempre utilizando $k = 300$ na Equação 3.5. Para suavizar a imagem foram aplicados filtros Gaussianos sobre as imagens, com $s = 0.8$, antes de computar os pesos das arestas. No primeiro tipo, cujo resultado é mostrado na Figura 3.2(b), foi definido um grafo não direcionado cujos vértices correspondem aos pixels da imagem. O conjunto de arestas deste grafo corresponde às conexões de cada pixel com seus oito vizinhos mais próximos na grade de pixels da imagem. O peso de cada aresta foi dado pela diferença absoluta entre as intensidades dos pixels conectados por ela,

$$w(v_i; v_j) = |I(p_i) - I(p_j)| \quad (3.6)$$

onde $I(p_i)$ é a intensidade do pixel p_i . Na imagem colorida o algoritmo foi executado três vezes, uma para cada canal de cor RGB. Em seguida, foi realizada a intersecção dos três conjuntos de componentes espectrais.

No outro tipo de representação, cujo resultado é apresentado na Figura 3.2(c), cada pixel foi mapeado em um ponto no espaço de característica $(x; y; r; g; b)$, onde $(x; y)$ é a posição do pixel na grade da imagem e $(r; g; b)$ é o valor do pixel em cada canal de cor RGB. Então, foi definido um grafo cujos vértices correspondem aos pixels neste novo espaço, e o conjunto de arestas corresponde às conexões de cada pixel com os seus dez vizinhos mais próximos no espaço de característica, de acordo com a distância Euclidiana. O peso atribuído a cada aresta foi igual à distância entre os dois vértices ligados por ela.

A principal diferença entre as duas representações da imagem é que a dos vizinhos mais próximos no espaço de características (Figura 3.2(c)) captura mais propriedades da imagem que são espacialmente não locais. Isto ocorre pois, ao contrário da representação feita a partir da grade da imagem, cujos vizinhos no grafo também são vizinhos na imagem, na representação feita a partir do espaço de característica dois pontos podem estar longes um do outro na imagem

Figura 3.2: Segmentação obtida pelo algoritmo que utiliza o atributo da Equação 3.3 aplicado sobre as imagens em (a) representadas por dois tipos de grafos: (b) definido a partir da grade da imagem e (c) definido a partir do espaço de características $(x; y; r; g; b)$. Retirada de [Felzenszwalb e Huttenlocher 2004].

e, mesmo assim, pertencerem ao conjunto de vizinhos mais próximos no espaço de característica. Isto pode resultar em segmentações com regiões que são desconectadas na imagem, como é mostrado na Figura 3.3. Nela é apresentada a segmentação de duas imagens representadas por grafos construídos a partir da abordagem dos vizinhos mais próximos no espaço de característica. Também foram utilizados $k = 300$ e $s = 0.8$. É possível observar que, na imagem do jardim, as flores vermelhas estão espacialmente separadas, mas fazem parte da mesma região na segmentação obtida. O mesmo ocorre com as luzes amarelas na imagem da torre Eiffel.

Figura 3.3: Segmentação obtida pelo algoritmo que utiliza o atributo da Equação 3.3 usando grafos definidos a partir do espaço de características $(x; y; r; g; b)$. Retirada de [Felzenszwalb e Huttenlocher 2004].

3.2 Método *Normalized Cut Framework*

Shi e Malik formularam em [Shi e Malik 2000] um método chamado Normalized Cut Framework (NCF), inspirado pela teoria espectral de grafos, o qual trata a segmentação de imagem como um problema de particionamento de grafo. A imagem é representada como um grafo $G = \{V, E\}$ cujos vértices V são os pixels e as arestas E entre dois vértices indicam o quanto estes dois pixels combinam em brilho, cor, etc. O critério de particionamento do grafo busca maximizar a soma dos pesos das conexões entre vértices dentro de uma componente e minimizar a soma dos pesos das conexões entre vértices de componentes diferentes. Na Figura 3.4 é apresentado um diagrama com os principais passos desse método.

Figura 3.4: Método NCF. (a) A imagem é representada por um grafo. (b) Particiona-se o grafo resolvendo um sistema de autovalores. (c) Os superpixels são dados pelas componentes resultantes do grafo particionado.

Sejam A e B partições do grafo G , tal que $A \cup B = V$ e $A \cap B = \emptyset$. Na teoria dos grafos, a similaridade entre estas duas componentes é dada por

$$\text{cut}(A; B) = \sum_{i \in A; j \in B} W_{ij} \quad (3.7)$$

onde W_{ij} é o peso da aresta que liga os vértices i e j . No NCF, o critério de similaridade da Equação 3.7 é normalizado segundo a Equação 3.8,

$$Ncut(A; B) = \frac{cut(A; B)}{assoc(A; V)} + \frac{cut(B; A)}{assoc(B; V)} \quad (3.8)$$

onde $assoc(A; V)$ é o total de conexões entre os vértices em A e todos os vértices do grafo G , conforme mostrado pela Equação 3.9.

$$assoc(A; V) = \sum_{i \in A; k \in V} \hat{A}_{ik} W_{ik} \quad (3.9)$$

Apesar do fato de que encontrar uma partição ótima é um problema NP-difícil, usando a Equação 3.8 é possível encontrar eficientemente uma boa aproximação da partição ótima. Seja W a matriz dos pesos W_{ij} e D a matriz diagonal tal que D_{ii} é a soma dos pesos de todas as arestas que chegam em i , Shi e Malik mostram que a partição ótima pode ser encontrada calculando

$$\begin{aligned} y &= \arg \min Ncut \\ &= \arg \min_y \frac{y^T (D \begin{smallmatrix} \text{Eq 3.8} \\ \text{Eq 3.9} \end{smallmatrix} W) y}{y^T D y} \end{aligned} \quad (3.10)$$

onde $y = f a; b g^N$ é um vetor binário que especifica a qual componente cada pixel pertence, ou seja, $y_i = a$ se o pixel i pertence à componente A e $y_j = b$ se o pixel j pertence à B , sendo N o número de pixels na imagem. Permitindo que y tome valores reais ao invés dos valores binários, a Equação 3.10 é otimizada resolvendo-se um sistema de autovalores. Portanto, o algoritmo NCF consiste nos seguintes passos:

1. Representar a imagem como sendo um grafo $G = (V; E)$ e atribuir ao peso da aresta que conecta dois vértices o valor da medida de similaridade entre eles.
2. Encontrar os autovetores de $(D \begin{smallmatrix} \text{Eq 3.8} \\ \text{Eq 3.9} \end{smallmatrix} W) y = \lambda D y$ associados aos menores autovalores.
3. Usar o autovetor com o segundo menor autovalor para biparticionar o grafo.
4. Recursivamente reparticionar os segmentos obtidos, se necessário.

Na Figura 3.5 são apresentados os superpixels obtidos pelo método NCF aplicado sobre imagens de ressonância magnética, para três quantidades de superpixels: $k = 50$, $k = 200$ e $k = 800$.

3.3 Algoritmo Simple Linear Iterative Clustering - SLIC

Em [Achanta et al. 2012] foi proposto o algoritmo Simple Linear Iterative Clustering (SLIC) que adapta o algoritmo k-means para a geração de superpixels com duas importantes modificações para ganhar eficiência:

Figura 3.5: Superpixels gerados pelo método NCF.

1. O número de cálculos de distância é bastante reduzido ao limitar-se o espaço de busca em uma região proporcional ao tamanho do superpixel, conforme é mostrado na Figura 3.6.
2. Uma medida de distância entre pixels que combina a dissimilaridade de cor e proximidade na imagem e que, ao mesmo tempo, fornece controle sobre o tamanho e a convexidade dos superpixels.

Figura 3.6: Redução da região de busca do superpixel. Retirado de [Achanta et al. 2012].

Isto faz com que a complexidade do algoritmo não dependa do número de superpixels e que a mesma seja linear no número de pixels da imagem, além de gerar superpixels aproximadamente do mesmo tamanho. Na Figura 3.7 é apresentado um diagrama com os principais passos desse método.

Figura 3.7: Método SLIC. (a) Sementes são distribuídas ao longo da imagem e esta é dividida em regiões uniformes, cada uma contendo uma semente como centróide. (b) Cada pixel é atribuído ao centróide mais próximo segundo uma medida de distância que combina dissimilaridade de cor e proximidade na imagem. (c) Atualiza-se as posições dos centróides de cada região. (d) Os passos (b) e (c) são repetidos até os centróides convergirem. Os superpixels são definidos pelas regiões resultantes.

O algoritmo SLIC recebe como entrada o número desejado k de superpixels que serão gerados sobre uma imagem com N pixels no espaço de cor CIELAB. No passo de inicialização, k centróides iniciais $C_i = [l_i \ a_i \ b_i \ x_i \ y_i]^T$ são distribuídos ao longo de uma grade de pixels regularmente espaçada de $S = \frac{N}{k}$. Os parâmetros $[l_i \ a_i \ b_i]^T$ representam o valor do pixel no espaço de cor CIELAB e $[x_i \ y_i]^T$ a sua posição na imagem. Para evitar que os centróides caiam sobre uma borda, os centróides são perturbados movendo-os na direção de menor gradiente em uma vizinhança de 3×3 pixels da posição original.

Em seguida, no passo de atribuição, cada pixel i é associado ao centróide mais próximo entre aqueles cuja região de busca sobrepõe sua localização. A distância D entre um pixel i e um centróide C_j é medida pela combinação da dissimilaridade de cor e da distância na imagem, ambas calculadas pela distância Euclidiana e normalizadas, conforme é mostrado nas Equações 3.11. A primeira calcula a distância no espaço de cor $[l \ a \ b]^T$. A segunda calcula a distância entre as posições $[x \ y]^T$ de i e de C_j . Na Equação 3.11c, a dissimilaridade de cor máxima que deveria ser usada na normalização de d_c é substituída pela constante m devido à dificuldade em se determinar qual o seu valor.

$$d_c = \frac{q}{(l_j - l_i)^2 + (a_j - a_i)^2 + (b_j - b_i)^2} \quad (3.11a)$$

$$d_s = \frac{q}{(x_j - x_i)^2 + (y_j - y_i)^2} \quad (3.11b)$$

$$D = \frac{\frac{d_c}{m}}{\frac{d_c}{m} + \frac{d_s}{S}} \quad (3.11c)$$

Após todos os pixels terem sido associados ao centróide mais próximo, o passo de atualização é executado ajustando os centróides dos agrupamentos. A posição do novo centro é dada pela média do vetor $[l \ a \ b \ x \ y]^T$ de todos os pixels que pertencem ao superpixel. O erro E entre as localizações do novo e do antigo centróide é calculado pela norma L_2 . Os passos de atribuição e de atualização são repetidos iterativamente até E convergir. Os autores do SLIC afirmam que dez iterações são suficientes para a maioria das imagens.

Por fim, um pós-processamento é realizado para reforçar a conectividade. Nesta etapa, pixels que não pertencem à mesma componente de seu centróide mais próximo são re-classificados com o rótulo deste centróide usando um algoritmo de componentes conectadas. Na Figura 3.8 são apresentados os resultados da segmentação de imagens pelo SLIC para quantidades diferentes de superpixels.

