UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
Instituto de Ciências Matemáticas de São Carlos
Departamento de Ciências de Computação e Estatística

**Interpolação de Imagens Tomográficas
através de *Matching***

Afonso Henrique Miranda de Almeida Prado

Orientação: Profa. Dra. Agma Juci Machado Traina

Dissertação apresentada ao Instituto de Ciências Matemáticas de São Carlos, Universidade de São Paulo, como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Ciências - Área: Ciências de Computação e Matemática Computacional.

São Carlos, novembro de 1996

*Dedico este trabalho aos meus pais
que sempre me apoiaram e estiveram
presentes em todos os passos de minha vida.*

Agradecimentos

À Agma, pela orientação, apoio e incentivo.

Ao Castelo, pelas idéias e pela colaboração.

Às professoras Maria Carolina e Renata, do ICMSC-USP, pelo apoio e pela confiança.

Ao Dr. Herman, da Universidade da Pensilvânia, que muito contribuiu com a apresentação a outros expoentes da área de Processamento de Imagens Médicas.

Ao Dr. Udupa, também da Universidade da Pensilvânia, pela atenção e pronto atendimento a todas as minhas solicitações, contribuindo de maneira essencial com a bibliografia e com os dados para análises.

Ao Prof. Sérgio Furuie, do INCOR, que também contribuiu de maneira fundamental através do fornecimento de dados para análises.

A todo pessoal do ICMSC-USP que, de uma maneira ou de outra, colaborou durante o desenvolvimento deste trabalho.

Aos amigos do IPMet-UNESP, em especial ao Ernesto e ao Shige, pelo incentivo e pela decisiva colaboração.

Ao Sérgio Hiroshi e à Jaqueline, companheiros de disciplinas e de viagens.

Ao meu pai e minha mãe, sempre presentes em todos os passos de minha vida.

A minha avó Hermantina, pelo permanente apoio e incentivo e pelo exemplo de vida e sabedoria.

Aos meus irmãos e minhas cunhadas, pela amizade e momentos de descontração.

A minha prima Cláudia, não somente pelo incentivo, como pela essencial ajuda com a bibliografia nos momentos mais decisivos.

A toda minha família.

À Raquel em especial, pela compreensão e constante presença e pelo fundamental apoio no momentos mais difíceis.

Ao meu Senhor, fonte eterna de infinita esperança.

Resumo

A Interpolação de Imagens Tomográficas é usada durante o processo de formação de volume 3D a partir de determinado conjunto de imagens tomográficas adquiridas, processo chamado de Reconstrução 3D, tendo por objetivo a reconstrução de um volume de dados de resoluções isotrópicas.

Os métodos tradicionalmente usados para tal interpolação fornecem resultados satisfatórios somente para conjuntos cujas imagens tomográficas possuam espaçamento pequeno entre si, falhando completamente na recuperação das formas de estruturas 3D quando o espaçamento entre as imagens é consideravelmente grande.

O objetivo deste trabalho foi o estudo de métodos alternativos de interpolação de imagens tomográficas para reconstrução 3D a partir de conjuntos de imagens com grande espaçamento, buscando a definição de um método mais adequado para interpolação nessa situação.

Definido o Método de Interpolação de Imagens Tomográficas através de *Matching* como método alternativo, e propostas alterações no processo de *matching* requerido, tal método foi implementado e analisado, chegando-se à conclusão de que o mesmo atinge plenamente o objetivo proposto para este trabalho.

Abstract

Tomographic Image Interpolation is used in the process of 3D volume generation from a given set of acquired tomographic images, the 3D Reconstruction process, whose purpose is to obtain a data volume of isotropic resolution.

The common methods for such interpolation provide satisfying results only for sets of tomographic images having small spacing between them, failing completely in the shape recovering of 3D structures when the spacing is considerably large.

The purpose of this work was the study of alternative methods of tomographic image interpolation for 3D reconstruction from sets of images having large spacing, looking for the definition of a more adequate method for interpolation in this situation.

Defined the Method of Tomographic Image Interpolation through Matching as alternative method, and proposed modifications in the required matching process, such method was implemented and analyzed, reaching the conclusion that this method achieves the established purpose of this work.

Índice

Capítulo 1 - Introdução

1.1 - Introdução ao Problema	1
1.2 - Motivação e Objetivos	2
1.3 - Descrição do Trabalho	2
1.4 - Organização da Dissertação	3

Capítulo 2 - Processamento 3D de Imagens Tomográficas e Reconstrução 3D

2.1 - Considerações Iniciais	5
2.2 - Processamento 3D de Imagens Tomográficas	6
2.2.1 - Conceitos Gerais	6
2.2.2 - Visualização de Estruturas 3D	7
2.2.3 - Manipulação e Análise de Estruturas 3D	9
2.2.4 - Reconstrução 3D	9
2.3 - Abordagens de Reconstrução 3D	10
2.4 - Considerações Finais	11

Capítulo 3 - Métodos de Interpolação de Imagens Tomográficas para Reconstrução 3D

3.1 - Considerações Iniciais	12
3.2 - Métodos Tradicionais	13
3.3 - Interpolação Baseada na Forma	17
3.3.1 - Interpolação Baseada na Forma para Imagens Binárias Segmentadas	18
3.3.2 - Interpolação Baseada na Forma para Imagens Originais de Densidades	20
3.4 - Interpolação Elástica Dinâmica	22
3.5 - Interpolação através de <i>Matching</i>	24
3.6 - Sumário dos Métodos de Interpolação Estudados	26
3.7 - Outros Métodos de Reconstrução 3D	27
3.8 - Definição de Método de Interpolação para Implementação	28
3.9 - Considerações Finais	29

Capítulo 4 - Interpolação de Imagens Tomográficas através de *Matching*

4.1 - Considerações Iniciais	30
4.2 - Visão Global do Método	30
4.3 - A Etapa de <i>Matching</i>	31
4.3.1 - <i>Matching</i> de Pontos de Alto Gradiente	32
4.3.2 - <i>Matching</i> de Pontos de Baixo Gradiente	35
4.3.2.1 - Triangulação de Delaunay	37
4.3.2.2 - Processo de Interpolação	39
4.3.2.3 - Processo de Extrapolação	39
4.3.3 - Parâmetros do Processo de <i>Matching</i>	43
4.4 - A Etapa de Interpolação	44

4.5 - Algoritmo	45
4.6 - Considerações Finais	47
Capítulo 5 - Análise do Método Implementado	
5.1 - Considerações Iniciais	49
5.2 - Descrição das Análises	49
5.2.1 - Análises Quantitativas	50
5.2.2 - Análises Qualitativas	51
5.3 - Descrição dos Dados Usados para Análises	52
5.4 - Calibração de Parâmetros	54
5.5 - Análises	56
5.5.1 - Dados de CT do MIPG (CT-MIPG)	56
5.5.2 - Dados de MRT do IFSC (MRT-IFSC)	77
5.5.3 - Dados de <i>Phantoms</i>	80
5.5.3.1 - <i>Phantom</i> de Estrutura Inclinada (<i>Phantom 1</i>)	81
5.5.3.2 - <i>Phantom</i> de Estrutura com Ramificação (<i>Phantom 2</i>)	86
5.6 - Medidas de Tempo de Processamento	92
5.7 - Conclusões sobre o Método Implementado	95
5.8 - Considerações Finais	96
Capítulo 6 - Conclusão	
6.1 - Conclusões Gerais	97
6.2 - Sugestões para Pesquisas Futuras	98
Anexo A - Triangulações e Interpolação	100
Bibliografia	123

Capítulo 1

Introdução

1.1 - Introdução ao Problema

A visualização de partes internas do corpo humano, “in vivo” e de forma não-invasiva, seja para estudo, diagnóstico ou planejamento cirúrgico, tem sido um desafio para a humanidade desde os primórdios da Medicina. A descoberta dos raios-X, que marcou o início da Radiologia, foi o primeiro grande passo a abrir caminho para vencer esse desafio histórico da Medicina. Posteriormente, outras modalidades de aquisição de imagens internas foram inventadas, as quais revolucionaram a Radiologia, deixando de produzir imagens correspondentes a projeções 2D de estruturas 3D, como ocorre com os raios-X, e partindo para técnicas de aquisição realmente 3D, como a Tomografia Computadorizada (CT - *Computerized Tomography*) e a Tomografia por Ressonância Magnética (MRT - *Magnetic Resonance Tomography*)¹, entre outras.

Estas mais recentes modalidades de aquisição permitem a obtenção de informações espaciais na forma de fatias de seções transversais, sendo que o processo de amostragem para aquisição retorna uma imagem representando cada fatia. Devido a fatores como cuidados com excesso de exposição à radiação, limitações de tempo de amostragem, custo de aquisição de imagens, ou até mesmo limitações físicas dos equipamentos de aquisição, geralmente a separação entre fatias amostradas é bem maior que a distância entre pixels vizinhos (nas dimensões x ou y) nas imagens correspondentemente definidas². Para facilitar e tornar mais eficiente todo o processamento 3D computacional necessário, e para tornar os dados tri-dimensionais mais representativos das estruturas de interesse para observação, é conveniente que o processo de formação do volume 3D a partir das imagens adquiridas, processo chamado de Reconstrução 3D, utilize-se de uma etapa de interpolação para geração de imagens intermediárias entre as originalmente obtidas, de forma a produzir um volume com a mesma resolução nas três dimensões (x , y e z), chamado de volume isotrópico. Esse processo computacional de formação de um volume 3D isotrópico a partir das imagens originais adquiridas, além das vantagens para todo processamento 3D necessário, ainda evita o processo tradicional de reconstrução mental do volume, processo muito executado, ainda hoje, pelos radiologistas.

Resumindo, no caso de imagens tomográficas, o processo de interpolação de imagens, tema do presente trabalho, ocorre durante a Reconstrução 3D a partir das imagens originais, com o objetivo de reconstruir um volume de dados de resoluções isotrópicas.

¹ A Tomografia Computadorizada (CT) é mais apropriada para a visualização de estruturas internas mais rígidas, como o crânio e os ossos. A Tomografia por Ressonância Magnética (MRT) oferece informações de alta qualidade sobre estruturas de tecidos moles, como o coração e o cérebro.

² A resolução horizontal (x , y) em imagens adquiridas por dispositivos de aquisição (*scanners*) de CT e MRT varia entre 0.7 mm e 1.4 mm, enquanto que a resolução na dimensão z (espaçamento entre as imagens adquiridas) tem valores típicos entre 1 mm e 15 mm [STYTZ-93].

1.2 - Motivação e Objetivos

No Instituto de Física de São Carlos (IFSC-USP) foi desenvolvido um tomógrafo de Ressonância Magnética [PANEPUCCI-85], tendo sido colocado oficialmente a serviço da comunidade em julho de 1992, e sendo o único em operação totalmente desenvolvido no Brasil. Motivado por tal empreendimento, o Grupo de Computação Gráfica e Processamento de Imagens do Instituto de Ciências Matemáticas de São Carlos (ICMSC-USP) iniciou o desenvolvimento de um Sistema para Reconstrução e Visualização Tridimensional de Imagens Tomográficas ([TRAINA-91] [BUENO-95]).

Atualmente, a etapa de Reconstrução 3D desse Sistema sendo desenvolvido no ICMSC-USP vem se utilizando de um processo de interpolação linear para geração de imagens intermediárias entre as originalmente obtidas, com o objetivo de reconstruir um volume de resoluções isotrópicas. Ocorre, entretanto, que a interpolação linear somente fornece resultados satisfatórios para imagens originais com pequeno espaçamento entre si e, devido principalmente a restrições físicas do tomógrafo de ressonância magnética (RM) do IFSC-USP, o mesmo retorna imagens com espaçamentos consideravelmente grandes³.

Dessa forma, o objetivo do presente trabalho compreende pesquisa e estudo de métodos alternativos de interpolação de imagens tomográficas para Reconstrução 3D volumétrica, dando-se ênfase a métodos que forneçam resultados razoáveis para reconstrução a partir de imagens com grande espaçamento. Além disso, a partir de análise das características dos métodos estudados, compreende ainda a definição de um método mais adequado para interpolação de imagens com grande espaçamento, como uma alternativa para o método de interpolação linear atualmente usado no referido Sistema para Reconstrução e Visualização Tridimensional, culminando com a implementação do método selecionado e comparação dos resultados fornecidos por este com aqueles fornecidos pelo método atualmente em uso.

É importante ressaltar que, apesar de motivado pelo desenvolvimento do tomógrafo de RM do IFSC-USP e pelo Sistema em desenvolvimento no ICMSC-USP, os métodos estudados neste trabalho não são específicos para tais sistemas de *hardware* e *software*, sendo aplicáveis à reconstrução 3D volumétrica a partir de qualquer conjunto de imagens tomográficas de CT e MRT. Ainda, o método implementado é conveniente em qualquer situação de imagens originais com grande espaçamento desde que, como se verá adiante, o espaçamento não seja exageradamente grande a ponto de inviabilizar o processo de Reconstrução 3D.

1.3 - Descrição do Trabalho

Para satisfazer os objetivos deste trabalho, inicialmente foi feita uma revisão sobre a área de Processamento 3D de Imagens Tomográficas de uma forma geral (por exemplo, as referências clássicas [UDUPA-91] e [STYTZ-91]), localizando, dentro desta, o problema de Reconstrução 3D e de interpolação de imagens para tal fim. Localizado, dentro do contexto adequado, o problema específico a ser tratado, uma ampla pesquisa por métodos inovadores de interpolação de imagens tomográficas foi realizada, em especial procurando

³ Para os dados retornados pelo tomógrafo de RM do IFSC-USP, o espaçamento na dimensão z (espaçamento entre as imagens adquiridas) equivale a cerca de 8 a 10 vezes o espaçamento nas dimensões x e y (que definem a resolução das imagens adquiridas). Para a região da cabeça, por exemplo, fatores de 4 vezes ou mais já podem ser considerados razoavelmente grandes.

determinar métodos que atendessem às características desejáveis de geração de volume isotrópico a partir de imagens originais consideravelmente distanciadas (como é o caso, por exemplo, das imagens fornecidas pelo tomógrafo de RM do IFSC-USP) e preservação de toda informação volumétrica na cena reconstruída (característica básica do Sistema de Reconstrução e Visualização de Imagens Tomográficas sendo desenvolvido no ICMSC-USP).

Através de análise comparativa dos métodos estudados foi, então, definido um método com as características mais apropriadas para implementação, o qual se utiliza de uma etapa prévia de *matching* de imagens tomográficas como subsídio à interpolação das mesmas. Devido a motivos a serem expostos oportunamente, o método selecionado não foi implementado conforme proposto na literatura, mas sim com alterações significativas na etapa de *matching*, as quais se utilizam de Triangulações de Delaunay (ver anexo A).

Implementado o método selecionado, foram realizadas diversas análises comparando os resultados fornecidos pelo mesmo com aqueles fornecidos pelo método tradicional de interpolação linear. A comparação foi feita com tal método não somente por ser este o método tradicionalmente usado, como também por ser o método atualmente implementado no Sistema para Reconstrução e Visualização Tridimensional de Imagens Tomográficas do ICMSC-USP.

Para implementação foi utilizada linguagem C, tendo uma estação de trabalho *Alpha Digital* (modelo 3000/800) como plataforma computacional, a qual opera sob ambiente *UNIX* (sistema operacional *OSF/I*) e sistema *X-Window* (protocolo *Motif*).

1.4 - Organização da Dissertação

O texto da dissertação foi organizado da seguinte maneira:

- o Capítulo 2 faz uma revisão sobre Processamento 3D de Imagens Tomográficas, introduzindo e localizando o problema de Reconstrução 3D e classificando as diversas soluções em Abordagens de Reconstrução;
- o Capítulo 3 expõe os principais métodos estudados de interpolação de imagens tomográficas para Reconstrução 3D volumétrica e seleciona o método de Interpolação através de *Matching* como método mais adequado, dadas as características desejáveis, para implementação como método alternativo;
- o Capítulo 4 detalha o método selecionado, as alterações propostas para o mesmo e o seu algoritmo, além de informações adicionais sobre a sua implementação;
- o Capítulo 5 contém as análises do método implementado, ilustrando e comentando os resultados obtidos através de comparação com o método tradicional de interpolação linear;
- o Capítulo 6 apresenta as conclusões do presente trabalho, incluindo as contribuições fornecidas pelo mesmo e sugerindo direções para futuras pesquisas.

No final da dissertação encontra-se o anexo A, o qual trata de triangulações e sua utilização para interpolação no plano, por ser esta técnica utilizada na implementação do método selecionado.

É oportuno esclarecer que alguns termos usados durante a dissertação não são traduzidos para a Língua Portuguesa para evitar perda de sentido e por se tratarem de termos já consagrados na comunidade científica da área.

Capítulo 2

Processamento 3D de Imagens Tomográficas e Reconstrução 3D

2.1 - Considerações Iniciais

As modalidades mais recentes de aquisição de imagens tomográficas, como CT e MRT, fornecem capacidade para um tratamento 3D de imagens de estruturas internas do corpo humano, de forma que análises e medidas físicas sejam feitas usando o mesmo número de dimensões espaciais que a estrutura real, o que permite observações muito mais confiáveis. A possibilidade de visualização de estruturas 3D, tanto anatômicas ou morfológicas quanto funcionais, tem provado ser de extrema utilidade para diagnósticos e planejamento cirúrgico [PUN-94].

Estas modalidades (CT e MRT) permitem a obtenção de informações espaciais na forma de fatias de seções transversais, sendo que o processo de amostragem para aquisição retorna uma imagem representando cada fatia. O conjunto dessas imagens tomográficas adquiridas constitui-se num volume 3D que pode ser usado para todo um tratamento 3D, englobando desde visualização e análise de estruturas tri-dimensionais de interesse até manipulação interativa das mesmas para planejamento cirúrgico.

Devido a uma série de fatores já citados, o volume 3D formado pelo conjunto de imagens adquiridas não se constitui num volume de resoluções isotrópicas, uma vez que o espaçamento entre as imagens originais (dimensão z) é geralmente bem maior que a distância entre pixels vizinhos (dimensões x e y). Portanto, durante a Reconstrução 3D, é necessária uma etapa de interpolação de imagens para produzir um volume com a mesma resolução nas três dimensões (x , y e z). Dado que o elemento básico numa imagem (2D) é o *pixel* e o elemento básico num volume (3D) é o *voxel*, o objetivo dessa etapa de interpolação é a reconstrução de um volume com voxels cúbicos (de mesma resolução nas três dimensões), chamado de volume isotrópico¹.

Este capítulo tem como objetivo dar uma visão global sobre Processamento 3D de Imagens Tomográficas, localizando e introduzindo o problema de Reconstrução 3D. O próximo capítulo faz uma revisão dos principais métodos de interpolação de imagens tomográficas usados atualmente para a finalidade de Reconstrução 3D.

¹ Além do problema de falta de isotropismo dos dados adquiridos por CT e MRT, um outro problema de tais dados consiste no fato de que a resolução horizontal (x , y) dos dispositivos de aquisição (valores típicos entre 0.7 mm e 1.4 mm) é normalmente diferente da resolução horizontal dos dispositivos de visualização (valores típicos entre 0.25 mm e 0.32 mm). Esse problema é o motivo pelo qual imagens visualizadas freqüentemente não estão no tamanho real; no entanto, neste trabalho, o interesse não é a solução de tal tipo de problema, uma vez que o mesmo não interfere no isotropismo desejado.

2.2 - Processamento 3D de Imagens Tomográficas

2.2.1 - Conceitos Gerais

A área de Processamento 3D de Imagens Médicas começou a ser efetivamente pesquisada no início da década de 70 [GREENLEAF-70], sofrendo grande expansão somente com a utilização de imagens de tomografia, adquiridas por CT, MRT ou outras modalidades de aquisição².

Um exame de tomografia constitui-se tipicamente de uma seqüência de imagens adquiridas, cada uma correspondendo a uma particular fatia transversal da região de interesse do corpo humano, sendo que cada fatia possui uma determinada localização e uma determinada espessura de amostragem. O processo de amostragem executado pelos correspondentes dispositivos de aquisição (*scanners*) consiste em amostrar certas propriedades dos tecidos dentro de cada fatia definida e representar os valores coletados na forma de imagens digitais. Cada imagem é formada por uma malha de pixels, geralmente com a mesma resolução nas dimensões x e y . Considerando o volume de dados formado pela seqüência de fatias amostradas, a dimensão z estaria relacionada à localização das mesmas; como uma fatia possui espessura, a sua localização é adotada como sendo o centro da espessura de amostragem, que equivale à localização da correspondente imagem retornada pelo processo de aquisição. Tal volume é chamado de cena 3D ou, até mesmo, “imagem” 3D (ver figura 2.1).

Para a indexação dos voxels da cena 3D utiliza-se um sistema de coordenadas xyz que permite indexar cada voxel através de uma tripla de inteiros (i,j,k) , os quais definem sua localização dentro da cena, sendo que a coordenada k determina a particular imagem do conjunto de imagens e o par de coordenadas (i,j) , a localização dentro da imagem; ou seja, a coordenada k define a posição do voxel na dimensão z da cena 3D e o par de coordenadas (i,j) , a posição nas dimensões x e y .

Da mesma forma que pixels em imagens possuem uma determinada extensão, assim também ocorre com voxels em cenas 3D, os quais possuem determinado volume. Dependendo da espessura e da localização das fatias amostradas, as mesmas podem ou não ser contíguas, podendo até se sobrepor. No entanto, para manter a contigüidade da cena 3D, a extensão z dos voxels pode ser adotada de forma que voxels em fatias adjacentes sejam contíguos e sem sobreposição (ver ilustração de voxel na figura 2.1). Como o espaçamento entre fatias amostradas pode não ser uniforme³, voxels em diferentes fatias podem ter diferentes extensões na dimensão z , e, como o espaçamento entre as imagens correspondentes é usualmente maior que o tamanho do pixel em cada imagem, cada voxel constitui-se num pequeno cubóide, com extensão z maior que as extensões x e y . O valor associado com cada pixel de uma imagem, ou com cada voxel de uma cena 3D, é chamado de densidade ou intensidade e corresponde ao tom de cinza do pixel (ou voxel).

² Outras modalidades de aquisição bastante usadas são: ultra-som (US), *Positron Emission Tomography* (PET), *Single Photon Emission Computed Tomography* (SPECT) e *Digital Vascular Imaging* (DVI).

³ Pode ser desejável amostrar fatias com espaçamento não uniforme por uma série de razões. Por exemplo, num planejamento cirúrgico para restauração crânio-facial, se a localização da deformidade é a região dos olhos, é desejável adquirir informações mais detalhadas nessa região. Portanto, uma estratégia adequada seria amostrar fatias mais próximas nessa região e mais separadas nas demais regiões.

Figura 2.1: Conjunto de imagens correspondente a exame de tomografia, formando uma cena 3D. A figura ilustra espessura de fatia, localização de fatia (ou imagem) e espaçamento entre fatias (ou imagens). A figura também representa um voxel na 3ª fatia, ilustrando suas extensões (extensões x e y são definidas pelo pixel da imagem correspondente e extensão z é adotada de forma que o voxel seja contíguo aos voxels de mesma posição nas fatias adjacentes).

Processamento 3D de imagens tomográficas corresponde a todo o processamento da cena 3D resultante do conjunto de imagens adquiridas num exame de tomografia, que pode ser necessário não somente para visualização de estruturas médicas tri-dimensionais, como também para manipulação interativa e análise das mesmas. Portanto, não se restringe à visualização, mas se refere a todo um tratamento 3D de imagens de tomografia.

2.2.2 - Visualização de Estruturas 3D

Com relação à visualização, os dispositivos amplamente usados para tal fim, inclusive na área de Medicina, são dispositivos planos, bi-dimensionais (2D). Portanto, para a visualização de uma cena 3D recuperada pelo processo de aquisição, não sendo suficiente a visualização de imagens correspondentes a fatias isoladas, o processo envolve, inevitavelmente, uma grande redução de dados e, portanto, perda de informação [HERMAN-90]. Essa perda de informação é resultante do processo de projeção que se faz necessário durante o *rendering*, podendo tal tipo de visualização ser chamada de visualização projectiva. Sendo inevitável a perda de informação, a questão importante resume-se em como fazer o *rendering* de forma que informações clinicamente importantes

sejam retidas. Para isso, existem duas abordagens bastante difundidas: *Rendering* de Superfície e *Rendering* Volumétrico.

O grande objetivo da etapa de *rendering* na visualização projectiva é produzir uma imagem tão representativa quanto possível da estrutura 3D real de interesse para observação. Para tal finalidade, existem inúmeras técnicas [UDUPA-91], mas o que realmente interessa é que essas técnicas promovam, de alguma forma, uma compensação para a perda de informação resultante do processo de projeção, ou seja, essas técnicas devem ser tais que pelo menos uma ilusão de terceira dimensão permaneça na imagem visualizada.

No caso de *rendering* de superfície, o objetivo é a visualização das superfícies das estruturas relevantes para observação. Para tanto, faz-se necessária uma etapa inicial de pré-processamento na qual as superfícies de tais estruturas sejam explicitamente determinadas para, então, fazer o *rendering* propriamente dito numa segunda etapa. Existem várias técnicas utilizadas para a determinação de superfícies ([UDUPA-91] [STYTZ-91]), sendo que uma das mais usadas, chamada de *patching*, consiste em determinar contornos em imagens consecutivas (por exemplo, [SEITZ-83]) e, então, uni-los através de um conjunto de elementos geométricos (*patches*), aproximando assim as superfícies 3D; geralmente, tais elementos geométricos são triângulos. As técnicas mais usadas para o *rendering* das superfícies determinadas são a remoção de partes ocultas (*hidden-part removal*) e a tonalização das partes visíveis (*shading*). Com relação à remoção de partes ocultas, o procedimento mais utilizado tem sido a conhecida técnica de *z-buffer* [STYTZ-91].

Para o *rendering* volumétrico, a idéia é a visualização de todo o volume, usando efeitos de transparência. Nesse caso, antes da etapa de *rendering*, é necessária uma etapa de pré-processamento na qual sejam atribuídos graus de transparência a cada um dos voxels da cena; o *rendering* é então baseado numa combinação de densidades e graus de transparência de voxels. A etapa de atribuição de graus de transparência é bastante subjetiva, dependendo muito de conhecimentos clínicos e de quais estruturas da cena 3D deseja-se enfatizar e quais deseja-se esmaecer para efeito de visualização, havendo várias formas de implementação [UDUPA-91]. Com relação à etapa de *rendering* propriamente dita, o objetivo é a determinação da densidade a ser atribuída a cada pixel da tela. Portanto, um passo fundamental para a obtenção desse objetivo é a determinação do conjunto de voxels que contribuem para cada pixel, para, então, definir a densidade desse pixel através da combinação das densidades e graus de transparência dos voxels assim determinados. A determinação de tais voxels pode ser feita através de diversas técnicas, entre elas: projeção de voxels (*voxel projection* [FRIEDER-85] [FARREL-85]) e disparo de raios (*ray casting* [UPSON-88]). A combinação de densidades e graus de transparência é uma etapa relativamente complexa [UDUPA-91].

A controvérsia com relação a qual das duas abordagens de *rendering* para visualização projectiva é superior tem gerado discussões inflamadas [HERMAN-90]. O *rendering* de superfície exige somente o armazenamento de superfícies, as quais requerem uma área de armazenamento bem menor do que aquela necessária para o armazenamento de todo o volume; além disso, uma vez que o pré-processamento para determinação das superfícies esteja completo, o esforço computacional restante é tipicamente bem menor, sendo, portanto, um processo de visualização bem mais rápido. Por outro lado, o *rendering* volumétrico é uma abordagem mais geral, podendo, inclusive, simular os resultados produzidos pelo *rendering* de superfície. Em última análise, a abordagem mais adequada acaba dependendo do tipo de visualização que se deseja obter. É interessante lembrar,

entretanto, que há casos nos quais o *rendering* volumétrico é a única opção, uma vez que existem situações em que as informações médicas relevantes não podem ser adequadamente capturadas através de um conjunto de superfícies, como ocorre, por exemplo, na visualização de estruturas de um tumor difuso.

2.2.3 - Manipulação e Análise de Estruturas 3D

Para verdadeiramente explorar uma cena 3D, a disponibilidade de manipulação interativa torna-se essencial. A área de aplicação mais promissora no campo de manipulação interativa é a de planejamento cirúrgico, na qual procedimentos cirúrgicos completos podem ser simulados. O valor de tais procedimentos está no fato de que muitos aspectos do procedimento cirúrgico podem ser analisados e quantificados antes do procedimento cirúrgico real. Por exemplo, pode-se determinar previamente como atingir um tumor para biópsia, ou para remoção, com o mínimo dano a estruturas críticas. Do ponto de vista de implementação computacional, o grande desafio tem sido atingir os requisitos de velocidade de processamento necessários, uma vez que respostas interativas às solicitações do usuário são uma exigência imprescindível.

Com relação à análise de estruturas médicas tri-dimensionais, o objetivo é adquirir informações quantitativas sobre as estruturas. Usualmente, o resultado final é um parâmetro, como o volume de uma cavidade, o diâmetro de um vaso sanguíneo ou a densidade média de determinada região, por exemplo. Segundo Udupa [UDUPA-91], se o ponto forte da visualização é que o processo de decisão num diagnóstico é fortemente influenciado por aquilo que se vê, o ponto fraco é que ela representa somente o aspecto qualitativo dos dados. Portanto, uma análise quantitativa que descreva de forma mais concreta as formas biológicas e suas variações complementa adequadamente a visualização.

2.2.4 - Reconstrução 3D

Qualquer que seja o processamento 3D a ser feito, devido a razões como eficiência de processamento e precisão, é interessante trabalhar com volumes isotrópicos de dados, ou seja, volumes com a mesma resolução nas três dimensões. Conforme já foi esclarecido, devido a determinados fatores, como limitações físicas dos equipamentos de aquisição de imagens tomográficas e custo de aquisição das mesmas, geralmente a separação entre imagens adquiridas é bem maior que a distância entre pixels nas mesmas. Portanto, durante o processo de formação do volume 3D a partir do conjunto de imagens tomográficas adquiridas, processo chamado de Reconstrução 3D, é interessante a utilização de uma etapa de pré-processamento que implemente um processo de interpolação para geração de imagens intermediárias entre as imagens originalmente obtidas, com o objetivo de permitir que a Reconstrução 3D gere um volume de dados que seja isotrópico.

Assim, a etapa de interpolação de imagens ocorre durante a Reconstrução 3D, como uma etapa de pré-processamento, de forma que o volume reconstruído seja um volume de resoluções isotrópicas e, dessa forma, altamente conveniente para todo o processamento 3D que se faça necessário.

As mesmas técnicas de interpolação usadas para Reconstrução 3D podem também ser usadas quando uma quarta dimensão está presente, como numa sequência temporal de cenas 3D; normalmente, o número de instâncias temporais amostradas não é adequado para

produzir uma representação contínua e suave do movimento da cena (por exemplo, a pulsação de um coração) ou a amostragem temporal pode não ser uniforme. Assim, um processo de interpolação também se torna necessário para transformar uma seqüência temporal de cenas (volumes) numa seqüência igualmente espaçada de cenas e com o espaçamento desejado. Nesse caso, logicamente, não se fala em isotropismo da dimensão temporal em relação as outras três dimensões espaciais, uma vez que a unidade de medida temporal é diferente da unidade de medida espacial. No entanto, a preocupação desse trabalho é somente com interpolação de imagens tomográficas para Reconstrução 3D e, portanto, geração de volume isotrópico.

2.3 - Abordagens de Reconstrução 3D

Todas as referências feitas à Reconstrução 3D até o momento, referem-se a uma abordagem volumétrica de reconstrução, por ser esta a abordagem que faz uso de interpolação de imagens, tema do presente trabalho. No entanto, a literatura da área propõe uma certa gama de soluções para o problema de reconstrução 3D, as quais são usualmente classificadas em dois grupos: Reconstrução Volumétrica e Reconstrução por Superfícies.

Os métodos de Reconstrução Volumétrica, conforme já foi estabelecido, trabalham com todo um volume de dados e têm por objetivo a reconstrução de um volume isotrópico de dados através de um processo de interpolação das imagens originais. Por outro lado, métodos de Reconstrução por Superfícies trabalham tipicamente com contornos pré-extraídos de objetos de interesse nas imagens e têm a finalidade de reconstruir a superfície 3D desses objetos, não havendo, em princípio, preocupação com isotropismo de dados. Portanto, quando se fala de interpolação de imagens para Reconstrução 3D, refere-se, normalmente, à Reconstrução Volumétrica, uma vez que na Reconstrução por Superfícies não há, em princípio, preocupação com geração de imagens intermediárias.

Essas abordagens de reconstrução são usadas com objetivos bastante distintos para resolver diferentes tipos de problemas específicos. Com relação à visualização, por exemplo, quando se deseja uma visualização volumétrica através do uso de efeitos de transparência (*rendering* volumétrico), a única opção é a utilização de uma abordagem volumétrica para reconstrução. Caso o objetivo seja a visualização das superfícies dos objetos relevantes para observação, é muito mais interessante utilizar uma abordagem de superfície, com a finalidade de já reconstruir a superfície 3D de tais objetos; nesse último caso, poder-se-ia ainda utilizar algum método de reconstrução volumétrica, situação na qual as superfícies ainda teriam que ser determinadas a partir do volume reconstruído. Resumindo, a Reconstrução Volumétrica é uma abordagem mais geral, mas a Reconstrução por Superfícies é bem mais atrativa em diversas situações.

