SÉRGIO SHIGUEMI FURUIE

DETERMINAÇÃO DA EVOLUÇÃO TEMPORAL DE CONTORNOS EM IMAGENS MÉDICAS

Tese apresentada à Escola Politécnica da USP, Departamento de Engenharia de Telecomunicações e Controle, para concurso de Livre-Docência em Engenharia Biomédica

São Paulo
2002

SÉRGIO SHIGUEMI FURUIE
Eng. Eletrônico, ITA, 1977
MsC em Eng. Biomédica, COPPE/UFRJ, 1980
Doutor em Engenharia, EPUSP, 1990

DETERMINAÇÃO DA EVOLUÇÃO TEMPORAL DE CONTORNOS EM IMAGENS MÉDICAS

Tese apresentada à Escola Politécnica da USP, Departamento de Engenharia de Telecomunicações e Controle, para concurso de Livre-Docência em Engenharia Biomédica

São Paulo
2002

Determinação da Evolução Temporal de Contornos em Imagens Médicas

Lista de conteúdos

1 RESUMO: 1

2 INTRODUÇÃO E MOTIVAÇÃO: 2

3 ESTADO DA ARTE 5

4 METODOLOGIAS PARA *TRACKING* 2D E 3D 7

4.1 "TRACKING" BASEADO EM CONTORNOS INTERPOLADOS 7
4.1.1 Formulação do problema: 7
4.1.2 Método: 7
4.1.3 Resultados 13
4.1.4 Discussão e Conclusões 16
4.2 MÉTODO BASEADO EM CURVATURA IMPLÍCITA ENTRE CONTORNOS 17
4.2.1 Formulação do problema: 17
4.2.2 Metodologia: 17
4.2.3 Estimativa do Erro 23
4.2.4 Resultados 24
4.2.5 Conclusões 25

5 METODOLOGIAS PARA SEGMENTAÇÃO 2D E 3D 26

5.1 SEGMENTAÇÃO FUZZY BASEADO EM DISTRIBUIÇÃO DE ATRIBUTOS 27
5.1.1 Método 28
5.1.2 Resultados 34
5.1.3 Discussão e conclusões 38
5.2 SEGMENTAÇÃO BASEADO NO MODELO DE EXPANSÃO DE BALÃO 40
5.2.1 Material e método 40
5.2.2 Resultados 45
5.2.3 Discussão e conclusões 47
5.3 SEGMENTAÇÃO BASEADO EM CONECTIVIDADE E EXPANSÃO 48
5.3.1 Método 48
5.3.2 Resultados 52
5.3.3 Discussão e conclusões 53
5.4 REFINAMENTO DA SEGMENTAÇÃO POR SIMULATED ANNEALING 54
5.4.1 Método 54
5.4.2 Resultados 56
5.4.3 Discussão e conclusões sobre refinamento 57

6 CONCLUSÕES 58

7 AGRADECIMENTOS 58

8 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS 59

9 ANEXOS 62

9.1 ESTIMATIVA DA CURVATURA GAUSSIANA VIA LEVEL SETS 62
9.2 LISTA DE ARTIGOS PUBLICADOS EM REVISTAS E CONGRESSOS PELO AUTOR REFERENTE A ESTE TEMA 64

Determinação da Evolução Temporal de Contornos em Imagens Médicas

1 Resumo:

Em estruturas médicas que variam com o tempo, como é o caso das cavidades cardíacas, a simples segmentação bidimensional ou tridimensional (2D, 3D) não é suficiente para as diversas quantificações fundamentais na área médica, tais como o estudo da movimentação regional, energia cinética e a contração efetiva das paredes cardíacas. A maior dificuldade reside na severa e complexa movimentação da superfície cardíaca durante a contração, tornando extremamente difícil o acompanhamento (não invasivo) da trajetória de cada elemento do contorno ou da superfície.

O objetivo deste trabalho é pesquisar e desenvolver métodos para a estimativa do mapeamento (*tracking*) de cada ponto significativo do contorno inicial ao longo da evolução temporal de estruturas deformáveis. Os métodos serão baseados em contornos/superfícies e não exigirão marcas físicas ou induzidas nos tecidos, como ocorre com "MR tagging". Será utilizado o termo contorno para designar tanto curvas 2D quanto superfícies 3D. Estas abordagens poderão então ser empregadas em qualquer modalidade de imagens médicas.

Inicialmente são apresentados dois métodos para o *tracking*, sendo o primeiro baseado em contornos intermediários obtidos a partir de interpolação; e o segundo através da programação dinâmica aplicada diretamente sobre os elementos entre os contornos originais. Ambos os métodos podem ser facilmente estendidos, tanto teoricamente quanto do ponto de vista computacional, para o caso tridimensional.

A quantificação da dinâmica é severamente influenciada pela qualidade da segmentação das estruturas 2D e 3D. Há consenso de que a segmentação totalmente automatizada em Medicina não é adequada [Udupa, 2000], devido às diferentes modalidades médicas de imageamento, relação sinal/ruído, complexidade das estruturas, etc. Consequentemente, torna-se fundamental colocar à disposição do Radiologista várias ferramentas de edição e aceitação. O problema torna-se crítico no caso de estruturas dinâmicas 3D, pois o processamento envolve, em vários protocolos, centenas de cortes 2D ou milhões de voxels.

Neste contexto, são apresentadas algumas metodologias para a segmentação semi-automática n-dimensional de estruturas médicas, que não dependam de modalidades e órgãos. Em especial, a segmentação baseada em clusters n-dimensionais, conectividade *fuzzy* competitiva, expansão do balão e *simulated annealing*.

2 Introdução e Motivação:

Imagens médicas desempenham importante papel no setor de Saúde. Desde a invenção do raio X por Roentgen em 1895, o corpo humano é imageado em busca de informações para estabelecer o diagnóstico e auxiliar na terapia. Um passo fundamental foi o desenvolvimento da tomografia, que permitiu a obtenção de dados no próprio domínio espacial (3D) do corpo humano. Até então, dispunha-se apenas de projeções tridimensionais em imagens bidimensionais. A tomografia computadorizada por raios X (CT) é um exemplo claro da engenhosidade humana e resultado inequívoco do conhecimento acumulado em várias áreas, como a Física, Eletrônica, Matemática e Ciências da Computação. Pela primeira vez, tornou-se possível perscrutar o interior de estruturas humanas de forma não-invasiva e tridimensionalmente.

Com os avanços na área de equipamentos médicos, notadamente em Tomografia Computadorizada por Raio X, Medicina Nuclear, Ultra-som (US) e Ressonância Magnética (MRI), torna-se cada vez mais comum a disponibilidade de informações tridimensionais (anatômicas e funcionais) sobre as estruturas de interesse. No entanto, a visualização e análise 3D efetivas têm evoluído de forma bem mais lenta, sendo que a grande maioria das análises é ainda realizada em cortes ortogonais (sagital, coronal e transversal) e, em algumas situações, em planos arbitrários, apesar de se ter informações tridimensionais. A grande dificuldade reside na classificação dos elementos do volume ("voxels"), i.é, na associação de cada "voxel" às estruturas médicas. As imagens obtidas, em geral em tons de cinza, são apenas associações da intensidade ao fenômeno físico que está sendo medido (atenuação de raio-X, impedância acústica, tempo de relaxação, ...), e não codifica, em geral, univocamente as diferentes estruturas presentes no corpo humano.

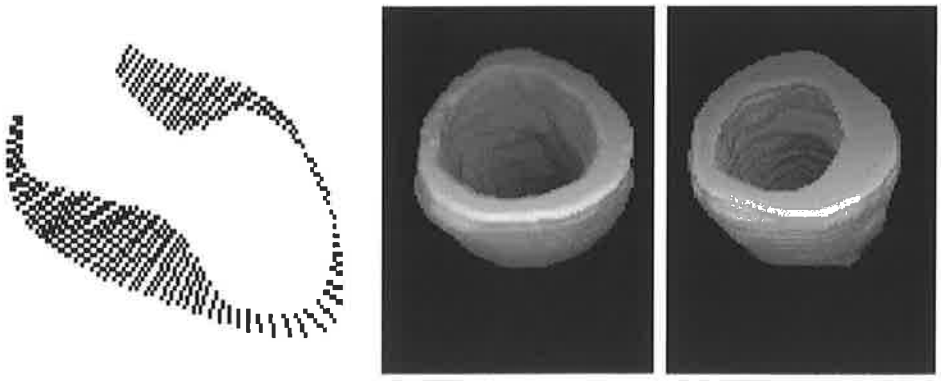
A análise e visualização de diversas estruturas médicas – muitas delas tridimensionais e dinâmicas – envolve a identificação (segmentação) de estruturas de interesse. Parâmetros de elevada importância clínica, como por exemplo, o fator de ejeção cardíaca, são estimados a partir do cálculo de volumes ao longo do tempo, o qual envolve a prévia segmentação do ventrículo esquerdo (VE). A visualização adequada de órgãos tridimensionais implica em classificarmos os diversos tecidos que o circundam, para então torná-los visíveis ou invisíveis. A qualidade da visualização, manipulação e análise de estruturas médicas tridimensionais, em diversas situações, depende dramaticamente da qualidade da segmentação e classificação [Udupa,1991;

Brummer,1993] dos dados. Devido a este fato e à dificuldade de se obter uma solução geral e robusta, a segmentação e classificação continuam sendo áreas de intensa pesquisa em processamento de imagens médicas [Collins,1992; Brummer,1993, Udupa, 2002]. Estes tipos de processamento dependem de vários fatores, tais como modalidade do equipamento, órgão, contraste, resolução, relação sinal-ruído, espessura do corte, e uniformidade de intensidade para citar apenas alguns dos mais importantes.

O mapeamento da evolução temporal do contorno de estruturas médicas é também um passo fundamental para várias aplicações importantes em Medicina. A evolução das paredes cardíacas, por exemplo, pode fornecer informações sobre o movimento e contração efetivos dos músculos, permitindo uma avaliação funcional mais objetiva do ventrículo esquerdo (VE).

Do ponto de vista de Engenharia Biomédica, a estimativa da movimentação ponto a ponto do VE é um desafio, principalmente porque o movimento não é rígido e, em geral, não há marcas fiduciais nas imagens.

A figura 2.1 ilustra a dificuldade de se estimar a contração regional, devido, sobretudo, ao movimento severo que toda a estrutura cardíaca está sujeita. Desse modo, torna-se um desafio importante obter a evolução (mapeamento) de cada ponto do contorno bidimensional ou tridimensional para se estimar velocidades, energia cinética e deformações.



a) b)

Figura2.1. Ilustração da variação do contorno interno (endocárdio) do ventrículo cardíaco esquerdo entre a diástole e a sístole: a) caso 2D, com superposição de mapeamento; b) caso 3D mostrando o miocárdio na diástole e na sístole.

Uma abordagem efetiva para a evolução dos pontos (*tracking*) deve considerar proximidade e similaridade [Cohen and Herlin, 1998]. Deve também suportar estruturas deformáveis e tridimensionais, e ser independente da modalidades de imagens.

Ressonância Magnética (RM) com *tags* é uma técnica importante para a análise da evolução temporal, contudo somente se aplica a RM, apresenta elevado custo e é difícil de ser utilizado em rotinas clínicas (Young and Axel, 1992).

O objetivo deste trabalho é pesquisar e desenvolver métodos para a quantificação da dinâmica de estruturas médicas. Os métodos serão baseados em contornos/superfícies (2D/3D), não exigirão marcas físicas ou induzidas nos tecidos, e não serão dependentes da modalidade de imageamento médico. Para tanto, são necessárias metodologias para a segmentação e para o *tracking* que serão apresentadas nas seções 4 e 5.

3 Estado da arte

A maioria dos trabalhos sobre "tracking" de contornos refere-se, na realidade, à obtenção de novos contornos (evolução temporal) dado o contorno anterior [Howing, 2000], sem se preocupar com a trajetória efetiva de cada ponto relevante. O objetivo, nestes casos, é a segmentação sucessiva dos objetos ao longo do tempo, utilizando-se os contornos anteriores como sementes ou modelos para a deformação corrente.

O "tracking" de pontos de contornos ao longo do tempo envolve a segmentação e a estimativa da trajetória ponto a ponto. Estas operações podem ser realizadas concomitantemente ou em seqüência. A determinação da trajetória levanta várias questões adicionais importantes como a definição de características relevantes dos pontos que serão usados como referência e a definição das funções de otimização que determinará os pares de pontos.

O objetivo é particularmente complexo na ausência de referências físicas ("MR tagging") ou de modelos geométricos, que geralmente é o caso em diversas modalidades de imagens médicas. Marcadores físicos são invasivos e portanto de difícil utilização na clínica. Quando bons modelos de deformação estão disponíveis, abordagens como a parametrização das formas em *superquadrics* [Terzopoulos, 1991] podem ser utilizadas a contento.

A Ressonância Magnética (MR) apresenta a possibilidade de se criar grades de magnetização (MR tags) no tecido, os quais são visíveis nesta modalidade, e gerar imagens de velocidade por contraste de fase. *MR tagging* é uma técnica importante pois permite analisar a evolução da contração, porém é restrita a MR, requer seqüências de pulsos específica, há o problema do decaimento muito rápido desses marcadores (< 300 ms), e dificuldade de acompanhar os cruzamentos quando estão fora dos planos de aquisição[Young, 1992]. Estas novas abordagens em MR ainda apresentam elevado custo e dificuldade de aplicação na rotina clínica, principalmente para pacientes em estado crítico.

A Ecocardiografia, por outro lado, oferece algumas vantagens em relação à MR e Medicina Nuclear: a) baixo custo; b) possibilidade de ser usado em salas de emergência e salas cirúrgicas; c) existência de sistemas tridimensionais com software comerciais de análise regional. Recentemente, Papademetris [2001] propôs a otimização bayesiana, na qual o modelo "a priori" utiliza a orientação preferencial das fibras musculares, e o modelo do ruído envolve

configurações com maior similaridade de curvaturas. No entanto, ainda faltam uma rigorosa avaliação desses métodos, incluindo as comerciais, e torná-los utilizáveis na rotina clínica. A técnica proposta por Papademetris [2001] apresenta elevado tempo de processamento (3 a 4 horas em Silicon Graphics Octane, R10000, 195MHz, 128 MB RAM).

Cohen [1992] utilizou a minimização da função de energia composta pelos termos curvatura e disparidade vetorial de mapeamento. Pelo fato do termo curvatura envolver diferença quadrática, a otimização nem sempre é global e o mínimo pode ser local. Esta solução também exige que se conheça pelo menos 1 par do mapeamento. Em 1997, ele propôs a utilização de caminhos geodésicos aplicados à transformada da distância dos contornos dados. Os caminhos são obtidos seguindo o sentido oposto do gradiente da soma das transformadas de distância. Contudo, esta abordagem também não garante a solução ótima global.

Geiger [1995] propõe a utilização de programação dinâmica com restrições de busca para se obter o mapeamento de curvas fechadas, porém apenas para contornos bidimensionais.

Santos [2000] propõe uma extensão à abordagem de Geiger, de modo a apresentar soluções ótimas para o acompanhamento de pontos em curvas abertas, como as coronárias em imagens de coronariografia, ainda restrita ao caso 2D.

As seção 4 apresenta metodologias otimizadas no domínio discreto para os casos 2D e 3D.

Por outro lado, a determinação de contornos (segmentação) ainda é uma área em aberto, principalmente quando se refere à segmentação robusta e automática.

Métodos baseados na técnica (lagrangeana) de partículas marcadoras ("nodal methods") que estimam a frente de propagação a partir das equações diferenciais discretizadas de posição, falham quando as frentes se encontram (mudanças topológicas) e muitas vezes são instáveis devido ao acúmulo de erros de aproximação [Sethian, 1999].

Outra grande dificuldade é a discretização e o tratamento de mudanças bruscas, principalmente na estimativa computacional de gradientes e derivadas de primeira e segunda ordem. Sethian propôs então a utilização de funções de maior dimensionalidade (*level sets*) que poderia levar em conta mudanças topológicas e permitir curvaturas acentuadas na segmentação.