Figura 3.8: Imagens segmentadas pelo SLIC em superpixels de tamanho 64, 256 e 1024 pixels, aproximadamente. Retirada de [Achanta et al. 2012].

3.4 TurboPixels

Em [Levinshtein et al. 2009] é apresentado um algoritmo para segmentar uma imagem em superpixels chamado TurboPixels. O objetivo do método é manter e evoluir a borda entre a região designada, que contém todos os pixels que já estão dentro de algum superpixel, e a região não designada, que contém todos os outros pixels. Na Figura 3.9 é apresentado um diagrama com os principais passos desse método.

Figura 3.9: Método Turbopixels. Inicialmente, k sementes são regularmente espaçadas ao longo da imagem. (a) As bordas dos superpixels evoluem. (b) Atualiza-se o limite de crescimento entre os superpixels. (c) As velocidades de crescimento das bordas são atualizadas. (d) Os passos (a), (b) e (c) repetem até as bordas pararem de evoluir.

O algoritmo recebe como entrada o número de superpixels k desejado e, então, inicia distribuindo k sementes circulares ao longo da imagem. Estas sementes são dispostas como uma malha de modo que a distância entre quaisquer sementes vizinhas seja aproximadamente igual a $\sqrt{\frac{N}{k}}$, onde N é o número de pixels na imagem. O raio inicial das sementes é igual a um. Para evitar que uma semente caia sobre uma borda local da imagem, a posição de cada uma delas é perturbada movendo-as na direção do gradiente da imagem.

Define-se Y como sendo a distância euclidiana de cada pixel da imagem para o ponto mais próximo da borda que separa as regiões da imagem já atribuídas das regiões ainda não atribuídas. Essa distância é considerada "positiva" ($Y > 0$) quando ele pertence a uma região não atribuída da imagem, e "negativa" ($Y < 0$) caso contrário.

Para evoluir a borda das sementes, o algoritmo utiliza a discretização de Y em relação ao tempo, conforme é mostrado na Equação 3.12, onde Y^n corresponde à distância do pixel avaliado para a borda na n -ésima iteração. Cada aplicação desta equação corresponde a um passo de tempo Δt na evolução das bordas. O produto das velocidades $S_i S_b$ é o termo chave que controla a evolução. O termo S_i depende da estrutura local da imagem e da geometria do superpixel em cada ponto da borda, e S_b depende da proximidade entre os pontos da borda e outros superpixels.

$$Y^{n+1} = Y^n \left(\frac{S_i S_b}{k} - Y^n \right) \Delta t \quad (3.12)$$

O termo de velocidade baseado em proximidade S_b assegura que, ao crescerem, superpixels vizinhos não se sobreponham. Para isto, é usado o esqueleto homotópico 2D da região não designada da imagem, sobre o qual o valor de S_b é zero. Ou seja, $S_b(x; y) = 0$ se e somente se $(x; y)$ está sobre o esqueleto homotópico. Caso contrário, $S_b(x; y) = 1$. Com esta formulação, a evolução da borda de cada superpixel é guiada inteiramente pela imagem subjacente até chegar muito próximo da borda de outro superpixel.

Uma vez que a região não designada é alterada a cada iteração, o esqueleto homotópico também deve ser atualizado. Isto é feito marcando-se todos os pixels ainda não designados e aplicando sobre eles o algoritmo homotopy preserving thinning [Siddiqi et al. 2002].

O termo de velocidade de crescimento das bordas dos superpixels, S_i , combina modelos de difusão e reação com um termo adicional, conforme mostrado na Equação 3.13. O termo S_i é responsável por atrair as bordas dos superpixels para as regiões de contorno da imagem.

$$S_i(x; y) = \underbrace{\left[\frac{1}{Z} a k(x; y) \right] f(x; y)}_{\text{termo de difusão-reação}} + \underbrace{\left[\frac{1}{Z} b [N(x; y) \cdot \nabla f(x; y)] \right]}_{\text{termo adicional}} \quad (3.13)$$

O termo de difusão-reação assegura que a evolução da borda tenha a velocidade diminuída ao aproximar-se de uma região da imagem com alto gradiente. Isto é controlado por três termos:

1. A função de afinidade local $f(x; y)$ que possui valor baixo perto de contornos da imagem e valor alto em outros locais (qualquer função que satisfaça esta exigência pode ser usada).
2. A função de curvatura $k(x; y)$, dada pelas derivadas parciais de Y em x e y (linhas e colunas da grade da imagem), conforme pode ser visto na Equação 3.14. Essa função corresponde à curvatura da borda no ponto $(x; y)$ e serve para suavizar a evolução das bordas.

$$k(x; y) = \frac{Y_{xx}Y_y^2 - 2Y_xY_yY_{xy} + Y_{yy}Y_x^2}{Y_x^2 + Y_y^2} \quad (3.14)$$

3. O parâmetro a que dá um peso para a contribuição da função de curvatura.

O termo adicional da Equação 3.13 garante que as bordas dos superpixels sejam atraídas para as extremidades dos objetos da imagem, ou seja, para pixels cuja a afinidade $f(x; y)$ seja baixa. O parâmetro b define a contribuição que o termo terá na velocidade, e $N = -\nabla f / |\nabla f|$ corresponde à normal da borda do superpixel. Especificamente, quando um ponto $(x; y)$ da borda de um superpixel evolui para uma região de afinidade decrescente, o extremo de um objeto por exemplo, sua normal $N(x; y)$ coincide com a direção negativa do gradiente de f , de modo que o termo atua como uma força atrativa entre ambas as bordas. Se a extremidade do objeto for ultrapassada pela borda do superpixel, então esses dois vetores apontam para a mesma direção fazendo com que a direção do movimento da borda do superpixel seja invertida.

O algoritmo termina quando as bordas dos superpixels param de evoluir. Contudo, as bordas podem evoluir indefinidamente, com velocidade cada vez menores, o que faria o algoritmo rodar para sempre. Para evitar que isto ocorra, é definido um threshold tal que o algoritmo para quando o crescimento relativo da área total coberta pelos superpixels for menor que ele. Após o algoritmo parar, um pós-processamento em três etapas é realizado para suavizar as bordas dos superpixels e evitar que haja pixels não designados. Na primeira etapa, toda região conectada que não foi atribuída a nenhum superpixel é considerada como sendo um superpixel. Em seguida, os pixels que se encontram dentro de superpixels muito pequenos são marcados como não atribuídos, eliminando assim a presença de superpixels minúsculos. Por fim, o algoritmo

homotopy preserving thinning [Siddiqi et al. 2002] é aplicado sobre estas regiões não atribuídas obtendo bordas de superpixels suavizadas próximas aos contornos da imagem. Na Figura 3.10 são mostrados resultados para a segmentação de imagens utilizando o algoritmo TurboPixels.

Figura 3.10: Resultados da execução do algoritmo TurboPixels, com zoom em regiões das imagens nas colunas do meio e da direita. Retirada de [Levinshtein et al. 2009].

Levinshtein et al. (2009) afirmam que, para o algoritmo convergir, são necessárias $O(N^p)$ iterações, convergindo, portanto, mais rapidamente conforme o número de superpixels aumenta e mais lentamente para imagens maiores. Afirmam também que, para um número fixo de superpixels, a complexidade total do algoritmo é aproximadamente $O(N)$.

3.5 Speeded-up Turbo Pixels

A técnica speeded-up turbo pixels (STP), proposta em [Cigla e Alatan 2010], é baseada no algoritmo k-means, com uma restrição de convexidade, e gera superpixels uniformes com baixo custo computacional. Inicialmente, o algoritmo divide a imagem em k regiões retangulares, onde k é o número desejado de superpixels. Assim, cada superpixel tem, no início, forma retangular com os centros igualmente espaçados ao longo da imagem, como é mostrado na Figura 3.11(a). No passo seguinte, os pixels que se encontram nas bordas dos segmentos são atribuídos a novos superpixels de modo a minimizar a função de custo descrita na Equação 3.15.

$$C_{x,y}(i) = I_1 \sum_j \mu_j(x,y) \mu_j(i,j) + I_2 \sum_j \mu_j(x,y) C_x^j + \sum_j \mu_j(x,y) C_y^j \quad (3.15)$$

Em (3.15), I_1 é a intensidade média dos pixels do i -ésimo segmento e $I(x,y)$ é a intensidade do pixel sendo testado. Já o par $C_x; C_y$ corresponde à posição do centro do i -ésimo superpixel. Os parâmetros I_1 e I_2 definem os pesos que serão dados para a similaridade da intensidade de cor e para as restrições de convexidade, respectivamente, ou seja, caso se deseje

que a similaridade de cor tenha impacto maior na função de custo, deve-se aumentar o valor de l_1 . Caso contrário, deve-se aumentar o valor de l_2 .

A cada iteração, apenas um número limitado de pixels são testados com relação aos seus respectivos vizinhos, podendo haver no máximo quatro destes, o que torna o algoritmo eficiente quanto ao tempo de execução. Após todos os pixels nas bordas dos segmentos serem testados, l_i e $C_x; C_y$ de cada superpixel são atualizados considerando os novos pixels adicionados e removidos.

Figura 3.11: Bordas dos superpixels nos passos (a) inicial, (b) intermediário e (c) final.

A atribuição dos pixels nas bordas e a atualização dos centróides são repetidas iterativamente até que o número de pixels intercambiados em uma dada iteração seja menor que um limiar. Alguns passos da execução do algoritmo são apresentados na Figura 3.11. Na Figura 3.12 são mostrados alguns resultados apresentados pelos autores em [Cigla e Alatan 2010].

Figura 3.12: Superpixels obtidos pela execução do STP. Retirada de [Cigla e Alatan 2010].

3.6 Outros Métodos

Existem outros métodos de segmentação de imagens em superpixels na literatura, mas por serem computacionalmente mais caros sem trazer nenhum tipo de vantagem em relação aos métodos apresentados anteriormente nesse capítulo, eles não serão estudados profundamente.

O algoritmo Greed Seams é descrito em [Siva e Wong 2014]. Trata-se de um método que utiliza informações da imagem para gerar as linhas das bordas dos superpixels, chamadas de "costuras" (do inglês, seams) pelos autores, mantendo-os com o formato de uma estrutura de grade regular devido ao uso de restrições espaciais globais. Essas costuras são geradas, vertical e horizontalmente, igualmente espaçadas entre si e de modo a minimizar uma função de custo composta por outras duas funções: uma que calcula um custo para a estrutura da imagem e outra que atribui um custo para a estrutura da grade de costuras. Minimizando essas funções, os superpixels mantêm uma estrutura de grade e ao mesmo tempo preservam a estrutura da imagem.

Em [Comaniciu e Meer 2002] é apresentado um método que aplica mean shift, um procedimento iterativo para localizar máximos locais em uma função densidade, para encontrar classes no espaço de características de cor de uma imagem, com os pixels pertencentes a cada classe definindo os superpixels. Além de ser um método computacionalmente caro, $O(N^2)$, onde N é o número de pixels, com ele não é possível definir o número de superpixels, tão pouco o tamanho dos superpixels.