Entretanto, a Reconstrução Volumétrica, no verdadeiro sentido do termo, deveria não somente gerar um volume isotrópico de dados, como também preservar toda a informação volumétrica de densidades (tons de cinza) na cena 3D resultante. Ou seja, além da forma volumétrica presente no volume isotrópico reconstruído, deveria haver preocupação com o conteúdo volumétrico, o qual é representado pela densidade de cada voxel.

Existem alguns métodos de reconstrução propostos na literatura cujo objetivo é o de gerar um volume isotrópico de dados com os objetos de interesse já segmentados, isto é, reconstruir um volume isotrópico binário. Esses métodos têm sido classificados como reconstrução volumétrica, uma vez que é gerado um volume isotrópico ao invés de

superfícies 3D dos objetos de interesse. Porém, mesmo reconstruindo uma cena isotrópica, esses métodos falham em preservar o conteúdo volumétrico de densidades da cena. Portanto, apesar de serem normalmente classificados como abordagem volumétrica (e, realmente, não deixam de ser), podem-se fazer algumas observações interessantes. Primeiro, a partir do volume binário reconstruído, as superfícies estão prontamente disponíveis (por exemplo, através do conjunto de faces que separam voxels do objeto segmentado de voxels do fundo (métodos de *tracking*) ou através de técnicas de *patching* a partir dos contornos segmentados nas imagens), estando, no entanto, perdida a informação volumétrica de densidades da cena. Segundo, não sendo preservado o conteúdo volumétrico de densidades, o volume reconstruído pode ser usado para visualização por *rendering* de superfície, mas não para *rendering* volumétrico. Portanto, adotando uma nova nomenclatura, optou-se, neste trabalho, por classificar tais métodos como métodos de Reconstrução Pseudo-Volumétrica, uma abordagem híbrida que reconstrói um volume isotrópico de dados, no entanto, sem a preservação do conteúdo de densidades, e cujo objeto (segmentado) reconstruído só é passível de visualização de superfícies (*rendering* de superfície), tendo suas superfícies 3D prontamente disponíveis.

Em resumo, a nova classificação adotada para abordagens de Reconstrução 3D é constituída por três grupos: Reconstrução Volumétrica, Reconstrução Pseudo-Volumétrica e Reconstrução por Superfícies, sendo que a abordagem de reconstrução pseudo-volumétrica compreende todos os métodos que reconstroem um volume isotrópico binário de dados.

2.4 - Considerações Finais

O intuito deste capítulo foi fazer uma breve introdução sobre a área de Processamento 3D de Imagens Tomográficas, localizando, dentro desta, o problema de Reconstrução 3D.

Como foi visto, a área de Processamento 3D de Imagens Tomográficas envolve todo um tratamento 3D dessas imagens, o qual pode ser necessário não somente para visualização de estruturas médicas tri-dimensionais, como também para manipulação interativa e análise das mesmas. A reconstrução 3D é uma etapa de pré-processamento cujo objetivo é transformar os dados originalmente obtidos na forma de imagens de seções transversais em dados mais adequados para todo o processamento 3D necessário, normalmente através da reconstrução de volumes isotrópicos ou superfícies 3D dos objetos de interesse.

Com relação à Reconstrução 3D, foram definidos três grupos de abordagens: Reconstrução Volumétrica, Reconstrução Pseudo-Volumétrica e Reconstrução por Superfícies, sendo a reconstrução pseudo-volumétrica uma abordagem híbrida que reconstrói um volume isotrópico binário de dados.

Sendo interpolação de imagens tomográficas o tema deste trabalho, no próximo capítulo serão expostos os principais métodos de interpolação para Reconstrução 3D, ou seja, métodos para Reconstrução Volumétrica e Reconstrução Pseudo-Volumétrica.

Capítulo 3

Métodos de Interpolação de Imagens Tomográficas para Reconstrução 3D

3.1 - Considerações Iniciais

Conforme esclarecido no capítulo anterior, cenas 3D formadas pelo conjunto de imagens adquiridas num exame de tomografia não se constituem num volume isotrópico de dados. Não somente o espaçamento na dimensão z da cena é tipicamente bem maior do que nas dimensões x e y , como também o espaçamento nessa mesma dimensão z muitas vezes não é uniforme. Dessa forma, a utilização de uma etapa de interpolação de imagens tomográficas, para geração de um volume de dados de resoluções isotrópicas durante o processo de Reconstrução 3D, é necessária não somente para facilitar e tornar mais preciso e eficiente todo o processamento 3D computacional da cena, como também para tornar os dados tri-dimensionais mais representativos das estruturas de interesse.

Portanto, como a finalidade é a reconstrução para a geração de um volume de resoluções isotrópicas, o objetivo da etapa de interpolação não é simplesmente tomar um par de imagens originais e gerar um determinado número de imagens intermediárias; além disso, as imagens do conjunto final interpolado devem ter entre si um espaçamento tal que torne isotrópico o volume reconstruído.

A figura 3.1(a) ilustra uma cena 3D constituída apenas pelas imagens originais adquiridas, sendo, portanto, um volume de resoluções não-isotrópicas. A figura 3.1(b) ilustra a cena 3D correspondente, resultante do processo de reconstrução com a utilização da etapa de interpolação de imagens, formando, desse modo, um volume de resoluções isotrópicas. Observe-se que os voxels da cena original (figura 3.1(a)) são cubóides, com extensão na dimensão z maior do que nas outras dimensões, enquanto que os voxels da cena reconstruída com interpolação (figura 3.1(b)) são cubos, de mesma extensão nas três dimensões.

A principal característica de imagens tomográficas que influencia o processo de reconstrução diz respeito à distância entre as imagens adquiridas, a qual não pode ser tão grande a ponto de permitir que duas imagens consecutivas tenham características demasiadamente distintas. Muitas vezes, faz-se necessário um processo de rotulação de estruturas internas, existindo métodos de reconstrução que supõem tal tipo de rotulação (por exemplo, o método de reconstrução por superfícies exposto em [NONATO-95]). Mas, se as imagens forem extremamente distantes, nenhum método de interpolação para reconstrução conseguirá fornecer resultados razoáveis, recuperando de forma adequada as estruturas nas imagens intermediárias. Por exemplo, partindo de duas imagens originais, uma correspondendo à fatia transversal da cabeça na região logo acima e outra na região logo abaixo do globo ocular, jamais se recuperará, nas imagens intermediárias interpoladas, as estruturas do globo ocular.

Figura 3.1: (a) Cena 3D original; voxels são cubóides. (b) Cena 3D reconstruída com interpolação; voxels são cubos.

Nas próximas seções serão descritos os principais métodos de interpolação de imagens tomográficas para Reconstrução 3D que foram estudados. Existem ainda outros métodos propostos na literatura; no entanto, o estudo das características destes foi suficiente para permitir um direcionamento no sentido de atingir os objetivos definidos. Ainda, como complemento, serão citados alguns outros métodos de reconstrução, inclusive para Reconstrução por Superfícies. No final do capítulo, através de uma breve análise das características dos métodos estudados, é apresentado aquele mais adequado para os objetivos deste trabalho, o qual foi selecionado para implementação.

3.2 - Métodos Tradicionais

Os métodos mais simples de interpolação de imagens tomográficas meramente calculam, seguindo determinada função de interpolação, as densidades de pixels de mesma posição (x,y) de imagens originais adjacentes para a geração de imagens intermediárias. Lembrando que cada imagem representa uma fatia tomográfica que possui espessura e que o conjunto dessas fatias forma uma cena 3D, é equivalente dizer que a interpolação de densidades ocorre dentro de cada coluna de voxels, na direção z da cena original, para a geração da cena isotrópica interpolada. Esses são os métodos tradicionalmente usados e, ainda hoje, os mais usados.

Portanto, para todos os métodos expostos nesta seção, que podem ser chamados de métodos tradicionais, a interpolação de densidades é feita dentro de cada coluna de voxels, ou seja, considerando os voxels com coordenadas (i,j,k) para i e j fixos e k variando dentro

de todo o domínio da cena na dimensão z . A figura 3.2(a) ilustra uma coluna de voxels de uma cena 3D original, enquanto que a figura 3.2(b) a mesma coluna depois do processo de interpolação para geração do volume isotrópico.

Figura 3.2: (a) Coluna de voxels (cubóides) da cena 3D original. (b) Coluna de voxels (cubos) da cena 3D reconstruída por interpolação.

A maneira mais simples de se fazer tal tipo de interpolação, para determinar as densidades dos voxels na cena interpolada, é através da regra do vizinho mais próximo, que consiste em atribuir a cada voxel cúbico interpolado o mesmo valor do voxel original mais próximo. A definição mais óbvia de proximidade é através do uso da distância entre os centros dos voxels. Através dessa regra, na figura 3.2, os voxels interpolados v'_1 e v'_2 terão a mesma densidade do voxel original v_1 e os voxels interpolados v'_3 , v'_4 e v'_5 a mesma densidade do voxel original v_2 . Esse é o método mais barato de interpolação, mas também o mais rudimentar, uma vez que não usa qualquer função de interpolação, sendo que o resultado consiste simplesmente em algumas repetições de imagens originais. Apesar disso, ainda é um método bastante usado atualmente (por exemplo, [TROBAUGH-94]).

Um método melhor utiliza uma função de interpolação linear para atribuir aos voxels cúbicos finais densidades diferentes que variam de uma forma linear, usando a distância do centro do voxel interpolado ao centro de cada um dos voxels originais adjacentes para calcular os pesos durante a interpolação. Por exemplo, na figura 3.2, sendo:

$$\begin{aligned} d_1 &= \text{distância do centro do voxel interpolado } v'_2 \text{ ao centro do voxel original } v_1 \\ d_2 &= \text{distância do centro do voxel interpolado } v'_2 \text{ ao centro do voxel original } v_2 \end{aligned}$$

então, a densidade $D(v'_2)$ do voxel interpolado v'_2 será:

$$D(v'_2) = (d_2/(d_1+d_2)).D(v_1) + (d_1/(d_1+d_2)).D(v_2)$$

de forma que o peso relativo de cada um dos voxels originais adjacentes seja linearmente tanto maior quanto menor sua distância ao voxel interpolado.

O Método de Interpolação Linear é melhor do que a regra do vizinho mais próximo, uma vez que utiliza a densidade de dois voxels originais, ao invés de um único, para

calcular a densidade de cada voxel interpolado. Em virtude disso, a variação de densidades dentro de cada coluna de voxels ocorre de uma forma mais suave entre cada par de imagens originais. Quando se deseja interpolação não somente na dimensão z , mas também nas dimensões x e y , ou seja, mudança de resolução também nas imagens, tal método é chamado de Interpolação Tri-linear, sendo este o nome freqüentemente usado mesmo quando a interpolação ocorre somente na dimensão z . Esse é o método mais usado para interpolação durante a reconstrução 3D ([CLINE-88] [UPSON-88] [GALVIN-95]) no caso de imagens tomográficas.

Funções de interpolação de grau mais elevado também têm sido utilizadas para tal finalidade, sendo as cúbicas as mais utilizadas (por exemplo, [NEY-90]). No caso das funções cúbicas, a interpolação também é feita entre cada par de imagens originais, sendo, nesse caso, necessárias as informações não somente das imagens do par sendo interpolado como também das imagens originais a ele adjacentes, com o intuito de se poder definir os polinômios cúbicos de interpolação, um para cada coluna de voxels. O objetivo da interpolação cúbica é, para cada coluna de voxels, produzir variações mais suaves de densidades não somente entre cada par de imagens originais, mas sim para toda a coluna, abrangendo todo o domínio na dimensão z da cena, ou seja, para cada coluna de voxels, a função de interpolação resultante da reunião de todos os polinômios de interpolação (um para cada par de imagens originais adjacentes) deve ter continuidade de classe C^1 também nos pontos de contato desses polinômios.

A técnica mais comum para a interpolação através de funções cúbicas é por meio do uso de equações paramétricas de interpolação. A grande facilidade fornecida por essa técnica consiste no fato de que os coeficientes das equações paramétricas são facilmente obtidos (ver capítulo 11 de [FOLEY-90]), uma vez que pode-se fazer fixa a variação paramétrica entre cada par de imagens ($0 \leq t \leq 1$). Os tipos de interpolação cúbica mais usados são a Interpolação de Hermite e a Interpolação por Splines Cúbicas [BURDEN-78]. Na área de imagens médicas, tem sido muito usada uma variação da Interpolação por Splines Cúbicas baseada num tipo de *Catmull-Rom spline* [CATMULL-74]; essa modificação tem se tornado conhecida como Interpolação por Splines Cúbicas Modificada [HERMAN-79] e tem sido freqüentemente usada para interpolação de imagens tomográficas [HERMAN-92].

Todos os métodos de interpolação de imagens tomográficas expostos nesta seção seguem a abordagem de Reconstrução Volumétrica, na qual o objetivo é a reconstrução de um volume isotrópico de dados preservando toda a informação volumétrica de densidades na cena reconstruída.

Esses métodos tradicionais são os mais simples de interpolação de imagens tomográficas para reconstrução; mas são também métodos pouco eficientes, principalmente quando o espaçamento entre as imagens originais é relativamente grande. O principal problema ocorre justamente porque esses métodos simplesmente interpolam densidades de pixels pertencentes a mesma posição (x,y) de imagens originais, muitas vezes interpolando densidades entre um pixel pertencente a uma particular estrutura e outro pertencente ao fundo da imagem, uma vez que tal estrutura pode se expandir ou contrair de uma imagem para a próxima, ou até mesmo sofrer uma translação significativa entre essas imagens. A figura 3.3 ilustra uma situação na qual a borda da estrutura sofre uma translação expressiva entre duas imagens originais consecutivas e a figura 3.4 o resultado obtido pela geração de imagens intermediárias através do método de interpolação linear.

Figura 3.3: Densidade dos pixels de duas imagens originais consecutivas (ou voxels de duas fatias originais consecutivas); a borda da estrutura sofre translação expressiva de uma imagem (ou fatia) para a outra; A e B são pixels (ou voxels) de fronteira das duas imagens (ou fatias) consecutivas.

Figura 3.4: Densidade dos pixels das imagens originais (nos extremos) e das imagens intermediárias geradas por interpolação linear. Região com fronteiras borradas em destaque.

Como se percebe, apesar de as imagens originais (figura 3.3) terem fronteiras bem definidas, as imagens intermediárias geradas terão fronteiras borradas (em destaque na figura 3.4), o que é causado pela interpolação de densidades entre pixels de estrutura e pixels de fundo nas proximidades da borda da estrutura em questão.

O efeito de borramento das fronteiras nas imagens intermediárias causa o problema de efeito escada (*staircase artifact*) em volumes reconstruídos com tais tipos de interpolação. Tal efeito fica ainda mais evidente quando se tenta segmentar o volume isotrópico gerado para definir exatamente os limites do objeto 3D de interesse. O que acontece, nessas situações, é que muitas vezes a fronteira do objeto definida pela segmentação pode permanecer na mesma posição em várias imagens intermediárias consecutivas e mudar bruscamente de uma imagem para a próxima, como mostra a figura 3.5 (correspondente à figura 3.4) a qual ilustra um acentuado efeito escada.

Figura 3.5: Segmentação das imagens interpoladas por interpolação linear (ver figura 3.4), usando $threshold=100$ (a linha mais grossa indica a fronteira do objeto segmentado por tal valor de $threshold$). Percebe-se claramente o acentuado efeito escada gerado por esse tipo de interpolação seguido de segmentação.

3.3 - Interpolação Baseada na Forma

Numa tentativa de diminuir, ou até mesmo eliminar, os efeitos indesejáveis que se manifestam nos volumes reconstruídos através de métodos tradicionais de interpolação, Raya e Udupa [RAYA-90] propuseram um método que, ao invés de interpolar densidades, primeiramente determina, através de segmentação, a forma do objeto de interesse em cada imagem original e, então, interpola as formas desse objeto entre as imagens; em virtude desse enfoque, esse método foi chamado de Interpolação Baseada na Forma (*Shape-Based Interpolation*). Como definem Raya e Udupa, o método interpola a forma do objeto de interesse, ao invés de interpolar sua imagem [RAYA-90].

Originalmente proposto para interpolação de imagens binárias ([RAYA-90] [HERMAN-92]) supondo já segmentado o objeto de interesse em todas elas, esse método

foi recentemente estendido ([BARRETT-93] [GREVERA-94]) para aplicação diretamente às imagens originais obtidas, ou seja, imagens em tons de cinza¹.

O método de interpolação baseada na forma é um método genérico, aplicável a cenas nD . No entanto, dado o enfoque deste trabalho, de interpolação de imagens tomográficas para reconstrução 3D, sua apresentação nesta seção será direcionada para cenas 3D, interpolando imagens (2D) para geração de cena 3D isotrópica.

3.3.1 - Interpolação Baseada na Forma para Imagens Binárias Segmentadas

O método de interpolação baseada na forma foi inicialmente proposto [RAYA-90] como uma alternativa para os métodos tradicionais de interpolação quando se faz necessária uma segmentação do volume reconstruído para identificação do objeto de interesse. Segundo Raya e Udupa, um tal processo de segmentação é quase sempre necessário, sendo normalmente executado interativamente, imagem por imagem, por um especialista humano (por exemplo, um radiologista).

Como uma alternativa para os métodos tradicionais de interpolação seguidos de segmentação, o método proposto tem basicamente dois objetivos. Primeiro, redução do esforço interativo de segmentação, uma vez que no método de interpolação baseada na forma somente as imagens originais precisam ser segmentadas, enquanto que nos métodos tradicionais esse processo é necessário para todas as imagens do volume final reconstruído (tipicamente, o volume final possui um número de imagens de 4 a 10 vezes maior do que o número de imagens originais); em síntese, o método proposto traz a etapa de segmentação para antes da etapa de interpolação, ao contrário do que ocorre com os métodos tradicionais. Segundo, redução dos artefatos introduzidos pelos métodos tradicionais, principalmente do efeito escada ilustrado na figura 3.5. Portanto, mesmo quando a segmentação automática é possível, as informações das imagens originais são muito mais apropriadas para segmentação do que as das imagens intermediárias geradas, uma vez que estas últimas podem conter artefatos introduzidos pelo método de interpolação usado.

O método, conforme originalmente proposto e posteriormente aprimorado por Herman e outros [HERMAN-92], utiliza-se de uma etapa de pré-processamento que consiste na segmentação das imagens originais para determinação do objeto de interesse nas mesmas. Partindo das imagens já segmentadas (binárias), o método permite que o processo de interpolação seja influenciado pela forma do objeto segmentado através de um algoritmo bastante simples. Primeiramente, aplica-se uma transformação de distâncias (*distance transform* [BORGEFORS-84]) às imagens binárias, convertendo-as em imagens de distâncias, nas quais o valor atribuído a cada ponto (pixel) corresponde a menor distância desse ponto à fronteira do objeto segmentado presente nessa imagem (por convenção, pontos internos ao objeto recebem valores positivos e pontos externos, valores negativos) (ver figura 3.6, correspondente aos dados da figura 3.3). Estimam-se, então, as imagens segmentadas (binárias) intermediárias através de interpolação de distâncias entre essas imagens (ver figura 3.7, onde se usou interpolação linear) e segmentação usando *threshold* igual a 0 (zero).

Nota-se, na figura 3.7, a atenuação do efeito escada no objeto segmentado reconstruído. Dessa forma, o método de interpolação baseada na forma recupera as formas do objeto 3D de uma forma muito mais precisa do que nos métodos tradicionais de

¹ A densidade (ou intensidade) associada a cada pixel representa o tom de cinza do mesmo na imagem visualizada.

interpolação seguidos de segmentação (comparar com os resultados apresentados na figura 3.5, na qual a fronteira do objeto segmentado muda bruscamente, de uma distância de 3 pixels, entre duas imagens intermediárias segmentadas consecutivas).

Figura 3.6: Imagens de distâncias resultantes de um tipo de transformação de distâncias aplicada às imagens segmentadas obtidas pela segmentação das imagens originais da figura 3.3. A linha mais grossa indica a fronteira do objeto usando *threshold* igual a 0.

Figura 3.7: Imagens interpoladas através de interpolação linear de distâncias no método de interpolação baseada na forma. A linha mais grossa indica a fronteira do objeto segmentado usando *threshold* igual a 0. Percebe-se facilmente a atenuação do efeito escada entre as imagens intermediárias segmentadas (comparar com a figura 3.5).

Como se percebe, a forma do objeto nas imagens originais é representada através da distância dos pixels à fronteira do objeto em cada imagem, sendo que a interpolação das formas ocorre através da interpolação dessas distâncias. Portanto, nesse método, a etapa de interpolação é aplicada às distâncias e não às densidades (como nos métodos tradicionais), devendo, portanto, a etapa de cálculo de distâncias ser a mais precisa possível, calculando distâncias que se aproximem ao máximo da distância Euclidiana. Em [HERMAN-92] foram analisados vários métodos para cálculo de distâncias baseados no conceito de distâncias chamfradas (*chamfer distances*), proposto por Borgefors [BORGEFORS-86], que se utiliza de filtros aplicados às imagens.

Com relação à etapa de interpolação das distâncias, têm sido usadas a interpolação linear e a interpolação por splines cúbicas, a segunda fornecendo resultados um pouco melhores, no entanto, computacionalmente mais cara. É oportuno notar que a interpolação de imagens de distâncias é exatamente igual à interpolação de imagens de densidades, sendo que a única diferença é a interpretação dada aos valores associados aos pixels.

O método apresentado (proposto em [RAYA-90] e aprimorado em [HERMAN-92]) supõe que a forma do objeto de interesse, definida pela segmentação das imagens originais, define uma única estrutura contígua em cada imagem, ou seja, supõe que não ocorre ramificação do objeto de interesse entre as imagens. Sendo assim, o método falha em resolver o problema de ramificação (*branching problem*), relativamente comum no caso de imagens tomográficas. No entanto, através de algumas modificações propostas para o método, Higgins e outros [HIGGINS-93] definem como aplicar o método de interpolação baseada na forma para reconstrução de objetos que se ramificam, tornando o método mais complexo, entretanto, também aplicável a tais tipos de objetos.

O método de interpolação baseada na forma quando aplicado a imagens binárias (com objeto de interesse segmentado) promove a reconstrução de um volume isotrópico já segmentado, portanto sem preservação da informação volumétrica de densidades na cena reconstruída. Dessa forma, esse método segue a abordagem de Reconstrução Pseudo-Volumétrica.

Apesar de atingir os objetivos principais para os quais esse método foi inicialmente proposto, a saber, redução do esforço iterativo de segmentação e redução do efeito escada no objeto reconstruído, esse método possui a restrição de produzir uma cena isotrópica que não é adequada para todos os tipos de processamento 3D que possam se fazer necessários, uma vez que não preserva a informação volumétrica de densidades, essencial para certos objetivos. Para contornar essa restrição, esse método foi recentemente estendido ([BARRETT-93] [GREVERA-94]) de forma a ser aplicado diretamente às imagens originais obtidas pelos dispositivos de aquisição e produzir uma cena isotrópica preservando a informação de densidades.

3.3.2 - Interpolação Baseada na Forma para Imagens Originais de Densidades²

Com o objetivo de contornar a restrição do método original de interpolação baseada na forma, de ser aplicado somente a imagens binárias e reconstruir volumes binários, algumas extensões desse método foram propostas, destacando-se as soluções apresentadas

² Imagens originais de densidades são as imagens originalmente obtidas pelos dispositivos de aquisição, ou seja, imagens em tons de cinza.

por Barrett e Stringham [BARRETT-93] e, posteriormente, por Grevera e Udupa [GREVERA-94]. Nesta seção será apresentada brevemente a extensão proposta em [GREVERA-94].

O método proposto por Grevera e Udupa é aplicado diretamente às imagens originais, sem a necessidade de segmentação das mesmas, e reconstrói uma cena 3D isotrópica preservando a informação volumétrica de densidades. Como tal, pode ser entendido como uma alternativa para os métodos tradicionais de interpolação, reduzindo o efeito escada no volume reconstruído e recuperando, de forma mais precisa, as formas dos objetos 3D subjacentes, ou ainda como uma alternativa para o método de interpolação baseada na forma para imagens binárias, contornando a restrição já citada apresentada por este último.

Enquanto a idéia básica do método original de interpolação baseada na forma é a de interpolar a forma do objeto segmentado entre as imagens, o princípio da extensão proposta para aplicação às imagens originais de densidades é o de interpolar a “forma” da distribuição de densidades das imagens. Essa generalização consiste, primeiramente, em transformar as imagens (2D) de densidades em volumes 3D binários, através de um processo chamado de transformação de elevação (*lifting transform*), de modo a representar cada imagem como um volume 3D binário ou, equivalentemente, uma superfície 3D. O método original de interpolação baseada na forma é então aplicado, não entre imagens (2D) binárias, mas sim entre volumes (3D) binários representando a distribuição de densidades das imagens originais. Finalmente, os volumes 3D binários interpolados são convertidos em imagens (2D) de densidades, através de um processo chamado de transformação de rebaixamento (*collapsing transform*), processo oposto à transformação de elevação, para geração das imagens de densidades interpoladas.

A transformação de elevação (*lifting transform*) converte cada imagem original de densidades num volume binário cujas dimensões x e y são as mesmas da imagem correspondente e cuja dimensão z é definida pelo domínio de densidades do conjunto original de imagens. O processo consiste em atribuir a cada voxel de coordenadas (i, j, k) do volume binário, o valor 1 (um) se a densidade d do pixel de coordenadas (i, j) da correspondente imagem for tal que $d \geq k$; caso contrário, é atribuído o valor 0 (zero). O volume binário assim gerado possui uma propriedade bastante positiva que consiste em ser composto de exatamente um componente conectado de 1's, que pode ser referenciado como objeto, e exatamente um componente conectado de 0's, representando o fundo. Dessa forma, pode-se supor que o volume definido representa um objeto 3D conectado ou, de forma equivalente, uma superfície 3D (borda entre o objeto 3D definido e o fundo).

Definidos os volumes binários a partir das imagens originais de densidades, o método original de interpolação baseada na forma ([RAYA-90] [HERMAN-92]) é aplicado a esses volumes, produzindo volumes binários intermediários. Isto se faz através dos três passos definidos no método original, a saber, transformação de distâncias (*distance transform*), interpolação das distâncias e segmentação usando *threshold* igual a 0 (zero). A transformação de distâncias converte os volumes binários em volumes de distâncias, atribuindo a cada ponto (voxel) do volume o valor correspondente a menor distância desse ponto à superfície 3D definida no volume, a qual corresponde à borda entre o objeto 3D definido e o fundo (por convenção, pontos internos ao objeto recebem valores positivos enquanto pontos externos, valores negativos). A interpolação ocorre entre os volumes de distâncias, gerando volumes intermediários de distâncias, os quais são convertidos em volumes binários através de segmentação com *threshold* igual a 0 (zero). A transformação de distâncias deve ser a mais fiel possível, enquanto que a interpolação das distâncias é

feita freqüentemente através de interpolação linear ou interpolação por splines cúbicas. Todo esse processo de interpolação baseada na forma aplicada a volumes binários pode ser percebido como um processo de interpolação da forma de superfícies 3D (as quais representam a distribuição de densidades das imagens) e, de certa maneira, da forma dos objetos subjacentes presentes nas imagens originais de densidades.

Por fim, a transformação de rebaixamento (*collapsing transform*) tem o objetivo de converter os volumes binários interpolados em imagens de densidades, num processo oposto ao da transformação de elevação. A transformação de rebaixamento resume-se em atribuir a cada pixel de coordenadas (i,j) da imagem, o maior valor k tal que o voxel de coordenadas (i,j,k) do volume binário correspondente tenha associado o valor 1 (um), ou seja, a densidade atribuída a cada pixel de coordenadas (i,j) da imagem corresponderá à altura da coluna de voxels do objeto 3D definido dentro do volume binário nessas mesmas coordenadas. Isso completa todo o processo de interpolação baseada na forma para imagens originais de densidades.

Conforme resultados apresentados em [GREVERA-94], esse método de interpolação apresenta resultados sensivelmente melhores do que aqueles apresentados pelos métodos tradicionais de interpolação, em particular reduzindo o efeito escada nos objetos reconstruídos. Apenas em algumas regiões de estruturas muito pequenas e próximas, como a região dos dentes em imagens de CT e MRT, o desempenho do método proposto chega a ser um pouco inferior ao dos métodos tradicionais.

O método de interpolação baseada na forma para imagens originais de densidades reconstrói um volume isotrópico de dados através da interpolação da “forma” da distribuição de densidades dessas imagens, as quais podem ser representadas por superfícies 3D, e que, de certa maneira, definem a forma dos objetos subjacentes presentes nas imagens. Como o volume é reconstruído de modo a preservar toda a informação volumétrica de densidades da cena, esse método constitui-se numa abordagem de Reconstrução Volumétrica.

3.4 - Interpolação Elástica Dinâmica

Um outro método de interpolação de imagens tomográficas cujo princípio é o de interpolar a forma do objeto de interesse entre as imagens originais, ao invés das densidades das mesmas, é o método de Interpolação Elástica Dinâmica (*Dynamic Elastic Interpolation*), proposto em [LIN-88]. Na verdade, a idéia é a de interpolar os contornos do objeto de interesse (segmentado) entre as imagens originais, gerando um número adequado de contornos intermediários, através do conceito de *matching* elástico proposto por Burr [BURR-81].

O método utiliza-se de uma etapa de pré-processamento na qual os contornos do objeto de interesse são determinados em cada uma das imagens originais. Além disso, havendo possibilidade de dúvida nas correspondências entre contornos entre imagens originais consecutivas, supõe-se uma prévia rotulação dos mesmos. O método proposto em [LIN-88] não define como seriam definidos os contornos, limitando-se a estabelecer que seriam determinados através de aproximações por polígonos. Em [UDUPA-91] são apresentadas diversas técnicas para tal aproximação. Uma delas consiste em, primeiramente, segmentar as imagens originais, delineando o objeto de interesse, depois definir contornos detalhados a partir das imagens segmentadas e, então, através de uma etapa de suavização dos contornos detalhados, aproximar os mesmos por polígonos. A

etapa de suavização dos contornos detalhados permite um controle da intensidade da suavização; quanto maior a suavização imposta, menor será o número de pontos (vértices) dos polígonos de aproximação e menos fiéis serão as aproximações. Para a utilização do método de interpolação elástica dinâmica é interessante que os contornos não sejam constituídos de muitos pontos (vértices dos polígonos de aproximação), de modo a manter o esforço computacional de processamento dentro de limites razoáveis.

Determinados os contornos (aproximados por polígonos) do objeto nas imagens originais e supondo, em princípio, a existência de um único contorno em cada imagem, esse método de interpolação consiste em, para cada par de contornos originais adjacentes, gerar um número adequado de contornos intermediários com base no processo de *matching* elástico [BURR-81]. Esse processo possui conceitos físicos e formulação matemática bastante pesados para o escopo de revisão deste capítulo, razão pela qual será apresentada apenas uma visão geral do mesmo.

Denominado os contornos originais a serem interpolados, respectivamente, de contorno inicial C^1 e contorno final C^2 , o conceito básico por trás do método é o de identificar um “campo de força” agindo sobre o contorno inicial $C^1 = \{(x_i, y_i, z), 1 \leq i \leq N_1\}$ e tentando transformá-lo para que seja similar ao contorno final $C^2 = \{(x'_j, y'_j, z'), 1 \leq j \leq N_2\}$, onde $N_1 \geq N_2$ (caso $N_1 < N_2$, basta inverter os papéis dos contornos inicial e final). Para conseguir a transformação desejada entre esses contornos, uma família de “vetores força” (que, fisicamente, constituem um campo de força) deve ser determinada, sendo que cada vetor força é definido como uma função de “puxar” ou “empurrar”. A fórmula desses vetores é relativamente complexa ([BURR-81] [LIN-88] [CHEN-90]) e leva em conta um determinado tipo de ponderação, de forma que um determinado ponto do contorno final tenha maior influência sobre aqueles pontos do contorno inicial mais próximos do que sobre aqueles mais distantes dele.

Depois de fazer o registro dos centróides de ambos os contornos (inicial e final), inicia-se, seguindo as equações dos vetores força definidos, um processo iterativo para determinação de todos os contornos intermediários necessários para a obtenção do isotropismo desejado. Depois de gerados os contornos intermediários, ainda é necessária uma etapa de processamento que produza o efeito inverso daquele produzido pelo registro dos centróides (feito antes da geração dos contornos intermediários), de modo a colocar cada contorno na posição correta dentro da correspondente imagem. Também, um processo de preenchimento de polígonos (*region filling* [FOLEY-90] [GONZALEZ-87]) deve ser executado para que todas as imagens interpoladas tornem-se imagens binárias, com objeto de interesse segmentado.

O método apresentado considera interpolação entre um único contorno inicial e um único contorno final. No entanto, uma grande vantagem do método de interpolação elástica dinâmica é a facilidade de tratamento do problema de ramificação de objetos (*branching problem*), sendo aplicável, com pouca alteração, à reconstrução em tais situações. Considerando C^1 o polígono inicial preenchido e C_i^2 , $1 \leq i \leq n$, os n polígonos finais (com interior preenchido), e sendo I_i^k , $1 \leq i \leq n$, os polígonos preenchidos obtidos na k -ésima imagem intermediária usando, respectivamente, os pares (C^1, C_i^2) , $1 \leq i \leq n$, de polígonos originais, então o contorno final na k -ésima imagem intermediária será simplesmente:

$$\bigcup_{i=1}^n (I_i^k)$$

Dessa forma, o método proposto trata independentemente cada componente do contorno final, aplicando o mesmo algoritmo entre o contorno inicial e cada componente isolado do

contorno final, sendo que cada imagem intermediária é formada pela união dos componentes intermediários definidos. Esse método simples para tratamento do problema de ramificação pode não funcionar satisfatoriamente no caso de existência de concavidade em algum dos n componentes do contorno final. Em [CHEN-90], esse método foi aprimorado para resolver esse tipo de problema.