A seção 5 apresenta algumas propostas de segmentação 2D e 3D que podem ser utilizados com mínima interação com o usuário (semi-automático).

4 Metodologias para *tracking* 2D e 3D

4.1 "Tracking" baseado em contornos interpolados

A abordagem proposta é baseada na minimização da função custo entre contornos sucessivos, considerando todos os contornos intermediários interpolados. As interpolações são realizadas de modo a preservar um compromisso morfológico entre os contornos originais. A função custo é definida associando baixo custo a pares de pontos próximos entre si, de curvatura similar, e leva em conta também a distribuição do espaçamento dos pontos nos respectivos contornos.

4.1.1 Formulação do problema:

Dados dois contornos fechados (curvas no caso 2D, ou superfícies no caso 3D) ***S*** (origem) e ***D*** (destino) representando a evolução de uma estrutura ao longo do tempo (figura 4.1), obter o mapeamento ótimo *M* de um conjunto de pontos do primeiro contorno $P=\{p_1,p_2,...p_u...p_n\}$ no segundo $P'=\{p'_1,p'_2, ...p'_v...p'_m\}$, ou seja:

$$p'_v=M(p_u) \qquad (4.1)$$

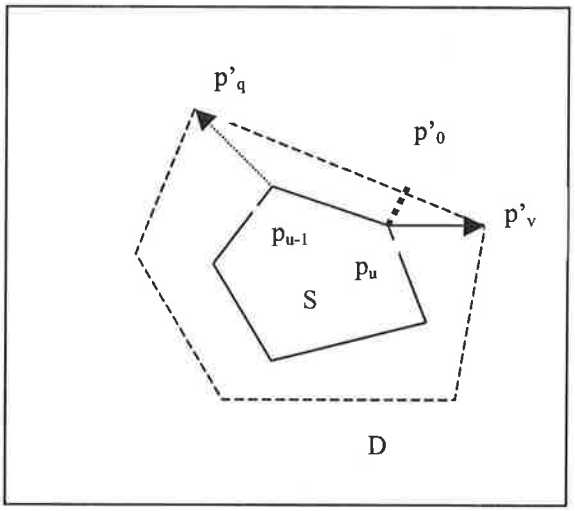


Figura 4.1. Esquema utilizado para o mapeamento e a definição da função custo

4.1.2 Método:

Basicamente, a abordagem proposta consiste em: a) obter contornos intermediários que mantenham semelhança com os contornos dados e que reflitam a noção de proximidade; b) para cada par de contornos sucessivos, obter o mapeamento ótimo para os ***n*** pontos considerando a função de custo definido. Repetir processo (b) até atingir o último contorno. A figura 4.2 ilustra o esquema da

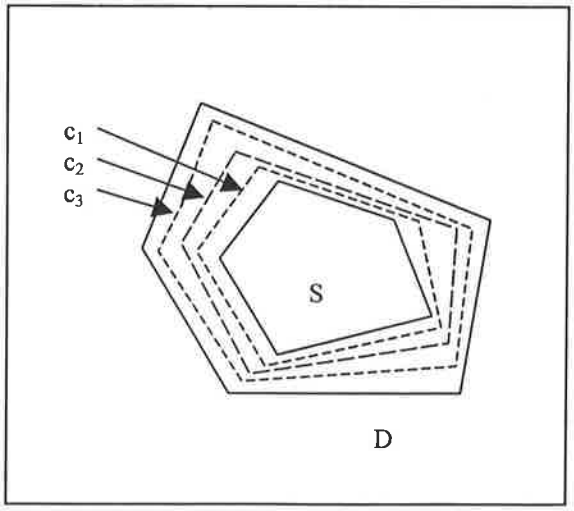


Figura 4.2. Esquema de interpolação de contornos intermediários

figura 4.1 com 3 contornos intermediários interpolados, formando os pares de contornos sucessivos: (S, c_1), (c_1,c_2), (c_2,c_3) e (c_3,D). Este trabalho supõe que pontos com alta curvatura geralmente possuem significado anatômico, e portanto são boas referências para guiar o processo de "matching", especialmente na ausência de marcas físicas ou modelos de deformação das estruturas observadas [Cohen, 1992]. No caso do ventrículo esquerdo (VE), além de algumas regiões especiais como o ápice, há os pontos de inserção dos músculos papilares e vasos no endocárdio.

Contorno Intermediário:

Dado um contorno fechado c(t), podemos associar uma função *level set* $\Psi(r,t)$ tal que o nível zero corresponda ao contorno c(t) [Sethian, 1999]:

$$\Psi : R^N -> R \quad (4.2)$$

$$\Psi(c(t),t)=0 \quad (4.3)$$

Esta representação (figura 4.3), apesar de adicionar mais uma dimensão ao contorno, torna-se conveniente para lidar com mudanças topológicas como veremos nas próximas seções.

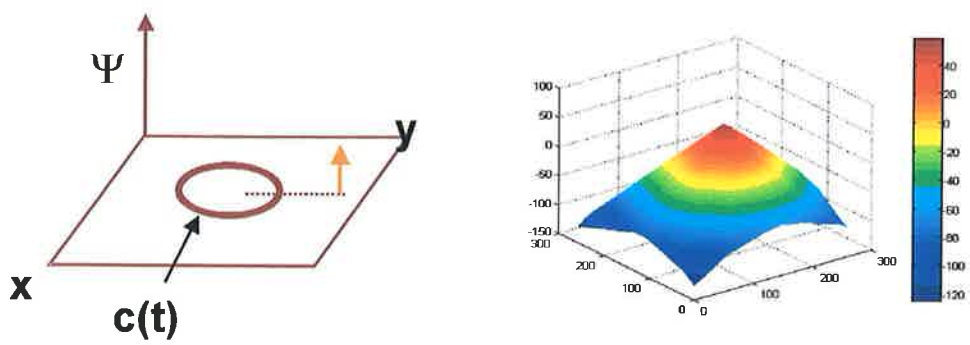
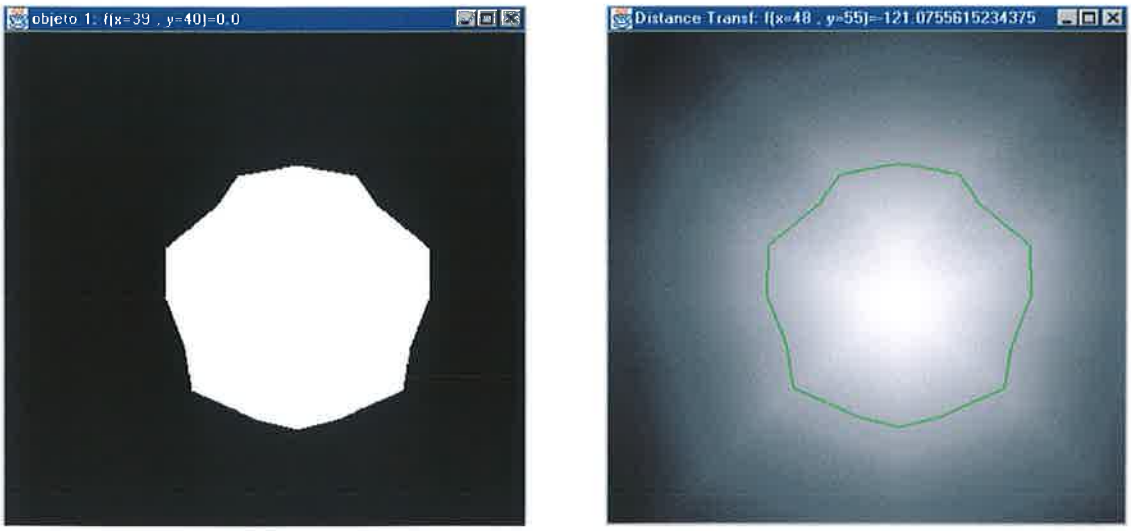


Figura 4.3. Ilustração da função level set de um dado contorno

A transformada de distância com sinal (TDS) é uma destas funções e será usada neste trabalho para a criação de contornos intermediários que incluam similaridade e proximidade. A TDS para um dado contorno corresponde à função que associa a cada pixel/voxel a menor distância a qualquer ponto do contorno dado [Udupa, 2000]. Por convenção, associamos valores positivos a elementos internos e valores negativos a elementos externos ao contorno. A TDS pode ser implementada de forma aproximada no sentido euclideano (por exemplo, distância de

Chamfer [Borgefors, 1996]), ou exata. Implementamos e avaliamos a TDS aproximada e a distância euclidiana exata para o domínio discreto. A TDS exata foi baseada em um algoritmo eficiente proposto por Costa [2001], que basicamente utiliza a operação de dilatação da Morfologia Matemática e uma tabela de distâncias. No processo da dilatação, à medida que os pixels são visitados, as distâncias exatas são obtidas das tabelas e armazenadas, e esses mesmos pixels são marcados como concluídos. A figura 4.4a representa um objeto e a figura 4.4b mostra o contorno do objeto e a TDS codificado em tons de cinza.



a *b*

Figura 4.4. Exemplo de: a) objeto de interesse; b) contorno e função distância (TDS) correspondente.

Para um par de contornos (c(i),c(j)), o contorno intermediário pode ser obtido adicionando-se as TDS correspondentes e obtendo-se o nível zero da função resultante, pois estes são os pontos que têm a mesma distância aos contornos, porém com sinais opostos. Por construção, os pontos deste novo contorno c(k) são os mais próximos simultaneamente aos contornos originais e c(k) tenta manter um compromisso entre as morfologias dos contornos-pais:

$$c(k)=\{r \mid \Psi_i+\Psi_j=0\} \qquad (4.4)$$

A figura 4.5 ilustra o contorno intermediário usando esta abordagem. Note o compromisso na morfologia do contorno em relação aos contornos-pais.

Figura 4.5. Contornos inicial (verde) e final (azul) e o contorno intermediário (interpolação) em marrom

Dois novos contornos intermediários podem ser obtidos usando c(k) e os contornos-pais, a saber, o contorno entre (c(i),c(k)) e o outro entre (c(k),c(j)).

Este procedimento pode ser repetido recursivamente até o nível requerido de proximidade. O cálculo da transformada de distância para cada novo contorno pode demandar tempo de processamento significativo. Uma aproximação, com bons resultados, pode ser utilizada, considerando como a nova TDS simplesmente a média das TDS dos contornos-pais.

O mapeamento, para o conjunto de pontos proeminentes de c(0), consiste em se obter o mapeamento ótimo global em relação ao próximo contorno considerando uma dada função custo. A função custo proposta (Equações (4.5) e (4.6)) considera proximidade, curvatura e distribuição de pontos. Para o caso do ponto p_u do contorno **i** evoluindo para o ponto p'_v do contorno **j**, e considerando que o mapeamento do ponto anterior é p'_q tem-se (figura 4.1) o incremento de custo:

$$\Delta f(u,v;\, u-1,q)=w_1.|\mathbf{p'}_v - \mathbf{p'}_0| + w_2.|curv_u - curv_v| + w_3.|distr| \qquad (4.5)$$

$$distr=|\mathbf{p}_u - \mathbf{p}_{u-1}|/P_i - |\mathbf{p'}_v - \mathbf{p'}_q|/P_j \qquad (4.6)$$

onde:

p: vetor de posição em c(i)
p': vetor de posição em c(j)
$\mathbf{p'}_0$ representa o ponto de c(j) mais próximo do nó **u**
$\mathbf{p'}_q$: candidato de mapeamento para o nó anterior (**u**-1), ou seja, hipótese $\mathbf{p'}_q = M(p_{u-1})$
curv: curvatura
w_1, w_2, w_3 : pesos
P_i e P_j: perímetros dos contornos **i** e **j**, respectivamente.

A primeira parcela da equação 4.5 penaliza o mapeamento para pontos cada vez mais distantes em relação à p'_0, que corresponde ao ponto de c(j) mais próximo do ponto ***u*** de c(i). Este termo, portanto, privilegia pontos mais próximos.

A segunda parcela privilegia mapeamentos com curvatura similar. A curvatura, do ponto de vista geral, pode ser obtida pelo divergente do vetor normal [Sethian, 1999] ao contorno no ponto.

$$\mathrm{Curv}(u) = \nabla . \mathbf{n} \qquad (4.7)$$

Onde **n**: vetor normal ao contorno no ponto p_u e que pode ser obtido, genericamente, por:

$$\mathbf{n} = \nabla\Psi / |\nabla\Psi| \qquad (4.8)$$

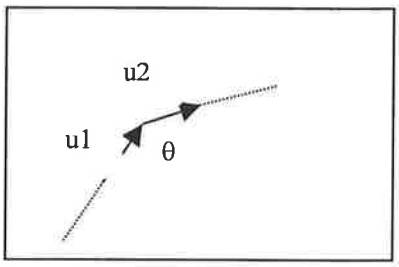


Figura 4.6. Esquema para obter curvatura 2D

Para o caso 2D, o cálculo da curvatura pode ser diretamente realizado considerando o módulo da diferença dos vetores unitários associados às arestas, pois pode-se definir a curvatura como o coseno da metade do ângulo formado pelas arestas (figura 4.6). Pode-se provar facilmente que vale a relação:

$$\mathrm{Curv}(u) \equiv \cos(\theta/2) = |\mathbf{u}_1 - \mathbf{u}_2|/2 \qquad (4.9)$$

Onde $\mathbf{u}_1$, $\mathbf{u}_2$: vetores unitários das arestas adjacentes que se interceptam em p_u.

Verifica-se facilmente que se os vetores estiverem alinhados com o mesmo sentido, não há mudança de direção, e o valor de *curv* será igual a zero, ao passo que se mudar totalmente de sentido, *curv* será igual a 1, portanto o valor está normalizado na faixa [0,1].

Para o caso 3D, a estimativa de *curv* envolve a obtenção do vetor normal e o cálculo do divergente conforme a equação 4.7 (anexo 1).

A última parcela da equação 4.5 quantifica a semelhança na distribuição relativa dos pontos em relação aos respectivos contornos. Conforme mostra a equação, se a porção correspondente entre os nós

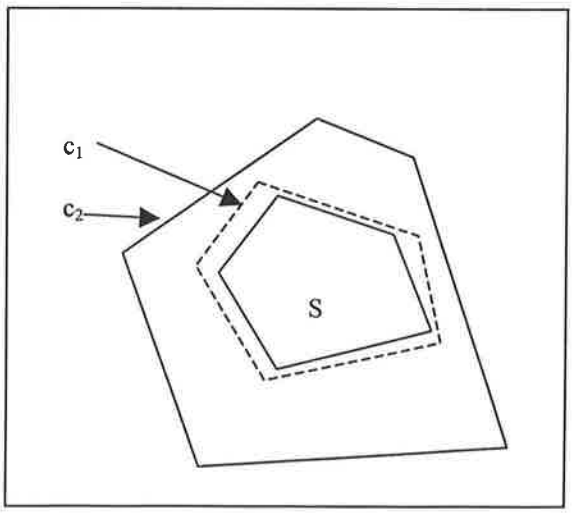


Figura 4.7. Esquema ilustrando o termo distr entre o contorno S e os contornos c_1 e c_2.

não for proporcional em relação aos respectivos perímetros, o custo torna-se alto. A figura 4.7 ilustra dois contornos com distribuição similar (S e c_1) e com $|distr|$ elevado (S e c_2). Para o caso 2D, *distr* pode ser obtido pela equação 4.6. No caso 3D, considere a proporcionalidade da área sobre a área total da superfície de cada contorno (equação 4.6'):

$$distr=|\mathbf{p}_u - \mathbf{p}_{u-1}|^2/P_i - |\mathbf{p'}_v - \mathbf{p'}_q|^2/P_j \qquad (4.6')$$

onde P_i ,P_j: área das superfícies i e j, respectivamente

Seja $p'_v=M(p_u)$ a função de mapeamento dos pontos proeminentes de c(i) em c(j). A configuração ótima pode ser obtida pela programação dinâmica [Howing et al, 2000], minimizando o custo total para o par de contornos **i** e **j**:

$$\min_M\left(\sum_{u=1}^{n} \Delta f(u,v)\right) \qquad (4.10)$$

No sentido de se agilizar a otimização, restringimos a faixa de busca no entorno de cada $\mathbf{p'}_0$. Fixamos a faixa em 10% do respectivo perímetro.