O método Quick Shift [Vedaldi e Soatto 2008] também busca por classes para segmentar a imagem. Ele realiza uma segmentação inicial utilizando a movimentação de medóides, movendo, em seguida, cada ponto no espaço de característica para o vizinho mais próximo de modo a aumentar a estimativa da densidade de Parzen. Nesse método também não é possível definir o número e o tamanho dos superpixels. Sua complexidade é da ordem de $O(dN^2)$, onde d é um constante pequena. Seu ponto positivo está no fato de que gera superpixels com boa aderência às bordas dos objetos.

Um método para gerar superpixels encontrando caminhos ideais, ou costuras, que dividem a imagem em regiões verticais e horizontais menores é proposto em [Moore et al. 2008]. Para encontrar os caminhos ideais é utilizado um método de particionamento de grafo. Nessa abordagem é possível controlar o número de superpixels. Sua complexidade é da ordem de $O(N^{3/2} \log N)$.

Em [Vincent e Soille 1991], os superpixels são obtidos através de uma abordagem watershed. Partindo de um mínimo local, percorre-se a imagem em direção ao aumento do gradiente produzindo linhas que separam regiões da imagem, como se fossem bacias hidrográficas. Os superpixels gerados são, normalmente, de formato e tamanho irregulares, e não é possível definir o número de superpixels. Além disso, os superpixels não aderem bem às bordas dos objetos. Sua complexidade é $O(N \log N)$.

3.7 Considerações Finais

Neste capítulo foram apresentados e discutidos os métodos que fazem parte do estado da arte na área de segmentação de imagens em superpixels. Na Tabela 3.1 é apresentado um resumo

comparativo das características das diferentes abordagens mostradas ao longo do capítulo. Para cada método é mostrada a sua complexidade, de acordo com os seus respectivos autores¹, e se é possível definir o número de superpixels ou não.

Tabela 3.1: Características dos Métodos de Criação de Superpixels

Método	Complexidade	Número Definido
NCF [Shi e Malik 2000]	$O(N^{3=2})$	Sim
[Felzenszwalb e Huttenlocher 2004]	$O(N \log N)$	Não
SLIC [Achanta et al. 2012]	$O(N)$	Sim
TurboPixels [Levinstein et al. 2009]	$O(N)$	Sim
STP [Cigla e Alatan 2010]	$O(N)$	Sim
Greed Seams [Siva e Wong 2014]	$O(N)$	Sim
[Comaniciu e Meer 2002]	$O(N^2)$	Não
[Vedaldi e Soatto 2008]	$O(dN^2)$	Não
[Moore et al. 2008]	$O(N^{3=2} \log N)$	Sim
[Vincent e Soille 1991]	$O(N \log N)$	Não

Pensando em eficiência, os métodos SLIC, STP, TurboPixels e Greed Seams mostram-se como as melhores opções, pois eles possuem complexidade linear em relação ao número de pixels da imagem. Quanto a aderência dos superpixels às bordas dos objetos, novamente o SLIC se destaca, só que dessa vez junto com o método proposto em [Felzenszwalb e Huttenlocher 2004]. Além disso, no SLIC é possível definir o número de superpixels, bem como a compactação deles, características desejáveis para as aplicações que foram desenvolvidas ao longo deste projeto. Portanto, pode-se dizer que o SLIC é a melhor escolha, entre os métodos estudados, para ser utilizado nos estudos deste trabalho, cuja aplicação é em segmentação de estruturas do músculo esquelético humano. No próximo capítulo, será detalhado como o método de superpixels foi utilizado em uma aplicação real.

¹A complexidade do método Grid Seams não informada no seu respectivo artigo. Seu valor foi deduzido pela descrição do funcionamento do algoritmo.

Método de Segmentação de Corpos Vertebrais

VBSeg

Neste capítulo será apresentado o método VBSeg (Vertebral Body Segmentation), desenvolvido neste trabalho, que utiliza superpixels para a segmentação de imagens médicas. O método VBSeg foi implementado em duas versões: a primeira que utiliza crescimento de região e a segunda que utiliza particionamento de grafo. Trata-se de um método semi automático para segmentação de corpos vertebrais em imagens de ressonância magnética. Na Figura 4.1 mostra-se um resumo de seus principais passos. A seguir, na Seção 4.1, descreve-se como são calculados os superpixels das imagens (Passo 2 - Figura 4.1). Em seguida, na Seção 4.2, apresenta-se como os corpos vertebrais segmentados são obtidos por crescimento de região e partição de grafo (Passo 3 - Figura 4.1).

4.1 Cálculo dos Superpixels

Conforme mostrado no Capítulo 3, diversos algoritmos para a geração de superpixels foram avaliados, sendo que o SLIC (Seção 3.3) demonstrou ser o mais adequado para os objetivos do trabalho, levando-se em consideração a qualidade dos superpixels gerados, o tempo de processamento e o fato de gerar superpixels de tamanhos aproximadamente iguais.

É importante notar que uma das características do SLIC, mostrada na Seção 3.3, é a utilização de uma representação da imagem no espaço de cor CIELAB. Contudo, as imagens de ressonância magnética são obtidas em escala de cinza. Logo, foi necessário adequar o SLIC à base de imagens médicas utilizada no trabalho. Para isso, bastou uma pequena alteração na

Figura 4.1: Etapas do método VBSeg (Vertebral Body Segmentation), proposto nessa dissertação.

medida de distância calculada entre dois pixels (Equação 3.11). A dissimilaridade de cor (Equação 3.11a) considerada para as imagens em escala de cinza é calculada como a diferença entre os níveis de cinza dos pixels, conforme a Equação 4.1, onde I_i representa o nível de cinza do i -ésimo pixel.

$$d_c = \frac{q}{(I_j - I_i)^2} \quad (4.1)$$

Além da imagem, o SLIC recebe como parâmetro de entrada a quantidade aproximada de superpixels que devem ser gerados. Foi mostrado, também na Seção 3.3, que a ordem de complexidade do algoritmo não depende do número de superpixels gerados, ou seja, a quantidade de superpixels não interfere no tempo gasto para obtê-los. Contudo, esse parâmetro tem impacto direto na execução do método VBSeg, tanto na qualidade da segmentação obtida, quanto na eficiência das fases seguintes ao cálculo dos superpixels com o SLIC, o que será discutido em mais detalhes na Seção 4.2.

Na Figura 4.2 exemplificam-se os resultados do SLIC sobre uma imagem da base utilizada nos experimentos. Consideram-se três quantidades diferentes de superpixels, as quais também foram utilizadas na avaliação do método.

Após a obtenção dos superpixels de uma imagem, esta passa a ser representada em função dos superpixels que a compõe. O valor de cada superpixel é dado pela média dos valores dos pixels que o compõe. Na Figura 4.3 mostra-se, graficamente, a nova representação de uma imagem da base utilizada nos experimentos. No exemplo foi atribuído a cada pixel da imagem o valor de seu respectivo superpixel.

Essa mudança de representação é feita com o objetivo de aumentar a eficiência nas fases seguintes do método VBSeg, uma vez que, ao invés de fazer os cálculos sobre todos os pixels da imagem, cuja quantidade pode ser de centenas de milhares, passa-se a fazê-los sobre algumas centenas de superpixels, de acordo com a quantidade definida pelo usuário. Além disso, a fase de segmentação do corpo vertebral tira vantagem do fato de que as bordas dos superpixels

Figura 4.2: Superpixels calculados pelo método SLIC, para a imagem de ressonância magnética RM_P5.tif que faz parte da base utilizada no trabalho.

tendem a aderir às bordas dos objetos da imagem, inclusive às bordas dos corpos vertebrais de interesse no trabalho.

4.2 Segmentação de Corpos Vertebrais

Para segmentar os corpos vertebrais a partir dos superpixels obtidos, duas versões do método VBSeg foram implementadas. A primeira delas utiliza um algoritmo de crescimento de região (Subseção 4.2.1) e foi escolhido por ser um método simples e que gera bons resultados, além de ser bastante comum na literatura. A segunda, por sua vez, adapta um método de partição de grafo para atuar sobre superpixels (Subseção 4.2.2) e foi escolhido por fazer parte da revisão bi-

Figura 4.3: Exemplo da nova representação da imagem após o cálculo dos superpixels. Neste caso foram obtidos 679 superpixels para a imagem RM_P5.tif.

bliográfica deste trabalho, além de apresentar bons resultados em [Felzenszwalb e Huttenlocher 2004].

4.2.1 Crescimento de Região

Nesta versão, implementou-se um algoritmo que utiliza a diferença de cor entre superpixels para fazer o crescimento de região e obter a segmentação dos corpos vertebrais. É necessário que o usuário forneça para o método um ponto na imagem de entrada para cada corpo vertebral que deseja segmentar, como ilustrado na Figura 4.1 - Passo 1. Estes pontos são chamados de sementes. Cada semente fornecida deve estar dentro da região da imagem que contém um corpo vertebral de interesse.

O crescimento de região é executado para cada semente, como mostrado no Algoritmo 1. O método inicia com uma segmentação S composta por apenas um superpixel, aquele que contém a semente fornecida pelo usuário. Este superpixel é inserido em uma fila F de superpixels a serem analisados. Em seguida, remove-se um superpixel sp de F e obtém-se um conjunto V de todos os superpixels vizinhos de sp que ainda não foram analisados. Então, cada superpixel de V é comparado com sp visando verificar se eles são suficientemente parecidos para pertencerem à segmentação S . Para cada $v_i \in V$, se $j\text{Valor}(v_i) - j\text{Valor}(sp) < I$, onde I é um limiar que deve ser fornecido ao método como parâmetro de entrada e deve estar no intervalo $[0; 255]$, então v_i é inserido na segmentação S e na fila F . Após analisar todos os vizinhos em V , um novo superpixel é removido de F e os passos anteriores se repetem até que F esteja vazia. Ao

esvaziar a fila, obtém-se a segmentação S de um corpo vertebral. Após executar esses passos para cada semente, tem-se como resultado as segmentações de todos os corpos vertebrais de interesse para o usuário.

Algorithm 1 Crescimento de região usando superpixels

Entrada:

$sp_{semente}$: superpixel inicial que contém a semente fornecida pelo usuário

l : limiar para comparação dos superpixels

Saída:

S : segmentação do corpo vertebral

```

1:  $S \leftarrow \{sp_{semente}\}$ 
2:  $F \leftarrow \text{push}(sp_{semente})$ 
3: enquanto  $F$  não está vazia faça
4:    $sp \leftarrow F.\text{pop}()$ 
5:    $V \leftarrow \{sp\}$ 
6:   para cada  $v_i \in \text{vizinho}(sp)$  faça
7:     se  $v_i$  não analisado então
8:        $V \leftarrow V \cup \{v_i\}$ 
9:   fim se
10:  fim para
11:  para cada  $v_i \in V$  faça
12:    se  $| \text{Valor}(v_i) - \text{Valor}(sp) | < l$  então
13:       $S \leftarrow S \cup \{v_i\}$ 
14:       $F \leftarrow \text{push}(v_i)$ 
15:    fim se
16:  fim para
17: fim enquanto

```

Essa versão de segmentação das imagens de corpos vertebrais tem como vantagens sua simplicidade e eficiência, uma vez que o crescimento de região é realizado sobre os superpixels. Sua principal desvantagem é a necessidade de se fornecer o limiar para a comparação dos superpixels. O limiar ótimo, ou seja, aquele que vai gerar a melhor segmentação, vai depender da tonalidade dos corpos vertebrais sendo analisados e essa tonalidade pode apresentar grandes variações. Por isso, a escolha do limiar é realizada para cada corpo vertebral individualmente e não para a imagem como um todo.