O método de interpolação elástica dinâmica, conforme apresentado, gera um volume isotrópico contendo o objeto de interesse já segmentado (binário), sendo classificado, portanto, como uma abordagem de Reconstrução Pseudo-Volumétrica. No entanto, como originalmente proposto em [LIN-88], esse método não tinha a preocupação de gerar um número intermediário de contornos de modo a atingir isotropismo, e nem mesmo de preencher o interior dos polígonos correspondentes, mas sim de gerar alguns contornos intermediários com o objetivo de reconstruir a superfície 3D do objeto de interesse de uma forma mais precisa. Assim, conforme proposta original, seria uma abordagem de Reconstrução por Superfícies (em [LIN-89] e [CHEN-90], esse método de interpolação para geração de contornos intermediários já está acoplado a um módulo posterior de geração de superfícies 3D a partir dos contornos interpolados).

3.5 - Interpolação através de *Matching*

O método mais tradicional de interpolação de imagens tomográficas usado para promover reconstrução volumétrica com preservação do conteúdo de densidades da cena é a interpolação linear. Conforme esclarecido na seção 3.2, o principal problema desse método ocorre porque, durante a geração de imagens intermediárias, a interpolação de densidades é feita sempre entre pixels pertencentes a mesma posição (x,y) de imagens originais, sendo comum a interpolação de densidades entre um pixel pertencente a uma particular estrutura e outro pertencente ao fundo da imagem, ou entre pixels pertencentes a diferentes estruturas. Esse tipo de problema manifesta-se na forma de borramento de fronteiras nas imagens intermediárias interpoladas, bem como efeito escada nos volumes reconstruídos (efeito ainda mais evidente no caso de segmentação dos mesmos), sendo tanto mais grave quanto maior o espaçamento entre as imagens originais, uma vez que as diferenças geométricas entre seções de estruturas em imagens consecutivas tendem a ser maiores conforme aumenta a distância entre as imagens. Por exemplo, uma determinada estrutura pode se expandir ou contrair de uma imagem para a próxima, ou sofrer translação significativa entre essas imagens.

Uma maneira bastante efetiva de tentar evitar esses efeitos indesejáveis no volume reconstruído seria agindo diretamente na causa desses problemas, ou seja, tentando evitar a interpolação entre pontos (pixels) pertencentes a diferentes estruturas. Dessa forma, seria necessária uma etapa de estabelecimento de correspondências entre pontos entre cada par de imagens originais antes da interpolação das mesmas, sendo que a interpolação seria feita, nesse caso, obedecendo às correspondências previamente estabelecidas. Assim, a interpolação linear de densidades seria feita não obrigatoriamente entre pontos de mesma posição (x,y) , mas sim entre pontos com correspondências estabelecidas. A etapa de estabelecimento de correspondências, chamada de etapa de *matching*, seria feita previamente à etapa de interpolação, fornecendo subsídios para a execução da mesma.

Um método de interpolação que segue essa idéia foi proposto por Goshtasby, Turner e Ackerman [GOSHTASBY-92], como uma alternativa para o método de interpolação

linear em situações nas quais a distância entre as imagens originais seja bem maior do que a distância entre pixels vizinhos nas mesmas. A idéia do método é ilustrada na figura 3.8.

Figura 3.8: Duas imagens originais consecutivas (imagens referência e destino) e imagens intermediárias geradas para obtenção de um volume de dados isotrópico. A densidade do ponto de intersecção da linha **AB** com cada imagem intermediária é determinada pela interpolação linear das densidades dos pontos **A** e **B**.

Na figura 3.8 são mostradas duas imagens originais consecutivas, as quais podem ser denominadas de imagem referência e imagem destino. Com o objetivo de se obter um volume de resoluções isotrópicas, é necessário que um determinado número de imagens intermediárias seja gerado entre as imagens referência e destino. Para isso, numa prévia etapa de *matching*, para todos os pontos da imagem referência são determinados os correspondentes pontos da imagem destino. Supondo que o ponto **A** da imagem referência tenha como correspondente o ponto **B** da imagem destino, então as intersecções da linha **AB** (denominada linha de correspondência) com as imagens intermediárias estimam as posições dos pontos, nas mesmas, os quais correspondem aos pontos **A** e **B**. Numa etapa seguinte, de interpolação, as densidades desses pontos são determinadas através da interpolação linear das densidades dos pontos **A** e **B**.

O processo de *matching* de imagens tomográficas proposto em [GOSHTASBY-92] é executado em dois passos distintos, um para os pontos de alto gradiente e outro para os pontos de baixo gradiente das imagens.

Pontos de alto gradiente são, quase sempre, pontos pertencentes a fronteiras entre tecidos. Como são pontos bastante característicos das imagens, as correspondências podem ser determinadas através de um processo de pesquisa, no qual é selecionado como correspondente de determinado ponto, aquele ponto da outra imagem que esteja localizado dentro de uma pequena vizinhança centrada nas mesmas coordenadas do ponto em questão e que tenha as características mais semelhantes, levando-se em consideração as diferenças de densidade e gradiente, bem como diferença de posicionamento entre eles. Esse é o primeiro passo da etapa de *matching*.

Definir correspondência para um certo ponto de uma das imagens significa definir quais são as disparidades horizontal e vertical a serem aplicadas a esse ponto para levá-lo ao correspondente ponto da outra imagem.

Pontos de baixo gradiente são pontos pertencentes a regiões homogêneas das imagens. Para esses pontos, o estabelecimento de correspondência é mais difícil, não sendo confiável a utilização do mesmo critério (processo de pesquisa) usado para os pontos de alto gradiente. Uma forma consistente de se estabelecer correspondências, nesse segundo passo, é através do uso de informações das correspondências já determinadas no primeiro passo, bastando implementar um processo de interpolação das disparidades (horizontal e vertical) definidas por essas últimas. Conforme proposto em [GOSHTASBY-92], as disparidades para cada ponto de baixo gradiente são determinadas através de interpolação bi-linear das disparidades dos quatro pontos de alto gradiente mais próximos do ponto em questão e que sejam não-colineares.

Terminada a etapa de *matching*, a etapa de interpolação linear é feita de forma trivial, seguindo as correspondências estabelecidas. Se mais de uma linha de correspondência passa por um determinado pixel de uma imagem intermediária, a densidade desse pixel é determinada pela média das densidades obtidas de cada linha.

O método de interpolação através de *matching* tem o objetivo de evitar o problema de borramento de fronteiras em imagens intermediárias interpoladas, bem como o efeito escada em volumes reconstruídos. Esses problemas são ilustrados, respectivamente, pelas figuras 3.4 e 3.5, as quais ilustram o resultado de interpolação linear aplicada às imagens originais da figura 3.3 sem a etapa de *matching*. Caso fosse utilizada uma prévia etapa de *matching* entre as imagens originais da figura 3.3, de forma a fornecer subsídios para uma posterior etapa de interpolação linear, os resultados seriam bem diferentes; como o pixel **A** da imagem referência e o pixel **B** da imagem destino (ver figura 3.3) são pixels de fronteira, uma etapa de *matching* bem sucedida estabeleceria, provavelmente, correspondência entre esses dois pixels, e a interpolação linear seria feita seguindo a linha **AB** de correspondência, eliminando (ou reduzindo) o efeito de borramento de fronteira (ilustrado na figura 3.4) e o efeito escada (mostrado na figura 3.5). Dessa forma, percebe-se a importância da etapa de *matching* antes da interpolação linear das densidades em situações onde as imagens originais sejam bastante distanciadas, situações nas quais a aplicação dessa prévia etapa ajuda a recuperar a forma dos objetos 3D subjacentes de uma forma muito mais eficiente e precisa.

Esse método de interpolação de imagens tomográficas reconstrói um volume isotrópico de dados preservando todo o conteúdo volumétrico de densidades da cena, o que o caracteriza como uma abordagem de Reconstrução Volumétrica.

3.6 - Sumário dos Métodos de Interpolação Estudados

Esta seção tem a finalidade de fornecer um breve sumário dos métodos de interpolação de imagens tomográficas para Reconstrução 3D que foram estudados e apresentados nas seções anteriores. O objetivo é a apresentação resumida das características mais importantes para os propósitos deste trabalho. Portanto, os itens considerados foram, além da abordagem de reconstrução, a preservação do conteúdo de densidades no volume reconstruído, a manifestação dos indesejáveis efeitos escada e de borramento de fronteiras e o desempenho do método para reconstrução a partir de imagens com grande espaçamento. Além disso, foram feitas considerações sobre tempo de processamento para reconstrução. Todos estes itens estão sumarizados na tabela 3.1 para cada um dos métodos de interpolação estudados.

	Abordagem de Reconstrução 3D	Preservação de densidades	Efeito Escada & Efeito Borramento de Fronteiras	Desempenho p/ imagens c/ grande espaçamento	Tempo de Processamento p/ reconstrução
Interpolação Linear	Reconstrução Volumétrica	sim	Bastante pronunciados	Péssimo	Bastante pequeno
Interpolação Baseada na Forma (p/ imagens binárias segmentadas)	Reconstrução Pseudo-Volumétrica	não	Consideravelmente atenuados	Aparentemente razoável (situação não analisada)	Relativamente pequeno
Interpolação Baseada na Forma (p/ imagens originais de densidades)	Reconstrução Volumétrica	sim	Sensivelmente atenuados (segundo autores)	Aparentemente razoável (situação não analisada)	Relativamente pequeno (maior que p/ imagens segment.)
Interpolação Elástica Dinâmica	Reconstrução Pseudo-Volumétrica	não	Aparentemente atenuados (situação não analisada)	Aparentemente razoável (situação não analisada)	Bastante grande
Interpolação através de Matching	Reconstrução Volumétrica	sim	Bastante reduzidos (método atua direta/ na causa desses efeitos)	Muito bom	Relativamente grande para etapa de <i>matching</i> ; Bastante pequeno para etapa de interpolação.

Tabela 3.1: Sumário dos métodos de interpolação de imagens tomográficas para Reconstrução 3D estudados, considerando os itens mais importantes para os objetivos deste trabalho.

3.7 - Outros Métodos de Reconstrução 3D

Nas seções anteriores foram expostos os principais métodos de Reconstrução 3D que fazem uso de uma etapa de interpolação de imagens, uma vez que têm como objetivo a reconstrução de um volume isotrópico de dados. Nesta seção, como complemento, serão citadas referências de alguns outros métodos para Reconstrução 3D, alguns deles para Reconstrução por Superfícies.

A abordagem de Reconstrução por Superfícies tem por objetivo a reconstrução da superfície 3D dos objetos de interesse, não havendo preocupação com isotropismo de dados e, portanto, não havendo necessidade de etapa de interpolação de imagens para geração de imagens intermediárias. A maioria dos métodos propostos (por exemplo, [KEPPLE-75] e [WANG-85]) começa com a detecção de contornos (2D) que descrevem as fronteiras do objeto de interesse em cada imagem e, então, as superfícies são formadas através da conexão desses contornos por meio de elementos geométricos planos (*patches*), normalmente triângulos, sendo que a superfície 3D assim formada é uma aproximação da superfície real. A técnica de unir contornos através de elementos geométricos planos é chamada de *patching*.

A técnica de *lofting*, que utiliza uma família de curvas paramétricas para representação de superfícies, foi utilizada em [WU-77] num outro método de reconstrução por superfícies. Nesse método, os contornos são tratados como curvas representadas por *B-splines* uniformes e a superfície 3D é interpolada entre os contornos através de *Cardinal splines*.

O método de reconstrução por superfícies adotado em [NONATO-95] consiste em triangular os contornos definidos nas imagens originais através de Triangulações de Delaunay (2D) e, então, gerar uma Tetraedração de Delaunay (3D) a partir das triangulações definidas. A tetraedração determina um volume que consiste numa aproximação do objeto 3D real, sendo que para produzir a superfície 3D aproximada basta tomar o bordo do volume gerado, ou seja, o bordo da tetraedração.

A abordagem de Reconstrução Pseudo-Volumétrica compreende todos aqueles métodos que, apesar de reconstruírem um volume isotrópico, o fazem de maneira segmentada (binária), sem a preservação do conteúdo volumétrico de densidades. Em [ARITZ-81] e [UDUPA-82], esse tipo de abordagem é utilizada de forma a produzir um volume isotrópico binário conveniente para detecção de superfícies.

Com relação à abordagem de Reconstrução Volumétrica, um método bastante recente na área médica, chamado de Kriging [STYTZ-93], foi proposto para interpolação de densidades com base nas variações estatísticas das mesmas, com o objetivo de gerar imagens intermediárias. Esse método consiste numa técnica de estimativa estatística que analisa o volume de dados (de forma global e local) de maneira a determinar a variabilidade de densidades antes de proceder à interpolação das mesmas, evitando que seja feita uma suposição de variabilidade (nem sempre correta) como acontece nos métodos tradicionais. Além disso, esse método possibilita um cálculo da estimativa de erro nas imagens interpoladas [STYTZ-93]. O grande problema é sua complexidade computacional e, conseqüentemente, o tempo requerido para execução. No entanto, esse método, inicialmente proposto na área de geo-ciências para estimativa da distribuição espacial de depósitos de minério [MATHERON-63], ainda passa por estudos para ser adaptado na área médica para utilização na interpolação de imagens tomográficas para Reconstrução 3D.

3.8 - Definição de Método de Interpolação para Implementação

Após o estudo de métodos de interpolação de imagens tomográficas para Reconstrução 3D, o objetivo foi a definição e implementação de um método mais apropriado para interpolação de imagens originais com grande espaçamento, como uma alternativa para o método de interpolação linear atualmente em uso no Sistema para Reconstrução e Visualização Tridimensional de Imagens Tomográficas. Recordando, este Sistema sendo desenvolvido no ICMSC-USP foi motivado pelo tomógrafo de RM desenvolvido no IFSC-USP, o qual fornece imagens originais com grande espaçamento.

A idéia do referido Sistema é a reconstrução 3D volumétrica, com o objetivo de reconstruir um volume isotrópico preservando toda a informação volumétrica de densidades da cena. Neste caso, o método de interpolação de imagens tomográficas a ser selecionado deve seguir a abordagem de Reconstrução Volumétrica.

Além dos métodos tradicionais (entre eles, a interpolação linear atualmente implementada no Sistema), os métodos de interpolação estudados que seguem a abordagem

de reconstrução volumétrica são a Interpolação Baseada na Forma para Imagens Originais de Densidades, a Interpolação através de *Matching* e o Método de Kriging.

O Método de Kriging, segundo Stytz e outros [STYTZ-93], é um método bastante promissor que, além de promover interpolação de densidades com base nas variações estatísticas das mesmas dentro da cena, ainda permite um cálculo da estimativa de erro nas imagens interpoladas. No entanto, é um método bastante complexo e que ainda passa por estudos para ser adaptado para utilização na interpolação de imagens tomográficas (ver [STYTZ-93] para maiores detalhes).

O método de Interpolação Baseada na Forma é um método de implementação aparentemente simples e que, conforme estudos de Grevera e Udupa [GREVERA-94], apresenta resultados sensivelmente melhores do que aqueles apresentados pelos métodos tradicionais de interpolação. Entretanto, até que análises específicas sejam realizadas, o seu desempenho para imagens originais com grande espaçamento, apesar de aparentemente razoável, permanece uma incógnita.

O único método que foi proposto como uma alternativa para o caso de imagens originais mais distanciadas é o método de Interpolação através de *Matching*. Mesmo intuitivamente, parece que a utilização de uma etapa de *matching* seja a maneira mais efetiva de se conseguir resultados satisfatórios nessas situações, uma vez que tal processo atua diretamente na causa dos principais problemas manifestados durante a reconstrução a partir de imagens originais com grande espaçamento.

Portanto, optou-se, neste trabalho, por implementar o método de Interpolação através de *Matching*, deixando o estudo aprofundado do Método de Kriging e da Interpolação Baseada na Forma para imagens com grande espaçamento para trabalhos futuros. A implementação do método selecionado, além de fornecer subsídios para uma reconstrução 3D volumétrica mais precisa, ainda apresenta uma possível solução para o problema de registro de imagens tomográficas distantes geradas pelo mesmo dispositivo de aquisição.

3.9 - Considerações Finais

Este capítulo apresentou os principais métodos de interpolação de imagens tomográficas estudados. Além desses métodos usados para Reconstrução Volumétrica e Pseudo-volumétrica, foram citados ainda outros métodos de reconstrução 3D, inclusive alguns para Reconstrução por Superfícies. Apresentados todos os métodos estudados, uma breve análise das características dos mesmos permitiu definir o método de Interpolação através de *Matching* como um método bastante conveniente para implementação, com o intuito de atender os objetivos deste trabalho.

O próximo capítulo detalha o método selecionado e as alterações que estão sendo propostas para o processo de *matching* requerido pelo mesmo.

Capítulo 4

Interpolação de Imagens Tomográficas através de *Matching*

4.1 - Considerações Iniciais

Neste capítulo é feita uma exposição detalhada do Método de Interpolação de Imagens Tomográficas através de *Matching*, método que foi selecionado como alternativo ao método de interpolação linear, no caso de interpolação de imagens com grande espaçamento, para Reconstrução 3D. Além das alterações que estão sendo propostas para esse método (relativamente ao método apresentado na literatura [GOSHTASBY-92]), são fornecidas informações complementares sobre sua implementação. O algoritmo do método também é apresentado no final do capítulo.

Para um dado conjunto de imagens tomográficas, as diferenças geométricas entre estruturas médicas em imagens sucessivas são tanto menores quanto menor for o espaçamento entre as imagens. Se a distância entre as imagens sucessivas não for muito maior do que a distância entre pixels consecutivos dentro das mesmas, então o tradicional método de interpolação linear pode gerar razoavelmente o volume isotrópico desejado para a Reconstrução 3D. Caso contrário, é conveniente que, numa prévia etapa de *matching*, sejam estabelecidas correspondências entre pontos (pixels), entre cada par de imagens, antes da interpolação linear de densidades que deverá, nesse caso, obedecer às correspondências previamente estabelecidas.

Conforme já foi relatado, sem a etapa de *matching*, a interpolação de densidades é feita sempre entre pixels de mesmas coordenadas, o que geralmente provoca um efeito de borramento de fronteiras nas imagens intermediárias interpoladas (ver figura 3.4), uma vez que pode promover interpolação entre pontos de diferentes estruturas; além disso, a visualização de cortes sagitais e coronais do volume isotrópico reconstruído torna evidente um pronunciado efeito escada (ver figura 3.5). A etapa de *matching* tenta evitar ou amenizar esses artefatos indesejáveis. Considerando imagens originais com grande espaçamento, acreditamos que a utilização de uma prévia etapa de *matching* seja realmente o meio mais efetivo de se obter resultados eficientes, uma vez que essa solução atua diretamente na causa dos problemas citados, tentando evitar a interpolação entre pontos pertencentes a diferentes estruturas ou entre pontos de fundo e pontos de estruturas.

4.2 - Visão Global do Método

O método de Interpolação através de *Matching* implementado neste trabalho é uma modificação do método proposto na literatura [GOSHTASBY-92], diferindo significativamente na implementação do processo de *matching*. A idéia do método se

resume em, para cada par de imagens originais, efetuar-se uma etapa de *matching* dessas imagens seguida por uma etapa de interpolação propriamente dita.

Uma visão global desse método já foi fornecida no capítulo 3, estando representada na figura 3.8, a qual ilustra o estabelecimento de correspondência entre pontos entre duas imagens originais consecutivas (denominadas de imagem referência e imagem destino) durante a etapa de *matching*, fornecendo subsídios para a etapa seguinte de interpolação linear; a etapa de interpolação é executada seguindo as correspondências estabelecidas na etapa anterior (de *matching*) e se encarrega de gerar um número adequado de imagens intermediárias, entre as imagens referência e destino, para a reconstrução de um volume de resoluções isotrópicas.

Em resumo, a etapa de *matching* tem o objetivo de determinar as posições, nas imagens intermediárias, dos pixels que correspondem a determinados pixels das imagens originais, enquanto que a etapa de interpolação linear encarrega-se de definir as densidades dos pixels, das imagens intermediárias, assim localizados.

O processo de *matching* implementado, ponto crucial do método, toma vantagem de algumas características especiais de imagens tomográficas [GOSHTASBY-92]:

- Imagens consecutivas estão aproximadamente alinhadas, ou seja, a correspondência de um ponto de uma imagem encontra-se dentro de uma pequena área centrada nas mesmas coordenadas da imagem seguinte;
- Há continuidade nas correspondências, isto é, pontos vizinhos em uma imagem têm como correspondentes pontos muito próximos (vizinhos, na maioria das vezes) na imagem adjacente;
- As diferenças geométricas entre imagens consecutivas são locais.

Uma característica do processo de *matching* proposto e, portanto, do método de Interpolação de Imagens Tomográficas implementado neste trabalho, é que não é necessário qualquer tipo de segmentação das imagens. Levando-se em conta que processos automáticos confiáveis de segmentação são sempre muito difíceis de serem obtidos e que, normalmente, tais processos são executados de forma interativa, essa característica é realmente de extrema importância.

Nas próximas seções serão detalhadas ambas as etapas do método, etapa de *matching* e etapa de interpolação linear, conforme foram implementadas.

4.3 - A Etapa de *Matching*

Considerando que imagens tomográficas originais consecutivas têm pequenas diferenças geométricas entre si, pode-se imaginar o processo de *matching* como o processo de se definir as deformações locais a serem aplicadas a uma das imagens de cada par para transformá-la na outra. Usando os termos já definidos, para cada par de imagens originais, devem-se definir as deformações locais a serem aplicadas à imagem referência com o objetivo de transformá-la geometricamente na imagem destino. Para determinar as deformações desejadas, para cada ponto da imagem referência, deve-se definir um ponto correspondente na imagem destino, ou seja, devem-se definir as disparidades (deslocamentos) horizontal e vertical a serem aplicadas a esse ponto da imagem referência para levá-lo ao correspondente ponto da imagem destino.

Note-se que todos os pontos da imagem referência terão correspondentes definidos na imagem destino, mas nem todos os pontos da imagem destino terão correspondentes definidos na imagem referência. Isso pode ocasionar a existência de alguns pontos das imagens intermediárias sem correspondentes definidos nas imagens originais, uma vez que é possível que nenhuma linha de correspondência¹ passe por determinados pontos dessas imagens intermediárias, problema que será resolvido durante a etapa de interpolação, conforme será mostrado oportunamente.

É interessante observar que processos de *matching* geralmente determinam correspondências entre os mesmos pontos em duas imagens da mesma cena; essas duas imagens podem representar a cena de ângulos distintos ou através de modos de aquisição diferentes, mas geralmente representam a mesma cena. No caso de *matching* para interpolação de duas imagens tomográficas consecutivas, não é o que acontece, uma vez que cada uma das imagens representa uma fatia diferente, portanto, uma cena diferente. Nesse caso, deve-se considerar que o processo de *matching* deve tentar estabelecer correspondência entre pontos que pertençam ao mesmo tipo de tecido e possuam características bastante semelhantes; desse modo, o processo de *matching* deve ser bastante fiel, principalmente para os pontos pertencentes às fronteiras entre tecidos, ou seja, pontos de alto gradiente de densidades. Sendo assim, a etapa de *matching* proposta é executada em dois passos distintos, de forma geral, um para os pontos de alto gradiente (primeiro passo) e outro para os pontos de baixo gradiente (segundo passo). Na verdade, primeiramente tenta-se definir correspondência para todos os pontos de alto gradiente da imagem referência; depois, para todos os pontos de baixo gradiente e para aqueles pontos de alto gradiente para os quais não se tenha conseguido definir correspondência no primeiro passo. A distinção entre pontos de alto e baixo gradiente é feita através da definição de um valor limiar (*threshold*), o qual se constitui em um dos parâmetros do processo de *matching*, como será discutido numa seção adiante.

Neste trabalho, o primeiro passo da etapa de *matching* foi implementado conforme proposto na literatura. Para o segundo passo, estão sendo propostas modificações significativas, conforme será explicado oportunamente, juntamente com as justificativas para tais novas propostas.

4.3.1- *Matching* de Pontos de Alto Gradiente

Esse primeiro passo da etapa de *matching* tem o objetivo de tentar estabelecer correspondência para todos os pontos de alto gradiente da imagem referência, tendo sido implementado conforme proposto em [GOSHTASBY-92], com algumas poucas diferenças. Nessa referência, a proposta era a utilização de um operador 2x2 para cálculo de gradiente. Na implementação feita neste trabalho, foram usados os operadores de Sobel (3x3) [GONZALEZ-87], uma vez que tais operadores reduzem, teoricamente, o efeito de ruídos nos dados [JAIN-89].

Pontos de alto gradiente são, normalmente, pontos pertencentes a fronteiras entre tecidos ou mesmo fronteira entre um tecido e o fundo da imagem. Para tais pontos, correspondências podem ser encontradas de uma maneira mais fácil, pois são pontos bastante característicos das imagens. Portanto, para esses pontos, as correspondências são

¹ Linha de correspondência é a linha imaginária ligando dois pontos correspondentes (um da imagem referência e um da imagem destino).

determinadas através de um processo de pesquisa, o qual procura determinar pontos com características bastante semelhantes entre as imagens, conforme esclarecido a seguir.

Para cada ponto de alto gradiente da imagem referência, um ponto correspondente é procurado numa pequena vizinhança da imagem destino. Essa pequena vizinhança (chamada de janela de pesquisa) é um círculo cujo centro está nas mesmas coordenadas do ponto da imagem referência para o qual se procura correspondência e cujo raio, medido em pixels, deve ser o valor do maior deslocamento esperado para pontos correspondentes entre as duas imagens. O deslocamento entre pontos correspondentes é justamente o que já foi chamado de disparidade. A figura 4.1 ilustra a janela circular de pesquisa definida na imagem destino para procura de ponto correspondente a determinado ponto de alto gradiente da imagem referência. O raio a ser usado para definir o que foi denominado de janela de pesquisa é outro parâmetro do processo de *matching*; valores apropriados para esse parâmetro também serão discutidos numa seção específica.

Figura 4.1: Definição de janela circular de pesquisa na imagem destino para definição de correspondência para determinado ponto de alto gradiente da imagem referência durante o primeiro passo da etapa de *matching*.

Para determinar as correspondências, nesse primeiro passo, são levadas em consideração as diferenças de densidades e gradientes entre os pontos, bem como a diferença de posicionamento geométrico (disparidade) entre eles. Para isso, em [GOSHTASBY-92] foi definido um vetor custo que pode ser usado para medir a dissimilaridade² entre dois determinados pontos. Apesar de ser possível a definição de outras medidas de dissimilaridade entre pontos, preferiu-se adotar, neste trabalho, a proposta da citada referência. O vetor custo pode ser calculado entre um determinado ponto (x,y) da imagem referência e outro determinado ponto (x',y') da imagem destino, da seguinte maneira:

² O termo "dissimilaridade" (que não existe na Língua Portuguesa) é introduzido aqui para denotar a diferença existente entre dois pontos, ou seja, quão diferentes são estes pontos com relação a densidade, gradiente (magnitude e direção) e posicionamento geométrico.

$$\begin{aligned}
C(x,y,x',y') = & p1.|D(x,y) - D'(x',y')| \cdot \mathbf{i} + \\
& p2.|M(x,y) - M'(x',y')| \cdot \mathbf{j} + \\
& p3.|\theta(x,y) - \theta'(x',y')| \cdot \mathbf{k} + \\
& p4.dist((x,y),(x',y')) \cdot \mathbf{l}
\end{aligned}$$

onde $D(x,y)$, $M(x,y)$ e $\theta(x,y)$ são, respectivamente, a densidade, a magnitude do gradiente e a direção do gradiente do ponto (x,y) da imagem referência e $D'(x',y')$, $M'(x',y')$ e $\theta'(x',y')$ são, respectivamente, a densidade, a magnitude do gradiente e a direção do gradiente do ponto (x',y') da imagem destino. O último componente do vetor custo é a distância Euclidiana entre os pontos (x,y) e (x',y') supondo os dois no mesmo plano, ou seja, a diferença de posicionamento geométrico entre esses pontos.

Como a diferença entre direções de gradiente de dois pontos não pode ser maior que 180° , se $|\theta(x,y) - \theta'(x',y')| > 180^\circ$, esse valor deve ser substituído por $360^\circ - |\theta(x,y) - \theta'(x',y')|$.

Para calcular a dissimilaridade entre dois pontos (x,y) e (x',y') , usa-se o módulo do vetor custo (vetor de quatro dimensões) assim definido. Como se percebe, essas medidas de dissimilaridade, que são usadas para se tentar estabelecer correspondências, levam em consideração as densidades e gradientes dos pontos e a disparidade entre eles. Os valores $p1$, $p2$, $p3$ e $p4$ são os pesos que especificam a importância relativa entre os fatores considerados na procura por pontos correspondentes. Esses quatro valores são também parâmetros do processo de *matching*, a serem discutidos no momento oportuno.

Com o objetivo de permitir que a importância relativa entre os fatores seja controlada exclusivamente pelos parâmetros do processo de *matching*, devem-se normalizar as diferenças de magnitude de gradiente e direção de gradiente para o mesmo domínio de valores das diferenças de densidades (por exemplo, no caso do tomógrafo de RM do IFSC-USP, domínio $[0,255]$). A disparidade possui um domínio de valores bem menor, entre 0 e o raio da janela de pesquisa. Portanto, as correspondências são estabelecidas levando-se em conta principalmente as densidades e os gradientes dos pontos, sendo a disparidade usada como critério de desempate quando uma única correspondência não puder ser definida levando-se em conta somente essas informações, situação na qual é selecionada, dentre as prováveis correspondências, aquela que apresentar a menor diferença de posicionamento geométrico.

Dada a definição do vetor custo, o processo de pesquisa consiste em, para cada ponto (x,y) de alto gradiente da imagem referência, procurar um ponto correspondente (x',y') dentro da janela de pesquisa da imagem destino. Uma vez que somente pontos de alto gradiente podem passar por um tal processo de pesquisa de forma confiável, somente pontos de alto gradiente dentro da janela de pesquisa da imagem destino são considerados. Dessa forma, através do módulo do vetor custo, é calculada a dissimilaridade entre o ponto de alto gradiente (x,y) da imagem referência e cada ponto de alto gradiente (x_i',y_i') pertencente à janela de pesquisa da imagem destino. O ponto (x_i',y_i') que produzir o menor módulo de vetor custo será o ponto de menor dissimilaridade com relação ao ponto (x,y) , sendo selecionado como ponto correspondente. Como se nota, é possível que alguns pontos de alto gradiente da imagem referência não encontrem, nesse primeiro passo da etapa de *matching*, correspondência na imagem destino, pois, apesar de ser pouco provável, pode não haver qualquer ponto de alto gradiente na janela de pesquisa dessa imagem destino.

Correspondências estabelecidas dessa forma podem não ser corretas ou consistentes, principalmente quando se considera que as duas imagens correspondem a duas fatias tomográficas distintas. Uma das características de imagens tomográficas adjacentes é que elas estão aproximadamente alinhadas, sendo que as diferenças geométricas de estruturas entre elas são pequenas e locais. Dessa forma, para manter consistência na etapa de *matching*, deve haver continuidade nas correspondências, ou seja, pontos vizinhos em uma imagem devem ser mapeados em pontos vizinhos (ou muito próximos) na imagem adjacente. O processo de *matching*, como descrito até agora, não garante que isso ocorra. Se correspondências erradas não ocorrerem de forma coletiva, pode-se usar esse critério de continuidade (ou restrição de continuidade) para detectar e corrigir tais correspondências mal estabelecidas. Isso pode ser feito através do uso de filtro da mediana, re-estabelecendo disparidades para determinados pontos, agora de forma consistente, quando as mesmas forem consideravelmente maiores ou menores que as dos pontos vizinhos imediatos. Através do uso de um filtro 3x3, para cada ponto (x,y) de alto gradiente da imagem referência com correspondência já estabelecida, tomam-se, como novas disparidades (horizontal e vertical) para esse ponto, as medianas das disparidades dos $n \leq 9$ pontos de alto gradiente dessa vizinhança 3x3 que já possuam disparidades estabelecidas. No entanto, esse processo de detecção e correção de correspondências mal definidas usando a restrição de continuidade ainda falha se esse tipo de problema ocorrer coletivamente, ou seja, a maioria dos pontos da vizinhança 3x3 tiver correspondências definidas de forma errada.

Restando ainda correspondências erradas, pode-se ainda tentar corrigi-las repetindo todo o processo descrito até o momento, mas no sentido inverso, isto é, da imagem destino para a imagem referência, e preservando somente as correspondências igualmente definidas em ambos os sentidos, as quais serão, portanto, correspondências bastante confiáveis. Mais uma vez, percebe-se que é possível que pontos de alto gradiente da imagem referência fiquem sem correspondentes definidos na imagem destino nesse primeiro passo da etapa de *matching*.

Ao final desse passo de *matching* de pontos de alto gradiente, tem-se disparidades estabelecidas para uma parcela desses pontos da imagem referência. A porcentagem de pontos da imagem referência que já terão disparidades estabelecidas depois desse passo depende de vários fatores, não somente das imagens, mas também dos parâmetros selecionados para o processo de *matching*, principalmente o parâmetro que estabelece o *threshold* que distingue pontos de alto e de baixo gradiente de densidades. Os parâmetros do processo de *matching* serão tratados com maiores detalhes numa seção específica, mas, desde já, alerta-se para o fato de que a porcentagem de pontos com correspondência já estabelecida nesse passo afeta diretamente o próximo passo, de *matching* de pontos de baixo gradiente, uma vez que nesse segundo passo são usadas as disparidades definidas no primeiro.