Algoritmo 1: contornos intermediários

1. Dados os contornos c(i) e c(j), calcule as transformadas de distância com sinal (TDS) Ψ_i e Ψ_j
2. *Push* o par (Ψ_i ,Ψ_j) na fila Q
3. Enquanto Q não estiver vazio:
- Remova o par (Ψ_p, Ψ_q) e calcule $\Psi_a=(\Psi_p + \Psi_q)/2$
- Obtenha o contorno associado ao nível zero de Ψ_a
- Se mais interpolações forem necessárias, *push* os pares (Ψ_p , Ψ_a) e (Ψ_a , Ψ_q) em Q
4. Para cada par de contornos, obtenha o mapeamento ótimo (algoritmo 2) para o conjunto de pontos associados aos pontos proeminentes de c(0) via programação dinâmica considerando a função de custo total (Equações (4.10)).

Algoritmo 2: minimização da função custo (programação dinâmica) [Udupa, 1995]

Objetivo: obter o mapeamento ótimo tal que minimize a equação 4.10, dados n pontos do contorno ***S*** e todo o contorno ***D***. Seja p_u um ponto de ***S*** e p'_0 o ponto de ***D*** mais próximo de p_u, e seja $D_R(u)$ o conjunto de pontos discretos de ***D*** que estão a uma distância menor ou igual a R em relação ao ponto p'_0.

Entradas:

- $P=\{p_1,p_2,...p_n\}$: n pontos do contorno S
- Contorno D
- Raio da vizinhança R para a determinação da região de busca $D_R(u)$

Saída:

- Matriz C(u,v) que contém o custo mínimo acumulado para o mapeamento de u em v, considerando todos os nós anteriores de S: 1, 2, ... u-1 e um ponteiro para o mapeamento anterior (u-1,q) com menor custo

1. Inicializar $C(1,v)=\Delta f(1,v)$ para todo $v \in D_R(u)$, usando a equação 4.5 e considerando *distr*=0
2. *for* u=2 ... n
   2.1. *for each* $v \in D_R(u)$ obter $C(u,v)=\min_{v'}(C(u-1,v')+ \Delta f(u,v;u-1,v'))$
   2.2. arquivar na estrutura C(u,v) o mapeamento anterior que minimiza o custo corrente $(u-1,v'_{min})$ (memória para recuperar/rastrear o mapeamento com custo mínimo)
3. obter o índice v_{min} com menor custo acumulado para o último ponto (C(n,.)). Como cada célula contém o ponteiro do mapeamento do ponto anterior que causa o menor custo, basta rastrear (*backtrack*) até o elemento inicial, obtendo-se a configuração global do mapeamento ótimo.

A figura 4.10 mostra os resultados obtidos usando-se a programação dinâmica com três contornos interpolados.

4.1.3 Resultados

Para avaliar a presente proposta, vários contornos em evolução foram simulados, e os resultados comparados com as técnicas da geodésica e Geiger. Foi também investigada a influência do número de contornos intermediários (1, 3 e 7) na qualidade dos resultados.

Um contorno inicial c(0) foi gerado como um polígono com 16 nós de raio 64 pixels, centrado em (148,128) em uma imagem de dimensões 256 x 256 pixels (exemplo na figura 4.8). Vários contornos aleatórios c(t) foram gerados da seguinte maneira: a) expansão regular de c(0) com velocidade 25 pixels/unidade; b) ruído aleatório com distribuição uniforme (-4, 4) é adicionado a cada posição (x e y) de cada nó.

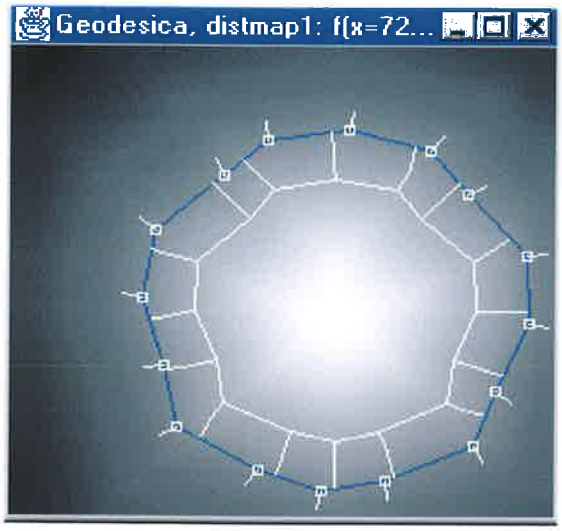


Figura 4.8. Exemplo de mapeamento obtido pela abordagem das geodésicas. Os pequenos quadrados indicam as correspondências esperadas.

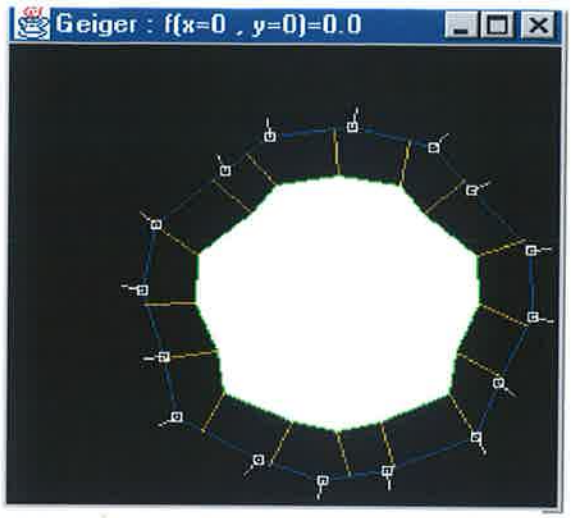


Figura 4.9. Resultados obtidos pela abordagem de Geiger. Os pequenos quadrados indicam os mapeamentos esperado.

Figura 4.8 mostra um resultado baseado na metodologia de geodésicas e a figura 4.9 usando a abordagem de Geiger (parâmetros μ=1 e η=0.1). Os pequenos quadrados indicam o mapeamento esperado. Os caminhos geodésicos foram calculados usando gradiente negativo sobre a soma das transformadas de distância.

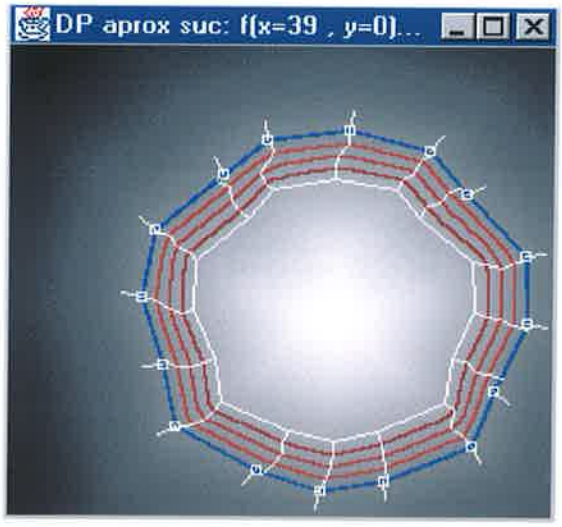


Figura 4.10. Mapeamento obtido pela técnica proposta com 3 contornos intermediários (w_1=1.0, w_2 =10.0, w_3=5.0). Pequenos quadrados indicam as correspondências esperadas.

Na figura 4.10 se ilustra o caso do mapeamento proposto com 3 interpolações (contornos intermediários). As intensidades na imagem representam a TDS da primeira interpolação (contorno intermediário), que foi calculada como média dos TDSs dos contornos-pais. Os pesos para otimização w_1, w_2 e w_3 foram fixados em 1.0, 10.0 e 5.0, respectivamente, e foram obtidos experimentalmente.

A tabela 1 mostra a média e o desvio padrão para o erro em pixels (distância em *city block*) de correspondência para 10 contornos aleatórios simulados conforme acima descrito

usando TDS exata. A abordagem proposta apresentou melhores resultados (média e desvio-padrão) do que as outras 2 técnicas. Nota-se também que os resultados melhoram levemente com o número de interpolações. A tabela 1 mostra também o tempo de processamento em um microcomputador Pentium 4, 1.5 Ghz, em linguagem java no sistema operacional MS Windows 2000.

Foi também investigado o efeito do cálculo exato das distâncias euclidianas, empregadas nas TDSs, nos resultados finais de mapeamento em comparação com a utilização das distâncias aproximadas de Chamfer [Grevera, 1996]. A tabela 2 mostra os resultados obtidos em condições similares [Furuie, 2001], porém utilizando Chamfer. Foi realizada uma comparação estatística de médias de amostras independentes (assumindo distribuição gaussiana) com variâncias desconhecidas e diferentes [Magalhães, 2002]. A tabela 3 mostra os valores de t (Student) obtidos e os respectivos níveis descritivos. Nota-se que a diferença entre os resultados com cálculo exato e aproximado das distâncias não é estatisticamente significativa ($p > 0.4$) para todas as técnicas analisadas.

Simulações com diversos outros polígonos e respectivos polígonos distorcidos mostraram resultados similares. Por exemplo, para 10 pontos proeminentes (nós) e rotação de 15° mais 20% de expansão, em uma imagem de 400 x 400 pixels, o erro médio foi inferior a 1.8

Tabela 1. Média e desvio-padrão de erros de mapeamento (em pixels, city block) usando as abordagens: geodésica, Geiger e proposta com 3 níveis de interpolação em um conjunto de 10 casos aleatórios. TDS com distância exata.

	Geodes.	Geiger	Proposta		
			1 interp	3 interp	7 inter
Média	3.74	5.65	2.31	2.14	1.81
Desvio	0.57	0.99	0.49	0.53	0.38
Tempo(s)	16.6	0.8	35.8	36.1	36.4

Tabela 2. Média e desvio-padrão de erros de mapeamento (em pixels, city block) usando as abordagens: geodésica, Geiger e proposta com 3 níveis de interpolação em um conjunto de 10 casos aleatórios. TDS com distância de Chamfer.

	Geodesic	Geiger	Shape-based tracking		
			1 interp	3 interp	7 interp.
Média	3.77	5.74	2.19	2.08	1.96
Desvio	0.74	1.41	0.55	0.29	0.41

Tabela 3. Valores de t-Student e níveis descritivos da comparação estatística entre as médias das tabelas 1 e 2 (influência do cálculo exato das distância nos resultados do mapeamento)

	Geodesic	Geiger	Shape-based tracking		
			1 interp	3 interp	7 interp.
t	-0,089	-0,165	0,550	0,331	-0,798
p	0,9	0,9	0,6	0,7	0,4

pixels.

4.1.4 Discussão e Conclusões

A abordagem proposta é simples, otimizada no domínio discreto, pode ser aplicado em estruturas tridimensionais, e não assume a presença de marcadores.

A função de custo considera proximidade, similaridade de curvatura e similaridade de distribuição espacial relativa dos nós.

Foram apresentados resultados implementando-se a Transformada de Distância aproximada (Chamfer) e distância euclidiana exata. Constatou-se que a utilização de transformada de distância exata não contribui significativamente para melhorar o mapeamento em relação à distância calculada através do algoritmo de Chamfer para todas as técnicas apresentadas.

As desvantagens associadas a esta metodologia são:

- Definição de três pesos w_1, w_2 e w_3. A otimização é dependente destes fatores que definem a importância de cada termo na composição da função custo.
- O resultado pode ser sub-ótimo, pois a otimização é realizada de dois em dois contornos. Poder-se-ia buscar a configuração ótima global considerando todos os contornos simultaneamente, porém com aumento significativo de cálculo e complexidade computacional.

Na próxima seção será apresentada uma metodologia alternativa que obtém o mínimo global e com apenas um parâmetro livre.

Trabalhos futuros devem incluir o estudo da influência dos pesos, novas funções de custo e a avaliação em paredes cardíacas reais.

4.2 Método baseado em curvatura implícita entre contornos

A abordagem anterior utilizou a capacidade das interpolações baseadas em forma para capturar as transições de curvatura entre a origem e o destino. Quanto maior o número de interpolações intermediárias, mais evidente é o "tracking" de um ponto saliente, facilitando a determinação do caminho ótimo da evolução, que considera, para cada ponto a distância e a semelhança de curvatura. Surge então a seguinte hipótese: não haveria uma função para todo o domínio de interesse que refletisse a transição das curvaturas entre a origem e o destino, de modo que pudesse ser combinada com a função distância e permitisse minimizar o custo? Se sim, teria a vantagem de evitar as interpolações intermediárias e a minimização poderia ser obtida com uma única semente, de modo n-dimensional, conforme detalhado em 4.2.2. Esta abordagem é volumétrica, ao passo que a metodologia apresentada em 4.1 é baseada em contornos/superfícies.

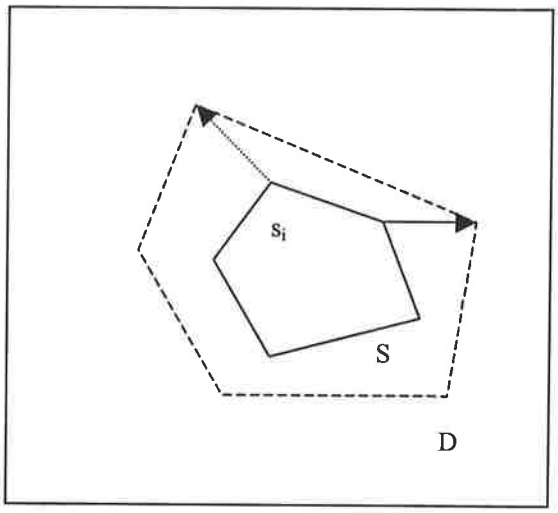


Figura 4.11. Esquema usado para o *tracking* do contorno S para contorno D.

4.2.1 Formulação do problema:

Dados dois contornos fechados S e D (figura 4.11), obtidos de duas imagens consecutivas (2D ou 3D), o objetivo é determinar o mapeamento ótimo de um conjunto de pontos proeminentes de S (s_i, i=1,n) em D, de tal forma a refletir a evolução temporal do contorno de S.

Hipóteses:

- a deformação é pequena entre os contornos;

4.2.2 Metodologia:

A idéia básica é definir uma função custo para todo o domínio da imagem que represente o custo de se ir de um elemento ao seu vizinho considerando informações de distância e curvatura. A otimização pode ser obtida através da programação dinâmica com restrições, determinando o caminho de menor custo global de cada ponto S a D. Através de construções de caminhos privilegiados, é possível aplicar apenas uma vez a programação dinâmica e determinar todos os n caminhos ótimos, conforme detalhado a seguir.

Portanto, os principais passos da abordagem são: a) definição da função custo; b) restrição do domínio para a otimização; c) otimização global; e d) obtenção dos caminhos.

Definição da função custo

Analogamente à seção 4.1.2, consideremos a função $\Psi(r,t)$ (*level set*) de um contorno fechado c(t).

Seja Ψ_S o *level set* para o contorno S e Ψ_D o *level set* para o contorno D. Por simplicidade de notação, a variável *t* ficará implícita.

A Transformada de Distância com Sinal (TDS) de um contorno também será utilizada nesta metodologia para criar a função de custo. TDS apresenta propriedades interessantes que podem ser utilizadas para várias aplicações, tais como interpolação, classificação e quantificação, uma vez que ela fornece, para qualquer elemento da cena, a distância mínima ao contorno [Udupa, 2000].

A função custo pretendida deve considerar a proximidade e a similaridade. A proximidade aos dois contornos pode ser obtida pela função[Cohen, 1998]:

$$\Psi_C(r)=\min\{|\Psi_S(r)|, |\Psi_D(r)|\} \qquad (4.11)$$

Desse modo, para qualquer posição *r*, podemos obter a menor distância para ambos os contornos. Figura 4.12 mostra um exemplo de Ψ_C na região entre os contornos interno e externo.