Vale destacar que o método de segmentação desenvolvido é semiautomático, exigindo a participação do usuário em dois momentos: para fornecer os limiares e as sementes (como já discutido), e para avaliar qual a melhor entre as segmentações resultantes dos diferentes limiares executados.

A avaliação dos limiares por corpo vertebral pode parecer incluir um custo adicional ao método, porém essa definição simplifica o tempo exigido do usuário para a escolha da melhor segmentação. Esse problema é ilustrado nas Figuras 4.4 e 4.5. Na Figura 4.4 tem-se o resultado da segmentação de dois corpos vertebrais ao se utilizar o limiar de valor 30 (a) e considerando-

se um limiar de valor 35 (b). Ao se comparar as segmentações obtidas com o padrão ouro (c), pode-se verificar que a vértebra superior foi melhor segmentada com o limiar 35 (b) e a vértebra inferior com o limiar 30 (a). Logo, por qual resultado o usuário deveria optar? Para evitar que seja necessário escolher a melhor segmentação de um corpo vertebral em detrimento de outro, os limiares são selecionados de maneira individual, como mostrado na Figura 4.5. O usuário pode escolher primeiramente qual a melhor segmentação para a vértebra superior e, em um passo seguinte, qual a melhor segmentação para a vértebra inferior, mesmo que esses resultados sejam oriundos de limiares diferentes. Percebe-se que essa abordagem facilita o trabalho do usuário, já que permite que ele foque em um corpo vertebral por vez e não precise ponderar qual a melhor segmentação considerando a imagem como um todo. O resultado final é gerado pela composição das melhores segmentações identificadas para cada corpo vertebral individualmente.

É preciso definir a princípio a quantidade de limiares que serão avaliados e quais seus valores. Uma possível abordagem é escolher dois valores iniciais e permitir que os resultados sejam refinados utilizando-se limiares que se encontram entre o intervalo escolhido.

Figura 4.4: Exemplo de segmentação utilizando um limiar por imagem.

Figura 4.5: Exemplo de segmentação utilizando um limiar por vértebra.

4.2.2 Particionamento de Grafo

Esta outra versão do método VBSeg utiliza um método de segmentação de imagens baseado em particionamento de grafo. Para isso, foi implementada uma adaptação do método apresentado em [Felzenszwalb e Huttenlocher 2004]. Como é mostrado na Seção 3.1, este método mede a evidência de uma fronteira entre regiões distintas de uma imagem representada por um grafo.

Uma importante modificação foi necessária para que fosse possível utilizar o método proposto em [Felzenszwalb e Huttenlocher 2004] com as imagens representadas por superpixels. O método original considera a imagem como sendo um grafo cujos vértices representam os pixels da imagem e as arestas possuem pesos que medem a dissimilaridade entre os pixels ligados por ela. Cada pixel está conectado apenas aos seus vizinhos mais próximos. No VBSeg, cada vértice representa um superpixel da imagem, e cada um deles está conectado ao seus vizinhos por uma aresta cujo peso é definido como a diferença entre os valores dos superpixels ligados por ela. São considerados vizinhos dois superpixels que possuam um pedaço de borda em comum, conforme mostrado na Figura 4.6.

Figura 4.6: Exemplo da definição de superpixels vizinhos. Os superpixels em amarelo são vizinhos do superpixel em azul.

A segmentação final dos corpos vertebrais é dada pelas partições obtidas ao final do método e pelas sementes inseridas pelo usuário. Define-se como a segmentação do k -ésimo corpo vertebral a região composta pelo conjunto de superpixels que pertencem à mesma partição do superpixel que contém a k -ésima semente inserida pelo usuário. Se dois ou mais superpixels com sementes pertencerem à mesma partição, um pós-processamento é realizado para dividi-la de acordo com a distribuição espacial dos seus pixels, ou seja, cada pixel da partição é atribuído à segmentação do corpo vertebral cuja semente está mais próxima a ele.

Nesta versão também é necessário inserir como parâmetro um limiar que é usado para decidir se existe ou não uma fronteira entre as regiões da imagem. Novamente as diferentes tonalidades das imagens dificultam a definição de um limiar ótimo. Contudo, assim como na versão anterior, pode-se executar o método para vários limiares e fazer um refinamento para se obter um resultado melhor. Porém, trata-se de um método eficiente e o fato de ser executado sobre superpixels, ao invés de todos os pixels da imagem, traz ganhos ainda maiores de eficiência.

4.3 Considerações Finais

Neste capítulo, descreveu-se o método VBSeg em suas duas versões: crescimento de região e particionamento de grafo. Tal método visa segmentar corpos vertebrais em imagens de ressonância magnética de coluna, fazendo uso de superpixels para aprimorar qualidade e eficiência. No próximo capítulo são apresentados os experimentos realizados para avaliar o método proposto quanto a qualidade e tempo de processamento.

Experimentos e Análises

Neste capítulo são apresentados os experimentos realizados para avaliar a qualidade e o tempo de processamento do método VBSeg. Na Seção 5.1 descrevem-se as ferramentas utilizadas na sua implementação. A base de imagens utilizada no trabalho é detalhada na Seção 5.2. Nas Seções 5.3 e 5.4 são descritas, respectivamente, as análises das versões de crescimento de região e de particionamento de grafo do VBSeg. Em seguida, essas duas versões são comparadas na Seção 5.5. Na Seção 5.6, o VBSeg é comparado com métodos de segmentação de imagens presentes na literatura. Na Seção 5.7 mostra-se o experimento realizado para medir a influência do usuário nos resultados. Em seguida, apresenta-se um experimento realizado para comparar o método desenvolvido neste trabalho com um método de segmentação de imagens bastante difundido na área de segmentação de imagens. Por fim, uma análise do tempo de processamento do método é apresentada na Seção 5.8.

5.1 Ambientes e Ferramentas de Desenvolvimento

Nesta seção são apresentadas as ferramentas utilizadas no desenvolvimento do método de segmentação de corpos vertebrais VBSeg. O método SLIC (Seção 4.1) é fornecido por seus autores [Achanta et al. 2012] e foi totalmente implementado em linguagem C++. A versão original do SLIC para imagens coloridas pode ser obtida em: <http://ivrl.epfl.ch/research/superpixels>.

Os algoritmos de crescimento de região e de particionamento de grafo (Seções 4.2.1 e 4.2.2 respectivamente) foram desenvolvidos em linguagem Python, versão 2.7.9. Os cálculos estatísticos que serão discutidos nas seções seguintes também foram realizados utilizando-se a linguagem Python.

5.2 Base de Imagens

A base de imagens utilizada neste trabalho foi obtida junto ao Hospital das Clínicas de Ribeirão Preto (HCRP), da Universidade de São Paulo. Foram utilizadas imagens de ressonância magnética da espinha lombar de 63 pacientes, sendo 38 mulheres e 25 homens, com idade média de 62:25 14:13 anos.

Todos os exames foram adquiridos pelo mesmo equipamento, o Sistema de Imagem de Ressonância Magnética Philips Achieva 1.5T. Utilizou-se apenas as imagens sagitais médias na ponderação T1, no formato TIFF.

O trabalho limitou-se a analisar os corpos vertebrais lombares (L1, L2, L3, L4 e L5). Estes foram divididos em três classes, de acordo com a patologia, sendo 54 corpos vertebrais com fratura benigna, 49 com fratura maligna e 212 normais (sem fratura). Na Figura 5.1 são mostrados dois exemplos de imagens que fazem parte da base estudada, contendo as três classes definidas. Ambas apresentam uma fratura na vértebra L1, sendo benigna na Figura 5.1(a) e maligna na Figura 5.1(b). As outras vértebras lombares das imagens não estão fraturadas.

(a) Paciente com fratura benigna na vértebra L1.

(b) Paciente com fratura maligna na vértebra L1.

Figura 5.1: Exemplos de imagens utilizadas no trabalho.

Os cinco corpos vertebrais lombares das 63 imagens da base foram manualmente segmentados por pesquisadores e especialistas em radiologia do HCRP - USP com o objetivo de se criar um padrão ouro. Esse padrão ouro foi utilizado como base para as avaliações dos experimentos que serão descritos a seguir.

5.3 Análise da Segmentação Utilizando Crescimento de Região

Para avaliar a versão do método VBSeg que utiliza crescimento de região, apresentada na Seção 4.2.1, executou-se o método para cada uma das 63 imagens presentes na base. A Figura 5.2 exemplifica o resultado do método VBSeg. Nela são apresentadas as segmentações de corpos vertebrais obtidas para três imagens da base, considerando-se diferentes quantidades de superpixels.

A comparação com o padrão ouro foi realizada para cada corpo vertebral da base, ou seja, foram comparadas as segmentações de cada um dos 315 corpos vertebrais individualmente. Utilizaram-se, no método VBSeg, seis valores de limiar (10, 15, 20, 25, 30 e 35) para a seleção do melhor resultado de segmentação de cada vértebra. Para medir a qualidade da segmentação de cada corpo vertebral foi calculado o coeficiente de Jaccard (Seção 2.4) entre esta segmentação e a manual (padrão ouro). Na Figura 5.3 é mostrado um gráfico com o coeficiente de Jaccard médio das segmentações obtidas por essa versão do VBSeg, considerando-se três diferentes quantidades de superpixels (676, 1444 e 2500). A fim de se avaliar o desempenho do método para as diferentes classes de corpos vertebrais considerados no projeto (Seção 5.2), calculou-se o coeficiente de Jaccard médio para todos os corpos vertebrais da base e também para cada uma das três classes: normal (sem fratura), fratura benigna e fratura maligna.

Nota-se nos resultados apresentados na Figura 5.3 que o método não consegue segmentar com precisão os corpos vertebrais com fraturas malignas, apresentando um valor médio de coeficiente de Jaccard de 0:45 no melhor caso (2500 superpixels). Isso se deve ao fato de que essas fraturas são caracterizadas por uma coloração mais escura, conforme mostrado na Figura 5.1(b), o que dificulta a diferenciação entre corpo vertebral e disco intervertebral, que também possui coloração mais escura. Para os corpos vertebrais sem fratura, o método apresenta melhores resultados, atingindo valores médios de Jaccard de 0:63, 0:69 e 0:78 quando utilizados 676, 1444 e 2500 superpixels, respectivamente. Para as vértebras com fraturas benignas, o resultado foi de 0:66 no melhor caso (2500 superpixels). Já quando todas as amostras são consideradas, obteve-se valores médios de Jaccard de 0:56, 0:62 e 0:71 para 676, 1444 e 2500 superpixels, respectivamente. O fato do método considerar apenas características de cor das imagens foi um limitante para os resultados. Possivelmente, quando essas características forem combinadas com outras, como textura, os resultados serão aprimorados. É possível verificar também que, ao aumentar a quantidade de superpixels, as segmentações tendem a ficar melhores. Contudo, é importante lembrar que aumentando-se o número de superpixels, a eficiência do algoritmo de crescimento de região diminui.