4.3.2 - *Matching* de Pontos de Baixo Gradiente

O segundo passo da etapa de *matching* tem o objetivo de definir correspondência para todos os demais pontos da imagem referência. Incluem-se, portanto, não somente todos os pontos de baixo gradiente, mas também aqueles pontos de alto gradiente para os quais não se tenha conseguido estabelecer correspondência no primeiro passo. Como, na sua grande maioria, estes são pontos de baixo gradiente, dá-se o mesmo tratamento a todos eles, tratando-os como se fossem todos pontos de baixo gradiente.

Pontos de baixo gradiente são pontos pertencentes a regiões homogêneas das imagens, sendo mais difícil estabelecer correspondências para tais pontos. Para esses pontos, não se pode usar o mesmo critério usado para os pontos de alto gradiente, uma vez que pontos próximos, dentro de regiões homogêneas, têm densidades e gradientes muito semelhantes.

Uma forma consistente de se estabelecer correspondências, neste segundo passo, é através do uso de informações das correspondências já estabelecidas no primeiro. Assim, para definir as disparidades horizontal e vertical para esses pontos (o que significa determinar correspondências para os mesmos), basta implementar um processo de interpolação das disparidades dos pontos que já as têm definidas no primeiro passo. Este é realmente um modo bastante consistente de se definir tais correspondências, pois respeita a restrição de continuidade.

Para este passo da etapa de *matching*, está sendo proposta uma nova forma de execução, diferente daquela proposta na literatura [GOSHTASBY-92]. Nesta referência, sugere-se um processo de interpolação bi-linear para a determinação de correspondências para esses pontos, em sua grande maioria, pontos de regiões homogêneas. Esse processo consistiria em determinar as disparidades para cada um desses pontos através da interpolação bi-linear das disparidades dos quatro pontos com disparidades estabelecidas no primeiro passo, não-colineares e mais próximos do ponto em questão.

A implementação, conforme proposta em [GOSHTASBY-92], apresenta alguns problemas. Primeiro, não estabelece como deve ser feita a definição dos quatro pontos mais próximos de determinado ponto. Uma maneira de se fazer isso, por exemplo, seria através da utilização de Diagramas de Voronoi Generalizados [PREPARATA-88], estrutura cuja construção, no entanto, constitui-se num processo razoavelmente complexo e bastante demorado. Segundo, não fica bem estabelecida a resolução do problema de definição de correspondência para pontos de regiões homogêneas pertencentes ao fundo da imagem, uma vez que esses pontos podem estar bastante distantes de qualquer ponto com disparidades já estabelecidas no primeiro passo. Em princípio, seria interessante um tratamento diferenciado para tais pontos, o que não é sugerido nesta referência.

Diante desses problemas, optou-se por um método diferente e inovador para essa aplicação de *matching* de imagens tomográficas para interpolação. A nova proposta para esse segundo passo, bastante consistente e respeitando a restrição de continuidade, resume-se em:

- Primeiro, construir uma triangulação, tendo como vértices os pontos da imagem referência com correspondências já definidas no primeiro passo; a construção da triangulação define o fecho convexo de tal conjunto de pontos;
- Segundo, definir disparidades para os pontos das regiões homogêneas da imagem referência que estejam dentro do fecho convexo definido pela triangulação (grande maioria são pontos da estrutura de interesse), através de um processo de interpolação linear das disparidades dos vértices do triângulo que contém cada ponto;
- Terceiro, definir disparidades para os pontos das regiões homogêneas da imagem referência fora do fecho convexo da triangulação (grande maioria são pontos do fundo da imagem), através de um processo que foi denominado de extrapolação.

As duas primeiras fases desta proposta consistem na utilização de triangulações para a interpolação de dados de pontos irregularmente distribuídos no plano, problema que é

apresentado no anexo A, onde se define que a triangulação de Delaunay é a mais apropriada para esse tipo de aplicação.

As justificativas para a implementação desse segundo passo da etapa de *matching* seguindo esta nova proposta, ao invés da implementação proposta na literatura são basicamente as seguintes:

- a construção da triangulação de Delaunay já define o fecho convexo do conjunto de pontos de alto gradiente com disparidades consistentemente definidas no primeiro passo da etapa de *matching*. Assim, no segundo passo, pode-se tratar de forma distinta os pontos de regiões homogêneas internos ao fecho (os quais são, normalmente, pontos pertencentes à estrutura de interesse) e os pontos de regiões homogêneas externos ao fecho (que geralmente são pontos de fundo). Esse tratamento distinto é bastante desejável, não sendo previsto na proposta da literatura;
- a nova proposta de implementação define de forma clara e consistente as disparidades para os pontos de regiões homogêneas pertencentes ao fundo da imagem, como se verá adiante.

Com relação a resultados fornecidos por esta nova proposta, estes deverão ser bastante parecidos com os apresentados pelo método proposto na literatura [GOSHTASBY-92] para os pontos das regiões homogêneas internos ao fecho convexo, uma vez que o processo de interpolação, ao invés de quatro pontos mais próximos, usa três pontos, os quais nem sempre são os mais próximos, mas na enorme maioria das vezes são, devido ao uso de triangulações de Delaunay [CRONIN-86]. Para os pontos das regiões homogêneas externos ao fecho convexo definido pela triangulação, os quais são geralmente pontos do fundo da imagem, os resultados deverão ser melhores, uma vez que está sendo proposto um processo de extrapolação específico para tais pontos.

Cada uma das fases da nova proposta será discutida nas seções seguintes. As duas primeiras fases, triangulação de Delaunay e processo de interpolação (interpolação através da triangulação definida), serão tratadas de forma mais resumida, apenas particularizando para o problema específico em questão, uma vez que são tratadas de forma geral no anexo A. A terceira fase, processo de extrapolação, será discutida mais detalhadamente.

4.3.2.1 - Triangulação de Delaunay

O objetivo é a construção de uma triangulação de Delaunay, tendo como vértices os pontos de alto gradiente da imagem referência com correspondências já definidas no primeiro passo da etapa de *matching*, com o intuito de fornecer subsídios para a interpolação das disparidades dos pontos das regiões homogêneas dessa imagem neste segundo passo.

A utilização da triangulação de Delaunay para interpolação de pontos irregularmente distribuídos no plano é discutida no anexo A, onde se argumenta sobre a melhor adequação desse tipo de triangulação para este propósito específico, devido as suas características apropriadas.

No entanto, deve-se definir o algoritmo a ser usado para construção desta triangulação, o qual deve ser o mais eficiente para o problema em questão. As grandes preocupações devem ser, não somente a utilização de um algoritmo eficiente para

construção da triangulação, como também a criação de uma estrutura de dados para armazenar tal triangulação que seja adequada à aplicação para a qual a mesma é necessária. Ou seja, a estrutura de dados criada deve permitir acesso fácil e rápido para a particular aplicação.

A ordem de complexidade dos algoritmos mais eficientes para construção da Triangulação de Delaunay é, conforme provado em [SHAMOS-75], $O(n \log n)$. No entanto, para a implementação específica de interpolação a partir de dados irregularmente distribuídos no plano, os quais se constituem nos pontos com correspondências já definidas no primeiro passo da etapa de *matching*, foi adotado o algoritmo proposto por Lawson [LAWSON-77] (ver anexo A) por ser um algoritmo simples, que se utiliza de uma estrutura de dados também simples e eficiente tanto para a construção da Triangulação de Delaunay como para a fase seguinte de interpolação, como será esclarecido na próxima seção. A única desvantagem é que, conforme Lawson [LAWSON-77], a ordem de complexidade do algoritmo é $O(n^{4/3})$, menos eficiente que $O(n \log n)$, o que, entretanto, não chega a prejudicar o desempenho da implementação, uma vez que é relativamente pequeno o número n de pontos das imagens tomográficas usados para triangulação. O número de pontos a serem posteriormente interpolados é muito maior e para a localização desses pontos dentro da triangulação, a estrutura de dados construída por esse algoritmo é altamente eficiente, como também será explicado.

É oportuno esclarecer que, para o problema em questão, a estrutura de dados simples utilizada pelo algoritmo de Lawson, explicada no anexo A (ver figura A.10), é mais eficiente inclusive que estruturas de árvore, as quais têm freqüentemente sido utilizadas para armazenamento de triangulações devido à eficiência do algoritmo de construção da triangulação e, principalmente, do algoritmo para posterior recuperação de informações.

Conforme demonstrado em [TEILLAUD-93] e [WATSON-___], estruturas de árvore permitem não somente uma construção rápida da triangulação, mas também um acesso rápido para se determinar qual triângulo contém determinado ponto em seu interior. De fato, a pesquisa em estruturas de árvore é rápida; no entanto, para cada ponto sendo pesquisado, deve-se começar a pesquisa novamente pela raiz da árvore. Considerando, entretanto, que uma imagem constitui-se de uma grade retangular de pontos e que é necessário definir valores (disparidades) para todos³ eles (o que implica determinar o triângulo que contém cada um deles), poder-se-ia percorrer essa grade por linhas ou colunas, mas, de qualquer forma, o próximo ponto a ser pesquisado seria quase sempre vizinho do ponto anterior e, provavelmente estaria dentro do mesmo triângulo, sendo conveniente, portanto, começar a pesquisa pelo triângulo que contivesse o ponto anteriormente pesquisado. Esse tipo de informação não pode ser usada diretamente em estruturas de árvores, sendo, no entanto, facilmente usada com a estrutura de dados adotada pelo algoritmo de Lawson, como será esclarecido na próxima seção.

³ Na verdade, só para os pontos com correspondências não estabelecidas no primeiro passo da etapa de *matching*, os quais, no entanto, se constituem na grande maioria.

4.3.2.2- Processo de Interpolação

A interpolação de pontos através da triangulação dos mesmos também está exposta no anexo A (seções A.3 e A.4). No caso específico, o problema é a definição de disparidades para os pontos das regiões homogêneas da imagem referência que estejam dentro do fecho convexo definido pela triangulação dos pontos de alto gradiente com disparidades já definidas no primeiro passo da etapa de *matching*.

Para cada ponto de regiões homogêneas, o problema resume-se em determinar o triângulo que o contém e, então, determinar as disparidades desse ponto através de interpolação linear das disparidades dos vértices desse triângulo. Os pontos descobertos como pontos exteriores à triangulação terão disparidades definidas pelo processo de extrapolação, discutido na próxima seção.

O algoritmo de pesquisa para determinação do triângulo desejado, exposto textualmente no anexo A, é bastante simples. Nesse anexo, onde o algoritmo é explicado de forma geral (ver seção A.3), é identificada uma grande vantagem da estrutura de dados adotada (ver figura A.10), uma vez que a determinação do vizinho de determinado triângulo através de determinada aresta, conforme necessário para determinação do triângulo desejado, pode ser feita através da simples inspeção do registro correspondente a esse triângulo. Além disso, o algoritmo de pesquisa, juntamente com a estrutura de dados adotada, são particularmente muito eficientes para o caso de interpolação de pontos de uma grade retangular, como é o caso, uma vez que a pesquisa, conforme relatado na seção anterior, pode ser iniciada com o triângulo no qual o ponto anterior tenha sido encontrado. Quando se inicia uma nova linha (ou coluna) da grade retangular, a pesquisa pode ser iniciada com o triângulo no qual o primeiro ponto da linha (ou coluna) anterior tenha sido encontrado. Escolhendo dessa forma o triângulo inicial para pesquisa, normalmente o primeiro triângulo pesquisado é o triângulo requerido, sendo que a estrutura de dados definida permite a recuperação das informações desse triângulo inicial através de acesso direto ao registro correspondente ao mesmo.

Determinado o triângulo, a interpolação linear pode ser feita conforme explicado no anexo A (ver seção A.4.4). A interpolação linear foi escolhida não somente por ser rápida, como também por ser suficiente, uma vez que a restrição de continuidade, pela qual o método tem se pautado, prega, na verdade, continuidade somente de classe C^0 . Interpolações de classe C^1 poderiam fornecer resultados melhores, mas a um custo computacional bem mais alto.

4.3.2.3- Processo de Extrapolação

O processo de extrapolação consiste no estabelecimento de correspondências (definição de disparidades) para todos os pontos da imagem referência que estejam fora do fecho convexo definido pela triangulação, ou seja, para todos os pontos que extrapolam os limites da triangulação.

A definição de correspondências através de um processo diferenciado para esses pontos é bastante natural, uma vez que tais pontos possuem características distintas das dos pontos de regiões homogêneas internos à triangulação (ou seja, internos ao fecho convexo definido pela triangulação), na medida em que os primeiros são usualmente pontos pertencentes ao fundo da imagem enquanto que os últimos são geralmente pontos pertencentes à estrutura presente na imagem. Essa diferenciação no tratamento desses

pontos faz parte da nova proposta deste trabalho para a etapa de *matching*, não estando prevista na proposta original [GOSHTSABY-92].

Para esses pontos externos, extremo cuidado deve ser tomado. Pontos externos à triangulação que estejam a uma distância suficientemente grande da mesma, com certeza são pontos pertencentes ao fundo da imagem e, para esses pontos, podem-se atribuir disparidades nulas sem qualquer risco de comprometimento do processo de *matching*. No entanto, pontos externos à triangulação, mas que estejam bem próximos dela, podem ser pontos pertencentes à estrutura presente na imagem ou ao fundo e, de qualquer forma, são pontos próximos à fronteira dessa estrutura. Em assim sendo, a correta atribuição de disparidades aos mesmos é crítica para a qualidade do processo de *matching*, pois correspondências estabelecidas de forma inconsistente para esses pontos, podem causar o indesejável efeito escada no objeto 3D reconstruído.

Para manter a consistência do processo de *matching*, deve-se continuar respeitando a restrição de continuidade nas correspondências; portanto, não pode haver mudanças bruscas de disparidades entre pontos vizinhos da imagem referência. A solução adotada para uma extrapolação segura e consistente foi a de definir um anel, de determinada espessura, em torno da triangulação, de forma que os pontos exteriores a esse anel sejam, seguramente, pontos pertencentes ao fundo da imagem e possam, portanto, receber disparidades nulas (ver figura 4.2). Para os pontos internos ao anel, mas externos à triangulação, as disparidades são atribuídas variando linearmente desde zero (disparidade nula que é atribuída aos pontos externos ao anel), para os pontos na fronteira externa do anel, até as disparidades dos pontos pertencentes à fronteira da triangulação, para os pontos na fronteira interna do anel, uma vez que a fronteira interna do anel coincide com a fronteira da triangulação. Dessa forma, não ocorrem mudanças bruscas de disparidades e, assim, as correspondências estabelecidas seguem a restrição de continuidade.

Figura 4.2: Triangulação de Delaunay com anel estabelecido para o processo de extrapolação. Pontos da região A têm como pontos da triangulação mais próximos, pontos pertencentes a uma aresta de fronteira da mesma. Pontos da região B têm como ponto da triangulação mais próximo, um vértice de fronteira da mesma.

Para a implementação do processo de extrapolação, para cada ponto dentro do anel definido, deve-se determinar o ponto da triangulação mais próximo. Tal ponto mais próximo pode ser um ponto pertencente a uma aresta de fronteira da triangulação, como é o caso dos pontos pertencentes à região A da figura 4.2, ou pode ser um vértice de fronteira da triangulação, caso dos pontos pertencentes à região B da figura 4.2.

A questão óbvia se resume em como definir a espessura do anel. Conforme já foi explicado, no passo de *matching* dos pontos de alto gradiente (primeiro passo), o processo de pesquisa para estabelecimento de correspondência determina uma janela circular de pesquisa na imagem destino, cujo raio, medido em pixels, é um dos parâmetros do processo de *matching*. Portanto, a maior disparidade possível estabelecida durante o primeiro passo da etapa de *matching* é igual ao raio da janela de pesquisa. O segundo passo da etapa de *matching*, durante o processo de interpolação, define disparidades através de interpolação das disparidades definidas no primeiro passo, usando combinações lineares das mesmas, podendo-se concluir, portanto, que a maior disparidade possível estabelecida para todos os pontos dentro da triangulação seja realmente igual ao raio da janela de pesquisa. Dessa forma, fica claro que a espessura do anel deve ser pelo menos maior que o raio definido. Também, intuitivamente, não deve ser muito maior que tal raio, devendo ser proporcional ao mesmo. Assim, numa escolha aparentemente razoável, adotou-se a espessura do anel, medida em pixels, como sendo igual ao dobro do raio da janela de pesquisa.

A figura 4.3 esquematiza o resultado esperado da extrapolação em algumas situações. As ilustrações representam o *matching* feito para os pontos fora da triangulação através do processo de extrapolação, usando espessura do anel igual ao dobro do raio da janela de pesquisa. O que está ilustrado, entenda-se bem, é um corte num plano perpendicular aos planos definidos pelas duas imagens originais consecutivas (imagem referência e imagem destino). As situações ilustradas são de imagens consecutivas cuja estrutura de interesse expande-se, contraí-se, sofre translação ou não sofre qualquer alteração geométrica de uma das imagens para a seguinte. Como as ilustrações representam cortes, as imagens (2 dimensões) reduzem-se a linhas (1 dimensão) e, portanto, representa-se somente uma única disparidade (ou horizontal ou vertical).

Como se percebe pelas ilustrações da figura 4.3, o processo de extrapolação tem o efeito de fazer uma transição suave entre as disparidades das bordas da estrutura de interesse presente na imagem (aproximadamente a borda do fecho convexo) e as disparidades do fundo da imagem (disparidades nulas), sempre respeitando a restrição de continuidade, e sendo responsável pela diminuição ou eliminação do efeito escada nas bordas da estrutura no volume reconstruído.

a) Estrutura de interesse expande-se.

b) Estrutura de interesse retrai-se.

c) Estrutura de interesse sofre translação (e retrai-se um pouco).

d) Estrutura de interesse não sofre alterações geométricas.

Figura 4.3: Extrapolação usando espessura do anel igual ao dobro do raio da janela de pesquisa.

Terminado o processo de extrapolação, todos os pontos da imagem referência terão suas correspondências determinadas de forma consistente. Dessa forma, está terminada a etapa de *matching*, a qual fornece subsídios para a etapa seguinte de interpolação, para geração das imagens intermediárias necessárias para a obtenção de um volume de dados isotrópico. No entanto, antes de tratar dessa próxima etapa, a seção seguinte finaliza a exposição da etapa de *matching*, discutindo a definição de parâmetros para a mesma.

4.3.3 - Parâmetros do Processo de *Matching*

É interessante que o processo de *matching* tenha parâmetros que possam ser ajustados ao tipo de imagens sendo usado, uma vez que a qualidade de tal processo depende de diferentes propriedades das imagens [GOSHTASBY-92].

O processo de *matching* proposto possui parâmetros que podem ser ajustados às diferenças de densidade e gradiente das imagens, bem como às diferenças geométricas entre elas.

O passo de *matching* de pontos de alto gradiente, conforme já discutido, faz uso de todos os parâmetros do processo de *matching* da seguinte forma:

- th* (*threshold*): *threshold* que define o limiar entre pontos de alto e de baixo gradiente das imagens;
- r* (raio): raio da janela circular de pesquisa na imagem destino de cada par de imagens passando pelo processo de *matching*;
- p1, p2, p3, p4*: pesos que especificam a importância relativa entre os fatores densidade, magnitude de gradiente, direção de gradiente e diferenças geométricas (disparidades) na procura por correspondências.

O passo de *matching* dos demais pontos (normalmente pontos de baixo gradiente, pertencentes a regiões homogêneas) também utiliza o parâmetro *r* (raio da janela de pesquisa) uma vez que o anel de extrapolação possui sua espessura definida em função de *r* (espessura = $2r$).

Os parâmetros do processo de *matching* devem ser calibrados de forma a se atingir um bom desempenho. No capítulo seguinte, onde são feitas análises do método implementado, será discutido tal tipo de calibração.

O parâmetro *th*, que estabelece o limiar entre pontos de alto e baixo gradiente, deve ser coerentemente definido. Esse valor deve ser definido de forma que seja evitada a possibilidade de se definir correspondências para pontos com gradiente muito baixo no primeiro passo da etapa de *matching*, pois tais pontos pertencem a regiões homogêneas nas quais o *matching* através de pesquisa, usando o vetor custo definido, não é confiável. Portanto, o valor desse parâmetro não pode ser tão baixo a ponto de permitir que isso aconteça. Também não pode ser tão alto que não defina um número razoável de vértices para uma triangulação representativa. Uma outra consideração diz respeito ao tempo de execução. O primeiro passo da etapa de *matching* (*matching* por pesquisa, usando o vetor custo) é bastante demorado uma vez que, para cada ponto considerado de alto gradiente da imagem referência, há que se pesquisar toda uma vizinhança da imagem destino. Dessa forma, quanto maior o valor de *th*, menos pontos serão pesquisados e menos pontos participarão como vértices da triangulação, portanto, mais rápido será o processo de *matching*. Resumindo, um valor excessivamente baixo para esse parâmetro torna o processo de *matching* muito lento e pode permitir que pontos de regiões homogêneas passem por um processo não confiável de *matching*, enquanto que um valor excessivamente alto define correspondências para uma quantidade muito pequena de pontos no primeiro passo, não fornecendo, dessa forma, subsídios suficientemente razoáveis para um segundo passo confiável. Ainda, a definição desse valor depende do tipo

de operador usado para cálculo de gradiente; na implementação, foram usados os operadores de Sobel [GONZALEZ-87].

O tamanho da janela de pesquisa, especificado pelo parâmetro r (raio), deve ser cuidadosamente definido, devendo levar em consideração o teor de diferenças geométricas esperado entre cada par de imagens originais. Imagens com diferenças geométricas maiores requerem janelas de pesquisa maiores. No caso específico de imagens tomográficas, o raio da janela de pesquisa deve ser proporcional à distância entre as imagens. Segundo estabelecido em [GOSHTASBY-92], através de verificação visual de um grande número de imagens tomográficas, chegou-se a conclusão de que a disparidade máxima entre duas imagens consecutivas nunca era superior a 1.2 vezes a distância, medida em pixels, entre elas. Como o raio da janela de pesquisa deve ser igual à disparidade máxima esperada, esse é um valor razoável a ser adotado. Se o raio for muito pequeno para o espaçamento entre as imagens, pode-se não encontrar a correspondência correta. Raio muito grande, por outro lado, não somente torna o processo de *matching* muito lento como também aumenta a possibilidade de uma correspondência ser mal estabelecida, uma vez que aumenta o número de pontos da imagem destino a serem pesquisados.

Por fim, os parâmetros $p1$, $p2$, $p3$ e $p4$ são pesos que representam a importância relativa dos fatores densidade, gradiente (magnitude e direção) e disparidade no cálculo do vetor custo, usado no primeiro passo da etapa de *matching*. A idéia é simples; quando a diferença de densidades entre as imagens é pequena, tal fator pode ser usado com maior segurança para o *matching* através de pesquisa; portanto, pode ser atribuído um valor maior para o parâmetro $p1$ do que aquele que seria atribuído caso as densidades variassem bastante entre as imagens. Para os parâmetros $p2$, $p3$ e $p4$ a idéia é a mesma, desta vez considerando, respectivamente, magnitude de gradiente, direção de gradiente e diferenças geométricas. O que importa na definição desses quatro parâmetros é o valor de cada um relativamente aos outros e não o valor absoluto de cada um. Portanto, conforme proposta original [GOSHTASBY-92], pode-se atribuir um valor fixo a um dos parâmetros e determinar os outros relativamente a este.

Segundo Goshtasby [GOSHTASBY-92], o comportamento do processo de *matching* seria estável dentro de um razoável domínio de valores para seus parâmetros. Esse tipo de estabilidade seria bastante interessante, na medida em que, para a utilização deste método no dia-a-dia, seria apropriada a utilização de parâmetros fixos, sendo que uma calibração mais precisa dos mesmos poderia ser usada somente em algumas situações mais específicas. No próximo capítulo, o método será testado com variações dos parâmetros, de forma a investigar tal tipo de comportamento, e as conclusões obtidas serão apresentadas.

4.4- A Etapa de Interpolação

A etapa de interpolação consiste, propriamente, em determinar as imagens intermediárias necessárias para a construção do volume isotrópico desejado. Isso é feito através de um processo de interpolação linear das densidades entre cada par de imagens originais (referência e destino), sendo que tal interpolação deve seguir as linhas de correspondência definidas na etapa de *matching*. Se mais de uma linha de correspondência passa por um determinado pixel de uma imagem intermediária, a densidade desse pixel é determinada pela média das densidades obtidas de cada linha de correspondência passando pelo mesmo. Pode acontecer, também, de nenhuma linha de correspondência passar por determinado pixel de uma imagem intermediária, ficando tal pixel, em princípio, sem

densidade definida. Tal tipo de problema geralmente acontece com um número muito reduzido de pixels das imagens intermediárias, sendo resolvido como se explicará nesta seção.

A execução dessa etapa é bastante simples. Conhecendo a distância entre cada par de imagens originais e a resolução do pixel, sabe-se qual é o número de imagens intermediárias a serem geradas e o espaçamento que deverá haver entre elas para se obter um volume de resoluções isotrópicas, ou seja, conhece-se a posição de cada plano definindo cada imagem intermediária. Assim, define-se a intersecção de cada um desses planos intermediários com as linhas de correspondência estabelecidas, sendo que cada ponto de intersecção determina, para esse ponto, quais são seus correspondentes nas imagens referência e destino; dessa forma, basta fazer a interpolação linear das densidades desses pontos correspondentes assim determinados (um da imagem referência e um da imagem destino) para definir a densidade do ponto em questão da imagem intermediária.

Feita a interpolação assim definida para cada par de imagens tomográficas originais consecutivas, tem-se como resultado o volume isotrópico requerido. Um único problema resta a ser resolvido, a saber, o problema dos pixels das imagens intermediárias sem correspondentes estabelecidos, os quais, por esse motivo, não possuem densidades definidas. Esse problema poderia ser resolvido dentro de cada imagem através da média das densidades dos quatro vizinhos mais próximos nas direções principais. No entanto, tendo já disponível o volume isotrópico, é mais consistente usar as informações também das imagens adjacentes, ou seja, ao invés de se fazer interpolação bi-dimensional dentro de cada imagem usando os quatro vizinhos mais próximos, pode-se utilizar de interpolação tri-dimensional (volumétrica) usando os seis vizinhos mais próximos nas direções principais dentro do volume isotrópico já definido.

4.5 - Algoritmo

O algoritmo do Método de Interpolação de Imagens Tomográficas através de *Matching*, apresentado a seguir, deve ser executado entre cada par de imagens originais consecutivas, com o intuito de se construir o volume isotrópico requerido. Para esse algoritmo, assume-se como informações de entrada, além das imagens originais do par (imagem referência e imagem destino), os parâmetros necessários ao processo de *matching*, o espaçamento entre as imagens originais e a resolução horizontal das mesmas. A saída constitui-se no volume isotrópico desejado.

Algoritmo

(Interpolação de Imagens Tomográficas através de *Matching*)

- 1) Etapa de *Matching* (estabelecimento de correspondências):
 - 1.1) *Matching* de pontos de alto gradiente (ver próximo algoritmo).
 - 1.2) *Matching* de pontos de baixo gradiente (e pontos de alto gradiente com correspondências ainda não estabelecidas):

1.2.1) Construir Triangulação de Delaunay (ver anexo A, seção A.2.3.2), tendo como vértices os pontos da imagem referência com correspondências já estabelecidas.

1.2.2) Definir correspondência para os pontos da imagem referência que estejam dentro da triangulação (Processo de Interpolação).

1.2.3) Definir correspondência para os pontos da imagem referência que estejam fora da triangulação (Processo de Extrapolação).

2) Etapa de Interpolação (interpolação linear seguindo as correspondências estabelecidas):

2.1) Determinar número de imagens intermediárias e posição das mesmas (para geração de volume isotrópico) a partir das informações de espaçamento entre as imagens originais e resolução horizontal destas.

2.2) Determinar densidades dos pixels das imagens intermediárias (ou seja, dos voxels do volume isotrópico) através de interpolação linear das imagens originais (referência e destino), seguindo as linhas de correspondência estabelecidas. Caso mais de uma linha passe por determinado pixel de uma imagem intermediária, a sua densidade é determinada pela média das densidades obtidas de cada linha de correspondência passando pelo mesmo.

2.3) Se houver pixels de imagens intermediárias (ou seja, voxels do volume isotrópico) sem densidade definida:

2.3.1) Determinar a densidade desse voxel através de interpolação tri-dimensional, usando os seis vizinhos mais próximos nas direções principais dentro do volume isotrópico.

Algoritmo

(*Matching* de pontos de alto gradiente)

1) Para cada ponto (x,y) de alto gradiente da imagem referência, procurar ponto correspondente na imagem destino através de processo de pesquisa:

1.1) Determinar janela de pesquisa, na imagem destino, centrada em (x,y) .

1.2) Para cada ponto (x',y') de alto gradiente da imagem destino, dentro da janela de pesquisa, calcular o vetor custo $C(x,y,x',y')$ que determina a dissimilaridade entre os pontos (x,y) da imagem referência e (x',y') da imagem destino.

- 1.3) Determinar o ponto (x',y') da janela de pesquisa da imagem destino que tenha produzido o menor módulo de vetor custo; seja este o ponto correspondente ao ponto (x,y) da imagem referência.
- 1.4) Determinar as disparidades (horizontal e vertical) para a correspondência estabelecida.
- 2) Detectar e corrigir correspondências mal estabelecidas através da aplicação de filtro da mediana nas disparidades (horizontal e vertical) das correspondências já estabelecidas.
- 3) Repetir itens 1 e 2 no sentido inverso (da imagem destino para a imagem referência) e preservar somente as correspondências igualmente definidas em ambos os sentidos.

O método de interpolação implementado neste trabalho pode também ser representado, num nível bastante alto, pelo diagrama ilustrado na figura 4.4.

Figura 4.4: Método de Interpolação de Imagens Tomográficas através de *Matching*.

4.6 - Considerações Finais

O presente capítulo apresentou detalhadamente o Método de Interpolação de Imagens Tomográficas através de *Matching*, o qual foi implementado neste trabalho por ser mais adequado para Reconstrução 3D no caso de imagens originais com grande espaçamento. O método implementado é uma modificação do método proposto em [GOSHTASBY-92]; a etapa de *matching* proposta neste trabalho faz uso de triangulações de Delaunay e processos de interpolação e extrapolação para o *matching* dos pontos pertencentes a regiões homogêneas das imagens.

Depois de apresentada uma visão geral do método, foram expostas as duas etapas que constituem o mesmo (etapa de *matching* e etapa de interpolação linear) e, por fim, o seu algoritmo.

A etapa de *matching* proposta, ponto crítico do método, pauta-se pela consistência no estabelecimento de correspondências, não desrespeitando, em momento algum, a restrição de continuidade, a qual estabelece que pontos vizinhos de uma imagem não podem ser mapeados em pontos distantes da outra. Além disso, de maneira inovadora, a etapa de *matching* promove um tratamento distinto entre aqueles pontos provavelmente pertencentes à estrutura presente na imagem e aqueles provavelmente pertencentes ao fundo da imagem, fazendo uma transição suave no estabelecimento de correspondências entre esses pontos e, dessa forma, contribuindo para a redução ou eliminação do efeito escada nas bordas do objeto 3D reconstruído.

O próximo capítulo apresenta a análise dos resultados apresentados pelo método implementado, relativamente ao método tradicional de interpolação linear atualmente implementado no Sistema para Reconstrução e Visualização Tridimensional de Imagens Tomográficas do ICMSC-USP.

Capítulo 5

Análise do Método Implementado

5.1 - Considerações Iniciais

O Método de Interpolação de Imagens Tomográficas através de *Matching*, implementado neste trabalho, foi testado através de vários tipos de análises e utilizando vários conjuntos de dados, dados reais de tomografia (CT e MRT) e dados de *phantoms*. O desempenho do método foi comparado com o do método de interpolação linear e os resultados obtidos passam a ser expostos neste capítulo.

A comparação foi feita com o método de interpolação linear não somente por ser este o método tradicionalmente usado e por ser o método atualmente implementado no Sistema do ICMSC-USP, como também por ter se tornado um padrão a comparação com o mesmo.

Antes de serem expostos os resultados das análises efetuadas, serão descritos os tipos de análises executadas (análises quantitativas e qualitativas), os dados usados para as mesmas e o processo de calibração dos parâmetros do processo de *matching*. As análises executadas para cada conjunto de dados são, então, expostas separadamente, uma seção dedicada a cada conjunto. Além disso, uma seção específica é reservada para apresentação de medidas de tempo de processamento na plataforma computacional utilizada. No final do capítulo, são feitos comentários gerais concluindo sobre o desempenho apresentado pelo método implementado comparativamente ao método tradicional de interpolação linear.

5.2 - Descrição das Análises

Várias análises foram executadas para cada conjunto de dados. Cada um desses conjuntos possui características que os tornam mais apropriados para certos tipos de análise e menos apropriados para outros, podendo mesmo inviabilizá-las.

Dessa forma, as análises executadas são apresentadas de forma agrupada para cada conjunto de dados. Apesar disso, por uma questão didática, é interessante classificar os tipos de análise executadas em duas categorias: análises quantitativas e análises qualitativas.

É oportuno observar, também, que algumas análises constituem-se em comparação de uma imagem real com uma estimativa da mesma, obtida por interpolação de outras imagens reais, não havendo, portanto, preocupação com geração de volume isotrópico, enquanto que outras exigem a execução de todo o processo de Reconstrução 3D.