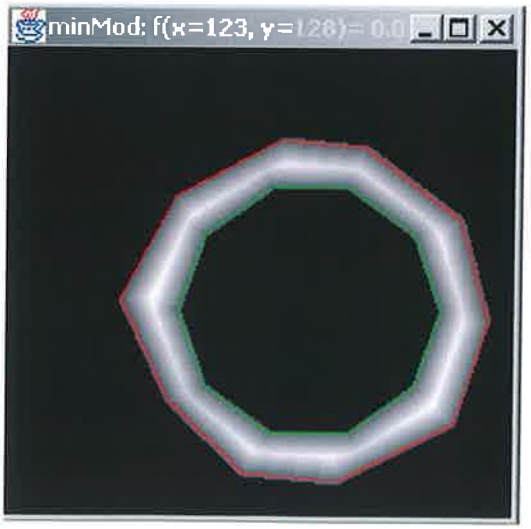


Figura 4.12. Exemplo do level set Ψ_C relacionado à proximidade a ambos os contornos interno e externo.

Por outro lado, a similaridade entre pontos em contornos pode ser parcialmente estimada usando curvaturas sobre *level sets*. O desafio é definir adequadamente esta função. Por exemplo, a Ψ_C não é um bom candidato porque apresenta mudança de direção (altas curvaturas) na região central entre os contornos (figura 4.12), quase paralelamente aos contornos originais, ao passo que nos interessa caminhos privilegiados entre os nós dos polígonos.

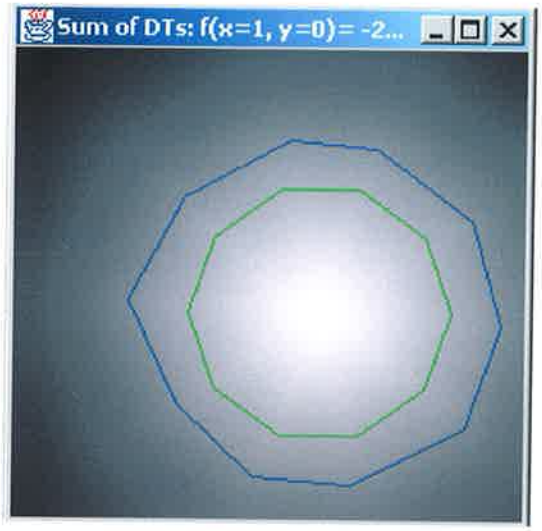


Figura 4.13. Ilustração do level set Ψ_K usado para a estimativa da curvatura dos contornos da figura 4.12.

Como estamos procurando o mapeamento de pontos proeminentes (alta curvatura) de ***S*** em ***D***, podemos esperar, para pequenas deformações, que o ponto correspondente em ***D*** também apresenta alta curvatura. Desse modo, propomos a seguinte função para representar a curvatura implícita dos contornos S e D para todo o domínio de interesse:

$$\Psi_K(r)=\Psi_S(r) + \Psi_D(r) \qquad (4.12)$$

Esta função (*level set*) representa o compromisso entre a forma dos dois contornos. Por exemplo, o nível zero da função resulta na interpolação baseada em forma proposta por Udupa [2000] e explorada na seção 4.1. Figura 4.13 ilustra a função Ψ_K para os contornos da figura 4.12.

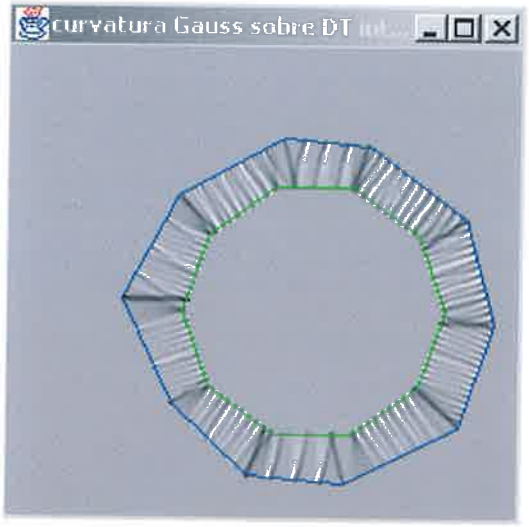


Figura 4.14. A intensidade representa a curvatura gaussiana K calculada sobre level set da figura 4.13.

A função curvatura K (curvatura gaussiana) pode ser estimada aplicando o operador divergência sobre o vetor normal de cada elemento do domínio no nível correspondente (figura 4.14) [Sethian, 1999]. Note a ocorrência de caminhos de maior curvatura (intensidade mais escura) conectando vértices correspondentes.

$$K(r)=\nabla.(\nabla\Psi_K / |\nabla\Psi_K|) \qquad (4.13)$$

Considerando ambas as influências da proximidade e da similaridade de curvatura, podemos definir a função custo:

$$Cost(r)= \Psi_C (r)/(1 + \alpha.K^2(r)) \quad (4.14)$$

Onde α é o fator de importância da curvatura na função custo.

Portanto, o custo (eq. 4.14) é pequeno se o ponto estiver próximo a um dos contornos ($\Psi_C(r)$ é pequeno) e decresce mais ainda se o ponto estiver na região de alta curvatura que "conecta" os pontos correspondentes em ***S*** e ***D***, respectivamente (K(r) elevado).

A figura 4.17 ilustra a função custo Cost(r) da equação 4.14 aplicada aos contornos da figura 4.13.

Restrição do domínio para a otimização

Restringir o domínio para a otimização significa reduzir o tempo de processamento que, em geral, é elevado nas otimizações. Dado que estamos procurando o mapeamento entre dois contornos e estamos assumindo pequenas deformações, torna-se suficiente considerar a região entre os contornos. O esquema da figura 4.15 ilustra duas situações para o caso bidimensional.

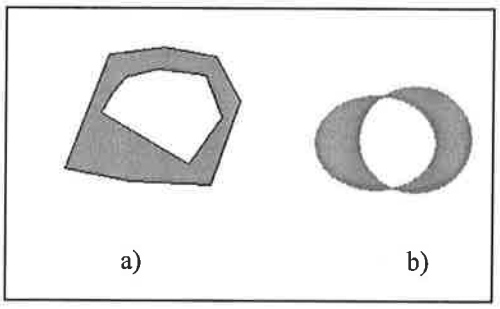


Figura 4.15. Esquema representando a restrição de domínio: a) contornos sem intersecção; b) contornos com intersecção.

Formalmente, o domínio restrito pode ser obtido por:

$$Domain=(S^+ \cup D^+) - (S^+ \cap D^+) \quad (4.15)$$

Onde:

S^+ , D^+ : conjunto de pontos internos aos contornos S e D, respectivamente.

Portanto, o processamento para o cálculo da curvatura, função custo e programação dinâmica pode estar circunscrito ao domínio restrito.

Otimização Global

O *tracking* para o conjunto de pontos proeminentes do contorno ***S*** consiste em procurar pelo mapeamento ótimo global (configuração) para a função custo definida acima (eq. 4.14) em

relação ao contorno ***D***. A otimização para dados discretos dispostos em forma de imagens pode ser obtida por técnicas baseadas no algoritmo de Dijkstra [Udupa,2000], considerando a posição de cada pixel/voxel como nó de um grafo somente conectado aos seus vizinhos imediatos (figura 4.16). Por exemplo, para o caso 2D, cada pixel está conectado a 4 nós, enquanto que no caso tridimensional cada voxel está conectado a 6 voxels. O valor associado ao arco do grafo que aponta para o vizinho ***j*** foi igualado à função custo do pixel ***j*** conforme a equação 4.16:

$$c_{ij} = Cost(j) \tag{4.16}$$

Nestas condições, pode-se utilizar implicitamente a notação de grafos considerando a notação dos elementos da imagem (pixels, voxels). Cada elemento da imagem é um nó e cada conexão imediata o arco entre os nós. Note que c_{ij} pode ser diferente de c_{ji}, ou seja, o grafo tem arcos com dois sentidos.

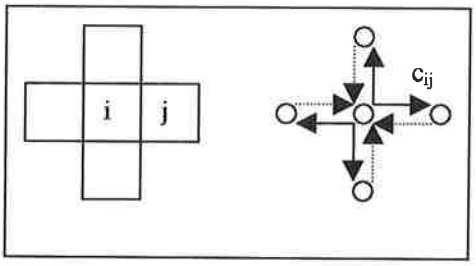


Figura 4.16. Notação de grafos associado a elementos de imagens (pixels/voxels).

Portanto, o algoritmo de otimização pressupõe os seguintes dados de entrada: a) a matriz contendo os valores da função custo a partir da qual podemos obter o valor de qualquer arco; b) nó semente; e c) o domínio restrito. Implicitamente, todos os elementos do domínio restrito são considerados como nós do grafo e o valor dos arcos são calculados em tempo real usando as equações 4.14 e 4.16. Em outras palavras, os dados de entrada podem ser uma matriz de mesma dimensão e tamanho que a imagem, na qual cada elemento da matriz é uma estrutura de dados contendo uma variável para cada arco de saída deste elemento (figura 4.16). Estas variáveis representam o custo do estabelecimento do caminho do elemento atual até o nó vizinho.

Figura 4.17. Exemplo de tracking usando a abordagem proposta baseada em programação dinâmica e level sets. Pequenos quadrados indicam o mapeamento esperado.

A saída do algoritmo é uma matriz do mesmo tamanho da imagem, na qual cada elemento representa uma estrutura de dados simples com duas variáveis: custo acumulado desde o nó semente até o elemento corrente, e a direção para o elemento imediatamente anterior do caminho de menor custo parcial. Esta estrutura de dados permite rastrear o caminho de menor custo de qualquer elemento até a semente. As possibilidades da direção, para o caso 2D, são: Norte, Sul, Leste e Oeste. Para o caso 3D, são acrescentados: Frente e Atrás. As direções para todos os nós externos ao domínio restrito são igualadas a –1 (inválidas), sinalizando que estes nós são do tipo "terminal".

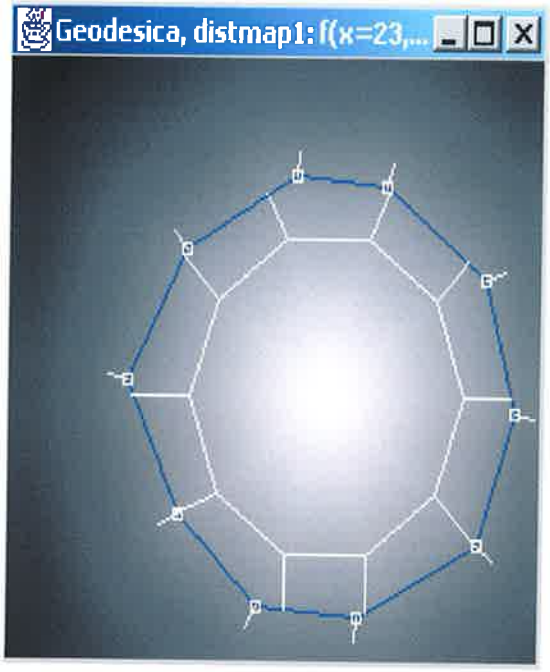


Figure 4.18. Exemplo de *tracking* usando a abordagem da geodésica. Os pequenos quadrados indicam o mapeamento esperado. As intensidades representam a TDS do contorno interno

Esta abordagem é interessante, pois fornecendo-se somente um nó-semente P_0, obtém-se o custo mínimo acumulado a partir da semente até qualquer elemento P no domínio, além da orientação de P para o nó anterior e assim sucessivamente até atingir P_0 (*backtrack*). Portanto, se definirmos, por construção, custo zero para todos os elementos do contorno ***D*** (*fast track*), e escolhendo P_0 em ***D***, podemos obter o custo acumulado mínimo para todos os elementos do domínio, em especial, para os pontos proeminentes de ***S***, conforme o objetivo inicial. Por exemplo, após a programação dinâmica, o ponto s_1 na matriz de saída, conterá o menor custo para se atingir s_1 a partir de qualquer ponto de D, uma vez que todos os pontos do contorno D estão conectados com custo zero. Portanto, para se determinar o caminho de s_1 a D, basta realizar o *backtrack* a partir de s_1 até atingir o D.

<u>Obtenção dos caminhos ótimos</u>

Estamos interessados nos caminhos ótimos de cada ponto proeminente de ***S*** (s_i, i=1,n) para ***D*** e não para a semente P_0. Uma vez obtidos os caminhos ótimos em relação à semente, os

caminhos individuais dos pontos de ***S*** podem ser obtidos simplesmente marcando todos os arcos de saída dos elementos de contorno ***D*** como inválidos, e rastrear (*backtrack*) [Howing, 2000] o caminho para cada (s_i, i=1,n) até atingir um nó inválido (contorno ***D***) conforme ilustrado na figura 4.17.

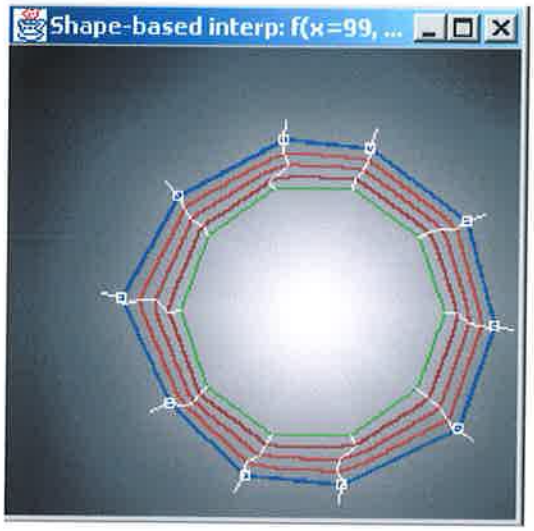


Figura 4.19. Tracking baseado em interpolação (seção 4.1) para o caso com 3 interpolações (w_1=1.0, w_2 =10.0, w_3=5.0). Pequenos quadrados indicam os mapeamentos esperados.

<u>Algoritmo: otimização com curvatura implícita dos contornos</u>

1) Dados os contornos S e D
2) Obter a transformada de distância com sinal Ψ_S e Ψ_D
3) Calcular as funções de proximidade Ψ_C e similaridade Ψ_K (Eq. 4.11 e 4.12)
4) Obter o domínio restrito (Eq. 4.15)
5) Calcular a curvatura gaussiana K baseada em Ψ_K (Eq. 4.13)
6) Obter a função de custo (Eq. 4.14)
7) Estabelecer o caminho privilegiado (fast track) para os elementos em D
8) Escolher um elemento de D como semente e aplicar programação dinâmica para os nós do domínio restrito
9) Tornar os nós em D inválidos
10) Rastrear (Back track) para cada ponto proeminente de S até alcançar um ponto inválido.

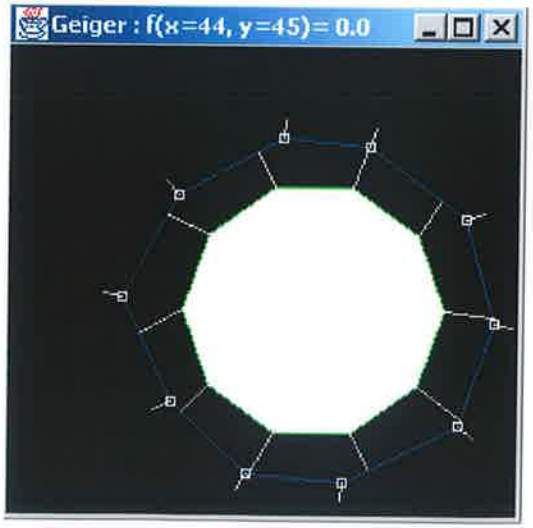


Figura 4.20. Resultado de tracking baseado na técnica de Geiger. Pequenos quadrados indicam os mapeamentos esperados.

4.2.3 Estimativa do Erro

Para o caso das deformações simuladas, como se conhece o mapeamento esperado, a medida de erro é a média do erro euclidiano. As figuras 4.17 a 4.20 mostram os caminhos obtidos usando várias abordagens. As setas com pequenos quadrados indicam o mapeamento esperado.

4.2.4 Resultados

Para se avaliar a presente técnica, simulamos várias evoluções temporais de contornos e aplicamos diferentes abordagens tais como geodésica [Cohen, 1998], Geiger [1995], e Geiger modificado com 1, 3 e 7 contornos intermediários conforme descrito na seção anterior.