Figura 5.2: Segmentações obtidas pelo VBSeg/Crescimento de Região utilizando três quantidades de superpixels para as imagens RM_P1.tif, RM_P2.tif e RM_P4.tif, respectivamente. Para cada imagem, à direita mostram-se as segmentações dos corpos vertebrais e, à esquerda, as bordas das segmentações sobre a imagem original.

5.4 Análise da Segmentação Utilizando Particionamento de Grafo

A versão do método VBSeg que utiliza particionamento de grafo foi avaliada do mesmo modo que a versão que utiliza crescimento de região, conforme descrito na Seção 5.3. Executou-

Figura 5.3: Resultado obtido pelo método VBSeg na versão que utiliza crescimento de região.

se o método para cada uma das 63 imagens da base. A Figura 5.4 exemplifica as segmentações resultantes dessa versão obtidas para três imagens.

Novamente a qualidade dos resultados foi avaliada para cada corpo vertebral individualmente, utilizando-se o coeficiente de Jaccard para comparar as segmentações dos corpos vertebrais obtidas com essa versão do método e as segmentações manuais (padrão ouro). Consideraram-se quatro valores para o limiar: 50, 75, 100 e 200 e três diferentes quantidades de superpixels: 676, 1444 e 2500. Os resultados são apresentados na Figura 5.5. Mostram-se os coeficientes médios calculados sobre todos os corpos vertebrais e também separados por classes: normal (sem fraturas), fraturas benignas e fraturas malignas.

Como é possível notar nos resultados da Figura 5.5, esta versão também falha ao segmentar corpos vertebrais com fraturas malignas devido à sua tonalidade mais escura, obtendo um coeficiente de Jaccard médio de 0,37 no melhor caso (2500 superpixels). Contudo, ela apresenta bons resultados para os corpos vertebrais sem fratura, chegando a um valor de 0,75 no coeficiente de Jaccard médio quando são usados 2500 superpixels. Para os corpos vertebrais com fraturas benignas o valor médio foi de 0,59, 0,60 e 0,67, quando utilizados 676, 1444 e 2500 superpixels, respectivamente. Ao se considerarem todas as amostras, obteve-se um valor médio de 0,56, 0,64 e 0,68, para as mesmas quantidades de superpixels, respectivamente. Assim como na outra versão do método VBSeg, o aumento no número de superpixels melhora a qualidade da segmentação, mas tem como consequência a necessidade de um grafo maior para representar a imagem, diminuindo a eficiência do método. Além disso, o fato de se considerar apenas cor foi novamente um fator limitante, sendo provável que, ao se utilizarem outras características

Figura 5.4: Segmentações obtidas pelo VBSeg/Particionamento de Grafo utilizando três quantidades de superpixels para as imagens RM_P1.tif, RM_P2.tif e RM_P4.tif, respectivamente. Para cada imagem, à direita mostram-se as segmentações dos corpos vertebrais e, à esquerda, as bordas das segmentações sobre a imagem original.

combinadas com a cor obtenham-se resultados ainda melhores, especialmente para as vértebras com fratura maligna.

Figura 5.5: Resultado obtido pelo método VBSeg na versão que utiliza particionamento de grafo.

5.5 Comparação entre as Duas Versões do Método VBSeg

Nesta seção as versões do método VBSeg com crescimento de região e com particionamento de grafo são comparadas quanto à qualidade de suas segmentações.

Na Figura 5.6 apresenta-se um gráfico comparando a segmentação obtida pelo VBSeg/Crescimento de Região com a obtida pelo VBSeg/Particionamento de Grafo. Novamente foram utilizadas as médias dos coeficientes de Jaccard de cada corpo vertebral da base de imagens. Como pode ser visto nas Seções 5.3 e 5.4, em todos os casos analisados conseguiu-se melhor resultado ao utilizar 2500 superpixels na primeira etapa do método. Portanto, apenas essa configuração é considerada nesta seção.

Conforme é mostrado na Figura 5.6, as duas versões do método VBSeg possuem desempenho praticamente igual, exceto quando se consideram apenas os corpos vertebrais com fraturas malignas. Neste caso, a versão que utiliza crescimento de região apresenta vantagem. Contudo, pode-se dizer que, de modo geral, a qualidade da segmentação obtida pelas duas versões é equivalente.

Figura 5.6: Comparação entre os resultados obtidos pelas duas versões do método VBSeg. À esquerda, em azul, os resultados da versão que utiliza crescimento de região. À direita, em cinza, os resultados da versão que utiliza particionamento de grafo.

5.6 Comparação com os Métodos de Segmentação Aplicados Sobre Todos os Pixels

Com o objetivo de avaliar o uso de superpixels pelo método VBSeg quanto à qualidade das segmentações, os resultados obtidos foram comparados com segmentações realizadas sobre as mesmas imagens, sem a utilização de superpixels. Para avaliação da versão do método que utiliza crescimento de região, utilizou-se o algoritmo de crescimento de região puro, ou seja, executado sobre todos os pixels da imagem. Já a versão que utiliza particionamento de grafo foi comparada com o método proposto em [Felzenszwalb e Huttenlocher 2004], o qual será referenciado como método de particionamento de grafo puro, por também utilizar todos os pixels da imagem.

As segmentações resultantes de ambos os métodos executados sobre todos os pixels foram comparadas com o padrão ouro utilizando-se o coeficiente de Jaccard (Seção 2.4), assim como realizado para as duas versões do método VBSeg (Seções 5.3 e 5.4). Os valores obtidos foram comparados com os melhores resultados do VBSeg, isto é, com a utilização de 2500 superpixels.

Na Figura 5.7 são mostrados os coeficientes de Jaccard médio do crescimento de região puro comparados com os obtidos pela versão do método VBSeg que utiliza crescimento de região. A segmentação do VBSeg gerou melhores resultados para as três classes de corpos vertebrais, sendo 19% maior para as vértebras com fraturas benignas, 73% maior para as vértebras com fraturas malignas e 13% maior para as vértebras sem fraturas (normais). Considerando-se a base como um todo, o coeficiente de Jaccard médio das segmentações do método VBSeg foi 18%

Figura 5.7: Comparação entre os resultados obtidos pelo método VBSeg/Crescimento de Região (à direita, em azul) e Crescimento de Região sobre todos os pixels (à esquerda, em cinza).

maior que o coeficiente das segmentações do método de crescimento de região puro. Portanto, os resultados apresentados sugerem que, ao se utilizar um algoritmo de crescimento de região para segmentar corpos vertebrais em imagens de ressonância magnética, o uso de superpixels aprimoram a qualidade da segmentação.

Os coeficientes de Jaccard médio das segmentações obtidas pelo método de particionamento de grafo puro são apresentados na Figura 5.8, onde são comparados com os resultados do método VBSeg/Particionamento de Grafo. Ao contrário do que aconteceu com os métodos de crescimento de região, o uso de superpixels não trouxe grandes vantagens para os métodos de particionamento de grafo. Para os corpos vertebrais com fraturas malignas, o método VBSeg apresentou, inclusive, desempenho inferior ao particionamento de grafo puro, com um coeficiente de Jaccard médio 26% menor. Já para os corpos vertebrais com fraturas benignas e sem fraturas o método VBSeg mostrou-se um pouco melhor, com coeficientes de Jaccard médio 7% e 2% maiores, respectivamente. Quando todas as vértebras são consideradas, os coeficientes de Jaccard médio foram praticamente iguais, sendo o do método VBSeg 0,3% menor que o do método de particionamento de grafo puro.

Na Seção 5.8 será mostrado que o ganho obtido no custo computacional (tempo) proporcionado pelo método VBSeg é significativo. Disponibilizar ao usuário uma resposta com qualidade equivalente, porém mais rapidamente, é um ganho importante em sistemas CBIR.

5.7 Análise dos Resultados Obtidos com Diferentes Sementes

Para justificar a implementação de um método semiautomático, ao invés de um automático, realizou-se um experimento para verificar:

Figura 5.8: Comparação entre os resultados obtidos pelo método VBSeg/Particionamento de Grafo (à direita, em azul) e Particionamento de Grafo sobre todos os pixels (à esquerda, em cinza).

EO Se quando o método VBSeg é utilizado por diferentes usuários, com diferentes níveis de conhecimento sobre corpos vertebrais da região lombar e suas patologias, os resultados gerados são os mesmos, ou suficientemente parecidos;

EO Se os usuários têm grande impacto na execução do método.

Nesse experimento, cinco usuários com diferentes formações e níveis de conhecimento sobre o tema utilizaram o método VBSeg, nas duas versões, e as segmentações foram comparadas par a par e todos contra todos. Na Tabela 5.1 são descritos a formação e o nível de conhecimento sobre o tema de cada usuário.

Tabela 5.1: Formação e nível de conhecimento dos usuários que participaram do experimento.

Usuário	Formação	Nível
U1	Graduado em Ciências de Computação	Baixo
U2	Estudante de Medicina	Baixo
U3	Graduado em Informática Biomédica	Médio
U4	Médico Radiologista Sênior e Docente	Alto
U5	Mestre em Fisioterapia	Alto

Foram utilizadas 30 imagens da base na execução desse experimento. Os usuários colocaram sementes nas vértebras L1, L2, L3, L4 e L5 de cada imagem em locais que julgaram apropriados, sem nenhum tipo de auxílio, ou seja, baseados apenas nos seus próprios conhecimentos sobre o tema. Então, o método foi executado para as sementes de cada usuário, novamente considerando-se três quantidades de superpixels: 676, 1444 e 2500. As segmentações obtidas foram comparadas para verificar se eram muito diferentes de usuário para usuário.

Para comparar duas segmentações utilizou-se o coeficiente de Jaccard. Foram comparadas as segmentações de cada versão do método VBSeg para cada quantidade de superpixels, ou seja, os resultados de cada usuário foram comparados, par a par, primeiramente para o método VBSeg/Crescimento de Região com 676 superpixels, em seguida com 1444 e depois com 2500. Após isso, o mesmo foi feito com o método VBSeg/Particionamento de Grafo. As médias dos coeficientes de Jaccard obtidos ao comparar as segmentações de cada par de usuários são mostrados nas Tabelas 5.2, 5.3 e 5.4.