5.2.1 - Análises Quantitativas

São análises feitas de forma numérica, com o intuito de detectar de forma quantitativa a diferença existente entre uma imagem original (real) e uma estimativa da mesma obtida pela interpolação de duas outras imagens originais, utilizando determinado método de interpolação.

Como critério de comparação entre imagem original e imagem estimada seria interessante a utilização de medidas que pudessem definir não somente a diferença global, como também diferenças locais entre elas. Na falta de critérios mais efetivos para detecção de diferença quantitativa, foram utilizadas as medidas de erro RMS entre as imagens (o qual determina o erro médio por pixel entre as mesmas) e número de pontos em desacordo (NPD) entre elas, medidas que definem a diferença entre as imagens somente de forma global, não permitindo perceber como certos aspectos importantes das características da estrutura de interesse (tais como fronteiras e regiões homogêneas) são afetadas pelos métodos de interpolação. Portanto, para suprir esta restrição, tais análises quantitativas foram sempre acompanhadas de certas análises qualitativas visuais (descritas na próxima seção), as quais permitiram identificar, ainda que de forma subjetiva, o comportamento local dos métodos de interpolação.

Supondo I e J , respectivamente, o número de linhas e de colunas das imagens e denotando a imagem real e a estimada, respectivamente, por R e E , as medidas utilizadas são calculadas da seguinte forma:

$$\text{erro RMS} = \frac{\sum_i \sum_j \sqrt{(R(i,j) - E(i,j))^2}}{(I * J)}$$

$$\text{NPD} = \sum_i \sum_j \Phi(|R(i,j) - E(i,j)|) \quad , \text{onde} \quad \Phi(x) = \begin{cases} 1, & \text{se } x \neq 0 \\ 0, & \text{se } x = 0 \end{cases}$$

Para o caso de imagens utilizando um razoável domínio de densidades, a medida de NPD é sempre bastante grande, uma vez que pontos com diferenças de densidade de apenas uma unidade, os quais são pontos com densidades visualmente indistinguíveis, são computados como pontos em desacordo nesta medida.

Para determinados conjuntos de dados, com espaçamento suficientemente pequeno entre as imagens, a estimativa de determinada imagem original pode ser feita não somente através da interpolação das imagens originais a ela adjacentes, como também através da interpolação de imagens originais mais distantes, conforme ilustra a figura 5.1.

Sendo possível a utilização de diversos espaçamentos para esses tipos de análise, os mesmos serão denotados por $e = \pm 1, \pm 2, \pm 3, \dots$, etc.

Figura 5.1: Possíveis espaçamentos (e) utilizados para estimativa de determinada imagem original k .

5.2.2 - Análises Qualitativas

O objetivo é analisar a qualidade dos resultados obtidos de forma visual, portanto, subjetiva. Usando também a técnica de gerar uma estimativa de uma dada imagem real utilizando os métodos de interpolação, dois tipos de análise visual podem ser feitos, visualização comparativa de imagem original e sua estimativa e visualização da diferença absoluta entre essas imagens. A diferença absoluta (DA) entre as imagens real (R) e estimada (E) é uma imagem tal que, para cada ponto (i,j) , $DA(i,j) = |R(i,j) - E(i,j)|$. Estas análises visuais vêm complementar as análises quantitativas definidas na seção anterior.

A visualização da imagem estimada permite detectar o efeito de borramento de fronteiras nesta imagem interpolada, se tal efeito existir, enquanto que a visualização da diferença absoluta detecta os pontos de maior diferença entre a imagem real e a estimada.

Esses dois tipos de análise qualitativa também podem ser feitos usando vários espaçamentos ($e = \pm 1, \pm 2, \pm 3, \dots$) para a determinação da estimativa (ver figura 5.1).

Um outro tipo de análise qualitativa, que requer a execução de todo o processo de reconstrução, culminando com a geração do volume isotrópico, também foi realizado. Como as imagens originais representam fatias transversais, a análise consistiu na reconstrução do volume isotrópico, através dos métodos de interpolação, e visualização de cortes sagitais e coronais do volume reconstruído (ver figura 5.2). Esse tipo de análise é bastante eficiente, uma vez que pode utilizar todas as imagens do conjunto tomográfico original, requer a execução de todo o processo de reconstrução, culminando com a geração do volume isotrópico e, além disso, permite a fácil detecção visual do indesejável efeito escada, caso o mesmo esteja presente no volume reconstruído.

Figura 5.2: Cortes sagital e coronal de um volume formado por imagens originalmente transversais.

Para alguns conjuntos de dados, com espaçamento razoavelmente pequeno entre as imagens originais, a reconstrução pode ser feita não somente através da utilização do conjunto completo de imagens, portanto usando o espaçamento original, como também utilizando somente uma parcela do conjunto contendo imagens intercaladas e igualmente espaçadas, tentando simular situações de conjuntos com espaçamentos maiores. Definindo o que pode ser chamado de fator para reconstrução (fr) e adotando a numeração das imagens do conjunto original começando em 1, a tabela 5.1 ilustra exemplos de reconstrução usando vários fatores (fr) para reconstrução.

fr	parcela utilizada do conjunto	imagens utilizadas para reconstrução												espaçamento entre imagens utilizadas
1	conjunto todo	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	...	espaçamento original
1/2	metade do conjunto	1		3		5		7		9		11	...	2*(espaçamento original)
1/3	1/3 do conjunto	1			4			7			10		...	3*(espaçamento original)
1/4	1/4 do conjunto	1				5				9			...	4*(espaçamento original)

Tabela 5.1: Possíveis fatores para reconstrução (fr) utilizados para as análises envolvendo a execução de todo processo de reconstrução para geração de volume isotrópico.

5.3 - Descrição dos Dados Usados para Análises

Foram utilizados vários conjuntos de dados para análise, não somente dados reais de tomografia (CT e MRT), como também dados de *phantoms* matemáticos criados para analisar o comportamento do método em algumas situações peculiares. Alguns desses conjuntos de dados podem não ser adequados para as análises que envolvem determinação de estimativa pois, sendo muito grande o espaçamento original entre as imagens, mesmo utilizando-se o espaçamento mínimo ($e = \pm 1$) para o cálculo da estimativa, as imagens originais usadas para interpolação são demasiadamente diferentes, não permitindo uma

estimativa razoável. (Observe-se que o espaçamento mínimo possível para o procedimento de estimativa e comparação é o dobro do espaçamento original do conjunto). Outros conjuntos podem não ser usados de maneira razoavelmente proveitosa para reconstrução de volume isotrópico e visualização de cortes sagitais e coronais, por cobrirem uma extensão muito pequena da estrutura na dimensão z da cena original.

Um dos conjuntos de dados utilizado constitui-se num conjunto de 68 imagens de CT correspondentes a fatias transversais de um crânio de ser humano (*"dry skull"*), sendo cada imagem formada por (256x256) pixels. A resolução (x,y,z) desse conjunto é de (0.8 x 0.8 x 3.0 mm), tendo, portanto, um espaçamento uniforme de 3.0 mm entre as imagens. O domínio original [0,255] de densidades foi normalizado para o domínio [0,127] em virtude de restrições dos equipamentos usados para o desenvolvimento do trabalho, os quais não permitem a alocação de 256 cores (no caso, tons de cinza). Esse conjunto de dados, cedido pelo MIPG (Medical Image Processing Group), Departamento de Radiologia, Universidade da Pensilvânia, é apropriado para análises por estimativa e comparação, devido ao espaçamento razoavelmente pequeno entre as imagens (3.0 mm). Também é adequado para análises visuais de cortes sagitais e coronais do volume reconstruído, uma vez que a extensão coberta na dimensão z da estrutura (crânio de um ser humano) é bastante grande, correspondente a $(68-1)*3.0\text{ mm} = 20.1\text{ cm}$, cobrindo toda a estrutura.

Um segundo conjunto de dados disponível para análises é formado por um conjunto de 22 imagens de MRT. Tais imagens correspondem a fatias transversais da cabeça de um ser humano, sendo cada uma delas formada por (256x256) pixels. Esse conjunto, adquirido pelo tomógrafo de RM desenvolvido no Instituto de Física de São Carlos (IFSC-USP), possui uma resolução (x,y,z) de (0.98 x 0.98 x 8.0 mm), portanto, com espaçamento uniforme entre as imagens, e um domínio original de densidades de [0,255], o qual também foi normalizado para o domínio [0,127]. Esse conjunto de dados não é apropriado para análises que se baseiam em determinação de estimativas para comparação pois o espaçamento mínimo ($e = \pm 1$) utilizado para tal procedimento corresponde a 16.0 mm (= 1.6 cm), sendo que imagens tão distantes, na região da cabeça, possuem características excessivamente distintas. Entretanto, cobrindo uma extensão na dimensão z de $(22-1)*8.0\text{ mm} = 16.8\text{ cm}$ da estrutura (cabeça de um ser humano), esse conjunto de dados é adequado para a visualização de cortes sagitais e coronais do volume reconstruído, uma vez que abrange quase toda a estrutura na dimensão z da cena.

Outros dois conjuntos de dados foram gerados matematicamente (*phantoms* matemáticos) e não adquiridos por exames de tomografia. Cada um desses *phantoms* foi projetado de maneira a desvendar o comportamento do método diante de situações bastante particulares, de estruturas inclinadas e estruturas com ramificação, situações costumeiramente problemáticas. Cada *phantom* foi gerado como um conjunto de 30 imagens binárias (estrutura de interesse em branco (densidade 127) e fundo em preto (densidade 0)) de (256x256) pixels e, para efeito de reconstrução foi adotada a resolução (x,y,z) fictícia de (1.0 x 1.0 x 8.5 mm). Esses dois conjuntos de dados foram utilizados para todos os tipos de análise descritos. Informações mais precisas sobre cada *phantom* serão detalhadas oportunamente.

A tabela 5.2 sumariza os dados usados para as análises.

Conjunto	Fonte	Modalidade	Descrição	Dimensões	Resolução
CT-MIPG	MIPG, Department of Radiology, University of Pennsylvania	CT	Crânio (seco) de ser humano	256x256x68	0.8x0.8x3.0 mm
MRT-IFSC	IFSC, Universidade de São Paulo	MRT	Cabeça de ser humano	256x256x22	0.98x0.98x8.0 mm
<i>Phantom 1</i>	dados gerados matematicamente	<i>phantom</i>	<i>phantom</i> de estrutura inclinada	256x256x30	1.0x1.0x8.5 mm
<i>Phantom 2</i>	dados gerados matematicamente	<i>phantom</i>	<i>phantom</i> de estrutura com ramificação	256x256x30	1.0x1.0x8.5 mm

Tabela 5.2: Sumário dos conjuntos de dados usados para análises.

5.4 - Calibração de Parâmetros

A finalidade da calibração é o ajuste dos parâmetros do processo de *matching* ao particular conjunto de imagens usado para reconstrução 3D, sendo tal ajuste influenciado não somente pelas imagens, como também pelo espaçamento existente entre elas.

Conforme estabelecido no capítulo 4 (ver seção 4.3.3), os parâmetros do processo de *matching* são o *threshold* (th), que define o limiar entre pontos de alto e de baixo gradiente, o raio (r) da janela circular de pesquisa e os parâmetros $p1$, $p2$, $p3$ e $p4$ usados no cálculo do vetor custo.

A técnica usada para calibração consiste em determinar qual conjunto de parâmetros permite que o método de interpolação através de *matching* forneça a melhor estimativa de determinada imagem original. Para isso, deve-se estimar tal imagem original diversas vezes, variando-se os parâmetros, até se definir o conjunto ideal de parâmetros. Como critério de comparação, na falta de um critério mais efetivo, foi utilizado o cálculo do erro RMS, o qual define somente a diferença global entre duas imagens. Utilizando esse critério, o conjunto ideal de parâmetros é aquele para o qual o erro RMS seja o mínimo.

Para ilustração do processo de calibração foi usada a imagem 30 do conjunto original CT-MIPG. Essa imagem foi estimada usando o espaçamento mínimo ($e = \pm 1$), o que significa estimar a imagem 30 através de interpolação das imagens 29 e 31, as quais possuem um espaçamento real de 6 mm. A seguir será ilustrado todo o processo de calibração nesta situação (espaçamento $e = \pm 1$), alertando para o fato de que os parâmetros que seriam usados para reconstrução 3D seriam exatamente os parâmetros calibrados, exceto o parâmetro r , cujo valor deveria ser a metade do valor calibrado, uma vez que o espaçamento real entre as imagens originais (3 mm) é metade do espaçamento usado para calibração (6 mm).

Para a calibração, primeiramente foi fixado $r = 4$ pixels (aproximadamente 1.2 vezes o espaçamento, em pixels, entre as imagens originais sendo interpoladas, conforme sugerido em [GOSHTASBY-92]) e os parâmetros $p1$, $p2$, $p3$ e $p4$ todos com valor igual a 1.0, numa tentativa de definir o melhor valor para o parâmetro th (*threshold*). É oportuno lembrar que o valor de th depende do tipo de operador usado para o cálculo de gradiente; no caso, foram utilizados os operadores de Sobel. Os resultados são mostrados na tabela 5.3, tendo-se obtido o melhor resultado com $th=10$.

th	5	10	15	20	25
erro RMS	2.5156	2.4776	2.4836	2.5095	2.5238

Tabela 5.3: Erro RMS entre imagem original 30 do conjunto de dados originais CT-MIPG e imagem estimada pela interpolação das imagens originais 29 e 31 (portanto, $e = \pm 1$), variando-se o parâmetro th . Demais parâmetros fixos: $r=4$, $p1=p2=p3=p4=1.0$.

Numa segunda etapa de calibração foi, então, fixado $th=10$ e, novamente, os parâmetros $p1$, $p2$, $p3$ e $p4$ todos iguais a 1.0, tentando descobrir o melhor valor para r (raio da janela de pesquisa). A tabela 5.4 mostra os resultados, demonstrando que o erro foi mínimo para $r=4$.

r	2	3	4	5	6
erro RMS	2.6265	2.5081	2.4776	2.4881	2.5043

Tabela 5.4: Erro RMS obtido variando-se o parâmetro r . Demais parâmetros fixos: $th=10$, $p1=p2=p3=p4=1.0$.

Nas etapas seguintes de calibração, foram fixados os parâmetros $r=4$, $th=10$ e $p4=1.0$, com o objetivo de determinar os melhores valores para os parâmetros $p1$, $p2$ e $p3$. Os resultados são mostrados nas tabelas 5.5, 5.6 e 5.7.

$p1$	0.6	0.8	1.0	1.2
erro RMS	2.4861	2.4721	2.4776	2.4893

Tabela 5.5: Erro RMS obtido variando-se o parâmetro $p1$. Demais parâmetros fixos: $r=4$, $th=10$, $p2=p3=p4=1.0$.

$p2$	0.6	0.8	1.0	1.2
erro RMS	2.4816	2.4826	2.4721	2.5025

Tabela 5.6: Erro RMS obtido variando-se o parâmetro $p2$. Demais parâmetros fixos: $r=4$, $th=10$, $p1=0.8$, $p3=p4=1.0$.

$p3$	0.6	0.8	1.0	1.2
erro RMS	2.4811	2.4848	2.4721	2.4782

Tabela 5.7: Erro RMS obtido variando-se o parâmetro $p3$. Demais parâmetros fixos: $r=4$, $th=10$, $p1=0.8$, $p2=1.0$, $p4=1.0$.

Terminada a calibração, nota-se que o valor do erro RMS não varia muito com mudanças consideráveis nos parâmetros, principalmente os parâmetros relacionados ao vetor custo (parâmetros $p1$, $p2$, $p3$, $p4$), ou seja, o comportamento do método é estável para uma faixa razoável de valores para os mesmos. No entanto, o melhor resultado obtido para esse particular conjunto de imagens foi com os seguintes valores para o conjunto de parâmetros: $r=4$, $th=10$, $p1=0.8$, $p2=1.0$, $p3=1.0$ e $p4=1.0$.

É interessante observar que, para os parâmetros relacionados ao vetor custo, como o que importa é o valor relativo entre eles, e não o valor absoluto de cada um, o parâmetro $p4$ foi fixado com valor igual a 1.0 e os demais definidos relativamente a este.

Pelos resultados apresentados nesta seção, os quais refletem o comportamento do método (com variações de parâmetros) manifestado em todas as análises executadas, podem-se apresentar algumas conclusões com relação aos parâmetros do processo. Considerando todas as análises feitas durante o presente trabalho, não só as quantitativas, mas também as qualitativas, percebeu-se que os resultados obtidos são numericamente extremamente semelhantes e visualmente indistinguíveis com mudanças consideráveis nos parâmetros relacionados ao vetor custo ($p1$, $p2$, $p3$, $p4$) e que os melhores resultados numéricos ocorrem sempre em torno dos valores (1.0, 1.0, 1.0, 1.0). Com relação aos parâmetros th (*threshold*) e r (raio da janela de pesquisa), os mesmos devem ter uma definição bastante cuidadosa, sendo que o parâmetro th pode ser fixo para todo o conjunto e o parâmetro r , idealmente, deveria ser definido entre cada par de imagens sendo interpoladas. Dessa forma, para todas as análises apresentadas nas seções seguintes foram utilizados os parâmetros ($p1$, $p2$, $p3$, $p4$) com valores iguais a (1.0, 1.0, 1.0, 1.0), ou seja, mesmo peso para todos os fatores considerados durante o processo de *matching*. Os parâmetros r e th utilizados serão apresentados para todas as análises e representados no formato (r , th).

5.5 - Análises

Conforme definido anteriormente, as análises executadas (quantitativas e qualitativas) serão expostas de forma agrupada para cada conjunto de dados. Portanto, nesta seção, a apresentação das análises será dividida por conjunto de dados utilizado e não por tipo de análise executada.

Como critério de avaliação do desempenho do método de interpolação através de *matching*, por motivos também já relatados, foi adotada a comparação com o método tradicional de interpolação linear. Assim, todos os testes foram feitos para ambos os métodos, e os resultados comparados.

5.5.1 - Dados de CT do MIPG (CT-MIPG)

Estes dados são bastante interessantes para análises de métodos de interpolação, uma vez que possuem um espaçamento real razoavelmente pequeno (3 mm) entre as imagens originais e cobrem toda a estrutura (crânio de ser humano) na dimensão z da cena.

Foram feitas análises quantitativas e qualitativas a partir da comparação de imagem original com imagem estimada por ambos os métodos de interpolação. Para uma comparação mais expressiva entre os métodos, foram estimadas imagens em várias posições do conjunto original e utilizando dois espaçamentos ($e = \pm 1$, ± 2) para cada particular imagem, simulando, portanto, situações de conjuntos de dados com espaçamento maior entre as imagens originais. Para o espaçamento $e = \pm 2$, apesar de as imagens usadas para interpolação estarem bastante distantes (12 mm), as análises por estimativa ainda foram viáveis para este espaçamento porque as imagens de crânio ("*dry skull*") só possuem estruturas ósseas, as quais mudam menos de imagem para imagem. Com o objetivo de utilizar imagens com características bastante distintas para cada uma das estimativas, foram adotadas imagens nas mais diversas posições do conjunto original para serem estimadas. Especificamente, foram utilizadas as imagens 10, 20, 30, 40, 50 e 60 para estimativa.

As análises quantitativas constituíram-se nas medidas de erro RMS e número de pontos em desacordo (NPD) entre imagem original e estimada, para cada uma das imagens estimadas e para cada espaçamento e utilizado. Além disso, em cada caso, foi calculada a diferença percentual dos resultados fornecidos por ambos os métodos para ambas as medidas (erro RMS e NPD) e, ao final, a média dos resultados obtidos. A tabela 5.8 contém uma síntese dos resultados obtidos, na qual o campo % representa a diferença percentual (positiva para diferença em favor da interpolação através de *matching* e negativa para diferença em favor da interpolação linear) para cada medida.

imagem estimada	e	espaç. real	imagens ref. e dest.	Resultados Quantitativos						parâmetros usados (r, th)
				erro RMS			NPD			
				linear	match.	%	linear	match.	%	
10	± 1	6 mm	9 e 11	0.7276	0.7446	-2.3	7598	7717	-1.5	(3, 10)
	± 2	12 mm	8 e 12	1.5587	1.4472	7.2	8891	9019	-1.4	(7, 10)
20	± 1	6 mm	19 e 21	0.7815	0.7464	4.5	7619	7531	1.2	(3, 10)
	± 2	12 mm	18 e 22	1.6126	1.4316	11.2	8204	8019	2.3	(7, 10)
30	± 1	6 mm	29 e 31	2.9713	2.4776	16.6	23133	22458	2.9	(4, 10)
	± 2	12 mm	28 e 32	6.2409	4.8550	22.2	25783	24189	6.2	(15, 10)
40	± 1	6 mm	39 e 41	1.2938	1.0985	15.1	13202	12507	5.3	(2, 10)
	± 2	12 mm	38 e 42	3.0053	2.2947	23.6	15380	14384	6.5	(11, 10)
50	± 1	6 mm	49 e 51	1.0447	0.5573	46.7	10250	8656	15.6	(5, 10)
	± 2	12 mm	48 e 52	2.6899	0.7850	70.8	12784	10392	18.7	(10, 10)
60	± 1	6 mm	59 e 61	2.5573	0.4563	82.2	15899	12585	20.8	(12, 10)
	± 2	12 mm	58 e 62	6.4287	1.4244	77.8	19428	15569	19.9	(20, 10)
média				2.5760	1.5265	40.7	14014	12752	9.0	

Tabela 5.8: Síntese das análises quantitativas comparando os métodos de interpolação linear e interpolação através de *matching*, usando os dados de CT do MIPG.

As análises qualitativas foram feitas subjetivamente, através de visualização comparativa entre imagem original e estimada e visualização da diferença absoluta entre elas. Como a quantidade de imagens analisadas é muito grande, serão apresentados a seguir somente os resultados obtidos para a estimativa das imagens 10, 30 e 50 para o espaçamento $e = \pm 1$ e estimativa das imagens 20, 40 e 60 para o espaçamento $e = \pm 2$, sendo tais resultados apresentados nas figuras de 5.3 a 5.8. Cada uma destas figuras é constituída pelas seguintes cinco imagens: (a) imagem original, (b) imagem estimada por interpolação linear, (c) imagem estimada por interpolação através de *matching*, (d) diferença absoluta entre imagem original e imagem estimada por interpolação linear, (e) diferença absoluta entre imagem original e imagem estimada por interpolação através de *matching*.

(a) original

(b) estimativa (linear)

(c) estimativa (matching)

(d) diferença absoluta (original – linear)

(e) diferença absoluta (original – matching)

Figura 5.3: Resultados qualitativos, comparando os métodos de interpolação linear e interpolação através de *matching*, através da **estimativa da imagem 10** do conjunto de CT do MIPG e usando **espaçamento $e = \pm 1$** para estimativa.

(a) original

(b) estimativa (linear)

(c) estimativa (matching)

(d) diferença absoluta (original – linear)

(e) diferença absoluta (original – *matching*)

Figura 5.4: Resultados qualitativos, comparando os métodos de interpolação linear e interpolação através de *matching*, através da **estimativa da imagem 30** do conjunto de CT do MIPG e usando **espaçamento $e = \pm 1$** para estimativa.

(a) original

(b) estimativa (linear)

(c) estimativa (matching)

(d) diferença absoluta (original – linear)

(e) diferença absoluta (original – *matching*)

Figura 5.5: Resultados qualitativos, comparando os métodos de interpolação linear e interpolação através de *matching*, através da **estimativa da imagem 50** do conjunto de CT do MIPG e usando **espaçamento $e = \pm 1$** para estimativa.

(a) original

(b) estimativa (linear)

(c) estimativa (*matching*)

Figura 5.6: Resultados qualitativos, comparando os métodos de interpolação linear e interpolação através de *matching*, através da **estimativa da imagem 20** do conjunto de CT do MIPG e usando **espaçamento $e = \pm 2$** para estimativa.

(a) original

(b) estimativa (linear)

(c) estimativa (*matching*)

Figura 5.7: Resultados qualitativos, comparando os métodos de interpolação linear e interpolação através de *matching*, através da **estimativa da imagem 40** do conjunto de CT do MIPG e usando **espaçamento $e = \pm 2$** para estimativa.

(a) original

(b) estimativa (linear)

(c) estimativa (matching)

Figura 5.8: Resultados qualitativos, comparando os métodos de interpolação linear e interpolação através de *matching*, através da **estimativa da imagem 60** do conjunto de CT do MIPG e usando espaçamento $e = \pm 2$ para estimativa.

Analisando os resultados quantitativos obtidos, nota-se que o método de interpolação através de *matching* forneceu valores menores para erro RMS e NPD em todos os casos, exceto para a estimativa da imagem 10 usando espaçamento $e = \pm 1$, onde os valores foram ligeiramente maiores. No entanto, visualmente, os resultados obtidos através de *matching* foram melhores em todas as situações, inclusive no caso onde as medidas quantitativas foram piores (imagem 10, espaçamento $e = \pm 1$), uma vez que, mesmo nesse caso, a imagem estimada por interpolação através de *matching* parece, subjetivamente, bem mais nítida e mais parecida com a imagem original do que a estimativa feita por interpolação linear. Conforme já foi esclarecido, o erro RMS mede a diferença global entre duas imagens; portanto, um erro RMS menor não significa necessariamente uma interpolação localmente melhor, mas somente que, na média, as diferenças foram menores. É por esta razão que as análises quantitativas foram sempre acompanhadas de análises visuais (qualitativas) neste trabalho.

Ainda considerando resultados quantitativos, para demonstrar a ineficácia do método de interpolação linear para interpolação de imagens tomográficas com grande espaçamento, e para evidenciar ainda mais as vantagens do método de interpolação através de *matching* nesta situação, foi feito o teste exposto a seguir. Através de estimativa da imagem original 30, usando espaçamento $e = \pm 2$ (portanto, interpolando imagens originais 28 e 32), e comparação das imagens estimadas por ambos os métodos não só com a imagem

original 30, como também com as imagens originais 28 e 32, as quais foram usadas para interpolação, foram obtidos, curiosamente, os resultados apresentados na tabela 5.9.

imagem original para comparação	erro RMS	
	linear	match
28	4.6092	5.3256
30	6.2409	4.8550
32	4.6237	6.2500

Tabela 5.9: Erro RMS entre estimativa da imagem 30 usando $e = \pm 2$ (interpolação das imagens originais 28 e 32) e imagens originais 28, 30 e 32. Para a estimativa por interpolação através de *matching* foram usados os parâmetros (15, 10).

Analisando os resultados da tabela 5.9 percebe-se que, para o método de interpolação através de *matching*, o erro RMS foi menor entre a imagem estimada e a imagem original 30, para a qual a estimativa foi determinada. No entanto, para o método de interpolação linear, o erro RMS foi menor entre a imagem estimada e as imagens originais 28 e 32, imagens que foram interpoladas para a determinação da estimativa. Ou seja, para o método de interpolação linear, a imagem estimada ficou globalmente mais parecida com as imagens usadas para interpolação do que propriamente com a imagem para a qual a estimativa foi determinada. Isso demonstra, mais uma vez, as limitações do método de interpolação linear, cujo comportamento, entretanto, pode ser facilmente explicado, uma vez que tal método simplesmente estima determinada imagem através da média de densidades de outras duas.

As análises qualitativas (figuras de 5.3 a 5.8) deixaram claro que o método de interpolação através de *matching* fornece resultados bem melhores, especialmente para as regiões próximas a fronteiras e regiões de maior translação da estrutura de interesse entre imagens originais consecutivas, proporcionando vantagens tanto maiores quanto maior o espaçamento entre as imagens. Analisando de forma subjetiva, todas as estimativas feitas através de *matching* são bem mais parecidas com as respectivas imagens originais do que as estimativas feitas por interpolação linear, o que é confirmado pela visualização das imagens de diferença absoluta. No entanto, deve-se dar destaque especial às estimativas feitas por ambos os métodos para as imagens 30 e 60, ilustradas respectivamente nas figuras 5.4 e 5.8; nestas figuras, o efeito de borramento de fronteiras presente nas estimativas por interpolação linear foi tão acentuado a ponto de se manifestar através de um efeito de dupla fronteira, enquanto que as estimativas feitas através de *matching* são bastante nítidas e se assemelham bastante às imagens originais correspondentes, evidenciando, mais uma vez, a eficácia deste método de interpolação.

Por todos os resultados analisados, pode-se concluir que a etapa de *matching* desempenhou bem o seu papel, fornecendo subsídios para uma interpolação bem mais fiel.

Para complementar as análises por estimativa e comparação, foi também analisado o comportamento do método em situações de pequenas translações da estrutura de interesse, problema bastante comum com dados de tomografia, que muitas vezes necessitam do tratamento de registro. Para isso, foram simuladas algumas situações de translação. A partir das imagens originais consecutivas 29, 30 e 31, foram feitas translações horizontais em sentidos opostos nas imagens 29 (translação para a esquerda) e 31 (translação para a direita), preservando a imagem original 30. Então, usando as imagens modificadas, a

imagem 30 foi estimada a partir das imagens 29 e 31 usando os dois métodos. Foram analisadas translações de um, dois e três pixels entre as imagens consecutivas.

Os resultados quantitativos (erro RMS e NPD) são mostrados na tabela 5.10.

quantidade de translação entre imagens consecutivas	Resultados Quantitativos						parâmetros usados (<i>r</i> , <i>th</i>)
	erro RMS			NPD			
	linear	<i>match.</i>	%	linear	<i>match.</i>	%	
1 pixel	3.1569	2.5170	20.3	23397	22269	4.8	(7, 10)
2 pixels	3.5958	2.6095	27.4	23989	22542	6.0	(9, 10)
3 pixels	4.0900	2.7448	32.9	24676	22658	8.2	(12, 10)

Tabela 5.10: Síntese das análises quantitativas, comparando os métodos de interpolação linear e interpolação através de *matching*, simulando situações de translação entre imagens originais.

Os resultados qualitativos são mostrados somente para a simulação de translação de dois pixels entre imagens consecutivas, estando ilustrados na figura 5.9.

Mais uma vez, ficou evidenciado que o método de interpolação através de *matching* promove um mapeamento bastante fiel entre as fronteiras da estrutura de interesse presente nas imagens. Conforme esperado, a diferença entre imagem estimada por interpolação linear e imagem original aumenta de forma expressiva conforme se aumenta a quantidade de translação; ao contrário, como o processo de *matching* consegue definir um mapeamento adequado entre as estruturas presentes nas imagens interpoladas, os resultados fornecidos por interpolação através desse método vão se tornando apenas sutilmente piores com o aumento da quantidade de translação. Essa constatação visual (ver figura 5.9) é manifestada de forma numérica, uma vez que a diferença percentual entre os resultados quantitativos fornecidos por ambos os métodos aumenta de forma pronunciada para ambas as medidas (erro RMS e NPD) com o aumento da quantidade de translação (ver tabela 5.10). Esses resultados vêm mostrar a adequação do processo de *matching* implementado para resolução de problemas de registro também.

(a) original

(b) estimativa (linear)

(c) estimativa (matching)

Figura 5.9: Resultados qualitativos, comparando os métodos de interpolação linear e interpolação através de *matching*, a partir da **estimativa da imagem 30** do conjunto de CT do MIPG e simulando **translação de 2 pixels** entre imagens consecutivas.

As análises qualitativas feitas a partir da reconstrução de todo o volume isotrópico consistiram na análise visual de todos os cortes sagitais e coronais dos volumes reconstruídos por ambos os métodos de interpolação. Para uma comparação eficiente entre os métodos, foram feitas reconstruções usando três fatores para reconstrução ($f_r = 1, 1/2, 1/3$), como uma alternativa para simular situações de conjuntos de dados com diversos espaçamentos originais (ver tabela 5.1). As figuras de 5.10 a 5.15 mostram um corte sagital e um corte coronal do volume reconstruído por cada método de interpolação para cada um dos fatores de reconstrução utilizados ($f_r = 1, 1/2, 1/3$).

Figura 5.10: Visualização comparativa do **corte sagital 135** ($fr=1$ $\therefore$ espaçamento de 3 mm).

Figura 5.11: Visualização comparativa do **corte coronal 135** ($fr=1$ $\therefore$ espaçamento de 3 mm).

Figura 5.12: Visualização comparativa do **corte sagital 135** ($fr=1/2$ $\therefore$ espaçamento de 6 mm).

Figura 5.13: Visualização comparativa do **corte coronal 135** ($fr=1/2$ $\therefore$ espaçamento de 6 mm).

Figura 5.14: Visualização comparativa do **corte sagital 135** ($fr=1/3$ $\therefore$ espaçamento de 9 mm).

Figura 5.15: Visualização comparativa do **corte coronal 135** ($fr=1/3$ $\therefore$ espaçamento de 9 mm).

A visualização comparativa dos cortes dos volumes reconstruídos por ambos os métodos não deixa dúvidas quanto à brutal redução do efeito escada obtida com a utilização da etapa de *matching*, redução tanto maior quanto maior o espaçamento entre as imagens originais. Isso demonstra não somente a inquestionável superioridade do método de interpolação através de *matching*, mas também a adequação deste método à reconstrução a partir de imagens com grande espaçamento, situação na qual a aplicação do mesmo é fortemente indicada. É oportuno observar que o efeito escada presente na visualização de cortes sagitais e coronais do volume reconstruído e o efeito de borramento de fronteiras presente na visualização de imagens intermediárias interpoladas são “as duas faces da mesma moeda”, ou seja, ambos são consequência da translação da estrutura de interesse entre as imagens originais consecutivas, sendo, portanto, tanto mais evidentes quanto maior tal translação e, ainda, que o processo de *matching* visa justamente a resolução de tais problemas.