Um outro contorno inicial $\boldsymbol{S}$ foi gerado com o formato de um polígono regular com 10 nós, raio de 64 pixels, e centrado em (148, 128) em uma imagem de dimensões 256 x 256 pixels. Vários contornos deformados $\boldsymbol{D}$ foram gerados pela seguinte seqüência: a) expansão regular de $\boldsymbol{S}$ com velocidade 25 pixels/unidade; b) ruído aditivo com distribuição uniforme [-4,4] para cada posição x e y de cada nó.

Figura 4.18 mostra um resultado baseado na técnica da Geodésica, e a figura 4.20 usando a de Geiger com parâmetros (μ=1 e η=0.1). Os caminhos geodésicos foram calculados usando a soma de TDS. Os marcadores (pequenos quadrados) indicam o mapeamento esperado.

Na figura 4.19, mostra-se o caso do *tracking* baseado em forma com 3 interpolações. As intensidades na imagem representam a TDS aproximada da primeira interpolação (contorno intermediário), que foram calculadas como média das TDS dos contornos pais. Os pesos para otimização w_1, w_2 e w_3 foram estabelecidas em 1.0, 10.0 e 5.0, respectivamente.

Figura 4.17 ilustra os resultados para a presente abordagem. O parâmetro α foi experimentalmente estabelecida em 100.

Tabela 4 mostra a média e o desvio-padrão para o erro em mapeamento (distância euclideana) para o conjunto de 10 simulações randômicas. O presente método teve melhor desempenho (média e desvio-padrão) do que a Geodésica e a técnica de Geiger. Por outro lado, o método anterior baseado em interpolações obteve melhores resultados do que a descrita nesta seção. Contudo, a abordagem baseado na "curvatura implícita dos contornos" é mais simples e usa somente um parâmetro livre (α) em vez de 3 ou mais em outras técnicas. Além do mais, esta metodologia viabiliza a obtenção do *tracking* para todos os pontos de $\boldsymbol{S}$.

Tabela 4. Média e desvio-padrão para erros (erro quadrático médio em pixels) para tracking usando geodésica, Geiger, abordagem proposta e a técnica baseada em interpolações com 3 níveis em um conjunto aleatório de 10 casos.

	Geodésica	Geiger	Proposta	Baseado em interpolações (w_1=1, w_2 =10, w_3 =5)		
		μ=1, η=0.1		1 interp	3 interp	7 interp.
Média	3.77	5.74	2.84	2.19	2.08	1.96
Desvio-padrão.	0.74	1.41	0.40	0.55	0.29	0.41

4.2.5 Conclusões

A abordagem do caminho de menor custo com uma única semente pode ser aplicada indistintamente em estruturas 2D ou 3D, e não assume a presença de marcadores nas imagens. Esta técnica fornece a solução ótima em um domínio discreto e teve melhor desempenho do que as técnicas baseadas na geodésica e Geiger, e se compara à abordagem baseada em interpolações, porém exige capacidade computacional maior à medida que o domínio restrito aumenta em termos de número de elementos.

A implementação é simples e pouco dependente de pesos em complexas funções de custo.

Investigações futuras devem considerar novas definições de função custo e a avaliação objetiva em casos clínicos reais.

5 Metodologias para segmentação 2D e 3D

O processo da segmentação na área médica é dificultado pela falta de contraste em algumas modalidades, pelo ruído inerente ao processo de aquisição, pela falta de homogeneidade em termos de intensidade, pela falta de especificidade e pelo elevado volume de dados, nos casos 3D dinâmicos. Diversos métodos automáticos e semi-automáticos têm sido propostos na literatura com sucesso limitado, os quais podem ser divididos em orientados por contorno e por região (isodensidade) [Joliot, 1993]. Elevada dependência com o nível de ruído e detecção de inúmeros contornos são dificuldades comuns do primeiro grupo, e detecção de diversos elementos ou agrupamentos isolados são complexidades típicas enfrentadas pela segunda técnica. Na literatura encontram-se também trabalhos [Xuan, 1995] que integram as duas abordagens.

A grande maioria das técnicas utiliza a intensidade e/ou gradiente dos "voxels" para a classificação. Texturas calculadas a partir das imagens originais têm sido também utilizadas [Wu,1992], assim como a incorporação de informações "a priori". Contudo, a segmentação na prática clínica, na grande maioria dos casos, ainda é realizada manualmente ou semi-automaticamente pelo usuário [Udupa, 2002].

No caso específico de estruturas 3D dinâmicas, o problema é agravado pelo elevado volume de dados envolvido (centenas de imagens por exame no caso de "gated MRI"), sugerindo a necessidade de técnicas que minimizem a interação com o usuário e otimizem algoritmos de segmentação e classificação.

Na área médica, é crescente a disponibilidade de múltiplas imagens de um mesmo objeto, seja utilizando uma única modalidade de equipamento, como é o caso da ressonância magnética onde comumente são fornecidas múltiplas imagens (T1, T2, transferência de magnetização, densidade de prótons), ou então diversas combinações (imagens multimodais) entre MRI, PET, SPECT, CT, ultra-som, ... Esta multiplicidade de imagens pode ser utilizada, também, para melhorar a sensibilidade e a especificidade na classificação, fazendo uso de informações independentes existentes nas outras imagens. Adicionalmente, pode-se também obter imagens (texturas), através de processamento, que reflitam pelo menos parte das informações de interesse para a segmentação/classificação.

O objetivo deste trabalho é apresentar técnicas e métodos visando a segmentação e a identificação da evolução de estruturas médicas, em especial as relacionadas com o coração. As estruturas cardíacas são complexas envolvendo elevada movimentação, caracterizando-se como elementos deformáveis 3D dinâmicos.

As próximas seções descreverão os métodos baseados em *fuzzy clustering*, expansão do balão, conectividade *fuzzy* com conhecimentos *a priori,* e refinamento pós-segmentação. Todos os métodos desenvolvidos apresentam em comum a aplicabilidade em imagens 3D e 4D, essenciais para a Cardiologia.

5.1 Segmentação fuzzy baseado em distribuição de atributos

A classificação utilizando a distribuição n-dimensional de atributos (clustering) é uma técnica amplamente utilizada em várias áreas [Johnson, 1992]. Em imagens médicas, conceito similar pode ser utilizado, considerando que várias modalidades podem disponibilizar imagens com múltiplos atributos ("bandas"). Por exemplo, equipamentos de Ressonância Magnética permitem múltiplas aquisições do mesmo corte, porém com características diferentes (T1, T2, densidade de próton, ...) fornecendo informações adicionais. Contudo, mesmo imagens com um único atributo podem gerar, via processamento, outros atributos, como por exemplo a magnitude do gradiente da imagem para cada elemento.

Desenvolvemos um módulo de software que utiliza a imagem e qualquer outra oriunda da mesma sob a denominação "2features" e disponibilizamos no ambiente 3DVIEWNIX [Udupa, 1994]. "2features" considera a estimativa da distribuição de probabilidade conjunta dos dois atributos, e permite que o usuário, de modo interativo, escolha a região de interesse no histograma bidimensional. O 3DVIEWNIX é um software potente e geral (executável gratuito, http://www.mipg.upenn.edu) para o processamento de imagens médicas n-dimensionais sob o sistema operacional UNIX, desenvolvido pelo Medical Image Processing Group, University of Pennsylvania.

Uma extensão natural dessa abordagem seria considerar um número genérico de atributos e a classificação *fuzzy* dos elementos. A associação de cada elemento do domínio da imagem a

várias classes de interesse, com níveis de pertinência variáveis entre 0 e 1, torna-se importante para a visualização e a quantificação, pois um mesmo elemento (voxel) pode estar na fronteira entre duas estruturas diferentes e sofrer o efeito de volume parcial na formação da imagem. Os voxels de fronteira podem então ser ou não ser visualizados/quantificados, dependendo do interesse do usuário.

Em resumo, este trabalho propõe uma técnica para a classificação *fuzzy* de elementos de imagens 3D baseado em vetor de atributos. O objetivo deste trabalho é apresentar uma técnica rápida para a classificação de "voxels" e que permita utilizar as múltiplas imagens disponíveis sobre os objetos de uma forma eficiente. O trabalho é baseado na classificação dos "voxels" quanto à associação – no sentido "fuzzy" – dos mesmos a cada objeto identificado, o qual é caracterizado estatisticamente pelo aglomerado ("cluster") dos vetores de atributos. A função de associação é calculada pela verossimilhança do vetor de atributos do "voxel" em relação ao cluster. São apresentadas algumas características para a classificação do ventrículo esquerdo em imagens 3D dinâmicas de Ressonância Magnética, em especial, a da posição do objeto e a da variabilidade dinâmica.

As contribuições do trabalho são:

- Classificação dos elementos no sentido "fuzzy" baseado na verossimilhança;
- Possibilidade de facilmente incorporar e adicionar informações "a priori" como conectividade e morfologia para aumentar a separabilidade dos "clusters";
- Classificador com pouca intervenção do usuário;
- Utilização de múltiplas imagens e remoção automática de dependência.

5.1.1 Método

O problema em questão é determinar, para cada "voxel", o grau de associação do mesmo a um determinado objeto presente na imagem. Busca-se uma generalização da classificação binária (segmentação), permitindo que um mesmo "voxel" tenha diferentes graus de pertinência em relação a vários objetos. A teoria dos conjuntos nebulosos [Bezdek, 1992; Boudraa, 1993]

propicia uma base adequada para esta classificação. Para um dado conjunto X, define-se um subconjunto nebuloso ("fuzzy set") A de X por um conjunto de pares ordenados [Udupa, 1995],

$$A = \{(x, f_A(x)) \mid x \in X\}$$

onde $f_A : X \rightarrow [0,1]$ representa a função de associação de A.

Estamos propondo que a função de associação do "fuzzy set" seja baseada na probabilidade condicional do "voxel" pertencer à classe do objeto.

No caso de múltiplas imagens (M), cada "voxel" do objeto é caracterizado por um vetor de M elementos, associando-se, portanto, um vetor de atributos a cada "voxel". Supondo que o vetor de atributos de cada classe de objetos tem distribuição normal multivariada, e adotando-se também que parte do objeto seja conhecida (por exemplo, parte da região delimitada pelo usuário), torna-se possível estimar as características estatísticas de cada classe de objetos. Qualquer classificador de "voxels" é naturalmente dependente da caracterização dos objetos. A possibilidade de treinar (estimar características dos objetos de interesse) o classificador para cada objeto é uma opção interessante pois os atributos são afetados por diversos fatores tais como equipamento (modalidade, calibração, escala, ...), órgão, resolução, ruído, e até mesmo a variabilidade natural entre pacientes.

Reformulando o problema: dado um conjunto de M imagens n-dimensionais contendo um ou mais (J) objetos, classificar cada elemento do espaço n-dimensional em função da sua associação a cada objeto definido na fase de treinamento.

Hipóteses adotadas

- Possibilidade de treinar o classificador através de uma amostra do objeto com características aproximadamente homogêneas. A figura 5.1 ilustra este procedimento para imagens 3D: o usuário delineia, por exemplo, através de um "mouse", uma região do objeto de interesse em um dos cortes da imagem tridimensional. Havendo número suficiente de "voxels", torna-se possível estimar os parâmetros do "cluster" que caracteriza todo o objeto em questão.
- Os parâmetros estimados, através de um corte (treinamento), são válidos para todo o objeto, incluindo a terceira dimensão espacial e o tempo se for o caso;

Cálculo da função de associação

Seja $\boldsymbol{x} \in \boldsymbol{R}^{\boldsymbol{M}}$ um vetor de atributos correspondente a um elemento ("voxel") do volume ($n=3$) proveniente das $\boldsymbol{M}$ imagens disponíveis.

Dada a região de treinamento de um objeto $\boldsymbol{j}$ $(\boldsymbol{j=1,J})$, podem-se estimar alguns parâmetros estatísticos [Johnson,1992], tais como o vetor médio ($\bar{x}_j$) e a matriz de covariância ($\boldsymbol{S_j}$) amostral do aglomerado ("cluster") do objeto $\boldsymbol{j}$. Para o subconjunto nebuloso $\boldsymbol{j}$ pode-se definir a função de associação do elemento $\boldsymbol{x}$ à classe do objeto $\boldsymbol{j}$ por:

$$f_j : R^M \rightarrow [0,1]$$

$$f_j(x) = exp\left(-\frac{1}{2}.\, d_j^2(x)\right) \tag{5.1}$$

$$d_j^2(x) = \left(x - \bar{x}_j\right)^T . S_j^{-1} . \left(x - \bar{x}_j\right) \tag{5.2}$$

$\bar{x}_j$: vetor médio da classe $\boldsymbol{j}$

onde $\boldsymbol{d_j(x)}$ corresponde à distância estatística, também conhecida por distância de Mahalanobis [Johnson,1992], a qual é normalizada em relação à estrutura da covariância. Esta distância é escalar e remove os possíveis efeitos da dependência (correlação) entre atributos, assim como da dispersão dos "clusters". Se o vetor de atributos de um elemento estiver próximo do centro de um "cluster" $\boldsymbol{j}$, então o valor da função será próximo de 1,0. Por outro lado, se a distância for 1,96 (limite do intervalo de confiança de 95 % para distribuição normal), o valor da função decresce para 0,146.

É de se esperar que a função (5.1) dê bons resultados, pois a mesma está relacionada com a probabilidade condicional (verossimilhança) do elemento $\boldsymbol{x}$ pertencer a uma classe $\boldsymbol{j}$ em uma distribuição normal multivariada. De fato, a função de densidade de probabilidade de uma distribuição normal multivariada é dada por [Johnson, 1992]:

$$p_j(x) = \frac{1}{(2\pi)^{\frac{M}{2}} . \left|Cov_j(X)\right|^{\frac{1}{2}}} . exp\left(-\frac{1}{2}.\left(x - \mu_j\right)^T . Cov_j^{-1}(X) . \left(x - \mu_j\right)\right) \tag{5.3}$$

onde μ_j e $Cov_j(X)$ correspondem, respectivamente, ao vetor médio e à matriz de covariância da população *j*. Como, em geral, não se dispõem de informações necessárias para o cálculo da matriz de covariância para cada objeto *j* , $Cov_j(X)$, utiliza-se uma estimativa (amostral) da mesma denotada por $\boldsymbol{S_j}$.

A hipótese de distribuição normal multivariada é bastante aceitável pois as estruturas procuradas, em geral, têm atributos aproximadamente homogêneos.

O algoritmo, para um dado objeto de interesse, consiste portanto em:

- Estimar os parâmetros estatísticos (média e covariância) do "cluster" correspondente ao objeto através dos "voxels" de uma região fornecida pelo usuário;
- Calcular a matriz de covariância inversa ($S^{-1}{}_j$);
- Para cada "voxel", calcular a distância estatística e a função de associação a cada objeto ***j***;

Esta técnica pode ser empregada em imagens simples, assim como em imagens múltiplas (múltiplas imagens de um mesmo objeto, como as imagens multi-espectrais), e em imagens 3D ou de maior dimensão.