Tabela 5.2: Jaccard médio entre usuários - 676 superpixels

	Crescimento de Região				Particionamento de Grafo			
	U1	U2	U3	U4	U1	U2	U3	U4
U2	0,89				0,90			
U3	0,92	0,93			0,91	0,98		
U4	0,90	0,89	0,94		0,92	0,95	0,95	
U5	0,89	0,91	0,94	0,93	0,88	0,95	0,96	0,93

Tabela 5.3: Jaccard médio entre usuários - 1444 superpixels

	Crescimento de Região				Particionamento de Grafo			
	U1	U2	U3	U4	U1	U2	U3	U4
U2	0,89				0,90			
U3	0,89	0,91			0,88	0,97		
U4	0,91	0,89	0,91		0,91	0,94	0,94	
U5	0,89	0,92	0,95	0,90	0,88	0,96	0,99	0,94

Tabela 5.4: Jaccard médio entre usuários - 2500 superpixels

	Crescimento de Região				Particionamento de Grafo			
	U1	U2	U3	U4	U1	U2	U3	U4
U2	0,89				0,90			
U3	0,88	0,92			0,88	0,95		
U4	0,88	0,89	0,90		0,89	0,93	0,92	
U5	0,85	0,90	0,94	0,89	0,86	0,94	0,97	0,92

É possível verificar nos resultados que as segmentações obtidas por diferentes usuários são bastante próximas, sendo o menor coeficiente de Jaccard médio igual a 0,85 entre as segmentações dos usuários U5 e U1 com crescimento de região e 2500 superpixels, na Tabela 5.4. Já as segmentações dos usuários U5 e U3, utilizando particionamento de grafo e 1444 superpixels (Tabela 5.3) foram as mais similares, com coeficiente de Jaccard médio igual a 0,99. É importante notar que, mesmo quando se compara o usuário U4, que possui alto nível de conhecimento

do tema, com o usuário U1, com baixo nível de conhecimento, as segmentações obtidas por eles ainda são muito parecidas, com coeficiente de Jaccard médio entre 0:88 e 0:92.

Os resultados desse experimento mostram, portanto, que o método tem baixa dependência do usuário. Vale lembrar que o usuário deve ter conhecimento mínimo sobre o assunto, uma vez que é necessário que a semente inserida por ele esteja dentro da região da imagem que contém o corpo vertebral de interesse. Contudo, o objetivo desse experimento foi mostrar que apenas esse conhecimento mínimo já é suficiente, permitindo que a tarefa de segmentação dos corpos vertebrais seja executada por pesquisadores de qualquer formação, ao invés de ficar a cargo apenas de médicos especialistas, que possuem menos tempo e valor da hora de trabalho mais alto.

5.8 Análise de Tempo de Processamento

Além da qualidade das segmentações obtidas pelo método VBSeg, analisou-se também o tempo de processamento de cada versão visando verificar se trazem ganhos quando comparadas aos métodos de segmentação executados sobre todos os pixels. Esses testes foram realizados em um computador de 64 bits com processador Intel Core i5-3450 de 3.1GHz, 8GB de memória RAM e sistema operacional Windows 8.1. Para as análises de tempo foram selecionadas cinco imagens que representam as diferentes resoluções encontradas na base do trabalho. As imagens escolhidas e suas respectivas quantidades de pixels são mostradas na Tabela 5.5.

Tabela 5.5: Resolução das imagens utilizadas na análise de tempo de processamento

Imagem	Largura	Altura	Número de pixels
RM_P45.tif	640	640	409.600
RM_P54.tif	768	768	589.824
RM_P39.tif	864	864	746.496
RM_P22.tif	576	1578	908.928
RM_P11.tif	864	1650	1.425.600

Primeiramente, mediu-se o tempo necessário para calcular os superpixels de cada uma das cinco imagens selecionadas. Para avaliar o impacto da quantidade de superpixels na performance do método proposto, o método SLIC (Seção 3.3) foi executado para sete quantidades: 676, 900, 1156, 1444, 1764, 2116 e 2500 superpixels. Os tempos de execução de cada caso são mostrados na Figura 5.9, na qual cada linha do gráfico representa uma das imagens descritas na Tabela 5.5. Os valores correspondem à média dos tempos obtidos em cinco execuções do método.

Analisando-se o gráfico na Figura 5.9, nota-se que, conforme afirmam os autores em [Achant et al. 2012], a complexidade do método SLIC não depende da quantidade de superpixels utilizada, uma vez que o tempo de execução para cada imagem permaneceu praticamente

Figura 5.9: Tempo de execução do método SLIC em função da quantidade de superpixels.

constante conforme aumentou-se a quantidade de superpixels. O gráfico na Figura 5.10 sugere que a complexidade do método SLIC cresce linearmente com o número de pixels presentes na imagem, o que também está de acordo com o que é afirmado pelos seus autores em [Achanta et al. 2012]. Neste gráfico, cada ponto representa uma das imagens selecionadas segundo a ordem em que são descritas na Tabela 5.5, e o valor de tempo de execução atribuído para cada uma delas é a média dos valores apresentados na Figura 5.9.

Figura 5.10: Tempo médio de execução do método SLIC em função do número de pixels presentes na imagem.

Em seguida, os desempenhos das duas versões do método proposto, a que utiliza crescimento de região e a que utiliza particionamento de grafo, foram avaliadas. Na Figura 5.11 é apresentado o gráfico com o tempo de execução do método VBSeg/Crescimento de Região comparado com o tempo de execução do método de crescimento de região puro. Mediu-se o tempo, em função do número de pixels na imagem, de ambos os métodos executados sobre as cinco imagens selecionadas para o teste (Tabela 5.5), sendo o método proposto executado para três quantidades de superpixels: 676, 1444 e 2500. Os valores mostrados no gráfico correspondem à média dos valores obtidos em cinco execuções e novamente cada ponto representa uma das imagens da Tabela 5.5, seguindo a mesma ordem na qual elas são apresentadas na tabela.

Figura 5.11: Comparação do tempo médio de execução em função do número de pixels presentes na imagem entre os métodos VBSeg/Crescimento de Região e Crescimento de Região puro.

Nota-se na Figura 5.11 que o método proposto foi mais rápido que o método de crescimento de região puro para as três quantidades de superpixels testadas e que a diferença entre eles cresce com o aumento do número de pixels na imagem, atingindo 35% em imagens de 1.4 Mpixels. Também é possível verificar que o tempo de processamento aumenta com a quantidade de superpixels e isso se deve ao fato de que, quanto maior o número de superpixels, mais comparações devem ser realizadas pelo algoritmo de crescimento de região. Contudo, os resultados sugerem um ganho em eficiência devido a utilização de superpixels na segmentação de corpos vertebrais em imagens de ressonância magnética de coluna utilizando algoritmos

de crescimento de região, com o método proposto chegando a ser até 80% mais rápido que o executado sobre todos os pixels.

A comparação entre o tempo de processamento do método VBSeg/Particionamento de Grafo e do método de particionamento de grafo executado sobre todos os pixels é apresentada no gráfico da Figura 5.12. Novamente, ambos os métodos foram executados sobre as cinco imagens selecionadas para os testes de eficiência (Tabela 5.5), e o método proposto foi executado para três quantidades de superpixels: 676, 1444, 2500. Cada ponto no gráfico representa uma das imagens selecionadas segundo a ordem em que elas são descritas na Tabela 5.5. Para cada caso foram realizadas cinco execuções e os valores apresentados na Figura 5.12 correspondem à média dos tempos de processamento obtidos.

Figura 5.12: (a) Comparação do tempo médio de execução em função do número de pixels presentes na imagem entre os métodos VBSeg/Particionamento de Grafo e Particionamento de Grafo puro. No gráfico em (b), os tempos de execução do método VBSeg são mostrados em zoom-in.

Conforme pode ser visto na Figura 5.12, o uso de superpixels aumenta a eficiência da técnica de particionamento de grafo utilizada. Conforme o número de pixels da imagem analisada aumenta, maior é a diferença de tempo de processamento entre ambos os métodos, com o método proposto chegando a ser mais de 1000 vezes mais rápido que o método de particionamento de grafo puro quando aplicados sobre a imagem RM_P11.tif, com 1.4 Mpxels. Para a imagem RM_P45.tif, com 0.4 Mpxels, o método VBSeg foi aproximadamente 219 vezes mais rápido.

5.9 Comparação com a Literatura

Nesta seção é apresentado um experimento realizado para comparar o método VBSeg com o método Watershed. Trata-se de um método bastante difundido na área de segmentação de imagens e por isso foi o escolhido para esse experimento. Uma breve descrição de seu funcionamento é apresentada na Seção 2.1. Foi utilizada a implementação do método Watershed fornecida pela ferramenta de desenvolvimento MatLab¹ (Matrix Laboratory). Para a comparação, apenas a versão do método VBSeg que utiliza crescimento de região foi considerada. Nenhuma análise de tempo de processamento foi realizada nesse experimento devido à diferença entre as linguagens de desenvolvimento dos métodos.

Para este experimento foram selecionadas 10 imagens da base do trabalho, e calculou-se o coeficiente de Jaccard das segmentações obtidas pelo método Watershed para cada um dos corpos vertebrais dessas imagens. Conforme será apresentado nos resultados, é importante informar que este método não foi capaz de segmentar todos os corpos vertebrais de interesse. Dos 50 corpos presentes nesse conjunto de imagens, o método confundiu 22 deles com o fundo da imagem, conforme pode ser visto na Figura 5.13. Nota-se que o método Watershed não conseguiu segmentar os corpos vertebrais L1, L2 e L5 na imagem RM_P1.tif, e os corpos vertebrais L2 e L4 na imagem RM_P61.tif.

Um gráfico comparando os valores de coeficiente de Jaccard das segmentações de ambos os métodos é apresentado na Figura 5.14. Assim como nos outros experimentos, os valores de Jaccard foram obtidos em comparação com o padrão ouro. Na legenda dos corpos vertebrais apresentados no gráfico, o rótulo de cada corpo indica a imagem e o corpo vertebral analisado, ou seja, o rótulo P1-L3 representa o corpo vertebral L3 da imagem RM_P1.tif. Foi atribuído o valor zero para o coeficiente de Jaccard dos corpos vertebrais que o método Watershed não conseguiu segmentar. Nota-se no gráfico da Figura 5.14 que, considerando apenas os 28 corpos que ambos os métodos foram capazes de segmentar, os resultados são muito parecidos, com coeficientes de Jaccard médio de 0:91 para o método VBSeg/Crescimento de Região e 0:90 para o método Watershed. Contudo, o fato do método Watershed não segmentar 44% dos corpos vertebrais analisados, enquanto que o método VBSeg segmentou 100%, indica uma grande vantagem do método desenvolvido neste trabalho.

5.10 Considerações Finais

Neste capítulo foram apresentados os resultados dos experimentos realizados para avaliar a qualidade e o tempo de processamento das duas versões do método VBSeg proposto comparadas com métodos de segmentação de imagens executados sobre todos os pixels. Os resultados mostraram que o uso de superpixels na versão do método VBSeg que utiliza crescimento de re-

¹A documentação do MatLab pode ser encontrada em <http://www.mathworks.com/help/matlab/index.html>.