Uma constatação bastante interessante deve ser destacada com relação à visualização comparativa dos cortes. Nas regiões de pequena translação da estrutura de interesse entre imagens consecutivas (translação de 1 pixel), o efeito de borramento de fronteiras causado pela interpolação linear acaba causando uma visualização mais agradável nessas regiões, tanto nos cortes sagitais quanto nos cortes coronais, uma vez que suaviza (na verdade, borra) as fronteiras (comparar imagens das figuras 5.10(a) e 5.10(b)). Como o método de interpolação através de *matching* evita o efeito de borramento de fronteiras, nestas regiões de pequena translação de estrutura entre imagens consecutivas, a translação fica evidente, sendo manifestada através de um micro efeito escada de 1 pixel, o que torna a visualização menos agradável aos olhos humanos, apesar de ser mais correta. No entanto, caso tal efeito incomode demais, a utilização de determinados filtros nas imagens destes cortes resolve o problema. Para as regiões de grandes translações, as figuras apresentadas falam por si mesmas.

5.5.2 - Dados de MRT do IFSC (MRT-IFSC)

São apresentados, nesta seção, os resultados das análises feitas com os dados de MRT do IFSC-USP, os quais foram a motivação inicial para todo o trabalho desenvolvido, uma vez que, devido principalmente a restrições físicas do tomógrafo de RM do IFSC-USP, o mesmo retorna imagens com espaçamentos consideravelmente grandes.

Esses dados de MRT, conforme já relatado, não são adequados para análises por estimativa e comparação devido ao grande espaçamento existente entre as imagens originais. No entanto, por cobrirem uma extensão bastante grande na dimensão z da estrutura (cabeça de um ser humano) são apropriados para reconstrução 3D e visualização de cortes sagitais e coronais do volume reconstruído. Assim, para esses dados, só foram realizadas tais análises qualitativas, utilizando somente o fator de reconstrução $\hat{r} = 1$.

Uma vez reconstruídos os volumes isotrópicos usando ambos os métodos de interpolação, foram visualizados e analisados todos os cortes sagitais e coronais desses volumes. As figuras 5.16 e 5.17 mostram, respectivamente, dois cortes sagitais e um corte coronal dos volumes reconstruídos a partir das imagens originais do conjunto do IFSC-USP.

Figura 5.16: Visualização comparativa dos **cortes sagitais 115 e 126** dos volumes reconstruídos por ambos os métodos de interpolação a partir das imagens de MRT do conjunto do IFSC-USP e usando **fator de reconstrução $f_r=1$** (portanto, **espaçamento de 8 mm** entre as imagens).

Figura 5.17: Visualização comparativa do **corte coronal 130** dos volumes reconstruídos por ambos os métodos de interpolação a partir das imagens de MRT do conjunto do IFSC-USP e usando **fator de reconstrução $fr=1$** (portanto, **espaçamento de 8 mm** entre as imagens).

Como se percebe pelas figuras 5.16 e 5.17, os resultados são bastante diferentes entre os dois métodos de interpolação, com inquestionável superioridade do método de interpolação através de *matching*. O efeito escada, bastante pronunciado nos cortes do volume reconstruído pelo método de interpolação linear, principalmente nas regiões de maior translação de fronteiras entre imagens consecutivas (notadamente na região próxima ao topo da cabeça), praticamente não se manifesta nos cortes feitos no volume reconstruído por interpolação através de *matching*, o que demonstra, claramente, que o processo de *matching* ajuda a recuperar as formas da estrutura 3D de uma maneira muito mais precisa e eficiente.

Além disso, as imagens correspondentes aos cortes do volume reconstruído por interpolação linear possuem um aspecto bastante artificial, não somente pela presença do efeito escada nas regiões de maior translação de fronteiras, como também pela impressão de borramento (ou efeito chuvisco) presente, de forma pronunciada, nas imagens como um todo, sendo tais efeitos bastante discretos, ou mesmo ausentes, nos cortes do volume reconstruído através de *matching*.

5.5.3 - Dados de *Phantoms*

Esses conjuntos de dados não foram adquiridos através de exames de tomografia e sim gerados matematicamente. De forma geral, os *phantoms* foram projetados de maneira a se poder analisar de forma geométrica o desempenho do método de interpolação através de *matching* em relação ao método de interpolação linear. Utilizando estruturas geométricas bem comportadas e com formas claramente definidas e conhecidas, as análises visuais (qualitativas) tornaram-se mais fáceis e as numéricas (quantitativas) mais representativas. Além disso, de forma específica, cada um dos *phantoms* foi projetado com o objetivo de se determinar o comportamento dos métodos diante de situações bastante peculiares, as quais geralmente não são bem tratadas por métodos de interpolação de imagens tomográficas para reconstrução e podem permitir identificar restrições quanto ao uso dos mesmos ou indicar direções para futuros aperfeiçoamentos. Tais situações são de estruturas inclinadas e estruturas ramificadas.

Cada imagem de cada um dos *phantoms* foi criada com estrutura de interesse na cor branca e fundo na cor preta. No entanto, apesar de serem imagens binárias, é oportuno observar que tais imagens não são imagens binárias no sentido freqüentemente usado, nas quais cada pixel pode ser armazenado num único *bit* de informação, podendo armazenar somente os valores 0 e 1. Na verdade, o domínio de densidades também é $[0,127]$, no entanto, as imagens foram criadas usando somente as densidades 127 (branco) e 0 (preto), sendo que os pixels em branco representam os pontos da estrutura e os pixels em preto os pontos do fundo da imagem. Fazendo dessa forma, cada ponto em cinza de imagem interpolada é um ponto com densidade definida por interpolação entre um ponto de estrutura de uma das imagens e um ponto de fundo da outra, o que caracteriza um comportamento inadequado durante o processo de interpolação, o qual é facilmente identificado de forma visual. Dessa maneira, esses conjuntos de dados permitem uma melhor detecção da maneira como certos aspectos importantes das características da estrutura de interesse, tais como fronteiras e regiões homogêneas, são afetados pelos métodos de interpolação.

Esses conjuntos de dados servem para todos os tipos de análises definidos, não somente para análises por estimativa e comparação, como também para as análises que requerem a execução de todo o processo de reconstrução para a visualização de cortes do volume reconstruído. Apesar de a resolução (x,y,z) fictícia de $(1.0 \times 1.0 \times 8.5 \text{ mm})$, adotada para esses conjuntos de dados, possuir um espaçamento (z) entre as imagens bastante grande em relação à resolução horizontal (x,y) , as análises por estimativa são viáveis uma vez que as imagens constituem-se de estruturas geométricas bem comportadas, sendo possível a recuperação da forma aproximada destas estruturas nas imagens intermediárias interpoladas.

Para cada *phantom* foram feitas análises quantitativas e qualitativas a partir da comparação de imagem original com imagem estimada por ambos os métodos de interpolação. Por ser bastante grande o espaçamento entre as imagens originais, somente foi usado o espaçamento $e = \pm 1$ para determinação das estimativas. As análises quantitativas constituíram-se nas medidas de erro RMS e número de pontos em desacordo (NPD), enquanto que as análises visuais foram feitas através de visualização comparativa de imagem original e estimada e visualização de diferenças absolutas. Além dessas análises, a partir da execução de todo o processo de reconstrução 3D, usando o fator para reconstrução $fr = 1$, foram feitas análises visuais (qualitativas) de cortes do volume reconstruído por ambos os métodos.

5.5.3.1 - Phantom de Estrutura Inclinada (*Phantom 1*)

O *phantom 1* é um *phantom* de estrutura inclinada, com inclinação variável entre as imagens e com interior preenchido, sendo que a estrutura presente em cada imagem constitui-se de um círculo preenchido, conforme ilustra a figura 5.18.

Figura 5.18: *Phantom 1* (*phantom* de estrutura inclinada).

O círculo que forma a estrutura de interesse em cada imagem é de tamanho fixo, não variando de tamanho entre as imagens e possuindo um raio de 25 pixels. O círculo é transladado de imagem para imagem somente na direção x , sendo que a menor e a maior translação entre duas imagens consecutivas são, respectivamente, de 2 e 12 pixels.

Com relação às análises por estimativa, foram estimadas as imagens 5, 15 e 25, sendo os resultados quantitativos sumarizados na tabela 5.11.

imagem estimada	e	espaç. real	imagens ref. e dest.	Resultados Quantitativos						parâmetros usados (r, th)
				erro RMS			NPD			
				linear	match.	%	linear	match.	%	
5	± 1	17 mm	4 e 6	0.6023	0.0994	83.5	612	72	88.2	(26, 150)
15	± 1	17 mm	14 e 16	1.0039	0.1365	86.4	1020	101	90.1	(26, 150)
25	± 1	17 mm	24 e 25	1.9077	0.3118	83.7	1918	315	83.6	(26, 150)
média				1.1713	0.1825	84.4	1183	163	86.2	

Tabela 5.11: Síntese das análises quantitativas comparando os métodos de interpolação linear e interpolação através de *matching*, usando os dados do *phantom 1* (estrutura inclinada).

Os resultados qualitativos serão apresentados somente para a estimativa da imagem 15, estando ilustrados na figura 5.19.

(a) original

(b) estimativa (linear)

(c) estimativa (matching)

Figura 5.19: Resultados qualitativos, comparando os métodos de interpolação linear e interpolação através de *matching*, através da **estimativa da imagem 15** do conjunto de dados do *phantom 1* e usando **espaçamento $e = \pm 1$** para estimativa.

Os resultados apresentados para as análises por estimativa confirmam, de forma numérica e visual, que o método de interpolação através de *matching* possui um desempenho bastante satisfatório, proporcionando um mapeamento bastante fiel entre as fronteiras das imagens sendo interpoladas e, portanto, dando um tratamento bastante adequado ao problema de reconstrução de estruturas inclinadas. Quantitativamente, as medidas de erro RMS e NPD foram, na média, cerca de 85% menores que aquelas fornecidas pelo método de interpolação linear. Qualitativamente, a superioridade do método de interpolação através de *matching* manifestou-se de forma evidente, até mesmo geométrica, sendo a estimativa fornecida através de *matching* praticamente idêntica à imagem original (ver figuras 5.19(a), (c) e (e)). Comparando as imagens estimadas por ambos os métodos (figuras 5.19(b) e (c)) nota-se que, para o método de interpolação linear, um grande número de pontos foi gerado através de interpolação entre um ponto de fundo de uma das imagens e um ponto de estrutura da outra, caracterizando um grande número de pontos erroneamente interpolados, os quais aparecem na cor cinza na imagem estimada, enquanto que, para o método de interpolação através de *matching*, é praticamente impossível a detecção visual de tais pontos erroneamente interpolados (pontos em cinza), tão reduzido é o número destes. Estes pontos gerados de forma inadequada são pontos próximos às fronteiras, causando, na imagem estimada, o efeito de borramento de fronteiras, claramente identificado na imagem da figura 5.19(b), gerada por interpolação linear, e ausente na imagem da figura 5.19(c), gerada através de *matching*. Através de

comparação das imagens de diferença absoluta (figuras 5.19(d) e (e)), percebe-se o grande número de pontos que diferem entre imagem original e imagem estimada por interpolação linear, o que, quantitativamente, corresponde à expressiva medida de NPD fornecida quando da utilização deste método de interpolação; ao contrário, o número de pontos que diferem entre imagem original e imagem estimada por interpolação através de *matching* é bastante pequeno.

As análises qualitativas envolvendo a reconstrução de todo o volume isotrópico consistiram na análise visual de todos os cortes nos planos yz e xz do volume reconstruído. As figuras 5.20 e 5.21 mostram, respectivamente, dois cortes no plano yz e dois cortes no plano xz do volume reconstruído por cada método de interpolação, usando fator de reconstrução $fr=1$, demonstrando a brutal redução do efeito escada obtida pelo método de interpolação através de *matching*, principalmente nos pontos de maior inclinação da estrutura, onde tais efeitos assumem maiores proporções. Mais uma vez, ficou evidente o tratamento apropriado, dado pelo método de interpolação através de *matching*, ao problema de reconstrução de estruturas inclinadas.

(a) corte yz 112 (linear)

(b) corte yz 112 (*matching*)

(c) corte yz 124 (linear)

(d) corte yz 124 (matching)

Figura 5.20: Visualização comparativa dos cortes 112 e 124 no plano yz do phantom 1 ($fr=1$).

(a) corte xz 75 (linear)

(b) corte xz 75 (matching)

Figura 5.21: Visualização comparativa dos cortes 75 e 155 no plano xz do phantom 1 ($fr=1$).

Concluindo as análises realizadas com o *phantom* 1, de estrutura inclinada, o mapeamento das fronteiras das imagens sendo interpoladas, fornecido pelo processo de *matching*, reduz o efeito de borramento de fronteiras nas imagens intermediárias interpoladas e o efeito escada nos cortes do volume reconstruído, sendo tal processo, não somente adequado, como fortemente indicado para o caso de estruturas inclinadas. No entanto, é pertinente salientar que o objetivo da utilização de *phantoms* matemáticos (com formas geométricas bem comportadas e fronteiras bem definidas) é a ilustração do comportamento dos métodos de interpolação de uma forma geométrica, de fácil compreensão, e que, para dados reais de tomografia, a superioridade do método de interpolação através de *matching* não é tão grande quanto para os *phantoms* matemáticos, conforme já ilustrado nas seções anteriores.

5.5.3.2 - Phantom de Estrutura com Ramificação (*Phantom* 2)

O segundo *phantom* projetado consiste numa estrutura ramificada (na verdade, bifurcada, constituindo-se de apenas dois ramos) e com interior oco, sendo que a estrutura presente em cada imagem constitui-se da união de dois círculos vazios, de interiores disjuntos ou não, sendo coincidentes em algumas imagens, como ilustra a figura 5.22.

Figura 5.22: *Phantom 2* (*phantom* de estrutura com ramificação).

Os círculos que formam a estrutura de interesse em cada imagem são ambos de raio igual a 25 pixels e não mudam de tamanho entre as imagens originais. Os círculos são separados na parte ramificada e coincidentes na parte comum. Na parte ramificada, a aproximação (ou separação) entre os dois ramos da estrutura é de 10 pixels na direção x entre cada par de imagens, ou seja, os ramos são transladados de 5 pixels na direção x , em sentidos opostos, entre cada par de imagens.

Para as análises feitas por estimativa e comparação, foram estimadas as imagens de 9 a 13, por serem estas as imagens da região crítica da estrutura, onde os dois ramos se encontram. Os resultados são mostrados na tabela 5.12.

imagem estimada	e	espaç. real	imagens ref. e dest.	Resultados Quantitativos						parâmetros usados (th, r)
				erro RMS			NPD			
				linear	match.	%	linear	match.	%	
9	± 1	17 mm	8 e 10	2.1176	0.7735	63.5	1660	750	54.8	(12, 150)
10	± 1	17 mm	9 e 11	2.1067	0.8938	57.6	1649	880	46.6	(12, 150)
11	± 1	17 mm	10 e 12	1.9749	0.9180	53.5	1527	860	43.7	(12, 150)
12	± 1	17 mm	11 e 13	1.6879	0.7718	54.3	1347	780	42.1	(12, 150)
13	± 1	17 mm	12 e 14	1.4160	0.6182	56.3	1130	607	46.3	(12, 150)
média				1.8606	0.7950	57.3	1463	775	47.0	

Tabela 5.12: Síntese das análises quantitativas comparando os métodos de interpolação linear e interpolação através de *matching*, usando os dados do *phantom 2* (estrutura ramificada).

Os resultados qualitativos serão apresentados somente para a estimativa da imagem 11. A estimativa desta imagem é a mais delicada, uma vez que os círculos estão separados na imagem original 10, apenas se tocam na imagem original 11 e possuem uma parcela do interior em comum na imagem original 12. Os resultados estão presentes na figura 5.23.

(a) original

(b) estimativa (linear)

(c) estimativa (matching)

Figura 5.23: Resultados qualitativos, comparando os métodos de interpolação linear e interpolação através de *matching*, através da **estimativa da imagem 11** do conjunto de dados do *phantom 2* e usando espaçamento $e = \pm 1$ para estimativa.

Estes resultados, tanto os numéricos (tabela 5.12) quanto os visuais (figura 5.23), vêm a confirmar o melhor desempenho do método de interpolação através de *matching* também em regiões de ramificação de estruturas. Nestas regiões, para essa particular estrutura descrita (ver figura 5.22), a utilização do processo de *matching* forneceu medidas de erro RMS e NPD cerca de 50% menores do que as fornecidas pelo método de interpolação linear. Qualitativamente, a superioridade do método de interpolação através de *matching* é inquestionável para esses dados, estando evidente na comparação das imagens estimadas por ambos os métodos (figuras 5.23(b) e (c)); praticamente todos os pontos da imagem estimada por interpolação linear foram erroneamente interpolados (pontos em cinza, gerados por interpolação entre um ponto de estrutura e um ponto de fundo) enquanto que o oposto é verdadeiro para o método de interpolação através de *matching*, cuja imagem estimada assemelha-se bastante à imagem original. Como a estrutura é oca e os pontos erroneamente interpolados são próximos às fronteiras, o efeito causado por esse problema de interpolação inadequada é manifestado através de um efeito de dupla fronteira, fortemente evidenciado na imagem da figura 5.23(b), gerada por interpolação linear, e bastante discreto na imagem da figura 5.23(c), gerada com a utilização de *matching*. A visualização comparativa das imagens de diferença absoluta (figuras 5.23(d) e (e)) confirma todas essas observações.

Com relação às análises feitas com a reconstrução do volume isotrópico e visualização de cortes do mesmo, as figuras 5.24 e 5.25 mostram, respectivamente, um corte no plano yz e três cortes no plano xz do volume reconstruído por ambos os métodos de interpolação, usando fator de reconstrução $fr = 1$.

Figura 5.24: Visualização comparativa do corte 128 no plano yz do phantom 2 ($fr=1$).

(c) corte xz 100 (linear)

(d) corte xz 100 (matching)

(e) corte xz 125 (linear)

(f) corte xz 125 (matching)

Figura 5.25: Visualização comparativa dos cortes 75, 100 e 125 no plano xz do phantom 2 ($fr=1$).

Estas figuras (5.24 e 5.25) confirmam a brutal redução do efeito escada obtida pela reconstrução por interpolação através de *matching*. Como a estrutura do *phantom 2* é oca, sendo constituída apenas por uma superfície externa, o efeito escada é manifestado através de um efeito de descontinuidade nos cortes do volume, estando evidentes nas figuras correspondentes aos cortes feitos no volume reconstruído por interpolação linear e ausentes nas figuras que correspondem aos cortes do volume reconstruído através da utilização do processo de *matching*. O corte *xz* 75 intersecta somente um dos ramos da estrutura, o corte *xz* 100 intersecta um dos ramos e a parte comum, enquanto que o corte *xz* 125 intersecta o ponto de encontro dos dois ramos dividindo a estrutura ao meio e deixando claro o melhor tratamento dado pelo método de interpolação através de *matching* a estruturas com ramificação.

5.6 - Medidas de Tempo de Processamento

Com o intuito de analisar o tempo real de execução (*wall-clock time*) utilizado pelo Método de interpolação através de *Matching*, foram feitas medidas de tempo de processamento em diversas situações.

Deve-se salientar que processos de *matching* são, em geral, relativamente demorados e, com a finalidade de melhor analisar os resultados obtidos, as medidas de tempo de execução foram feitas separadamente para ambas as etapas do método implementado, etapa de *matching* e etapa de interpolação. Além disso, dentro da etapa de *matching*, as medidas foram tomadas também de forma separada para ambos os passos desta etapa, uma vez que o primeiro passo (*matching* de pontos de alto gradiente) é executado de forma totalmente distinta daquela executada no segundo passo (*matching* de pontos de baixo gradiente). Dessa forma, é possível distinguir o comportamento do Método de Interpolação através de *Matching*, relativamente a tempo de execução, em cada uma de suas etapas. Não é prematura observar que o tempo de processamento requerido pelo método tradicional de interpolação linear deverá ser bastante próximo ao tempo de processamento requerido pela etapa de interpolação do método implementado, uma vez já executada a etapa de *matching*; dessa forma, a grande incógnita deverá ser realmente o tempo de processamento utilizado pela etapa de *matching* em cada um de seus passos.

A plataforma computacional utilizada foi uma estação de trabalho *Digital*, modelo *Alpha 3000/800*, com memória RAM de 64 Mbytes e *clock* de 200 MHz, possuindo uma medida de desempenho de 129 MFLOPS, conforme informado pelo fabricante. No entanto, é provável que as medidas de tempo de execução tenham sido afetadas, uma vez que a estação é utilizada em rede, funcionando como servidora da mesma, ainda que tal rede seja pequena e apenas de médio fluxo.

Utilizando o conjunto original CT-MIPG, foram feitas tomadas de tempo de execução em diversas situações. Primeiramente, foram estimadas, usando ambos os métodos de interpolação, as mesmas imagens usadas nas análises por estimativa para esse conjunto de dados (ver seção 5.5.1), desta vez usando somente espaçamento $e = \pm 1$ e os mesmos parâmetros já utilizados (ver tabela 5.8). Para cada imagem estimada por cada um dos métodos de interpolação foram feitas cinco medidas de tempo de execução, sendo as médias calculadas e apresentadas na tabela 5.13.

imagem estimada	e	espaç. real	imagens ref. e dest.	tempo de processamento (em segundos)				parâmetros usados (r, th)
				interpol. linear	interpolação através de <i>matching</i>			
					<i>match.</i> (1 ^o)	<i>match.</i> (2 ^o)	interp.	
10	± 1	6 mm	9 e 11	0.1023	2.2342	2.5612	0.2430	(3, 10)
20	± 1	6 mm	19 e 21	0.1025	2.4431	2.8130	0.2440	(3, 10)
30	± 1	6 mm	29 e 31	0.1072	8.5539	4.0888	0.2459	(4, 10)
40	± 1	6 mm	39 e 41	0.1060	2.1268	6.8169	0.2449	(2, 10)
50	± 1	6 mm	49 e 51	0.1038	6.7374	3.4758	0.2430	(5, 10)
60	± 1	6 mm	59 e 61	0.1051	35.3451	2.1151	0.2420	(12, 10)

Tabela 5.13: Medidas de tempo de processamento (em seg.) comparando os tempos obtidos pelos métodos de interpolação linear e interpolação através de *matching*, usando os dados de CT do MIPG.

Como se nota pelos resultados expostos na tabela 5.13, realmente o tempo de processamento requerido pela etapa de interpolação do método de Interpolação através de *Matching* não é muito maior do que aquele requerido pelo método tradicional de interpolação linear; logicamente, o tempo deve ser um pouco maior uma vez que, no método implementado, além da interpolação linear das densidades, há que se fazer também a interpolação linear das disparidades horizontal e vertical.

Como esperado, no método de Interpolação através de *Matching*, quase todo o tempo de processamento é consumido pela etapa de *matching*. Conforme já exposto no capítulo 4 (seção 4.3.3, onde foi discutida a definição dos parâmetros do processo de *matching*) e evidenciado pelos resultados apresentados na tabela 5.13, o tempo de processamento requerido pela etapa de *matching* varia bastante de acordo com os parâmetros r (raio da janela de pesquisa) e th (*threshold*) usados.

Dessa forma, a partir da estimativa da imagem 30 do conjunto de dados CT-MIPG, usando espaçamento $e = \pm 1$ (portanto, interpolando imagens originais 29 e 31), o tempo de execução da etapa de *matching* (primeiro e segundo passos) foi medido com variações significativas nos parâmetros usados para o processo de *matching*. As tabelas 5.14 e 5.15 apresentam, respectivamente, os tempos de execução para o primeiro passo e para o segundo passo da etapa de *matching*, através de variações dos parâmetros r ($r = 2, 4, 6, 8, 10, 12$) e th ($th = 50, 40, 30, 20, 10$).

		r					
		2	4	6	8	10	12
th	50	1.8979	4.5133	8.6896	14.0868	21.1893	28.8910
	40	2.1659	5.2635	10.2303	16.6886	25.2045	34.4362
	30	2.4876	6.1620	12.0839	19.7862	29.9824	41.0263
	20	2.8477	7.2016	14.2361	23.3777	35.5598	48.7296
	10	3.3396	8.5208	17.0058	27.9843	42.6509	58.4915

Tabela 5.14: Medidas de tempo de processamento (em seg.) para o primeiro passo da etapa de *matching* do método implementado, através da estimativa da imagem 30 do conjunto de CT do MIPG

		<i>r</i>					
		2	4	6	8	10	12
<i>th</i>	50	3.2444	2.5842	2.3474	2.2322	2.1444	2.1200
	40	3.7823	2.8340	2.5110	2.3441	2.1805	2.1629
	30	4.7852	3.1873	2.5348	2.3845	2.2816	2.2469
	20	6.0370	3.5124	2.7144	2.4817	2.3337	2.3050
	10	7.7813	4.0668	3.0712	2.7072	2.5289	2.4850

Tabela 5.15: Medidas de tempo de processamento (em seg.) para o **segundo passo da etapa de *matching*** do método implementado, através da estimativa da imagem 30 do conjunto de CT do MIPG

Os resultados ilustrados nas tabelas 5.14 e 5.15 confirmam os comentários feitos no capítulo 4 (seção 4.3.3), com relação aos parâmetros *r* e *th*. O tempo total de processamento da etapa de *matching* (tempos de processamento de ambos os passos somados) aumenta conforme se aumenta o raio da janela de pesquisa (parâmetro *r*) e se diminui o *threshold* (parâmetro *th*).

Para o primeiro passo da etapa de *matching* (*matching* de pontos de alto gradiente, feito através de processo de pesquisa), o tempo de processamento é bastante amplificado com o aumento do parâmetro *r*, uma vez que aumenta muito o número de pontos da imagem destino a serem pesquisados para cada ponto de alto gradiente da imagem referência. No entanto, para o segundo passo da etapa de *matching* (*matching* de pontos de baixo gradiente, feito através de Triangulação de Delaunay e processos de interpolação e extrapolação), o tempo de processamento diminui sutilmente com o aumento do parâmetro *r*, pois conforme aumenta o número de pontos a serem pesquisados na imagem destino durante o primeiro passo, aumenta também a possibilidade de correspondências mal estabelecidas, diminuindo o número de vértices para triangulação no segundo passo. Contudo, considerando os dois passos, o tempo total de processamento da etapa de *matching* aumenta bastante com o aumento do parâmetro *r* (raio da janela de pesquisa).

Com relação ao parâmetro *th* (*threshold*), o qual define o limiar entre pontos de alto e de baixo gradiente das imagens, ambos os passos da etapa de *matching* têm seu tempo de processamento consideravelmente aumentado com a diminuição do valor desse parâmetro, uma vez que tal diminuição aumenta o número de pontos considerados de alto gradiente, aumentando o número de pontos da imagem referência para os quais se deve definir correspondência no primeiro passo e aumentando o número de vértices para triangulação no segundo passo.

Uma última constatação com relação aos resultados apresentados nas tabelas 5.14 e 5.15 é a de que o “gargalo” da etapa de *matching* do método implementado é o seu primeiro passo (*matching* de pontos de alto gradiente), feito através de um processo de pesquisa, e que futuras otimizações visando a diminuição do tempo de processamento devem agir principalmente neste ponto.

Encerrando esta seção, três conclusões principais podem ser ressaltadas com relação ao tempo de processamento do método implementado:

- a etapa de *matching* do método implementado neste trabalho consome quase todo o tempo de processamento; a etapa de interpolação tem um tempo de processamento bastante semelhante ao do método tradicional de interpolação linear;

- o tempo de processamento da etapa de *matching* é influenciado pelos parâmetros utilizados, principalmente pelo parâmetro r (raio da janela de pesquisa), mas também pelo parâmetro th (*threshold*);
- o “gargalo” da etapa de *matching*, em termos de tempo de processamento, é o primeiro passo dessa etapa (*matching* de pontos de alto gradiente), tendo seu tempo de execução bastante amplificado principalmente com o aumento do parâmetro r , que define o raio da janela de pesquisa.

5.7 - Conclusões sobre o Método Implementado

Durante a execução de todas as análises apresentadas, algumas conclusões foram sendo delineadas de forma bastante clara com relação ao comportamento do método de interpolação através de *matching* relativamente ao do método tradicional de interpolação linear, as quais passam a ser expostas, respaldadas tanto pela teoria quanto pelos resultados obtidos.

A base fundamental do método de interpolação através de *matching* é o mapeamento coerente entre as estruturas presentes nas imagens, principalmente nas regiões próximas a fronteiras e regiões de maior translação da estrutura entre imagens consecutivas. Dessa forma, o método é tão mais vantajoso relativamente à interpolação linear quanto maior o espaçamento entre as imagens originais.

O mapeamento de estruturas maiores, as quais se preservam entre as imagens, é realizado de forma bastante eficaz pelo método de interpolação através de *matching*. Para pequenas estruturas que não são preservadas entre as imagens, o método implementado assume um comportamento semelhante ao da interpolação linear, como não poderia deixar de ocorrer.

Dado o excelente mapeamento entre pontos de fronteira, o método implementado atingiu plenamente os objetivos para os quais foi proposto, especificamente, redução do efeito de borramento de fronteiras em imagens intermediárias interpoladas e redução do efeito escada nos volumes reconstruídos, o qual se manifesta claramente através da visualização de cortes sagitais e coronais dos mesmos. Tais efeitos indesejáveis são característicos dos métodos de interpolação tradicionais, sendo que o efeito de borramento de fronteiras chega a se manifestar através de efeito de dupla fronteira (ver figura 5.4(b)), enquanto que um efeito escada bastante pronunciado apresenta-se, por vezes, na forma de descontinuidades na estrutura reconstruída (ver figura 5.14(a)).

Com relação ao escopo de aplicação do método proposto, podem-se fazer as seguintes considerações. Para espaçamentos pequenos entre as imagens originais, da ordem de 2 mm ou, possivelmente, até 3 mm, talvez não compense a utilização do método de interpolação através de *matching*, uma vez que a melhoria apresentada é apenas sutil e o processo de *matching* é bem mais complexo e demorado. Para grandes espaçamentos, o método implementado é, não somente adequado, como fortemente indicado (por exemplo, ver figuras de 5.12 a 5.15). Mesmo para espaçamentos pequenos, havendo grande translação da estrutura entre as imagens (por exemplo, imagens transversais próximas ao topo da cabeça de um ser humano), o método também é indicado. Outras aplicações nas quais o processo de *matching* apresenta grande vantagem são de reconstrução de estruturas inclinadas e estruturas com ramificação, conforme demonstrado na seção 5.5.3. Uma outra aplicação bastante importante é o tratamento de registro (ver figura 5.9).

Apresentadas todas as vantagens do método de interpolação através de *matching*, é necessário que sejam destacadas duas desvantagens. A primeira diz respeito ao tempo de processamento; o processo de *matching* implementado, como todo processo de *matching*, é um processo relativamente demorado, tornando tal método de interpolação bem mais lento que o método de interpolação linear. A segunda desvantagem é a necessidade de calibração de parâmetros. No entanto, neste trabalho, conforme já explicado, foi abolida a calibração dos parâmetros relacionados ao vetor custo (parâmetros $p1$, $p2$, $p3$, $p4$). O parâmetro th (*threshold*) é determinado para cada conjunto de dados e, conhecendo-se o domínio de densidades do conjunto e o operador usado para cálculo de gradiente, é facilmente definido. O único problema restante é a calibração do parâmetro r (raio da janela de pesquisa), o qual, conforme detectado durante as análises, idealmente deveria ser definido entre cada par de imagens sendo interpoladas. Entretanto, é razoável supor que a utilização freqüente deste método, com conjuntos de dados representando regiões de uso cotidiano, torne os valores para este parâmetro já conhecidos de antemão.

Concluindo, é oportuno ressaltar que todas as análises e discussões apresentadas neste capítulo são específicas para imagens de tomografia, não tendo sido este método de interpolação testado para outros tipos de imagens, e que, mesmo para imagens de tomografia, este método não representa qualquer “panacéia”, tendo certas desvantagens e restrições de utilização, conforme explanado durante o capítulo.

5.8 - Considerações Finais

Durante este capítulo foram apresentados os resultados das análises executadas para avaliação do Método de Interpolação de Imagens Tomográficas através de *Matching*. As análises foram executadas utilizando vários conjuntos de dados, dados tomográficos de CT e MRT e dados de *phantoms* projetados matematicamente.

Preliminarmente à apresentação dos resultados obtidos, foram descritas as análises executadas, tanto quantitativas quanto qualitativas, os dados que foram usados durante as mesmas e a calibração dos parâmetros do processo de *matching*.

Além da apresentação dos resultados obtidos através das análises e da discussão dos mesmos, foram também apresentadas medidas de tempo de processamento na plataforma computacional utilizada. Ao final do capítulo, foram apresentadas as conclusões sobre o método implementado, incluindo um sumário dos problemas resolvidos pelo mesmo, o escopo de aplicação, vantagens e algumas desvantagens deste relativamente aos métodos tradicionalmente usados.

Deve-se enfatizar que, sendo o objetivo deste trabalho o de propor um método mais adequado para interpolação de imagens tomográficas com grande espaçamento, tal objetivo foi plenamente atingido, conforme os resultados apresentados e discutidos durante todo o capítulo.