Implementação

Considerando a possibilidade da matriz de covariância ($\boldsymbol{S_j}$) ser singular (sistema mal condicionado devido à dependência entre as ***M*** imagens), a melhor abordagem para o cálculo da associação (5.1) é obter um conjunto de imagens linearmente independentes (ortogonais) a partir das ***M*** imagens dadas, e utilizar apenas as ***r***-componentes principais ($\boldsymbol{r} \leq \boldsymbol{M}$) que efetivamente contribuam com informação independente e relevante. Em outras palavras, utilizaremos um outro conjunto de eixos, ortogonais, dado por [Fukunaga, 1992]:

$$y = L^T.x \tag{5.4}$$

onde $\mathbf{y} \in \mathbf{R^r}$, $L = (e_1, e_2, .. e_r)$ e e_i é o *i*-ésimo autovetor da ***Cov(X)***, com ***r*** autovalores maiores do que um determinado limiar. O limiar utilizado nos experimentos foi de 1% da soma de todos os autovalores. Os autovetores (matriz ***L***) e autovalores λ_i são obtidos resolvendo-se a

Equação $Cov(X).e_i = \lambda_i.e_i$. A matriz diagonal ***Cov(Y)*** é formada pelos elementos λ_i. Portanto, a matriz inversa correspondente $\boldsymbol{Cov^{-1}(Y)}$ é :

$$\left[Cov^{-1}(Y)\right]_i = \frac{1}{\lambda_i} \tag{5.5}$$

Desconsiderando os erros de aproximação e de truncagem ($\boldsymbol{r} \leq \boldsymbol{M}$), a distância é equivalente, pois ocorreu apenas uma rotação. A distância pode ser calculada por:

$$d^2(y) = (y - \bar{y})^T . Cov^{-1}(Y).(y - \bar{y}) \tag{5.6}$$

onde $\bar{y}$: vetor médio

No entanto, pode-se evitar o cálculo explícito das r componentes principais, considerando-se as Equações (5.4) e (5.6):

$$d^2(y) = (x - \bar{x})^T . L. Cov^{-1}(Y). L^T.(x - \bar{x}) \tag{5.7}$$

Portanto, uma vez estimada a Cov(X) na fase de treinamento, pode-se obter $L.Cov^{-1}(Y).L^T$ e então aplicar as Equações (5.7) e (5.1) para cada elemento. O treinamento consiste apenas na estimativa da matriz de covariância, utilizando-se a amostra fornecida pelo usuário.

Chegaríamos ao mesmo resultado da Equação (5.7) se aplicássemos o conceito de pseudo-inversa [Fukunaga, 1992] na Equação (5.2).

Dessa forma, para ***J*** objetos definidos, podem-se obter os ***J*** subconjuntos nebulosos, i.é, calcular o grau de associação de cada "voxel" a cada um dos objetos. A partir desta etapa, pode-se então classificar cada "voxel" na forma tradicional, associando o "voxel" à classe com o maior valor da função de associação, ou manipular os "voxels" considerando a informação nebulosa. Nesta última abordagem, o "voxel" seria visualizado, por exemplo, com intensidade proporcional a sua pertinência à classe, podendo, dessa maneira, mostrar melhor a fronteira entre diferentes estruturas.

As vantagens esperadas desta implementação são:

- Pequena necessidade de interação (apenas na fase de treinamento) com delineamento de amostra do objeto em um único corte 2D da imagem n-dimensional;
- Treinamento específico do classificador para cada objeto, considerando-se o conjunto de imagens disponíveis;
- Possibilidade de utilizar informações adicionais provenientes de outras imagens adquiridas e derivadas (texturas), considerando inclusive conectividade e morfologia;
- Possibilidade de automaticamente remover as dependências (imagens redundantes) e de trabalhar com graus de pertinência em contraste à classificação binária;
- Possibilidade de atribuir pesos à separabilidade entre parâmetros;

A classificação obtida no estágio acima descrito apresenta dois problemas fundamentais:

a) Como o processo de "clustering" é uma abordagem intrinsecamente pontual, "voxels" desconectados, porém com vetores próximos ao centro do "cluster", podem ser classificados como pertencentes ao objeto (falsos positivos);

b) Parte dos "voxels" pertencentes ao objeto podem não ser classificados (falsos negativos) devido a ruído, volume parcial, ou sobreposição com outros objetos. Por exemplo, em MRI, na segmentação da cavidade cardíaca, estruturas diferentes (músculos papilares, Figura 5.3.1) presentes na cavidade alteram o contorno da segmentação em diversos cortes e regiões, deixando lacunas na segmentação.

Uma forma de minimizar estes efeitos é incluir informações "a priori" ao resultado do estágio da segmentação por "clustering". Outra forma é adicionar às M imagens, simultaneamente, novas imagens que reflitam texturas e informações "a priori" sobre os objetos, tais como conectividade e morfologia, e então aplicar a técnica proposta. Estas imagens geradas numericamente a partir das imagens originais e aquelas geradas a partir das informações "a priori" serão denominadas, genericamente, por "texturas".

Texturas

Neste trabalho estão sendo incluídas duas medidas de textura, além da imagem que representa o módulo do gradiente para cada "voxel". A primeira contém informação aproximada

da posição do objeto de interesse, através de uma função do tipo gaussiana, localizada no centro da região de treinamento delineado pelo usuário, e com desvio padrão selecionável (Figura 5.3.3). A segunda textura (faixa dinâmica) visa medir a variabilidade associada a cada "voxel" ao longo do tempo, procurando ressaltar os "voxels" com maior atividade dinâmica, como é o caso dos "voxels" do VE e do VD (Figura 5.3.4). A faixa dinâmica para um dado "voxel" é calculada simplesmente pela diferença entre o máximo e o mínimo associado a este "voxel" ao longo do tempo.

Avaliação

A avaliação pode ser feita usando-se a região de treinamento de cada objeto [Johnson,1992], supondo-se que todos os elementos pertençam a esta classe, e utilizando-se o parâmetro "correct classification rate" [Wu, 1992]:

$$CR = \sum_j \frac{c_j}{T_j} \tag{5.8}$$

onde c_j , ($j=1, J$) representa o número de elementos classificados corretamente como objeto j (considerando-se, para efeito de avaliação, classificação correta aquele com o maior valor da função de associação), e T_j representa o número de elementos considerados para a classe j.

Em uma avaliação mais completa e precisa, torna-se necessário utilizar "phantoms" numéricos e/ou observadores humanos.

5.1.2 Resultados

A presente proposta foi implementada (linguagem C) e testada dentro do ambiente 3DVIEWNIX [Udupa, 1994], o qual é um sistema geral e aberto para processamento de imagens médicas n-dimensionais em plataformas Unix (X-window). Os resultados obtidos são exemplificados a partir do estudo de um caso 3D dinâmico, proveniente do exame de Ressonância Magnética "gated MRI" cardíaco, contendo 12 volumes (fases do ciclo cardíaco), cada volume com 12 cortes, e cada corte com 103 x 101 pixels.

A Figura 5.1 mostra a tela de interação com o usuário. Na parte esquerda da janela são mostradas duas imagens (cortes) quaisquer das M imagens n-dimensionais. Neste exemplo específico, estamos considerando duas (multiplicidade M =2) imagens 3D dinâmicas (dimensionalidade n=4) provenientes de "gated MRI" da mesma estrutura (cavidades cardíacas), subdividido em 12 fases do ciclo cardíaco. Cada imagem 3D é composta de 12 cortes (espessura de 7 mm), sendo que cada corte é representado pela matriz de 103 x 101 pixels (1,64 x 1,64 mm). A primeira seqüência de imagens 3D representa a imagem original filtrada por um filtro do tipo gaussiano 3D com valor correspondente ao desvio padrão de 1,5 pixels na resposta impulsiva do filtro. A segunda seqüência representa o módulo da amplitude do gradiente 3D da imagem filtrada. A Figura 5.1 ilustra o mesmo corte nas 2 imagens em uma determinada fase do ciclo cardíaco, e o programa permite visualizar qualquer corte de qualquer imagem. Uma vez escolhido o corte que contém parte do objeto de interesse, o usuário pode então delimitar (região sombreada retangular) na figura superior esquerda uma região do objeto (através do "mouse") no corte para que o sistema possa estimar as características estatísticas do "cluster". Uma projeção 2D da distribuição (histograma M -dimensional) é mostrada no centro da tela, para quaisquer dois atributos. Baseado nesta distribuição, o sistema calcula a função de associação para esta classe. O programa permite definir e treinar até 8 classes. O resultado da classificação é mostrado no lado direito da tela, normalizado na faixa entre 0 e 255. Percebe-se que grande parte do VE foi identificada, assim como parte do VD pelo fato dos mesmos apresentarem atributos semelhantes.

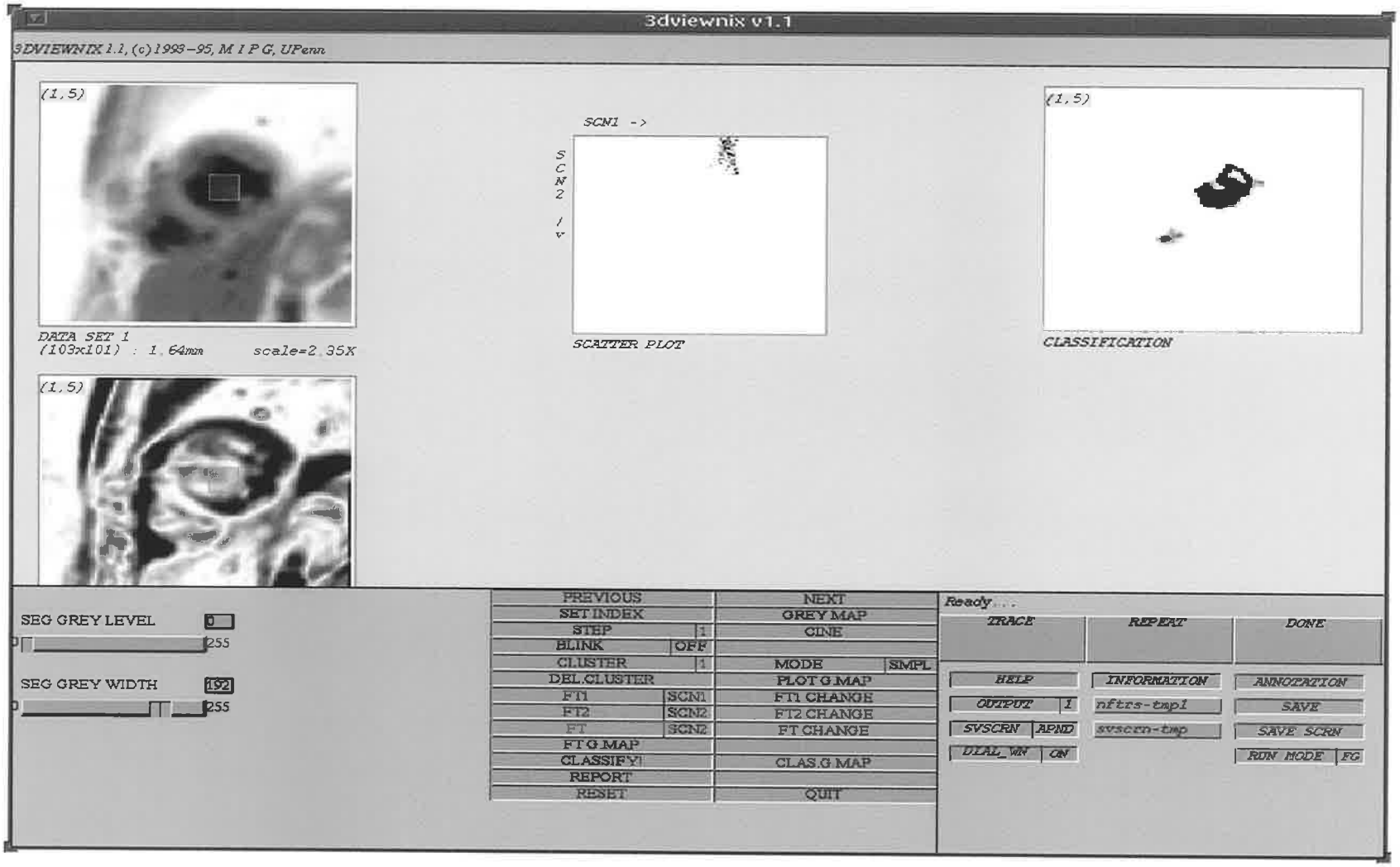


Figura 5.1. Exemplo da classificação (janela superior direita) do Ventrículo Esquerdo, mostrando apenas 1 corte. A classificação é realizada automaticamente em todo o espaço "voxel". As duas janelas à esquerda mostram cortes de 2 imagens 3D dinâmicas utilizadas (imagem levemente suavizada e módulo do gradiente 3D). A janela do centro representa o histograma 2D dos "voxels" na região de treinamento.

Nota-se também, como mencionado anteriormente, a presença de falsos negativos (lacunas) no VE, e alguns falsos positivos isolados na imagem. Os falsos positivos podem ser removidos parcialmente considerando-se um conjunto maior de atributos. Os falsos negativos na classificação se devem ao fato da segunda hipótese não ser plenamente atendida, ou seja, o VE não é suficientemente homogêneo (grande variabilidade no valor de pertinência) em relação aos atributos.

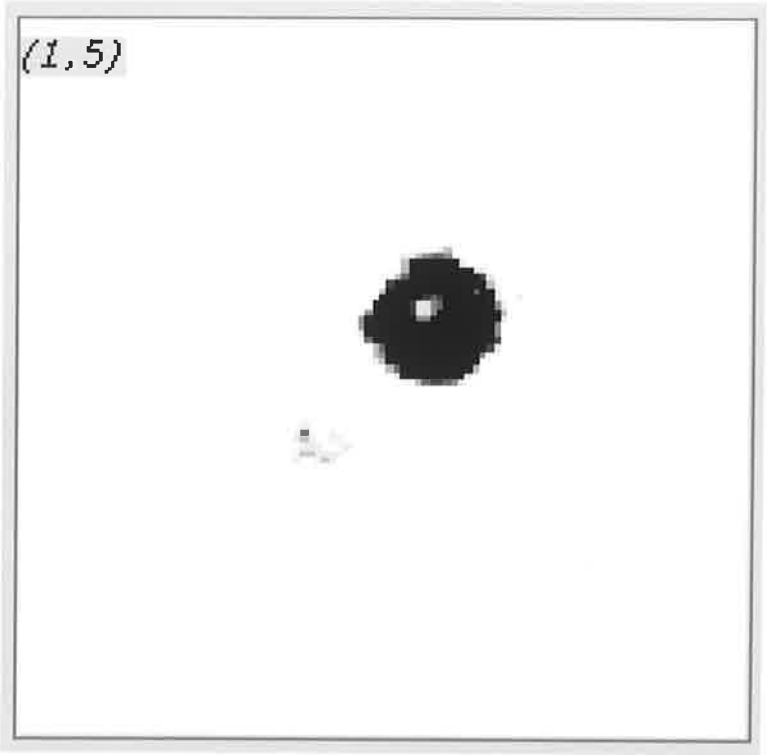


Figura 5.2. Resultado da classificação do VE para o mesmo corte da figura 1, usando M=4 atributos, os quais estão mostrados na Figura 3.

A figura 5.2 mostra os resultados para M =4, onde foram incluídas a informação da posição geométrica do objeto (Figura 3.3) através da distribuição gaussiana, e a informação de atividade temporal de cada "voxel" (Figura 3.4). Percebe-se neste caso, que a classificação do VE foi mais específica em relação a M =2, devido à inclusão de atributos adicionais.

A figura 5.3 mostra os (M=4) atributos utilizados na classificação da figura 5.2: a) imagem filtrada; b) gradiente; c) informação de posição, e d) informação dinâmica. As duas primeiras foram obtidas da mesma forma descrita anteriormente para a figura 5.1. As duas últimas foram calculadas conforme descritas na seção “texturas”.

5.1.3 Discussão e conclusões

A abordagem proposta é rápida envolvendo apenas operações simples, permitindo utilizar eficientemente as informações contidas nas múltiplas imagens, porém apresenta, em casos complexos, os problemas típicos da segmentação baseada em atributos, qual seja, falsos positivos isolados, e falhas em alguns "voxels", uma vez que esta técnica usa apenas informações locais. No entanto, a classificação pode ser significativamente melhorada, incluindo-se informações "a priori" sobre o objeto tais como posição, contexto, morfologia e conectividade. A pesquisa por atributos e texturas mais adequadas é uma área de intensa investigação [Lobregt, 1995] em diversos grupos.