Figura 5.13: Comparação entre as segmentações dos corpos vertebrais obtidas pelos métodos VBSeg/Crescimento de Região (esquerda) e Watershed (direita).

gião melhora a qualidade da segmentação quando comparado com o método de crescimento de região que utiliza todos os pixels, além de diminuir o tempo de processamento. Já para a versão que utiliza particionamento de grafo, o uso de superpixels não trouxe ganhos significativos de qualidade na segmentação, quando comparado com o particionamento de grafo executado sobre todos os pixels, porém possibilitou grande redução no tempo de processamento.

Os experimentos também mostraram que ambas as versões do método desenvolvido produzem segmentações de qualidade equivalente entre si, e possuem tempos de execução muito parecidos, sendo que a versão que utiliza crescimento de região é um pouco mais eficiente para imagens com maior número de pixels.

Figura 5.14: Gráfico comparando as segmentações dos corpos vertebrais obtidas pelos métodos VBSeg/Crescimento de Região (azul) e Watershed (vermelho).

Além disso, evidenciou-se neste capítulo que apesar de ser semi-automático, o método VBSeg é levemente dependente do quanto o usuário sabe sobre o assunto, indicando que mesmo iniciantes na área podem indicar sementes apropriadas para efetuar a segmentação das imagens.

Este trabalho visa mostrar que é possível ter uma segmentação semi-automática com resultados promissores, que poderá ser pós-processada e refinada com a participação de um radiologista experiente. Porém, ter em mãos uma imagem pré-segmentada facilita e agiliza o trabalho do especialista humano.

Conclusões

O objetivo deste trabalho foi o desenvolvimento de um método semi automático de segmentação de corpos vertebrais da região lombar em imagens de ressonância magnética de músculo esquelético (ou coluna, em linguagem leiga), utilizando superpixels para aumentar a eficiência de algoritmos de segmentação de imagens já existentes, sem prejudicar a qualidade de tal segmentação. Para endereçar o objetivo mencionado anteriormente, desenvolveu-se o método VBSeg em duas versões: crescimento de região e particionamento de grafo. Ambas as versões adaptam algoritmos de segmentação de imagens para executarem sobre uma nova representação destas, a qual é obtida pelo cálculo de superpixels utilizando o método SLIC. Os experimentos realizados evidenciaram que o uso de superpixels melhora a eficiência de métodos de segmentação de imagens, mantendo ou aprimorando a qualidade dos resultados. No caso do crescimento de região o método proposto melhorou os resultados em 18% sendo, na média, 38% mais rápido. Já no caso do particionamento de grafo, a qualidade da segmentação foi praticamente a mesma, mas o método proposto chega a ser 1000 vezes mais rápido para a imagem da base que possui maior número de pixels.

Além disso, o método VBSeg apresentou resultados comparáveis ao método Watershed, um método bastante estabelecido na área de segmentação de imagens. Contudo, o método VBSeg segmentou 100% dos corpos vertebrais das imagens analisadas, enquanto que o método Watershed deixou de segmentar 44% dos corpos. O método mostrou também ter baixa dependência do nível de especialidade do usuário, não sendo necessário, portanto, ser um especialista em radiologia para poder utilizá-lo.

6.1 Contribuições

O trabalho realizado tem como principal contribuição o método VBSeg, que pode ser utilizado para a segmentação semiautomática de corpos vertebrais em imagens de ressonância magnética de coluna. Pesquisadores e médicos especialistas podem se beneficiar do método, uma vez que este se mostra uma boa opção à segmentação manual, que é uma tarefa demorada e cansativa. O método VBSeg produz em segundos segmentações que levariam algumas dezenas de minutos para serem feitas manualmente, economizando ao usuário tempo e carga de trabalho que poderiam ser utilizados em outros aspectos de suas pesquisas. As segmentações feitas pelo VBSeg podem ser utilizadas como uma aproximação das estruturas segmentadas, permitindo que o especialista humano trabalhe de modo mais refinado em regiões menores da imagem.

Além disso, as segmentações obtidas pelo VBSeg podem apoiar algoritmos de classificação, que poderiam ser utilizados para classificar corpos vertebrais em fraturas benignas e malignas, por exemplo.

De maneira específica, pode-se dizer que o método VBSeg foi projetado para contribuir com as pesquisas do Centro de Ciências da Imagem e Física Médica, da Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto (USP), cujos pesquisadores deram grande auxílio na sua elaboração, execução e validação. O método proposto poderá ser aproveitado por eles em pesquisas que utilizam a segmentação de corpos vertebrais lombares para a extração de características e classificação, visando o desenvolvimento de métodos de auxílio ao diagnóstico de patologias. A partir das imagens segmentadas, pode-se extrair características das imagens de modo a apoiar o processamento de consultas por similaridade e recuperação de imagens baseada em seu conteúdo.

O trabalho contribui também com o Grupo de Bases de Dados e Imagens (GBDI) do Instituto de Ciências Matemáticas e de Computação (USP), aprimorando os conhecimentos do grupo nas áreas de processamento de imagens e de radiologia e diagnóstico por imagens. Os métodos desenvolvidos poderão ser utilizados em trabalhos sendo desenvolvidos ou futuros. Resultados parciais deste trabalho resultaram em um artigo [Barbieri et al. 2015] publicado e apresentado no CBMS 2015 (28th IEEE International Symposium on Computer-Based Medical Systems).

6.2 Limitações

A principal limitação do trabalho desenvolvido, como evidenciado nos resultados apresentados no Capítulo 5, é o fato do método proposto utilizar apenas características de cor das imagens. Contudo, devido ao objetivo do trabalho, que era comprovar a eficácia do uso de superpixels em técnicas de segmentação de imagens, decidiu-se postergar a investigação de outros tipos de características no momento, devido ao prazo de finalização do curso de Mestrado.

Outra limitação está no fato de que apenas a segmentação em corpos vertebrais em imagens de ressonância magnética foi testada. Aplicar o método proposto para segmentar outras áreas

do corpo e/ou outros tipos de imagens poderia mostrar uma capacidade mais abrangente do método.

Por fim, a validação do trabalho foi limitada pela falta de material para compará-lo com técnicas de segmentação de corpos vertebrais consideradas estado da arte. As solicitações de bases de imagens utilizadas em outros trabalhos e suas respectivas implementações, para comparação com o método proposto, terminaram em recusa, devido a proibição de suas respectivas universidades, ou sem respostas.

6.3 Trabalhos Futuros

O trabalho desenvolvido possui diversas oportunidades de trabalhos futuros. A principal delas é o estudo de outras características da imagem, como textura, em conjunto com a cor. Tal estudo tem potencial para aprimorar a qualidade do método proposto, especialmente para os corpos vertebrais com fraturas malignas.

Outro estudo que pode ser feito é a aplicação do método VBSeg em outros domínios de imagem. Nenhuma característica do seu desenvolvimento indica limitações em ressonâncias magnéticas de outras partes do corpo humano, ou mesmo em imagens não médicas.

Pode-se também investigar algoritmos de classificação utilizando as segmentações obtidas pelo VBSeg. Acredita-se que os resultados obtidos em classificadores utilizando os resultados do VBSeg sejam comparáveis aos resultados utilizando-se o padrão ouro.

Além disso, pode-se pesquisar a possibilidade de remover totalmente a interação humana do método. Um método VBSeg automático poderia ser usado em exames médicos para detecção de corpos vertebrais com fratura. Como o método consegue boa segmentação das vértebras normais, bastaria uma técnica de detecção de forma aplicada sobre a segmentação resultante para encontrar os corpos vertebrais com segmentações irregulares.

Referências

- [Achanta 2011]ACHANTA, R. Finding Objects of Interest in Images using Saliency and Superpixels. Tese (Doutorado) — IC, Lausanne, 2011.
- [Achanta et al. 2012]ACHANTA, R. et al. SLIC superpixels compared to state-of-the-art superpixel methods. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2012. v. 34, n. 11, p. 2274–2281, 2012.
- [Antani, Long e G.Thoma 2008]ANTANI, S.; LONG, R.; G.THOMA. Bridging the gap: Enabling cbir in medical applications. In: Proceedings of 21st IEEE International Symposium on Computer-Based Medical Systems, 2008. CBMS '08. [S.l.: s.n.], 2008. p. 4–6. ISSN 1063-7125.
- [Azevedo-Marques e Rangayyan 2013]AZEVEDO-MARQUES, P. M.; RANGAYYAN, R. M. Content-based Retrieval of Medical Images: Landmarking, Indexing, and Relevance Feedback. 1. ed. [S.l.]: Morgan and Claypool Publishers, 2013. 143 p.
- [Ballard 1981]BALLARD, D. Generalizing the hough transform to detect arbitrary shapes. Pattern Recognition, 1981. v. 13, n. 2, p. 111 – 122, 1981. ISSN 0031-3203. Disponível em: < <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/0031320381900091> > .
- [Barbieri et al. 2015]BARBIERI, P. D. et al. Vertebral body segmentation of spine mr images using superpixels. In: Computer-Based Medical Systems (CBMS), 2015 IEEE 28th International Symposium on. [S.l.: s.n.], 2015. p. 44–49.
- [Boykov e Kolmogorov 2004]BOYKOV, Y.; KOLMOGOROV, V. An experimental comparison of min-cut/max-flow algorithms for energy minimization in vision. Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on, 2004. v. 26, n. 9, p. 1124–1137, Sept 2004. ISSN 0162-8828.

- [Canny 1986]CANNY, J. A computational approach to edge detection. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, 1986. PAMI-8, n. 6, p. 679–698, Nov 1986. ISSN 0162-8828.
- [Cigla e Alatan 2010]CIGLA, C.; ALATAN, a. A. Efficient graph-based image segmentation via speeded-up turbo pixels. *2010 IEEE International Conference on Image Processing*, 2010. Ieee, p. 3013–3016, set. 2010.
- [Comaniciu e Meer 2002]COMANICIU, D.; MEER, P. Mean shift: a robust approach toward feature space analysis. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, 2002. v. 24, n. 5, p. 603–619, May 2002. ISSN 0162-8828.
- [Cour, Benezit e Shi 2005]COUR, T.; BENEZIT, F.; SHI, J. Spectral segmentation with multiscale graph decomposition. In: *Computer Vision and Pattern Recognition, 2005. CVPR 2005. IEEE Computer Society Conference on*. [S.l.: s.n.], 2005. v. 2, p. 1124–1131 vol. 2. ISSN 1063-6919.
- [Dice 1945]DICE, L. R. Measures of the amount of ecologic association between species. *Ecology*, 1945. Ecological Society of America, v. 26, n. 3, p. 297–302, 1945. ISSN 00129658. Disponível em: < <http://www.jstor.org/stable/1932409>> .
- [Egger et al. 2012]EGGER, J. et al. Square-cut: A segmentation algorithm on the basis of a rectangle shape. *PLoS ONE*, 2012. Public Library of Science, v. 7, n. 2, p. e31064, 02 2012. Disponível em: < <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0031064>> .
- [Felzenszwalb e Huttenlocher 2004]FELZENSZWALB, P.; HUTTENLOCHER, D. Efficient graph-based image segmentation. *International Journal on Computer Vision*, 2004. Kluwer Academic Publishers, Hingham, MA, USA, v. 59, n. 2, p. 167–181, September 2004. ISSN 0920-5691.
- [Fischler e Bolles 1981]FISCHLER, M. A.; BOLLES, R. C. Random sample consensus: A paradigm for model fitting with applications to image analysis and automated cartography. *Commun. ACM*, 1981. ACM, New York, NY, USA, v. 24, n. 6, p. 381–395, jun. 1981. ISSN 0001-0782. Disponível em: < <http://doi.acm.org/10.1145/358669.358692>> .
- [Frighetto-Pereira et al. 2015]FRIGHETTO-PEREIRA, L. et al. Semiautomatic classification of benign versus malignant vertebral compression fractures using texture and gray-level features in magnetic resonance images. In: *Computer-Based Medical Systems (CBMS), 2015 IEEE 28th International Symposium on*. [S.l.: s.n.], 2015. p. 88–92.
- [Fulkerson, Vedaldi e Soatto 2009]FULKERSON, B.; VEDALDI, A.; SOATTO, S. Class segmentation and object localization with superpixel neighborhoods. In: *Computer Vision, 2009 IEEE 12th International Conference on*. [S.l.: s.n.], 2009. p. 670–677. ISSN 1550-5499.