Capítulo 6

Conclusão

6.1 - Conclusões Gerais

Motivado pelo desenvolvimento do tomógrafo de Ressonância Magnética, no Instituto de Física de São Carlos (IFSC-USP), e de um Sistema para Reconstrução e Visualização Tridimensional de Imagens Tomográficas, no Instituto de Ciências Matemáticas de São Carlos (ICMSC-USP), este trabalho teve como objetivo a pesquisa e o desenvolvimento de método alternativo de interpolação de imagens tomográficas para Reconstrução 3D volumétrica a partir de imagens com grande espaçamento; enquanto o tomógrafo desenvolvido no IFSC-USP retorna imagens com espaçamentos razoavelmente grandes, o referido sistema do ICMSC-USP utilizava-se do método tradicional de interpolação linear durante a reconstrução, o qual somente fornece resultados satisfatórios para imagens com pequeno espaçamento, não sendo, portanto, adequado para as imagens de tomografia retornadas pelo citado tomógrafo.

Os maiores problemas apresentados pelos métodos tradicionais de interpolação de imagens tomográficas, quando aplicados a imagens originais bastante distanciadas, ou mesmo imagens próximas, mas com estruturas que se transladam significativamente entre as mesmas, são o efeito de borramento de fronteiras em imagens intermediárias interpoladas e o efeito escada no volume 3D reconstruído, evidenciado através da visualização de cortes sagitais e coronais do mesmo. Ambos os artefatos são consequência da translação de estruturas entre imagens originais consecutivas. Assim, depois de ampla pesquisa por métodos de interpolação de imagens para Reconstrução 3D, através de análise das características apropriadas de cada um deles, foi definido o Método de Interpolação de Imagens Tomográficas através de *Matching* como um método bastante conveniente para reconstrução a partir de imagens com grande espaçamento, uma vez que tal método atua diretamente na solução da causa dos problemas citados, tentando evitar a interpolação entre pontos pertencentes a diferentes estruturas ou entre pontos de estrutura e pontos de fundo da imagem.

Implementado o Método de Interpolação através de *Matching*, com alterações significativas propostas para o processo de *matching* requerido, foram executadas diversas análises, concluindo-se que o objetivo definido para este trabalho foi plenamente atingido, tendo-se obtido resultados bem melhores para conjuntos de dados formados por imagens bastante distanciadas, reduzindo de forma brutal os efeitos indesejáveis citados e recuperando, no volume reconstruído, as formas dos objetos 3D de interesse de uma maneira muito mais eficiente e representativa.

Além do estudo de métodos de interpolação de imagens tomográficas para Reconstrução 3D, este trabalho ainda propiciou um estudo sobre processamento 3D de imagens tomográficas em geral e abordagens para reconstrução 3D. Ainda, foi realizado um estudo sobre triangulações e, de forma mais aprofundada, a Triangulação de Delaunay e

sua utilização para interpolação de pontos irregularmente distribuídos no plano (ver anexo A), conforme necessário para a implementação do método selecionado.

As contribuições deste trabalho foram as seguintes:

- Classificação, segundo determinadas características, das abordagens de Reconstrução 3D em três grupos: Reconstrução Volumétrica, Reconstrução Pseudo-Volumétrica e Reconstrução por Superfícies;
- Reunião, num único texto, dos mais recentes métodos de interpolação de imagens tomográficas para Reconstrução 3D, incluindo uma síntese das principais características destes para reconstrução a partir de imagens com grande espaçamento;
- Implementação do Método de Interpolação de Imagens Tomográficas através de *Matching*, o qual se apresentou como uma excelente alternativa para interpolação de imagens com grande espaçamento original, objetivo principal do presente trabalho;
- Proposta e implementação de inovações na etapa de *matching* do método selecionado, através da utilização de Triangulação de Delaunay e processos de interpolação e extrapolação, permitindo um tratamento distinto entre os pontos provavelmente pertencentes a estruturas presentes nas imagens e os pontos provavelmente pertencentes ao fundo da mesma;
- Definição de uma variedade de tipos de análise para métodos de interpolação de imagens tomográficas (análises quantitativas e análises qualitativas);
- Análise do método implementado, comparativamente ao método tradicional de interpolação linear, não somente em situações de grande espaçamento entre imagens originais, como também para resolução de problemas de registro e em situações de estruturas inclinadas e ramificadas, situações nas quais o método implementado também se apresentou como um excelente alternativa.

Além dessas contribuições, o anexo A ainda apresenta a definição da Triangulação de Delaunay e sua utilização para interpolação de pontos arbitrariamente distribuídos no plano, incluindo apresentação da resolução dos principais problemas de Geometria Computacional para construção da Triangulação e posterior utilização da mesma para interpolação no plano.

6.2 - Sugestões para Pesquisas Futuras

Seria bastante interessante que, em trabalhos futuros, fossem implementados outros métodos de interpolação de imagens tomográficas para Reconstrução 3D volumétrica, com o objetivo de também pesquisar o comportamento destes em relação ao problema de reconstrução a partir de imagens originais com grande espaçamento. Uma sugestão razoável é o Método de Interpolação Baseada na Forma, cuja implementação parece ser relativamente simples.

Com relação ao Método de Interpolação através de *Matching*, ficam as seguintes sugestões para pesquisas, as quais podem propiciar melhorias no desempenho do mesmo ou maior praticidade na sua utilização:

-
- Estudos para viabilização da utilização de triangulações dependentes dos dados (por exemplo, [DYN-90], [BROWN-91]) e triangulações com restrições [DeFLORIANI-92], tentando definir restrições específicas para imagens de tomografia;
 - Utilização de interpolação com continuidade de classe C^1 durante o processo de interpolação, verificando a possível melhoria proporcionada;
 - Definição de *matching* através de curvas de correspondência, ao invés de (linhas) retas de correspondência, usando, durante a etapa de *matching*, não somente as informações das imagens referência e destino, como também das imagens a elas adjacentes, tentando impor continuidade de classe C^1 nas referidas curvas de correspondência;
 - Estudos para automatização da calibração dos parâmetros do processo de *matching*, permitindo, inclusive, que a calibração do parâmetro correspondente ao raio da janela de pesquisa seja feita para cada par de imagens sendo interpoladas;
 - Investigação de otimizações a serem feitas no primeiro passo da etapa de *matching* (*matching* por pesquisa), o qual se constitui no ponto de maior demora durante a execução de todo o processo.
-

Anexo A

Triangulações e Interpolação

A.1 - Considerações Iniciais

Este anexo introduz conceitos fundamentais sobre triangulações, dando enfoque especial ao uso das mesmas para o problema de interpolação usando dados de pontos irregularmente espalhados no plano. Segundo Aurenhammer [AURENHAMMER-91], uma das maiores aplicações para triangulações é justamente a interpolação de funções de duas variáveis, onde valores da função são inicialmente somente conhecidos em pontos irregularmente distribuídos. A razão para a presença deste anexo, retratando tal assunto, deve-se tão somente ao fato de que tal tipo de problema ocorre no método de interpolação de imagens tomográficas implementado neste trabalho, e a solução adotada foi exatamente através do uso de triangulações.

Esse assunto será tratado com vistas ao problema que se pretende resolver, não havendo maior preocupação com rigor matemático. Em particular, o tratamento será restrito para pontos irregularmente espalhados no plano (triangulações no espaço são também chamadas de tetraedrações [KALLMANN-95]).

O problema a ser tratado consiste em, dado um conjunto V de n pontos distintos $p_i = (x_i, y_i)$, $i = 1, 2, \dots, n$, pontos irregularmente distribuídos no plano, não todos colineares, cada um com um particular valor z_i associado, interpolar o valor para qualquer outro ponto do plano dentro do fecho convexo¹ desse conjunto de pontos. O problema, então, divide-se em duas etapas, determinação da triangulação e interpolação através da triangulação definida, as quais serão apresentadas neste anexo.

A literatura sobre triangulações é bastante vasta ([AURENHAMMER-91], [BARNHILL-77], [GUIBAS-85], [GUIBAS-92], [KNUTH-92], [LAWSON-77], [TEILLAUD-93] são alguns exemplos), tendo sido propostos diversos algoritmos para a construção das mesmas e os mais variados tipos de estruturas de dados para armazenamento. Um desses algoritmos, juntamente com a respectiva estrutura de dados utilizada, será apresentado neste anexo, não somente com fins ilustrativos, como também objetivando a apresentação do algoritmo usado no método de interpolação de imagens tomográficas implementado neste trabalho.

¹ Define-se fecho convexo de um conjunto $V = \{p_1, p_2, \dots, p_n\}$ de pontos distintos do plano como sendo [NONATO-95]:

$$\text{Conv}(V) = \{ \lambda_1 p_1 + \lambda_2 p_2 + \dots + \lambda_n p_n \mid \lambda_i \geq 0, \sum_{i=1}^n \lambda_i = 1 \}$$

Pode também ser definido, de maneira mais intuitiva, como o menor conjunto convexo contendo todos os pontos de V [TEILLAUD-93]. Ou ainda, como a intersecção de todos os semi-espacos contendo todos os pontos de V [AURENHAMMER-91].

A.2 - Triangulações

A.2.1 - Conceitos Gerais

Dado um conjunto V de n pontos distintos $p_i=(x_i, y_i)$, $i = 1, 2, \dots, n$, pontos irregularmente distribuídos no plano, não todos co-lineares, uma triangulação desse conjunto de pontos tem o objetivo de cobrir todo o fecho convexo do mesmo, particionando-o em triângulos cujos vértices sejam os pontos de V . Portanto, a união de todos os triângulos da triangulação forma, necessariamente, um polígono convexo. Cada triângulo deve possuir três dos pontos de V como seus vértices e não deve conter nenhum outro ponto no seu interior ou na sua borda.

De forma geral, existem muitas triangulações diferentes para um dado conjunto de pontos. É interessante notar, entretanto, que todas as possíveis triangulações possuem o mesmo número de triângulos e o mesmo número de arestas.

Seja V um conjunto de n pontos distintos, não todos co-lineares, n_b o número de pontos na borda do fecho convexo de V e n_i o número de pontos interiores ao fecho, de forma que $n = n_b + n_i$, então, o número de triângulos é:

$$n_t = n_b + 2.(n_i - 1) \leq 2.n$$

e o número de arestas é:

$$n_a = 2.n_b + 3.(n_i - 1) \leq 3.n$$

A questão de qual das inúmeras possíveis triangulações é a melhor para um dado conjunto de pontos é uma questão em aberto. A triangulação mais adequada depende da aplicação específica. O problema em questão consiste em definir uma triangulação com o objetivo de usá-la para interpolação, ou seja, dada uma função com valores conhecidos somente em alguns pontos e definida uma triangulação desses pontos, calcular o valor da função em qualquer ponto arbitrário através de interpolação dentro do triângulo contendo o mesmo. Intuitivamente, não é difícil perceber que a existência de triângulos muito longos e finos prejudicaria a qualidade da interpolação. Segundo Lawson [LAWSON-72] e Maclain [MACLAIN-76], uma triangulação é conveniente para interpolação se os seus triângulos são aproximadamente equiangulares (ou seja, aproximadamente equiláteros), o que vem a confirmar a noção intuitiva. A conhecida Triangulação de Delaunay é a única triangulação que é ótima nesse sentido [SIBSON-77], razão pela qual optou-se por sua utilização.

A.2.2 - Triangulação de Delaunay

A Triangulação de Delaunay pode ser definida de várias formas, seguindo os vários critérios possíveis de escolha de triangulação preferida dentro de cada quadrilátero formado por dois triângulos adjacentes da mesma. Qualquer que seja a triangulação dos pontos, cada par de triângulos adjacentes forma um quadrilátero; se esse quadrilátero não for convexo, existe uma única forma de particioná-lo em dois triângulos; caso contrário, tal quadrilátero pode ser particionado em dois triângulos de dois possíveis modos, conforme ilustra a figura

A.1. Com o objetivo de aproximar a equiangularidade desejável nos triângulos formados, a qual pode ser verificada através de alguns critérios equivalentes, somente um dos modos é aceito. Se todos os quadriláteros consistindo de pares de triângulos adjacentes em uma triangulação satisfazem um desses critérios equivalentes de otimização local, então a triangulação é única, sendo chamada de Triangulação de Delaunay [LAWSON-77].

Figura A.1: Dois modos possíveis para triangulação de um quadrilátero estritamente convexo.

Para definir de forma objetiva a Triangulação de Delaunay, sua introdução será feita, primeiramente, através de uma outra estrutura muito conhecida, o Diagrama de Voronoi [AURENHAMMER-91], através do qual se definirá um dos possíveis critérios de otimização local que leva à Triangulação de Delaunay. Mais adiante serão apresentados outros dois critérios equivalentes [LAWSON-77] que levam também a tal triangulação.

A.2.2.1 - Definição através do Diagrama de Voronoi²

Dado um conjunto $V = \{p_1, p_2, \dots, p_n\}$ de n pontos distintos do plano, não todos co-lineares, o Diagrama de Voronoi é uma partição do plano em regiões V_i , $i = 1, 2, \dots, n$, uma correspondente a cada ponto p_i , sendo que cada região V_i constitui-se de todos os pontos do plano mais próximos de p_i do que de qualquer outro ponto de V . Cada uma dessas regiões é chamada de região de Voronoi e se constitui em um polígono convexo, não necessariamente limitado; caso o ponto p_i correspondente pertença à fronteira do fecho convexo de V , o polígono será ilimitado. As arestas que definem os polígonos são chamadas de arestas de Voronoi e definem os pontos do plano que estão igualmente distanciados de dois pontos p_j e p_k de V . A figura A.2 ilustra o Diagrama de Voronoi de um determinado conjunto de pontos.

Todo vértice v do Diagrama de Voronoi é comum a pelo menos três regiões de Voronoi (que se encontram em v) e é o centro do círculo definido pelos pontos de V correspondentes às regiões que se encontram em v . Além disso, este círculo não contém nenhum outro ponto de V em seu interior [NONATO-95].

² O nome Diagrama de Voronoi deve-se ao fato de ser uma estrutura introduzida por M. G. Voronoi [VORONOI-08] em 1908. O nome Triangulação de Delaunay deve-se ao pesquisador B. N. Delaunay [DELAUNAY-34].

Figura A.2: Diagrama de Voronoi de um dado conjunto de pontos.

Diagramas de Voronoi são usados em inúmeras situações para diversas aplicações [AURENHAMMER-91]. No entanto, sua apresentação aqui deve-se unicamente ao fato de facilitar a definição da Triangulação de Delaunay.

A Triangulação de Delaunay é o dual do Diagrama de Voronoi. Esse dual pode ser definido como uma subdivisão planar cujos vértices são os pontos p_i de V e as arestas são segmentos de reta ligando cada par de pontos de V que possuam polígonos de Voronoi com uma aresta em comum. A figura A.3 ilustra o Diagrama de Voronoi (linhas pontilhadas) e a Triangulação de Delaunay (linhas sólidas) do mesmo conjunto de pontos da figura A.2.

Figura A.3: Diagrama de Voronoi (linhas pontilhadas) e o seu dual, Triangulação de Delaunay (linhas sólidas).

Cada vértice de Voronoi corresponde ao circuncentro de um triângulo de Delaunay. Pela figura A.3, pode-se perceber que arestas de Delaunay (linhas sólidas) são ortogonais às correspondentes arestas de Voronoi (linhas pontilhadas) e que as mesmas não necessariamente se intersectam. Percebe-se, também, que as fronteiras do fecho convexo dos pontos são arestas de Delaunay.

A.2.2.2 - Equivalência de Critérios para Triangulação de Delaunay

Conforme já foi estabelecido, numa Triangulação de Delaunay todos os quadriláteros consistindo de pares de triângulos adjacentes devem ser particionados de forma a aproximar a equiangularidade desejável nos triângulos. Portanto, para a construção de uma Triangulação de Delaunay, pode-se ater a critérios locais de otimização, que se constituem em critérios para triangulação de um quadrilátero estritamente convexo³ (quadriláteros não-convexos só podem ser triangulados de uma única forma). Lawson [LAWSON-77] define três critérios equivalentes.

A definição da Triangulação de Delaunay através do seu dual Diagrama de Voronoi, já estabelece um dos critérios de triangulação de um quadrilátero estritamente convexo definido pelos pontos a, b, c e d .

Critério das Regiões de Voronoi:

Sejam R_a, R_b, R_c e R_d , as regiões de Voronoi correspondentes, respectivamente, aos pontos a, b, c e d . Dois dos pontos a, b, c ou d serão chamados vizinhos de Voronoi se suas respectivas regiões de Voronoi estão em contato. São vizinhos fortes de Voronoi se o contato é feito através de um segmento de reta de comprimento não-nulo. Se o contato é feito através de um único ponto, são vizinhos fracos de Voronoi.

Esse critério estabelece que, para triangular um quadrilátero estritamente convexo, deve-se inserir a diagonal que conecta o par de vizinhos fortes de Voronoi (figura A.4). Um quadrilátero estritamente convexo pode ter, no máximo, um par de vértices opostos que são vizinhos fortes de Voronoi. Se nenhum dos dois pares de vértices opostos constituem-se em vizinhos fortes de Voronoi, então ambos os pares constituem-se em vizinhos fracos de Voronoi e, nesse caso, qualquer diagonal pode ser inserida.

Figura A.4: Critério das Regiões de Voronoi para triangulação de quadrilátero estritamente convexo.

Outros dois critérios equivalentes a este, para a otimização local que leva à Triangulação de Delaunay, serão expostos a seguir.

Critério do Ângulo Max-Min:

Esse critério consiste em escolher a triangulação do quadrilátero que maximiza o mínimo ângulo interior dos dois triângulos resultantes. Por exemplo, na figura A.5, o

³ Um quadrilátero é estritamente convexo se cada um de seus ângulos interiores mede menos que 180° . Se um dos ângulos mede exatamente 180° , o quadrilátero ainda é convexo, mas não estritamente convexo e, nesse caso, também só pode ser triangulado de uma única forma; por essa razão, os critérios são definidos somente para quadriláteros estritamente convexos.

ângulo $\angle cab$ é o menor ângulo interno existente nos triângulos f_1 e g_1 , o ângulo $\angle adb$ é o menor existente nos triângulos f_2 e g_2 e o ângulo $\angle adb$ é maior que o ângulo $\angle cab$. Portanto, a triangulação (b) deve ser escolhida. No caso de empate entre os menores ângulos das duas triangulações possíveis, qualquer uma delas pode ser escolhida.

Figura A.5: Critério do Ângulo Max-Min para triangulação de quadrilátero estritamente convexo.

Critério do Círculo Vazio:

Esse critério estabelece que o circuncírculo definido pelos três vértices de um dos triângulos não pode conter o quarto ponto em seu interior. Seja K o círculo definido por três dos vértices do quadrilátero (figura A.6). Se o quarto vértice está dentro de K , deve-se inserir a diagonal entre esse quarto vértice e o vértice a ele oposto. Se o quarto vértice está fora de K , deve-se inserir a outra diagonal. Caso o quarto vértice esteja exatamente em K , pode-se inserir qualquer uma das diagonais, ou seja, qualquer uma das duas triangulações possíveis pode ser escolhida. Deve-se notar que quando os quatro vértices não estão num mesmo círculo, a mesma triangulação será selecionada qualquer que seja o conjunto de três vértices usado para definir o círculo.

Figura A.6: Critério do Círculo Vazio para triangulação de quadrilátero estritamente convexo.

Equivalência dos Critérios:

Os três critérios estabelecidos de otimização local (critérios para triangulação de um quadrilátero estritamente convexo) são equivalentes, uma vez que produzem as mesmas decisões em todos os casos [LAWSON-77], ou seja, salvo situações de quatro ou mais pontos vizinhos co-circulares, produzem exatamente a mesma triangulação, a qual é única e

é chamada de Triangulação de Delaunay. Havendo quatro ou mais pontos vizinhos co-circulares, há uma certa arbitrariedade na decisão, o que leva a mais de uma possível triangulação, todas as quais, no entanto, ainda assim respeitam às restrições de Delaunay.

Para mostrar que os três critérios produzem as mesmas decisões em todos os casos, pode-se verificar que todos eles possuem o mesmo caso neutro e, então, estudar perturbações do caso neutro.

O caso neutro para todos os critérios é o caso no qual todos os quatro vértices do quadrilátero são co-circulares. Para o Critério do Círculo Vazio, obviamente esse é o caso neutro, conforme já foi relatado.

Considerando o Critério do Ângulo Max-Min, suponha-se um quadrilátero cujos vértices a , b , c e d sejam co-circulares (figura A.7). Suponha-se também que o arco (bc) seja menor que os arcos (cd) , (da) e (ab) . Se a medida angular do arco (bc) é 2θ , então os ângulos $\angle cab$ e $\angle cdb$ são iguais a θ e cada um deles corresponde ao menor ângulo de cada uma das possíveis triangulações, concluindo-se que este caso corresponde realmente ao caso neutro do Critério do Ângulo Max-Min.

Figura A.7: Caso neutro para o Critério do Ângulo Max-Min.

Finalmente, considerando o Critério das Regiões de Voronoi, quando se determinam as regiões de Voronoi para o caso de quatro pontos co-circulares, percebe-se que as quatro regiões determinadas encontram-se num ponto no centro do círculo, conforme ilustra a figura A.8. Dessa forma, cada par de vértices opostos constituem-se em vizinhos fracos de Voronoi, o que corresponde ao caso neutro desse critério.

Figura A.8: Caso neutro para o Critério das Regiões de Voronoi.

Determinada a correspondência do caso neutro, uma análise superficial mostra que perturbações do mesmo levam às mesmas decisões nos três critérios. Mover o ponto d , na figura A.8, para dentro do círculo K , provocaria um aumento do ângulo $\angle cdb$ e tornaria os vértices b e d vizinhos fortes de Voronoi. Dessa forma, todos os critérios escolheriam a triangulação resultante da introdução da diagonal $\overline{bd}$. Por outro lado, mover o ponto d para fora do círculo K , provocaria uma diminuição do ângulo $\angle cdb$ e tornaria os vértices a e c vizinhos fortes de Voronoi. Assim, os três critérios escolheriam igualmente a triangulação resultante da introdução da diagonal $\overline{ac}$.

A.2.2.3 - Características Apropriadas para Interpolação

Triangulações de Delaunay possuem uma série de características e propriedades específicas ([AURENHAMMER-91] [NONATO-95]), as quais são bastante vantajosas em diversas aplicações. Uma característica importante é que, não havendo quatro ou mais pontos vizinhos co-circulares, ela é única [LAWSON-77].

Para o problema específico de utilização da triangulação para interpolação, interessa somente determinar quais são as características apropriadas para esse problema.

Segundo Lawson [LAWSON-72] e Maclain [MACLAIN-76], uma triangulação é conveniente para interpolação se os seus triângulos são aproximadamente equiangulares. Conforme observado por Sibson [SIBSON-77], a Triangulação de Delaunay é localmente equiangular e, realmente, é a única com esta propriedade, o que mostra a sua singularidade.

Uma triangulação localmente equiangular tem uma série de vantagens para o problema de interpolação. A construção de tal triangulação evita, ao máximo, a existência de triângulos muito longos e finos, o que prejudicaria a qualidade da interpolação. Além disso, uma triangulação localmente ótima nesse sentido, é uma triangulação na qual os três pontos (vértices de um triângulo) que são usados para a interpolação do valor num dado ponto arbitrário são, em geral, os pontos que estão mais próximos desse ponto sendo interpolado [CRONIN-86].

Dadas estas características importantes para o problema de interpolação e conhecido o fato de que a Triangulação de Delaunay é a única com estas características, a mesma é realmente a mais conveniente para este tipo de aplicação.

A.2.3 - Algoritmos para Construção da Triangulação de Delaunay

A.2.3.1 - Algoritmos Disponíveis na Literatura

Uma diversidade de algoritmos para construção de triangulações tem sido proposta na literatura durante as últimas décadas. Aurenhammer [AURENHAMMER-91] faz um apanhado bastante completo dos mais diversos tipos de algoritmos para construção da Triangulação de Delaunay. Alguns algoritmos executam uma etapa de pré-computação para a determinação do Diagrama de Voronoi do conjunto de pontos e, a partir dele, definem, de forma direta, a Triangulação de Delaunay correspondente. Outros constroem diretamente a

triangulação, sem necessidade de calcular e armazenar as coordenadas do Diagrama de Voronoi.

Alguns algoritmos definem uma triangulação inicial arbitrária e, então, a transformam numa Triangulação de Delaunay através da aplicação de determinado critério de otimização até que todo quadrilátero atenda às restrições de Delaunay (por exemplo, [LAWSON-72], [CRONIN-86]). Outros adotam um procedimento incremental, no qual, a cada novo ponto inserido, otimizações locais já sejam executadas, de forma que cada triangulação intermediária, no processo de construção, já seja Delaunay (por exemplo, [LAWSON-77], [MACLAIN-76]). Ainda outros algoritmos adotam uma abordagem Dividir-e-Conquistar (por exemplo, [DWYER-87], [DRYSDALE-90]).

Cada algoritmo proposto está intimamente relacionado à correspondente estrutura de dados usada para armazenar a triangulação (as triangulações intermediárias durante a construção e a triangulação final). Vários algoritmos utilizam estruturas de dados bastante simples para a construção da Triangulação de Delaunay, que podem mesmo ser armazenadas em vetores (por exemplo, [LAWSON-77]). Outros se utilizam de estruturas mais elaboradas, por exemplo a estrutura *Handle-Edge* [NONATO-95] e estruturas de árvore. Normalmente, algoritmos que usam estruturas de árvores (como, por exemplo, [BOISSONNAT-86], [GUIBAS-92], [TEILLAUD-93] e [WATSON-___]), a utilizam de forma a manter um histórico da construção da triangulação, de maneira a facilitar a inserção de novos pontos nas mesmas.

Para ilustrar o processo de construção da Triangulação de Delaunay, será apresentado na próxima seção o algoritmo de Lawson [LAWSON-77], o qual é bastante simples e se utiliza de uma estrutura de dados também simples para armazenamento da triangulação. Este algoritmo foi usado no método de interpolação de imagens tomográficas implementado neste trabalho, o que torna oportuna a adoção do mesmo para ilustração neste anexo.

A.2.3.2 - Algoritmo de Lawson

A estrutura de dados usada pelo algoritmo de Lawson é bastante simples, sendo armazenada num vetor. A figura A.9 mostra uma parte de uma triangulação de Delaunay enquanto que a figura A.10, a estrutura de dados que a armazena.

Figura A.9: Parte de uma triangulação de Delaunay.

Índice do Triângulo	Índices dos triângulos adjacentes, orientados em sentido anti-horário. 0 indica região fora da triangulação (fora do fecho convexo do conjunto de pontos)			Índices dos vértices do triângulo, orientados em sentido anti-horário. O primeiro vértice é o ponto de contato entre o terceiro e o primeiro triângulos vizinhos		
1	2	0	4	5	8	7
2	5	3	1	5	3	8
3	6	0	2	3	1	8
.	.	.	.	.	.	.
.	.	.	.	.	.	.

Figura A.10: Estrutura de dados correspondente à parte da triangulação de Delaunay da figura A.9.

Dado o limite já estabelecido para o número máximo de triângulos de uma triangulação, ou seja, $n_t \leq 2.n$, onde n corresponde ao número de pontos (ou vértices) da triangulação, percebe-se que essa estrutura ocupa pouco espaço, tendo correspondência linear com o número de pontos. Considerando que o índice não é armazenado (por corresponder ao índice do vetor) e que $n_t \leq 2.n$, um total de $12.n$ valores inteiros é suficiente para armazenar toda a triangulação no pior caso.

Por motivo de consistência não só os vértices de cada triângulo, como também os triângulos adjacentes a cada um deles, são armazenados numa mesma orientação em relação ao centróide (baricentro) dos mesmos, tendo sido adotada a orientação no sentido anti-horário. No caso dos vértices de cada triângulo, adotou-se, ainda, que o primeiro vértice é sempre o ponto de contato entre o terceiro e o primeiro triângulos adjacentes. Com essas convenções, esta estrutura define, de forma completa, a triangulação.

O algoritmo de Lawson é um algoritmo incremental que vai inserindo ponto a ponto na triangulação e, a cada ponto inserido, executa a função de otimização local de forma que cada triangulação intermediária no processo de construção seja Delaunay. O critério de otimização local adotado foi o Critério do Círculo Vazio (a seção A.4 trata da resolução deste e de outros problemas de triangulações). Esse algoritmo acrescenta registros (triângulos) à estrutura de dados e altera registros da mesma (durante a otimização), mas, em nenhum momento, remove registros.

A idéia do algoritmo consiste em construir uma triangulação inicial mínima, consistindo de um único triângulo, e então ir inserindo cada novo ponto, tomando o cuidado de que cada ponto sendo inserido esteja sempre fora do fecho convexo da atual triangulação.

Será fornecida a seguir uma descrição detalhada do algoritmo de Lawson e da função de otimização local por ele utilizada.

Algoritmo de Lawson

(triangulação de um conjunto V de n pontos distintos, não todos co-lineares)

- 1) Tomar ponto de V com a menor coordenada x . Se houver mais de um, tomar aquele com a menor coordenada y . Seja este o ponto q_1 . (Como definido, o ponto q_1 pertence à fronteira do fecho convexo do conjunto de pontos).
- 2) Ordenar os demais pontos de V em ordem não-decrescente de distância Euclidiana ao ponto q_1 , denotando-os $q_2, q_3, \dots, q_n$.

- 3) Formar o primeiro triângulo conectando q_1 , q_2 e o próximo ponto na sequência q_k , $k = 3, 4, \dots, n$, não co-linear com q_1 e q_2 (inserir esse triângulo na estrutura de dados da triangulação).
- 4) Se o primeiro triângulo é formado pelos pontos q_1 , q_2 e um ponto diferente de q_3 :
 - 4.1) Renomear os pontos de forma que o primeiro triângulo seja $q_1q_2q_3$ e a sequência q_k , $k = 4, 5, \dots, n$, permaneça ordenada de forma não-decrescente de distância Euclidiana ao ponto q_1 . (Esse cuidado garante que cada ponto q_j , $j = 4, 5, \dots, n$, a ser inserido na triangulação, esteja fora do fecho convexo de $\{q_1, q_2, \dots, q_{j-1}\}$, o que é necessário para o funcionamento do algoritmo).
- 5) Calcular o centróide (baricentro) c do primeiro triângulo ($\Delta q_1q_2q_3$) (ver figura A.11).
- 6) Construir a lista de pontos de fronteira inicial, consistindo de q_1 , q_2 , q_3 e q_1 novamente, ordenados por ordem não-decrescente de ângulos, com os respectivos ângulos medidos no sentido anti-horário com relação ao segmento $\overline{cq_1}$. À segunda ocorrência de q_1 é atribuído o ângulo 360° .
- 7) Para cada ponto q_k , $k = 4, 5, \dots, n$
 - 7.1) Determinar o ângulo de q_k , medido no sentido anti-horário com relação ao segmento $\overline{cq_1}$ (ver figura A.12).
 - 7.2) Usar o ângulo de q_k para descobrir, na lista de pontos de fronteira, o par de pontos de fronteira cujos ângulos englobam esse ângulo de q_k .
 - 7.3) Conectar q_k aos pontos de fronteira descobertos (ver figura A.13) formando um novo triângulo (atualizar a lista de pontos de fronteira e inserir o novo triângulo na estrutura de dados); registrar a aresta oposta a q_k nesse novo triângulo na pilha que identifica arestas a serem testadas para otimização local (essa aresta é compartilhada por dois triângulos que, juntos, formam o quadrilátero a ser usado para otimização local).
 - 7.4) Executar otimização local (quadriláteros são definidos pelas arestas armazenadas na pilha).
 - 7.5) Determinar outros pontos de fronteira (q_f) com possibilidade de conexão a q_k , ordenando-os por ordem não-decrescente de distância Euclidiana a q_k .
 - 7.6) Para cada tal ponto q_f (se existir algum), seguindo a ordenação definida:

7.6.1) Conectar q_k a q_f (ver figura A.14) formando um novo triângulo (atualizar a lista de pontos de fronteira e inserir o novo triângulo na estrutura de dados); registrar a aresta oposta a q_k nesse novo triângulo na pilha que identifica arestas a serem testadas para otimização local.

7.6.2) Executar otimização local (quadriláteros são definidos pelas arestas armazenadas na pilha).

Figura A.11: Determinação do centróide c do primeiro triângulo ($\Delta q_1 q_2 q_3$); o centróide é o ponto de encontro das medianas (retas passando pelo ponto médio de cada aresta e pelo vértice oposto).

Figura A.12: Determinação do ângulo (α) de q_5 , medido no sentido anti-horário com relação ao segmento cq_1 ; o ângulo de q_5 está entre os ângulos de q_3 e q_1 .

Figura A.13: Conexão de q_5 (linhas pontilhadas) aos pontos de fronteira q_3 e q_1 , descobertos pela comparação dos ângulos (ver figura A.12).

Figura A.14: Conexão de q_5 (linhas pontilhadas) a outro ponto de fronteira (q_4) com possibilidade de conexão; dessa forma, a triangulação abrange todo o fecho convexo desse conjunto de 5 pontos.

O algoritmo para otimização local usado pelo algoritmo de Lawson é detalhado a seguir:

Algoritmo para Otimização Local
(quadriláteros são definidos pelas arestas armazenadas na pilha)

- 1) Repetir até que a pilha esteja vazia:
 - 1.1) Desempilhar uma aresta (oposta a um ponto q_k).
 - 1.2) Determinar o quadrilátero definido por essa aresta.
 - 1.3) Aplicar o critério de otimização local (Critério do Círculo Vazio) para determinar se a triangulação do quadrilátero definido é localmente ótima (ver seção A.4).
 - 1.4) Se a triangulação do quadrilátero não é localmente ótima:
 - 1.4.1) Alterar para a triangulação alternativa do quadrilátero (alterar estrutura de dados da triangulação, mudando os dois triângulos antigos para os dois novos triângulos).
 - 1.4.2) Empilhar as arestas opostas a q_k nos dois novos triângulos formados.