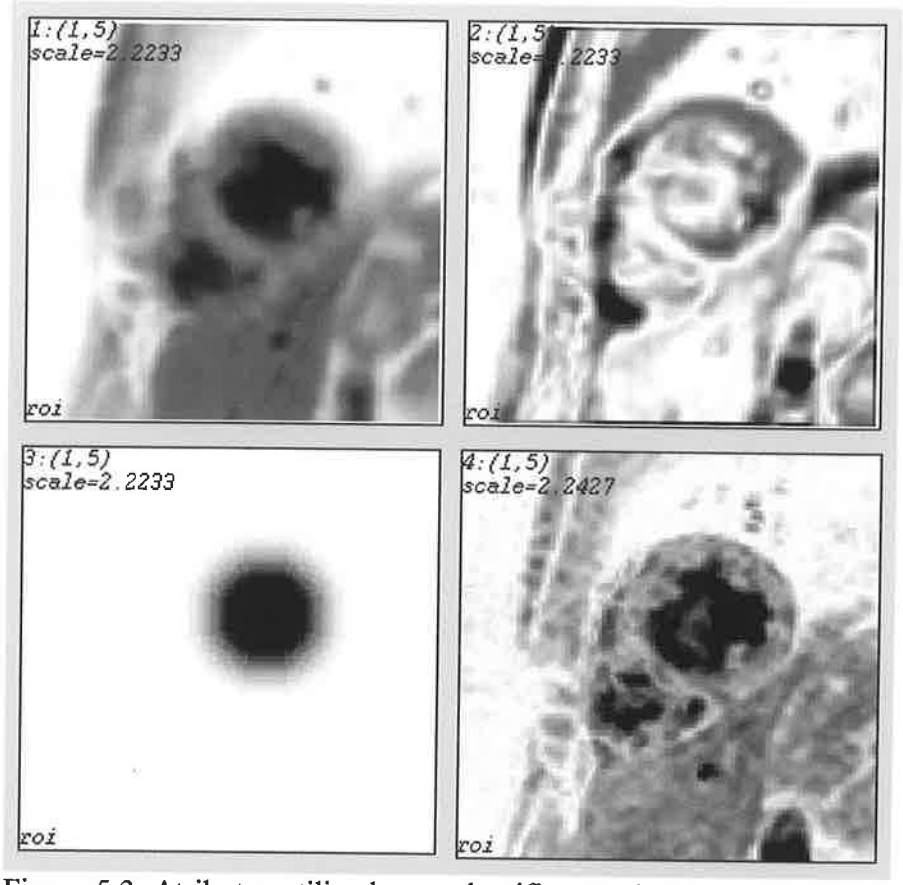


Figura 5.3. Atributos utilizados na classificação da Figura 5.1: 1) imagem levemente suavizada (filtro gaussiano 3D); 2) módulo do gradiente 3D; 3) informação de posição do VE; 4) textura correspondente à variação dinâmica dos "voxels".

A presente técnica permite a segmentação em duas fases: a) pré-classificação rápida dos "voxels" baseada nos atributos, e b) refinamento da segmentação usando técnicas recentes como "Simulated Annealing" , operações morfológicas, modelos volumétricos deformáveis [Ashton, 1995; Malladi, 1995]. Estamos investigando a incorporação da informação de conectividade e morfologia, além de refinamentos de pós-processamento. O sistema apresentado possibilita a inclusão de inúmeros atributos, facilitando a pesquisa

nesta área. Pretendemos também, no futuro, aplicar esta abordagem em imagens de outras modalidades como as imagens de Medicina Nuclear, Ultra-som e raio-X.

Mais esforço também deve ser dedicado à avaliação objetiva e automática da classificação binária e "fuzzy" em imagens n-dimensionais, tentando remover o caráter subjetivo e extremamente trabalhoso das avaliações dos algoritmos nesta área.

5.2 Segmentação baseado no modelo de expansão de balão

A abordagem anterior, apesar de ser n-dimensional, rápida e considerar gradações da segmentação, não leva em conta a importante informação de conectividade espacial. Por outro lado, diversos autores têm proposto soluções semi-automáticas e automáticas para a segmentação [Brummer, 1993; Lobregt, 1995], mas a grande maioria aborda o problema como determinação de contornos 2D, aproveitando resultados anteriores para guiar a segmentação dos próximos cortes. Este tipo de abordagem, além de ser lento (um exame de "gated MRI" típico envolve 16 volumes, cada qual com 12 cortes, perfazendo um total de 192 imagens 2D), pode negligenciar saliências tridimensionais, que em cortes 2D apareceriam como dois ou mais contornos separados.

Outros autores têm investigado a segmentação no espaço 3D [Boudraa, 1993; Ashton, 1995], seja usando extensão de contornos ativos para 3D, seja utilizando o clássico "split and merge" [Ballard, 1982].

O presente trabalho propõe a segmentação de estruturas 3D dinâmicas baseado em um modelo simples da expansão de balão com voxels conectados, e com formato aproximadamente conhecido, como é o caso do ventrículo esquerdo. O balão inserido no interior do objeto se expande em todas as direções (dimensões) de acordo com uma função custo, mantendo aproximadamente um formato preestabelecido. Esta abordagem possibilita a segmentação de estruturas complexas e tortuosas, inclusive com diversas interseções em um mesmo plano, mantendo a conectividade e evitando o pré-processamento em cada corte 2D.

5.2.1 Material e método

A idéia básica desta proposta é a segmentação de regiões com voxels conectados, e cujo formato é aproximadamente conhecido, como é o caso das cavidades do ventrículo esquerdo. A abordagem baseia-se na expansão de um balão inserido no interior do objeto, o qual se expande em todas as direções (dimensões), mantendo, aproximadamente, um formato preestabelecido.

As hipóteses básicas supostas são:

a) a imagem n-dimensional representa um atributo relativamente homogêneo do objeto de interesse;

b) parte (amostra) do objeto pode ser fornecida para o sistema computacional, de modo que seja possível estimar as características estatísticas do atributo do objeto;

c) formato é aproximadamente conhecido;

As vantagens esperadas desta abordagem são:

- algoritmo pode ser facilmente estendido para imagens n-dimensionais (3D, 4D, ..), as quais estão se tornando cada vez mais comuns em Medicina, como SPECT, MRI, Ultra-som, etc.;
- a conectividade entre voxels é inerente ao método;
- algoritmo adapta-se ao objeto em questão, aprendendo as características através da amostra fornecida pelo usuário. Deste modo a técnica é independente da modalidade, do órgão, do ganho do sistema, etc.

Algumas desvantagens são:

- necessita da interação inicial com o usuário. No entanto, esta interação é mínima, em apenas um corte 2D do objeto de, por exemplo, estruturas 3D dinâmicas, a qual pode envolver centenas de cortes 2D;
- dificuldade em estabelecer um critério de finalização da expansão;

O algoritmo tem como entrada um voxel (semente), ou região, demarcada pelo usuário. A partir desta região inicial há o crescimento considerando-se o custo da incorporação de cada voxel vizinho. Incorpora-se aquele voxel *conectado* com o menor custo, enquanto o custo de incorporação estiver abaixo de um limite imposto pelo usuário. A definição da função de custo desempenha papel fundamental no sucesso da segmentação. A função de custo deve considerar as bordas (gradientes), textura, informações a priori sobre o objeto tais como morfologia da estrutura, posição, tamanho, etc. O custo deve ser tanto maior quanto maior for a discrepância esperada para um voxel pertencente ao objeto.

Deste modo, para efeito deste trabalho, podemos considerar a seguinte função custo para incorporar o voxel ***i*** :

$$custo(i) = \alpha . grad^2(i) + \beta . textura(i) + \gamma . forma(i) \qquad (5.9)$$

onde

grad² (i) : representa o gradiente espacial ao quadrado no voxel ***i*** , o qual deve ser pequeno na região interna do objeto, aumentando à medida que se aproxima da borda;

textura(i) : distância do atributo local de ***i*** em relação à média da amostra;

forma(i) : medida da morfologia pela inclusão do voxel ***i*** ;

α, β, γ : são os pesos associados a cada medida;

As duas primeiras parcelas são baseadas em informações locais, e a terceira utiliza informação global. Note que também estamos utilizando a informação de posição, pois a região inicial (semente) é fornecida pelo usuário.

O *grad² (i)* pode ser obtido por vários métodos [Gonzalez, 1992]. Estamos utilizando o algoritmo de Sobel, que simplesmente calcula as derivadas espaciais em cada eixo e as soma. Para o caso 2D, teríamos:

$$grad^2(i) = \left(\frac{dv_i}{dx}\right)^2 + \left(\frac{dv_i}{dy}\right)^2 \quad \text{onde } v_i \text{ é o valor do voxel na posição } \boldsymbol{i} \qquad (5.10)$$

Para a medida da *textura(i)* estamos calculando a distância entre o valor da média local da intensidade e a média da amostra:

$$textura(i) = \left(\overline{v}_i - \mu\right)^2 \qquad (5.11)$$

onde μ é a média do valor do atributo na região fornecida pelo usuário, e

$\overline{v}_i$: média local do atributo no voxel ***i*** para uma dada janela (neste trabalho utilizamos janela 3x3);

Uma medida da morfologia do objeto é bastante complexa de ser definida, uma vez que se busca representar, em poucos números, as nuances de um contorno. No caso específico do VE, estamos buscando um contorno aproximadamente circular (no caso 2D).

Deste modo, estamos utilizando a relação (adimensional) entre o perímetro e a área, definida por:

$$\frac{perimetro^2}{area}$$

que no caso de um círculo perfeito deve resultar em 4π. A função *forma(i)* pode ser definida por:

$$forma(i) = \left| \frac{perimetro^2}{area} - k \right| \tag{5.12}$$

onde no caso de formato circular $k=4\pi$.

Os pesos α, β e γ devem ser balanceados para evitar que um desses fatores predomine na segmentação, seja devido à escala, seja devido a diferentes unidades.

Analisando a Equação (5.9), constata-se que α e β devem ter a mesma dimensionalidade e escala, pois na implementação digital da Equação (5.10) a derivada é apenas a diferença entre voxels vizinhos. Portanto, no caso 2D, como o gradiente envolve a soma de duas parcelas, temos:

$$\alpha=\beta/2 \tag{5.13}$$

Por outro lado, devemos considerar a dispersão dos atributos nas Equações (5.10) e (5.11), evitando penalizar a segmentação quando o ruído for elevado, ou seja, devemos normalizar pelo desvio-padrão. Supondo distribuição normal $N(\mu,\sigma^2)$ do atributo com média μ e variância σ^2, que podem ser estimados pela amostra, e impondo que a função seja adimensional, podemos considerar as duas primeiras parcelas da Equação (5.9) normalizadas pelo desvio-padrão. Portanto,

$$\beta = 1/\sigma^2 \tag{5.14}$$

Quanto ao peso γ, devemos considerar que a sensibilidade da função custo em relação à *forma(i)* seja equivalente em relação à *textura(i)*. Em uma distribuição Gaussiana, uma variação de 1 desvio-padrão em torno da média engloba parte significativa da distribuição (68%). No caso da forma, podemos associar sensibilidade semelhante se fizermos uma correspondência entre 1 desvio-padrão e a variação na *forma(i)* quando evolui, por

exemplo, de círculo para quadrado. Neste caso a variação da *forma(i)* é igual a $|4\pi - 16|=3,43$. Portanto, podemos aproximar,

$$\gamma = 1/3,43 \tag{5.15}$$

Algoritmo usando custo mínimo de cada camada

1. Obter a amostra do objeto;
   1.1. Estimar a média e variância (μ,σ^2) do atributo do objeto;
   1.2. Calcular perímetro e área iniciais;
   1.3. Obter a fila inicial (F) composta por todos os voxels conectados e não-classificados à região inicial;
   1.4. Definir critério para parada da expansão (*CustoMax*), por exemplo, igual a 4 (2 desvios padrões)
2. Para a fila F, até que esteja vazia,
   2.1. Determine o voxel *i* com menor custo (*CustoMin*) de incorporação à fila atual;
   2.2. Se *CustoMin* menor que *CustoMax*,
      2.2.1. Incorporar o voxel *i* no objeto e atualizar perímetro e área;
      2.2.2. Remover o voxel *i* da fila F;
      2.2.3. Adicionar os voxels vizinhos ao voxel *i* que não pertencem ao objeto na fila F;
   2.3. Se *CustoMin* for maior ou igual a *CustoMax*, finalizar.

Implementação

O cálculo do perímetro e da área pela incorporação de cada voxel pode ser otimizado considerando-se os acréscimos correspondentes a cada voxel em dois acumuladores.

No sentido de agilizar o processamento, pode-se eliminar a procura pelo menor custo em cada camada, incorporando, ou não, o voxel de acordo com o custo. O algoritmo seria então modificado parcialmente para:

Algoritmo alternativo

1. Mesmo do algoritmo anterior.
2. Para a fila **F**, até que esteja vazia, ou todos os custos dos elementos da fila sejam maiores do que *CustoMax*
   2.1. Determine o custo de incorporação para o voxel ***i*** ;
   2.2. Se *custo* for menor que *CustoMax*,
      2.2.1. Incorporar o voxel ***i*** no objeto e atualizar perímetro e área;
      2.2.2. Remover o voxel ***i*** da fila **F**;
      2.2.3. Adicionar os voxels vizinhos ao voxel ***i*** que não pertencem ao objeto na fila **F**;

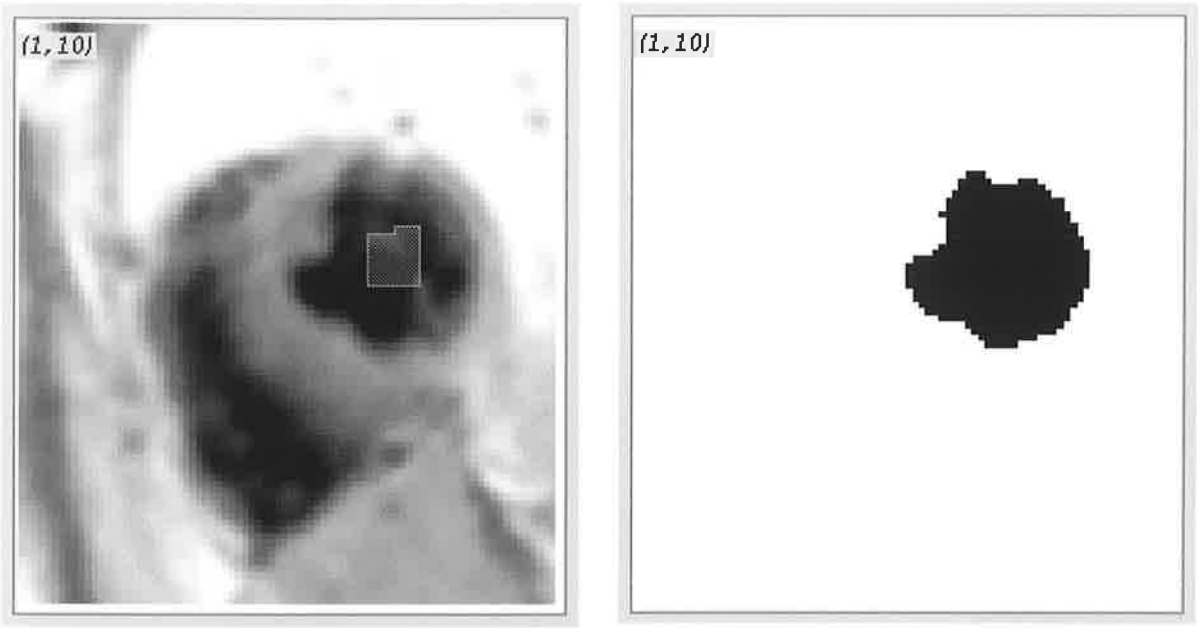


Figura 5.4. Exemplo de uma segmentação usando expansão de balão. a) imagem à esquerda: Corte 2D de uma imagem de Ressonância Magnética, mostrando os ventrículos cardíacos; b) imagem à direita: resultado da segmentação usando a abordagem proposta. Imagem adquirida no Departamento de Diagnóstico por Imagem do Incor.

O resultado, em geral, diferirá do algoritmo anterior, assemelhando-se ao "region growing", onde a medida de homogeneidade é dada pela Equação (5.9).

Para os resultados apresentados a seguir, utilizamos o segundo algoritmo, pois em casos de maior dimensionalidade, o primeiro algoritmo torna-se impraticável.

5.2.2 Resultados

A presente proposta foi implementada (linguagem C) e testada dentro do ambiente 3DVIEWNIX [Udupa, 1994], o qual é um sistema geral e aberto para processamento de imagens médicas n-dimensionais em plataformas Unix (X-window).