- [Gonzalez e Woods 2006] GONZALEZ, R. C.; WOODS, R. E. Digital Image Processing (3rd Edition). Upper Saddle River, NJ, USA: Prentice-Hall, Inc., 2006. ISBN 013168728X.
- [Haralick e Shapiro 1985] HARALICK, R. M.; SHAPIRO, L. G. Image Segmentation Techniques. 1985. 2-9 p. Disponível em: < <http://dx.doi.org/10.1117/12.948400> > .
- [Heimann e Meinzer 2009] HEIMANN, T.; MEINZER, H.-P. Statistical shape models for 3D medical image segmentation: A review. Medical Image Analysis, 2009. Elsevier, v. 13, n. 4, p. 543–563, out. 2009. Disponível em: < <http://dx.doi.org/10.1016/j.media.2009.05.004> > .
- [Huang et al. 2009] HUANG, S.-H. et al. Learning-based vertebra detection and iterative normalized-cut segmentation for spinal mri. Medical Imaging, IEEE Transactions on, 2009. v. 28, n. 10, p. 1595–1605, Oct 2009. ISSN 0278-0062.
- [Huang, Wu e Lai 2006] HUANG, S.-H.; WU, Q.-J.; LAI, S.-H. Improved adaboost-based image retrieval with relevance feedback via paired feature learning. Multimedia Systems, 2006. Springer-Verlag, v. 12, n. 1, p. 14–26, 2006. ISSN 0942-4962. Disponível em: < <http://dx.doi.org/10.1007/s00530-006-0028-y> > .
- [Jaccard 1912] JACCARD, P. The distribution of the flora in the alpine zone.1. New Phytologist, 1912. Blackwell Publishing Ltd, v. 11, n. 2, p. 37–50, 1912. ISSN 1469-8137. Disponível em: < <http://dx.doi.org/10.1111/j.1469-8137.1912.tb05611.x> > .
- [Kim e Kim 2009] KIM, Y.; KIM, D. A fully automatic vertebra segmentation method using 3D deformable fences. Computerized Medical Imaging and Graphics, 2009. Elsevier, v. 33, n. 5, p. 343–352, out. 2009. Disponível em: < <http://dx.doi.org/10.1016/j.compmedimag.2009.02.006> > .
- [Klinder et al. 2009] KLINDER, T. et al. Automated model-based vertebra detection, identification, and segmentation in CT images. Medical Image Analysis, 2009. Elsevier, v. 13, n. 3, p. 471–482, out. 2009. Disponível em: < <http://dx.doi.org/10.1016/j.media.2009.02.004> > .
- [Law e Siu 2002] LAW, N.-F.; SIU, W.-C. An efficient computational scheme for the two-dimensional overcomplete wavelet transform. Signal Processing, IEEE Transactions on, 2002. v. 50, n. 11, p. 2806–2819, Nov 2002. ISSN 1053-587X.
- [Levinshtein et al. 2009] LEVINSHTEIN, A. et al. Turbopixels: Fast superpixels using geometric flows. Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on, 2009. v. 31, n. 12, p. 2290–2297, 2009. ISSN 0162-8828.
- [Moore et al. 2008] MOORE, A. et al. Superpixel lattices. In: Computer Vision and Pattern Recognition, 2008. CVPR 2008. IEEE Conference on. [S.l.: s.n.], 2008. p. 1–8. ISSN 1063-6919.

- [Navon, Miller e Averbuch 2005] NAVON, E.; MILLER, O.; AVERBUCH, A. Color image segmentation based on adaptive local thresholds. *Image and Vision Computing*, 2005. v. 23, n. 1, p. 69 – 85, 2005. ISSN 0262-8856. Disponível em: < <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0262885604001891> > .
- [Neubert et al. 2012] NEUBERT, A. et al. Automated detection, 3d segmentation and analysis of high resolution spine mr images using statistical shape models. *Physics in Medicine and Biology*, 2012. v. 57, n. 24, p. 8357, 2012. Disponível em: < <http://stacks.iop.org/0031-9155/57/i=24/a=8357> > .
- [Peng et al. 2005] PENG, Z. et al. Automated vertebra detection and segmentation from the whole spine mr images. In: *Engineering in Medicine and Biology Society, 2005. IEEE-EMBS 2005. 27th Annual International Conference of the*. [S.l.: s.n.], 2005. p. 2527–2530.
- [Perona e Malik 1990] PERONA, P.; MALIK, J. Scale-space and edge detection using anisotropic diffusion. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, 1990. v. 12, n. 7, p. 629–639, Jul 1990. ISSN 0162-8828.
- [Peters et al. 2008] PETERS, J. et al. Segmentation of the heart and major vascular structures in cardiovascular CT images. 2008. 691417-691417-12 p. Disponível em: < <http://dx.doi.org/10.1117/12.768494> > .
- [Rangayyan 2005] RANGAYYAN, R. M. *Biomedical Image Analysis*. [S.l.]: CRC Press, 2005. (The Biomedical Engineering Series).
- [Rasoulilian, Rohling e Abolmaesumi 2013] RASOULIAN, A.; ROHLING, R.; ABOLMAESUMI, P. Lumbar spine segmentation using a statistical multi-vertebrae anatomical shape+pose model. *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, 2013. v. 32, n. 10, p. 1890–1900, Oct 2013. ISSN 0278-0062.
- [Ren e Malik 2003] REN, X.; MALIK, J. Learning a classification model for segmentation. In: *Computer Vision, 2003. Proceedings. Ninth IEEE International Conference on*. [S.l.: s.n.], 2003. p. 10–17 vol.1.
- [Semelka et al. 2007] SEMELKA, R. C. et al. Imaging strategies to reduce the risk of radiation in ct studies, including selective substitution with mri. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, 2007. Wiley Subscription Services, Inc., A Wiley Company, v. 25, n. 5, p. 900–909, 2007. ISSN 1522-2586. Disponível em: < <http://dx.doi.org/10.1002/jmri.20895> > .
- [Shi e Malik 2000] SHI, J.; MALIK, J. Normalized cuts and image segmentation. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, 2000. v. 22, n. 8, p. 888–905, 2000. ISSN 0162-8828.

- [Siddiqi et al. 2002]SIDDIQI, K. et al. Hamilton-jacobi skeletons. International Journal of Computer Vision, 2002. Kluwer Academic Publishers, v. 48, n. 3, p. 215–231, 2002. ISSN 0920-5691.
- [Siva e Wong 2014]SIVA, P.; WONG, A. Grid seams: A fast superpixel algorithm for real-time applications. In: Computer and Robot Vision (CRV), 2014 Canadian Conference on. [S.l.: s.n.], 2014. p. 127–134.
- [Suzani et al. 2014]SUZANI, A. et al. Semi-automatic segmentation of vertebral bodies in volumetric MR images using a statistical shape+ pose model. 2014. 90360P-90360P-6 p. Disponível em: < <http://dx.doi.org/10.1117/12.2043847>> .
- [Urquhart 1982]URQUHART, R. Graph theoretical clustering based on limited neighbourhood sets. Pattern Recognition, 1982. v. 15, n. 3, p. 173 – 187, 1982. ISSN 0031-3203. Disponível em: < <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/0031320382900693>> .
- [Vedaldi e Soatto 2008]VEDALDI, A.; SOATTO, S. Quick shift and kernel methods for mode seeking. In: FORSYTH, D.; TORR, P.; ZISSERMAN, A. (Ed.). Computer Vision – ECCV 2008. Springer Berlin Heidelberg, 2008, (Lecture Notes in Computer Science, v. 5305). p. 705–718. ISBN 978-3-540-88692-1. Disponível em: < http://dx.doi.org/10.1007/978-3-540-88693-8_52> .
- [Vincent e Soille 1991]VINCENT, L.; SOILLE, P. Watersheds in digital spaces: an efficient algorithm based on immersion simulations. Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on, 1991. v. 13, n. 6, p. 583–598, Jun 1991. ISSN 0162-8828.
- [Vrtovec, Likar e Pernu 2005]VRTOVEC, T.; LIKAR, B.; PERNU, F. Automated curved planar reformation of 3d spine images. Physics in Medicine and Biology, 2005. v. 50, n. 19, p. 4527, 2005. Disponível em: < <http://stacks.iop.org/0031-9155/50/i=19/a=007>> .
- [Vrtovec et al. 2007]VRTOVEC, T. et al. Automated generation of curved planar reformations from mr images of the spine. Physics in Medicine and Biology, 2007. v. 52, n. 10, p. 2865, 2007. Disponível em: < <http://stacks.iop.org/0031-9155/52/i=10/a=015>> .
- [Weese et al. 2001]WEESE, J. et al. Shape constrained deformable models for 3d medical image segmentation. In: INSANA, M.; LEAHY, R. (Ed.). Information Processing in Medical Imaging. Springer Berlin Heidelberg, 2001, (Lecture Notes in Computer Science, v. 2082). p. 380–387. ISBN 978-3-540-42245-7. Disponível em: < http://dx.doi.org/10.1007/3-540-45729-1_38> .
- [Welter et al. 2012]WELTER, P. et al. Generic integration of content-based image retrieval in computer-aided diagnosis. Computer Methods and Programs in Biomedicine, 2012. v. 108, n. 2, p. 589–599, November 2012.

- [Zahn 1971]ZAHN, C. Graph-theoretical methods for detecting and describing gestalt clusters. Computers, IEEE Transactions on, 1971. C-20, n. 1, p. 68–86, 1971. ISSN 0018-9340.
- [Zheng et al. 2013]ZHENG, Q. et al. Adaptive segmentation of vertebral bodies from sagittal mr images based on local spatial information and gaussian weighted chi-square distance. Journal of digital imaging, 2013. v. 26, n. 3, p. 578–93, 2013. ISSN 1618-727X.