Lawson prova a validade desse algoritmo para construção da Triangulação de Delaunay e estabelece um limite para o número de otimizações locais feitas a cada novo ponto inserido [LAWSON-77].

A.3 - Interpolação

Como definido no início deste anexo, pretende-se dar enfoque especial ao uso de triangulações para resolução do problema de interpolação usando dados de pontos irregularmente distribuídos no plano. Determinada a triangulação, resta tratar da questão de interpolação usando a triangulação definida.

Para cada determinado ponto a ser interpolado, o problema resume-se em, primeiro, determinar o triângulo que o contém e, segundo, interpolar o valor desse ponto usando informações dos vértices do triângulo determinado e, possivelmente, de triângulos adjacentes.

Para a determinação do triângulo que contém determinado ponto, o algoritmo pode iniciar testando um determinado triângulo arbitrário (a definição ideal do triângulo inicial para pesquisa depende do problema específico em questão). Se o ponto estiver dentro desse triângulo (ver seção A.4.2), problema resolvido. Caso contrário, o ponto estará fora através de uma das arestas, pelo menos, desse triângulo (ver seção A.4.3). Nesse caso, toma-se o triângulo vizinho do atual triângulo através de uma dessas arestas e testa-se novamente (por exemplo, a estrutura de dados utilizada pelo algoritmo de Lawson permite determinar o vizinho de determinado triângulo através de determinada aresta através da simples inspeção do registro correspondente a esse triângulo). Esse passo é repetido até se achar o triângulo

que contém o ponto ou até se determinar que o ponto está fora do atual triângulo através de uma aresta que pertença à borda da triangulação (ou seja, borda do fecho convexo do conjunto original de pontos), situação na qual conclui-se que o ponto está fora da triangulação. Esse algoritmo defronta-se com alguns problemas cujas resoluções serão apresentadas na seção A.4.

Estando o ponto dentro da triangulação, e determinado o triângulo que o contém, existem diversas formas de interpolar o valor desse ponto. Considerando todos os pontos do plano, internos à triangulação, como um todo, o problema da interpolação é equivalente ao problema de aproximação (ou interpolação) de superfícies, através dos pontos originais irregularmente espalhados para os quais se conhecem os valores. Dessa forma, caso se deseje uma superfície mais suave, deve-se cuidar para que a função de interpolação definida tenha, pelo menos, derivadas primeiras contínuas (ou seja, continuidade de classe C^1) em todos os pontos dentro da triangulação; nesse caso, voltando a considerar um único ponto determinado, não basta conhecer os valores dos vértices do triângulo que o contém, sendo necessário também conhecer as derivadas primeiras nesses vértices, o que implica determinar os triângulos adjacentes e usar também os valores dos vértices destes. Por outro lado, sendo suficiente a aproximação por uma superfície facetada, pode-se usar simplesmente interpolação linear dos valores dos vértices do triângulo determinado.

Uma vasta gama de modos de interpolação através de triangulações tem sido proposta, a maioria deles gerando superfícies com continuidade de classe C^1 . O caso mais simples, de interpolação linear, é detalhado na seção A.4, juntamente com outros problemas enfrentados pelos algoritmos de triangulação e interpolação dentro de triângulos.

A.4 - Resolução de Problemas para Triangulação e Interpolação

Esta seção tem por objetivo a apresentação da solução de uma série de problemas de Geometria Computacional que se apresentam durante a construção da Triangulação de Delaunay e posterior interpolação usando a triangulação definida.

Quando se descreveu a estrutura de dados usada para armazenar a triangulação, ficou estabelecido que, por motivo de consistência, todos os triângulos seriam armazenados de forma que seus vértices estivessem ordenados numa mesma orientação em relação ao centróide dos mesmos, a qual foi adotada como sendo no sentido anti-horário. Seguindo a orientação dos vértices armazenados, pode-se tratar as arestas de cada triângulo como arestas orientadas, como ilustra a figura A.15. Nesta seção perceber-se-á a importância dessa consistência durante o armazenamento de toda a triangulação.

Conforme já foi esclarecido, a união de todos os triângulos de uma triangulação forma, necessariamente, um polígono convexo, o qual corresponde ao fecho convexo do conjunto de pontos. Se todos os triângulos têm suas arestas orientadas em sentido anti-horário, então as arestas que compõem a borda do polígono convexo, formado pela união dos triângulos, também estarão ordenadas no sentido anti-horário em relação ao centróide (centro de gravidade) desse polígono (ver figura A.16).

Figura A.15: Triângulo definido com arestas orientadas. A orientação das arestas é definida de acordo com a ordem de armazenamento dos vértices, que, nesse caso, é v_1, v_2, v_3 (sentido anti-horário em relação ao centróide c do triângulo).

Figura A.16: (a) Triangulação de um determinado conjunto de pontos (orientação das arestas dos triângulos não representada). (b) Polígono convexo formado pela união dos triângulos, com arestas da borda seguindo a mesma orientação das arestas dos triângulos que o compõem (orientação no sentido anti-horário).

Alguns dos problemas dessa seção são inerentes a polígonos convexos de n faces (arestas) e serão tratados como tal, sendo que o triângulo é um caso específico quando $n=3$. Será sempre suposto que as arestas do polígono estão orientadas no sentido anti-horário.

Também esta seção será apresentada sem maior preocupação com formalismo matemático, uma vez que o objetivo é simplesmente a apresentação da solução de determinados problemas ([PREPARATA-88] fornece um tratamento mais aprofundado sobre uma diversidade de problemas de Geometria Computacional).

A.4.1 - Teste *In Circle*

O teste *In Circle* consiste em determinar se um dado ponto está dentro do círculo definido por outros três pontos não co-lineares. Quando se usa o Critério do Círculo Vazio como critério de otimização local, este teste é a principal primitiva geométrica para a construção da Triangulação de Delaunay; através dele pode-se testar se um dado ponto está dentro ou fora do circuncírculo definido pelos vértices de um triângulo.

Dado um triângulo com vértices $v_1=(x_1,y_1)$, $v_2=(x_2,y_2)$ e $v_3=(x_3,y_3)$, orientados no sentido anti-horário, para saber se o ponto $p=(x,y)$ está dentro ou fora do circuncírculo definido pelos vértices do triângulo, basta calcular o seguinte determinante:

$$\det(v_1, v_2, v_3, p) = \begin{vmatrix} x_1 & y_1 & x_1^2 + y_1^2 & 1 \\ x_2 & y_2 & x_2^2 + y_2^2 & 1 \\ x_3 & y_3 & x_3^2 + y_3^2 & 1 \\ x & y & x^2 + y^2 & 1 \end{vmatrix}$$

Se $\det > 0$: ponto p está dentro do círculo

Se $\det = 0$: ponto p está no círculo

Se $\det < 0$: ponto p está fora do círculo

Uma prova desses resultados pode ser encontrada em [NONATO-95]. Deve-se salientar que os vértices do triângulo devem estar orientados em sentido anti-horário em relação ao centróide para a validade desses resultados. Caso estejam orientados em sentido horário, os resultados serão simplesmente o oposto destes.

A.4.2 - Ponto Interno ou Externo a Polígono Convexo

Este tipo de problema ocorre durante a interpolação através da triangulação definida, para a determinação do triângulo que contém determinado ponto; dado um ponto e um triângulo, deseja-se saber se o ponto está dentro ou fora do triângulo. No entanto, este não é um problema específico para triângulos e sim genérico para qualquer polígono convexo.

Sabe-se que se três pontos não co-lineares, $v_1=(x_1,y_1)$, $v_2=(x_2,y_2)$ e $v_3=(x_3,y_3)$, estiverem orientados em sentido anti-horário em relação ao centróide do triângulo imaginário formado por eles, então:

$$\det(v_1, v_2, v_3) = \begin{vmatrix} x_1 & y_1 & 1 \\ x_2 & y_2 & 1 \\ x_3 & y_3 & 1 \end{vmatrix} > 0$$

Dessa forma, supondo um polígono convexo de n arestas, se um determinado ponto $p=(x,y)$ estiver dentro dele, então para toda aresta (v_j, v_k) desse polígono, orientada em sentido anti-horário em relação ao centróide do mesmo, valerá (ver figura A.17):

$$\det(v_j, v_k, p) = \begin{vmatrix} x_j & y_j & 1 \\ x_k & y_k & 1 \\ x & y & 1 \end{vmatrix} > 0$$

Figura A.17: Ponto $p=(x,y)$ interno a polígono convexo. $\det(v_j, v_k, p) > 0$ para toda aresta (v_j, v_k) do polígono, orientada em sentido anti-horário.

Se, para uma dada aresta (v_j, v_k) , orientada no sentido anti-horário em relação ao centróide do polígono, obtiver-se $\det(v_j, v_k, p) \leq 0$, então o ponto p não estará dentro do polígono, podendo estar fora ou na borda do mesmo (ver figura A.18).

Figura A.18: Ponto $p=(x,y)$ externo a polígono convexo. $\det(v_j, v_k, p) < 0$ para pelo menos uma aresta (v_j, v_k) do polígono, orientada em sentido anti-horário.

Para o caso específico de um triângulo de vértices $v_1=(x_1, y_1)$, $v_2=(x_2, y_2)$ e $v_3=(x_3, y_3)$, orientados no sentido anti-horário, dever-se-á ter, portanto, as seguintes condições (ver figura A.19) para que o ponto $p=(x,y)$ esteja dentro do mesmo:

$$\begin{aligned} \det(v_1, v_2, p) &> 0 \\ \det(v_2, v_3, p) &> 0 \\ \det(v_3, v_1, p) &> 0 \end{aligned}$$

Figura A.19: Ponto $p=(x,y)$ interno ao triângulo $v_1v_2v_3$, orientado em sentido anti-horário. Portanto, sub-triângulos v_1v_2p , v_2v_3p e v_3v_1p estão todos orientados em sentido anti-horário também.

Para confirmar esses resultados para o caso específico de triângulos, o problema será resolvido de outra maneira para chegar aos mesmos resultados.

Sabe-se que três pontos não co-lineares definem um plano e que qualquer ponto do plano pode ser gerado a partir de combinação linear desses três pontos. Sabe-se, também, que para que o ponto gerado esteja dentro do triângulo definido por esses três pontos, os coeficientes da combinação linear dos mesmos devem ser todos positivos.

Portanto, para definir um ponto $p=(x,y)$ como combinação linear dos pontos $v_1=(x_1,y_1)$, $v_2=(x_2,y_2)$ e $v_3=(x_3,y_3)$, deve-se resolver o seguinte sistema de equações lineares:

$$\begin{aligned} p &= \lambda_1.v_1 + \lambda_2.v_2 + \lambda_3.v_3 \\ \lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 &= 1 \end{aligned}$$

ou seja,

$$\begin{aligned} x_1.\lambda_1 + x_2.\lambda_2 + x_3.\lambda_3 &= x \\ y_1.\lambda_1 + y_2.\lambda_2 + y_3.\lambda_3 &= y \\ \lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3 &= 1 \end{aligned}$$

ou, ainda:

$$\begin{bmatrix} x_1 & x_2 & x_3 \\ y_1 & y_2 & y_3 \\ 1 & 1 & 1 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \lambda_1 \\ \lambda_2 \\ \lambda_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x \\ y \\ 1 \end{bmatrix}$$

Pela Regra de Cramer, a solução desse sistema é:

$$\lambda_1 = \frac{D_1}{D}, \quad \lambda_2 = \frac{D_2}{D}, \quad \lambda_3 = \frac{D_3}{D}$$

onde:

$$D = \begin{vmatrix} x_1 & x_2 & x_3 \\ y_1 & y_2 & y_3 \\ 1 & 1 & 1 \end{vmatrix}, \quad D_1 = \begin{vmatrix} x & x_2 & x_3 \\ y & y_2 & y_3 \\ 1 & 1 & 1 \end{vmatrix}, \quad D_2 = \begin{vmatrix} x_1 & x & x_3 \\ y_1 & y & y_3 \\ 1 & 1 & 1 \end{vmatrix} \text{ e } D_3 = \begin{vmatrix} x_1 & x_2 & x \\ y_1 & y_2 & y \\ 1 & 1 & 1 \end{vmatrix}$$

Para saber se o ponto p está dentro do triângulo $v_1v_2v_3$, basta saber o sinal de λ_1 , λ_2 e λ_3 . Considerando que o triângulo $v_1v_2v_3$ esteja, nessa ordem, em sentido anti-horário, então dever-se-á ter $D > 0$ pois:

$$D = \begin{vmatrix} x_1 & x_2 & x_3 \\ y_1 & y_2 & y_3 \\ 1 & 1 & 1 \end{vmatrix} = \begin{vmatrix} x_1 & y_1 & 1 \\ x_2 & y_2 & 1 \\ x_3 & y_3 & 1 \end{vmatrix} = \det(v_1, v_2, v_3) > 0$$

Logo, para que o ponto p esteja dentro do triângulo $v_1v_2v_3$, basta que $D_1 > 0$, $D_2 > 0$ e $D_3 > 0$.

Esse resultado equivale ao anterior pois:

$$D_1 = \begin{vmatrix} x & x_2 & x_3 \\ y & y_2 & y_3 \\ 1 & 1 & 1 \end{vmatrix} = \begin{vmatrix} x_2 & x_3 & x \\ y_2 & y_3 & y \\ 1 & 1 & 1 \end{vmatrix} = \begin{vmatrix} x_2 & y_2 & 1 \\ x_3 & y_3 & 1 \\ x & y & 1 \end{vmatrix} = \det(v_2, v_3, p) > 0$$

$$D_2 = \begin{vmatrix} x_1 & x & x_3 \\ y_1 & y & y_3 \\ 1 & 1 & 1 \end{vmatrix} = \begin{vmatrix} x_3 & x_1 & x \\ y_3 & y_1 & y \\ 1 & 1 & 1 \end{vmatrix} = \begin{vmatrix} x_3 & y_3 & 1 \\ x_1 & y_1 & 1 \\ x & y & 1 \end{vmatrix} = \det(v_3, v_1, p) > 0$$

$$D_3 = \begin{vmatrix} x_1 & x_2 & x \\ y_1 & y_2 & y \\ 1 & 1 & 1 \end{vmatrix} = \begin{vmatrix} x_1 & y_1 & 1 \\ x_2 & y_2 & 1 \\ x & y & 1 \end{vmatrix} = \det(v_1, v_2, p) > 0$$

A.4.3 - Arestas Visíveis de Polígono Convexo

Dado um polígono convexo e um ponto p , uma determinada aresta (v_j, v_k) desse polígono é visível a partir de p se o segmento de reta ligando p a qualquer ponto da aresta (v_j, v_k) não cruza qualquer outra aresta do polígono.

Se o ponto p estiver dentro do polígono convexo, todas as arestas desse polígono serão visíveis a partir dele. Portanto, o problema de determinação de arestas visíveis só é interessante para pontos fora do polígono, situação na qual algumas arestas serão visíveis e outras não. Por exemplo, na figura A.20, as arestas orientadas (v_3, v_4) e (v_4, v_5) são visíveis a partir do ponto externo p , as demais não.

Figura A.20: Visibilidade de arestas de polígono convexo a partir de ponto externo.

O problema de determinação de arestas visíveis ocorre durante a interpolação através da triangulação definida, para a determinação do triângulo que contém determinado ponto; se já se determinou, no processo de pesquisa em busca do triângulo que contém determinado ponto, que o ponto está fora do atual triângulo sendo pesquisado, então esse ponto estará fora através de uma das arestas, pelo menos, desse triângulo. Ponto fora de um triângulo através de uma de suas arestas significa exatamente que essa aresta é visível a partir desse ponto. No caso específico de triângulos, no mínimo uma e no máximo duas arestas serão visíveis a partir de um ponto externo (ver figura A.21); portanto, o ponto estará fora através de uma ou duas arestas do triângulo. O processo de pesquisa continua, então, tomando-se, como próximo triângulo, o triângulo vizinho do atual através de uma dessas arestas visíveis.

Figura A.21: Ponto p externo a triângulo $v_1v_2v_3$ (polígono convexo de $n = 3$ arestas). (a) uma aresta visível a partir do ponto externo p . (b) duas arestas visíveis a partir do ponto externo p .

Esse problema, no entanto, também é um problema genérico para qualquer polígono convexo. Supondo um polígono convexo de n arestas e um determinado ponto $p=(x,y)$ externo ao polígono, para saber se uma determinada aresta (v_j, v_k) , orientada no sentido anti-horário, é visível a partir do ponto externo p , basta calcular o seguinte determinante:

$$\det(v_j, v_k, p) = \begin{vmatrix} x_j & y_j & 1 \\ x_k & y_k & 1 \\ x & y & 1 \end{vmatrix}$$

Se $\det < 0$: aresta (v_j, v_k) é visível a partir do ponto externo p (figura A.22(a))

Se $\det \geq 0$: aresta (v_j, v_k) não é visível a partir do ponto externo p (figura A.22(b))

Ou seja, a aresta (v_j, v_k) , orientada no sentido anti-horário, será visível a partir do ponto externo p se o triângulo $v_j v_k p$ estiver, nessa ordem, orientado em sentido horário. Se estiver ordenado em sentido anti-horário, então a aresta não será visível (ver figura A.22).

Figura A.22: Visibilidade de aresta (v_j, v_k) a partir de ponto externo p . (a) aresta visível pois triângulo $v_j v_k p$ está orientado em sentido horário. (b) aresta não visível pois o triângulo $v_j v_k p$ está orientado em sentido anti-horário.

A.4.4 - Interpolação de Ponto Interno a Triângulo

O problema de interpolação de valor de ponto interno a triângulo pode ser resolvido de várias formas. Conforme já esclarecido, existe uma vasta gama de modos de interpolação através de triangulações proposta na literatura. Nesta seção, será mostrada somente a técnica simples de interpolação linear dos valores dos vértices do triângulo.

Dado um triângulo com vértices $v_1=(x_1, y_1)$, $v_2=(x_2, y_2)$ e $v_3=(x_3, y_3)$ e um ponto $p=(x, y)$ interno a esse triângulo, sabe-se que as coordenadas desse ponto podem ser geradas através de combinação linear das coordenadas dos vértices do triângulo $v_1 v_2 v_3$, sendo que os coeficientes dessa combinação linear são todos valores positivos. Isso já foi mostrado na seção A.4.2, onde também se demonstrou como determinar os coeficientes da combinação linear através da resolução de um sistema de equações lineares usando a Regra de Cramer.

Considerando, portanto, que sejam λ_1 , λ_2 e λ_3 os coeficientes dessa combinação linear, então o valor no ponto p , $\text{Val}(p)$, pode ser determinado através da combinação linear dos valores dos vértices do triângulo $v_1 v_2 v_3$, usando-se os mesmos coeficientes previamente determinados, ou seja:

$$\text{Val}(p) = \lambda_1 \cdot \text{Val}(v_1) + \lambda_2 \cdot \text{Val}(v_2) + \lambda_3 \cdot \text{Val}(v_3)$$

A.5 - Considerações Finais

O objetivo deste anexo foi introduzir conceitos fundamentais sobre triangulações, dando enfoque especial ao uso das mesmas para o problema de interpolação usando dados de pontos irregularmente distribuídos no plano. A presença deste anexo deve-se unicamente ao fato de que tal tipo de problema ocorre no método de interpolação de imagens tomográficas implementado neste trabalho.

Além da apresentação de conceitos gerais sobre triangulações, foram apresentados detalhes específicos sobre a Triangulação de Delaunay, a qual é a mais apropriada para o problema em questão, devido a todos os motivos expostos.

Também foram apresentadas as resoluções dos principais problemas de Geometria Computacional que surgem durante a construção da Triangulação de Delaunay e posterior interpolação usando a triangulação definida.

Bibliografia

- [ARITZ-81] Aritz, E.; Frieder, G.; Herman, G.; The Theory, Design, Implementation and Evaluation of a Three-dimensional Surface Detection Algorithm, Comput. Graphics Image Processing, vol. 15, 1981, pp. 1-24
- [AURENHAMMER-91] Aurenhammer, F.; Voronoi Diagrams - A Survey of a Fundamental Geometric Data Structure, ACM Computing Surveys, vol. 23, n° 3, setembro 1991, pp. 345-405
- [BARNHILL-77] Barnhill, R. E.; Representation and Aproximation of Surfaces, in: J. R. Rice ed., Mathematical Software III, Academic Press, New York, 1977, pp. 69-120
- [BARRETT-93] Barrett, W.A.; Stringham, R.R.; Shape-Based Interpolation of Grayscale Serial Slice Images, SPIE Proceedings vol. 1898, 1993, pp. 105-115
- [BOISSONNAT-86] Boissonnat, J. -D.; Teillaud, M.; A Hierarchical Representation of Objects: The Delaunay Tree
in: Proceedings of the 2nd Annual ACM Symposium on Computational Geometry, 1986, pp. 260-268
- [BORGEFORS-84] Borgefors, G.; Distance Transformations in Arbitrary Dimensions, Computer Vision, Graphics and Image Processing, vol. 27, 1984, pp. 321-345
- [BORGEFORS-86] Borgefors, G.; Distance Transformations in Digital Images, Computer Vision, Graphics and Image Processing, vol. 34, n° 3, setembro 1986, pp. 344-371
- [BROWN-91] Brown, J. L.; Vertex Based Data Dependent Triangulations, Computer Aided Geometric Design, 8, 1991, pp. 239-251
- [BUENO-95] Bueno, J.M.; Reconstrução e Visualização Tridimensional de Imagens Tomográficas Baseada no Uso de Transformada de Fourier, Dissertação de Mestrado, IMCSC-USP, março 1995
- [BURDEN-78] Burden, R.L.; Faires, J.D.; Reynolds, A.C; Numerical Analysis, Prindle, Weber & Schmidt, 1978
-

-
- [BURR-81] Burr, D.J.; Elastic Matching of Line Drawings, IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, vol. 3, novembro 1981, pp. 708-713
- [CATMULL-74] Catmull, E.; Rom, R.; A Class of Local Interpolating Splines, em Computer Aided Geometric Design, Academic Press, 1974, pp. 317-326
- [CHEN-90] Chen, S.-Y.; Lin, W.-C.; Liang, C.-C.; Chen, C.-T.; IEEE Transactions on Medical Imaging, vol. 9, n° 1, março 1990, pp. 71-83
- [CLINE-88] Cline, H.E.; Lorensen, W.E.; Ludke, S.; Crawford, C.R.; Teeter, B.C.; Two algorithms for the three-dimensional reconstruction of tomograms, Med. Physics, vol. 15, n° 3, maio/junho 1988, pp. 320-327
- [CRONIN-86] Cronin, D. H.; The Rectangular Grid (rgrid) Analysis and Plotting Software, Technical Report, National Center for Atmospheric Research, setembro 1986
- [DeFLORIANI-92] DeFloriani, L.; Puppo, E.; An On-Line Algorithm for Constrained Delaunay Triangulation, CVGIP: Graphical Models and Image Processing, vol. 54, n° 3, julho 1992, pp. 290-300
- [DELAUNAY-34] Delaunay, B. N.; Sur la Sphere Vide, Bull. Acad. Science USSR VII: Class. Sci. Math., 1934, pp. 793-800
- [DRYSDALE-90] Drysdale, R. L.; A Practical Algorithm for Computing the Delaunay Triangulation for Convex Distance Functions in: Proceedings of the 1st Annual ACM-SIAM Symposium on Discrete Algorithms, 1990, pp. 159-168
- [DWYER-87] Dwyer, R. A.; A Faster Divide-and-Conquer Algorithm for Constructing Delaunay Triangulations, Algoritmica 2, 1987, pp. 137-151
- [DYN-90] Dyn, N.; Levyn, D.; Rippa, S.; Data Dependent Triangulations for Piecewise Linear Interpolation, IMA Journal of Numerical Analysis, 10, 1990, pp. 137-154
- [FARREL-85] Farrel, E.J.; Yang, W.C.; Zapulla, R.A.; Animated 3D CT Imaging, IEEE Computer Graphics & Applications, vol. 5, 1985, pp. 26-32
-

-
- [FOLEY-90] Foley, J.; van Dam, A.; Feiner, S.; Hughes, J.; Computer Graphics - Principles and Practice (Second Edition), Addison-Wesley, 1990
- [FRIEDER-85] Frieder, G.; Gordon, D.; Reynolds, R.A.; Back-to-front Display of Voxel-based Objects, IEEE Computer Graphics & Applications, vol. 5, 1985, pp. 52-60
- [GALVIN-95] Galvin, J.M.; Sims, C.; Dominiak, G.; Cooper, J.S.; The Use of Digitally Reconstructed Radiographs for Three-Dimensional Treatment Planning and CT-Simulation, Int. J. Radiation Oncology Biol. Phys., vol. 31, n° 4, 1995, pp. 935-942
- [GONZALEZ-87] Gonzalez, R.C.; Wintz, P.; Digital Image Processing (Second Edition), Addison-Wesley, 1987
- [GOSHTASBY-92] Goshtasby, A.; Turner, D.A.; Ackerman, L.V.; Matching of Tomographic Slices for Interpolation, IEEE Transactions on Medical Imaging, vol. 11, n° 4, dezembro 1992, pp. 507-516
- [GREENLEAF-70] Greenleaf, J.F.; Tu, T.S.; Wood, E.H.; Computer-generated three-dimensional oscilloscopic images and associated techniques for display and study of the spatial distribution of pulmonary blood flow, IEEE Transactions on Nuclear Science, vol. 17, 1970, pp. 353-359
- [GREVERA-94] Grevera, G.J.; Udupa, J.K.; Shape-Based Interpolation of Multidimensional Grey-Level Images, SPIE Proceedings vol. 2164, 1994, pp. 14-21
- [GUIBAS-85] Guibas, L. J.; Stolfi, J. ; Primitives for the Manipulation of General Subdivisions and the Computation of Voronoi Diagrams, ACM Transactions on Graphics, 4, 1985, pp. 74-123
- [GUIBAS-92] Guibas, L. J.; Knuth, D. E.; Sharir, M.; Randomized Incremental Construction of Delaunay and Voronoi Diagrams, Algorithmica, Springer-Verlag, New York, 7, 1992, pp. 381-413
- [HERMAN-79] Herman, G.; Rowland, S.; Yau, M.-M.; A Comparative Study of the Use of Linear and Modified Cubic Spline Interpolation for Image Reconstruction, IEEE Transactions on Nuclear Science, vol. 26, n° 2, abril 1979, pp. 2879-2894
- [HERMAN-90] Herman, G.T.; A Survey of 3D Medical Imaging Technologies, IEEE Engineering in Medicine and Biology, dezembro 1990, pp. 15-17
-

-
- [HERMAN-92] Herman, G.T.; Zheng, J.; Bucholtz, C.A.; Shape-Based Interpolation, IEEE Computer Graphics & Applications, maio 1992, pp. 69-79
- [HIGGINS-93] Higgins, W. E.; Morice, C.; Ritman, E.L.; Shape-Based Interpolation of Tree-Like Structures in Three-Dimensional Images, IEEE Transactions on Medical Imaging, vol. 12, n° 3, setembro 1993, pp. 439-450
- [JAIN-89] Jain, A. K.; Fundamentals of Digital Image Processing, Englewood Cliffs, NJ: Prentice-Hall, 1989
- [KALLMANN-95] Kallmann, M. E.; Representação de Subdivisões Espaciais com Aplicação na Triangulação de Delaunay, Anais do VIII SIBGRAPI 1995, pp. 103-110
- [KEPPLE-75] Kepple, E.; Approximating Complex Surfaces by Triangulation of Contour Lines, IBM Journal of Research Development, vol. 19, janeiro 1975, pp. 2-11
- [KNUTH-92] Knuth, D. E.; Axioms and Hulls, Lecture Notes in Computer Science, 606, Springer-Verlag, 1992
- [LAWSON-72] Lawson, C. L.; Generation of a Triangular Grid with Applications to Contour Plotting, Technical Memorandum 299, California Institute of Technology, Jet Propulsion Lab, 1972
- [LAWSON-77] Lawson, C. L.; Software for C^1 Surface Interpolation, in: J. R. Rice ed., Mathematical Software III, Academic Press, New York, 1977, pp. 161-194
- [LIN-88] Lin, W.-C.; Liang, C.-C.; Chen, C.-T.; Dynamic Elastic Interpolation for 3-D Medical Image Reconstruction from Serial Cross Sections, IEEE Transactions on Medical Imaging, vol. 7, n° 3, setembro 1988, pp. 225-232
- [LIN-89] Lin, W.-C.; Chen, S.-Y.; A New Surface Interpolation Technique for Reconstructing 3D Objects from Serial Cross-Sections, Computer Vision, Graphics and Image Processing, vol. 48, 1989, pp. 124-143
- [MACLAIN-76] Maclain, D. H.; Two Dimensional Interpolation from Random Data, The Computer Journal, 19, n° 2, 1976, pp. 178-181
- [MATHERON-63] Matheron, G.; Principles of Geostatistics, Economic Geology, vol. 58, 1963, pp. 1246-1266
-

-
- [NEY-90] Ney, D.R.; Fishman, E.K.; Magid, D.; Drelin, R.A.; Volumetric Rendering of Computed Tomography Data: Principles and Techniques, IEEE Computer Graphics and Applications, vol. 10, n° 2, março 1990, pp. 24-32
- [NONATO-95] Nonato, L. G.; Reconstrução Tridimensional a partir de Cortes Planares, Dissertação de Mestrado, Departamento de Matemática, PUC-RIO, fevereiro 1995
- [PANEPUCCI-85] Panepucci, H.; Donoso, J.P.; Tannús, A.; Beckman, N.; Bonagamba, T.; Tomografia por Ressonância Magnética Nuclear: Novas Imagens do Corpo, Ciência Hoje, vol. 4, n° 20, setembro/outubro 1985, pp. 46-56
- [PREPARATA-88] Preparata, F. P.; Shamos, M. I.; Computational Geometry: an Introduction, Springer-Verlag, Second Edition, New York, 1988
- [PUN-94] Pun, T.; Gerig, G.; Ratib, O.; Image Analysis and Computer Vision in Medicine, Computerized Medical Imaging and Graphics, vol. 18, n° 2, março/abril 1994, pp. 85-96
- [RAYA-90] Raya, S.P.; Udupa, J.K.; Shape-Based Interpolation of Multidimensional Objects, IEEE Transactions on Medical Imaging, vol. 9, n° 1, março 1990, pp. 32-42
- [SEITZ-83] Seitz, P.; Ruegsegger, P.; Fast Contour Detection Algorithm for High Precision Quantitative CT, IEEE Transactions on Medical Imaging, vol. 2, n° 3, 1983, pp. 136-141
- [SHAMOS-75] Shamos, M. I.; Hoey, D.; Closest-Point Problems in: Proceedings of the 16th Annual Symposium on the Foundations of Computer Science, outubro 1975, pp. 151-162
- [SIBSON-77] Sibson, R.; Locally Equiangular Triangulations, The Computer Journal, 21, 1977, pp. 243-245
- [STYTZ-91] Stytz, M.R.; Frieder, G.; Frieder O.; Three-Dimensional Medical Imaging: Algorithms and Computer Systems, ACM Computing Surveys, vol. 23, n° 4, dezembro 1991, pp. 421-499
- [STYTZ-93] Stytz, M.R.; Parrot, R.W.; Using Kriging for 3D Medical Imaging, Computerized Medical Imaging and Graphics, vol. 17, n° 6, novembro/dezembro 1993, pp. 421-442
-

- [TEILLAUD-93] Teillaud, M.; Towards Dynamic Randomized Algorithms in Computational Geometry, Lecture Notes in Computer Science, 758, Springer-Verlag, 1993
- [TRAINA-91] Traina, A.J.M.; Estudo e Implementação de Software Dedicado para um Sistema de Visualização de Imagens, Tese de Doutorado, IFSC-USP, 1991
- [TROUBAUGH-94] Troubaugh, J.W.; Troubaugh, D.W.; Richard, W.D.; Three-Dimensional Imaging with Stereotactic Ultrasonography, Computerized Medical Imaging and Graphics, vol. 18, n° 5, 1994, pp. 315-323
- [UDUPA-82] Udupa, J.K.; Interactive Segmentation and Boundary Surface Formation for 3-D Digital Images, Comput. Graphics Image Processing, vol. 18, 1982, pp. 213-235
- [UDUPA-91] Udupa, J.K.; Computer Aspects of 3D Imaging in Medicine: A Tutorial, em 3D Imaging in Medicine (Udupa, J.K.; Herman, G.T.), CRC Press Inc., 1991, pp. 1-69
- [UPSON-88] Upson, C.; Keeler, M.; V-BUFFER: Visible Volume Rendering, Comput. Graphics, vol. 22, n° 4, agosto 1988, pp. 59-64
- [VORONOI-08] Voronoi, M. G.; Nouvelles Applications des Parametres Continus a la Theorie des Formes Quadratiques, Journal Reine Angew. Math., 134, 1908, pp. 198-287
- [WANG-85] Wang, Y.F.; Aggarwad, J.K.; Construction of Surface Representation from 3-D Volumetric Scene Description, in: Proceedings of IEEE Conference Comput. Vision Pattern Recognition, San Francisco, CA, junho 1985, pp. 130-135
- [WATSON-__] Watson, D. F.; Mees, A. I.; Natural Trees - neighbourhood-location in a nut shell, to appear in the International Journal of Geographical Information Systems
- [WU-77] Wu, S.-C.; Abel, J.F.; Greenberg, D.P.; An Interactive Computer Graphics Approach to Surface Representation, Commun. Ass. Comput. Mach., vol. 20, outubro 1977, pp. 703-712