O algoritmo alternativo foi aplicado em cortes 2D de imagens cardíacas obtidas pela "gated MRI". A Figura 5.4a mostra a região dos ventrículos em um corte segundo o eixo menor, para um determinado instante do ciclo cardíaco. A região marcada na região central do VE foi fornecida pelo usuário através do "mouse". O sistema estima então os parâmetros

μ e σ^2 e inicia a expansão usando a Equação (5.9). A Figura 5.4b mostra os resultados considerando os pesos e constante listados a seguir. O *CustoMax* foi obtido através de treinamento e foi igualado a 9,92. O resultado é bom e compatível com aquele traçado por um especialista.

$$\alpha = 1/(2\sigma^2) \quad (5.16)$$

$$\beta = 1/\sigma^2 \quad (5.17)$$

$$\gamma = 1/3{,}43 \quad (5.18)$$

$$k = 4\pi \quad (5.19)$$

A Figura 5.5 mostra o resultado da segmentação usando os mesmos pesos, exceto γ =0, i.é, removendo o controle sobre a forma. Notam-se pequenas alterações no formato, principalmente no canto superior esquerdo, onde o contorno é mais brusco.

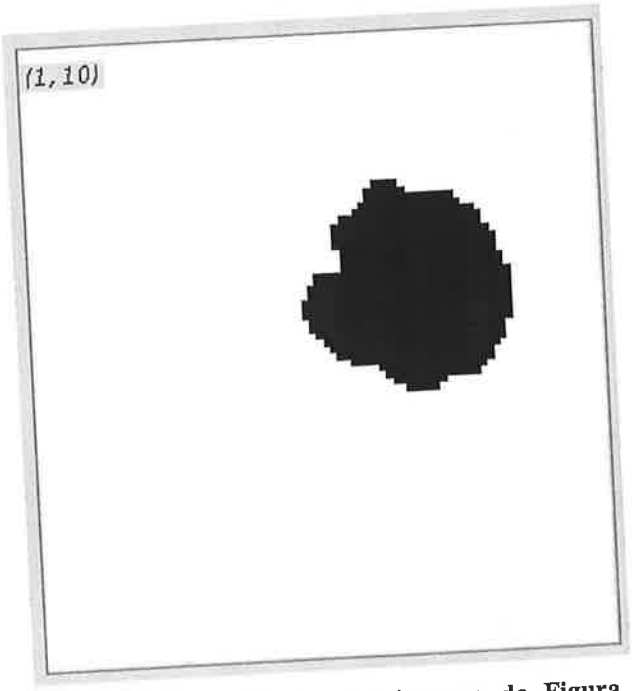


Figura 5.5. Resultado da segmentação sobre a imagem da Figura 5.4a. O coeficiente da morfologia foi zerado, removendo a restrição de forma.

5.2.3 Discussão e conclusões

Resultados preliminares mostraram-se satisfatórios, porém a função custo deve ser melhorada, principalmente no termo que reflete a morfologia. Percebe-se que a função *forma(i)* é pouco sensível às pequenas mudanças introduzidas pela incorporação de um voxel. Pesquisas futuras devem investigar melhores quantificações das informações "a priori", incluindo outras texturas [Wu, 1992] e informações contextuais mais adequadas ao objeto.

Além das vantagens mencionadas anteriormente, esta abordagem também é capaz de lidar com um objeto dentro de outro objeto, com pequena modificação no algoritmo.

Investigações futuras também podem ser direcionadas para o pós-processamento, refinando os resultados obtidos pela técnica apresentada, ou seja, segmentando o objeto em duas fases: a) pré-segmentação dos voxels baseado na função custo, e b) refinamento da segmentação usando técnicas recentes como Simulated Annealing, operações morfológicas e modelos volumétricos deformáveis [Ashton, 1995; Malladi, 1995].

Esforço considerável também deve ser dedicado à avaliação objetiva e automática da classificação binária em imagens n-dimensionais, tentando remover o caráter subjetivo das avaliações dos algoritmos nesta área.

5.3 Segmentação baseado em conectividade e expansão

A segmentação do miocárdio do ventrículo esquerdo (VE) é uma tarefa complexa, pois o mesmo está naturalmente conectado ao miocárdio do ventrículo direito, conforme mostra a figura 5.6. No caso da Ressonância Magnética (RM), fatores adicionais como não-homogeneidade, artefatos e ruído aumentam a dificuldade da classificação [Rajapakse,1997]. Qualquer abordagem utilizando apenas intensidade ou conectividade iria segmentar ambas as estruturas como um único objeto. Contudo, há a hipótese de que restrições de formato podem auxiliar na separação do miocárdio esquerdo.

Técnicas atuais de segmentação em imagens de RM incluem: detetores de contorno [Brummer, 1993; Chakraborty, 1996; Xuan, 1995], crescimento de região [Xuan, 1995; Shen, 1997], métodos estatísticos [Rajapakse, 1997; Kapur, 1996], *fuzziness* [Bezdek, 1992; Udupa, 1995] e redes neurais. No entanto, a maioria dos algoritmos apresenta bom desempenho para tipos específicos de imagens [Shen, 1997].

Neste trabalho, apresentamos uma abordagem volumétrica simples para a segmentação do miocárdio do VE em Ressonância Magnética, que consiste em duas fases: a) segmentação da cavidade do VE usando conectividade fuzzy; e b) expansão de camadas do músculo cardíaco a partir da superfície do endocárdio, mantendo aproximadamente este formato.

5.3.1 Método

Considerando que a cavidade do VE em imagens de RM é melhor delimitada e que, portanto, pode ser obtida com maior facilidade e precisão, o processo da separação do miocárdio do VE utiliza a superfície do endocárdio como base para a segunda fase.

O método proposto é semi-automático e volumétrico. O usuário fornece ao sistema uma amostra, em qualquer corte 2D, dos objetos de interesse: cavidade (CAVI) e miocárdio (MIOC). Estas amostras são utilizadas para a caracterização estatística dos objetos e como regiões iniciais de busca de voxels conectados de cada objeto. Extrai-se primeiro a cavidade usando conectividade fuzzy e a seguir o miocárdio mantendo aproximadamente o formato da superfície do endocárdio, conforme descritos a seguir.

Extração da cavidade do ventrículo esquerdo

A cavidade apresenta não-homogeneidades e estruturas como os músculos papilares, que têm textura semelhante ao miocárdio (figura 5.6a). Técnicas convencionais, como crescimento de regiões, não seriam capazes de delimitar a cavidade com precisão.

A técnica proposta é baseada na comparação *fuzzy* de conjuntos, nos quais a função de pertinência está relacionada com a conectividade do voxel com cada objeto (CAVI e MIOC), conforme mencionado a seguir. A conectividade considera a adjacência e a afinidade do voxel com o objeto.

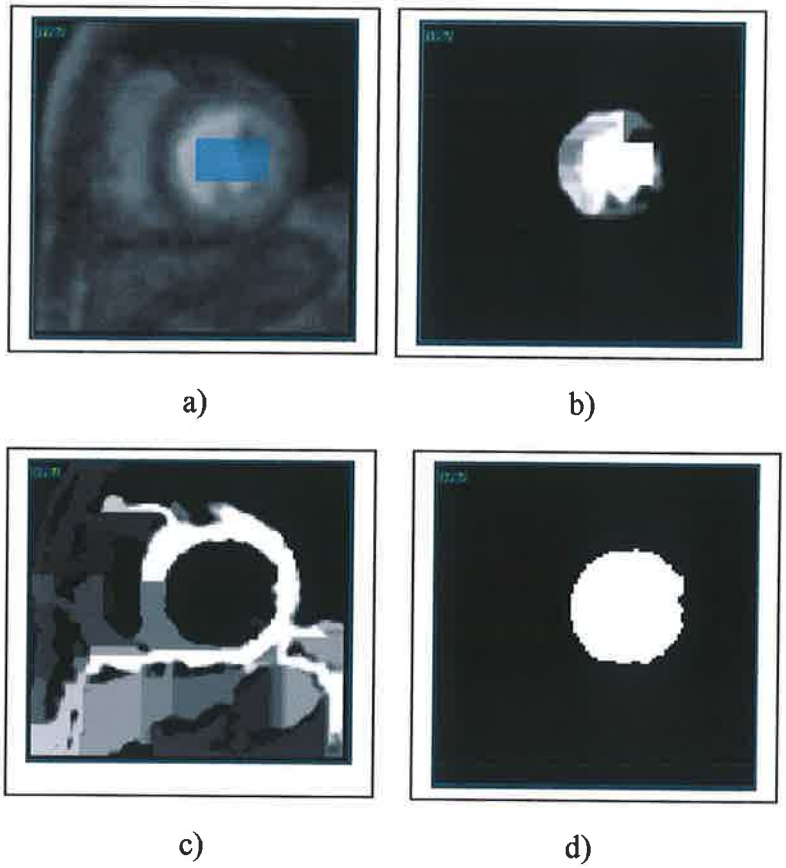


Figura 5.6. Exemplo de um corte (7 de 11) de um volume 3D do coração via RM: a) imagem adquirida com sobreposição de região retangular para amostra da cavidade; b) pertinência ao fuzzy set do VE; c) pertinência ao fuzzy set do miocárdio; d) extração da cavidade via conectividade competitiva.

Definindo o subconjunto *fuzzy* CAVI e MIOC:

$$\mathbf{CAVI}=\{(x, f_{CAVI}(\boldsymbol{x})) \mid \boldsymbol{x} \in \boldsymbol{D}\} \quad (5.20)$$

$$\mathbf{MYOC}=\{(x, f_{MYOC}(\boldsymbol{x})) \mid \boldsymbol{x} \in \boldsymbol{D}\} \quad (5.21)$$

No qual $\boldsymbol{D}$ representa o domínio da imagem no espaço Euclideano n-dimensional, tal que

$f_j : \boldsymbol{D} \rightarrow [0,1]$ e a função afinidade é a própria verossimilhança do voxel x pertencer a cada objeto.

Neste trabalho foi utilizado adjacência 6 e foi suposta que as distribuições das intensidades dos voxels são Gaussianas para cada objeto.

O voxel x é atribuído ao objeto CAVI se $f_{CAVI}(x) \geq f_{MYOC}(x)$. A figura 5.6 mostra algumas das fases descritas em um corte transversal cardíaco na modalidade de RM. Somente um atributo foi considerado (intensidade) por voxel. Figura 5.6 ilustra os valores de associação para CAVI e a figura 5.6 para o MIOC. Após a comparação dos subconjuntos *fuzzy*, tem-se a figura 5.6. Nota-se na figura 1c que o MIOC estende-se naturalmente para outras regiões além do miocárdio esquerdo.

Figura 5.7 mostra a visualização 3D da cavidade obtida.

Segmentação do miocárdio do VE

Considerando que o contraste entre o miocárdio do VE e estruturas vizinhas é baixo, torna-se necessário incluir informações *a priori,* tal como o formato, para se obter uma técnica mais robusta para a segmentação do MIOC.

A abordagem proposta é baseada na função custo para a incorporação de cada voxel ao MIOC. A função custo deve ser elevado para voxels não pertencentes ao objeto, como as bordas, fundo e estruturas cujo formato e posição são improváveis.

A partir da superfície do endocárdio, voxel conectado com custo mínimo de inserção e abaixo de um nível pré-estabelecido é incorporado de um modo ordenado por camadas de modo análogo à técnica descrita em 5.2. A função custo para a incorporação tem 3 termos: a) gradiente espacial para detectar bordas; b) textura para manter consistência com a amostra; e c) similaridade de formato com o endocárdio para restringir a inserção de voxels de outros órgãos com textura similar (figura 5.6):

$$cost(i)=max\{\alpha.grad^2(i),\beta.\ texture(i),\gamma.shape(i)\} \qquad (5.22)$$

grad (i) : magnitude do gradiente 3D local no voxel ***i*** e implementado usando as máscaras de Sobel [Gonzales, 1992];
texture(i) : diferença entre a média local dos atributos e a média amostral ($\underline{\mu}$) definida por:

$$texture(i)=(\underline{v}_i - \underline{\mu})^2 \qquad (5.23)$$

shape(i) : função que mede a disparidade entre a superfície atual com o voxel ***i*** e a do endocárdio (figura 5.8).

$shape(i)=max_{m,n}\{d_m - d_n \mid m,n \in N(i)\}$ (5.24)

d_k é a menor distância do voxel k à superfície do endocárdioace e $N(i)$ é o conjunto de voxels da superfície vizinhos a i, incluindo i. A janela usada foi de 5 x 5 x 5.

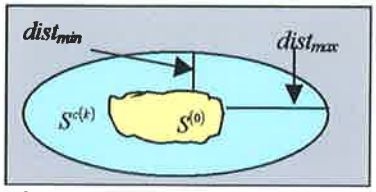
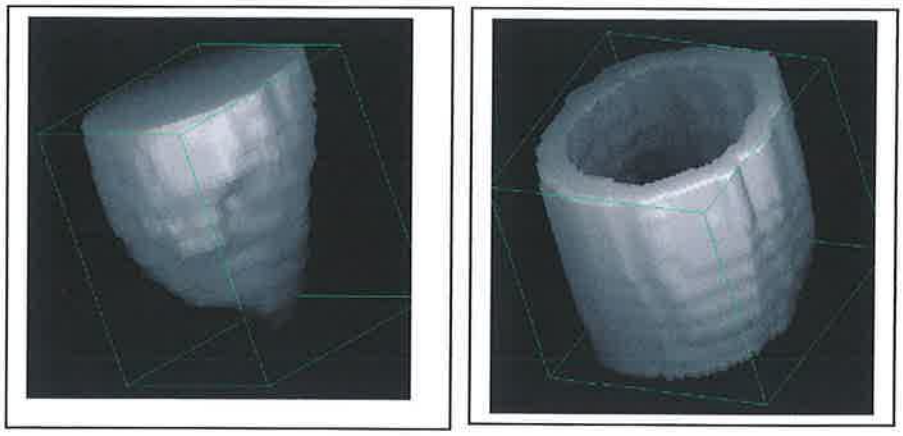


Figura 5.8. Ilustração dos parâmetros utilizados no cálculo da forma.

Os primeiros 2 termos da equação (5.22) são baseados em propriedades locais, enquanto que o terceiro fornece informações globais. Note que a posição de informação é também usada, uma vez que as amostras fornecidas pelo usuário são utilizadas como regiões iniciais.

Cada componente é normalizada para fornecer aproximadamente a mesma faixa de contribuição. Os pesos α e β podem estar relacionados com o desvio-padrão, de modo a normalizar a variabilidade de cada termo:

$\alpha=1/\mathrm{std}(grad^2)$ (6)
$\beta=1/\mathrm{std}(texture)$ (7)



a) b)

Figura 5.7. Visualização de: a) cavidade do VE após segmentação usando conectividade competitiva; b)miocárdio do VE após a aplicação do algoritmo de expansão do endocárdium.

Considerando que a superfície do endocárdio é conhecida nesta fase, o desvio-padrão e a média do MIOC podem ser estimados usando-se os voxels conectados e externos à esta superfície.

Para a maioria dos voxels pertencentes ao MIOC, a variabilidade dos termos $\alpha.grad^2(i)$ e $\beta.\ texture(i)$ será menor do que 1.0. Desse modo, o limiar (threshold) para a função custo pode ser fixado em:

$threshold=max\{\mathrm{avg}(grad^2), \mathrm{avg}(texture)\}+1.0$ (5.25)

Por outro lado, $\gamma.shape(i)$ (disparidade de distância) deve ser pequeno para superfícies similares ao endocárdio. Permitindo um máximo de 2 voxels de distância para disparidade, $\gamma.shape(i)$ será maior do que o nível 1.0 $(\gamma=1/2)$ para 3 ou mais voxels de disparidade. Portanto, o limiar pode ser fixado em 1.

Para reduzir o tempo de processamento, uma versão simplificada que não assegura a solução ótima foi implementada. Para cada iteração (camada), todos os voxels cujo custo de inserção estiver abaixo do limiar são incorporados. O algoritmo também requer como entrada um mapa de distância 3D à superfície do endocárdio, que pode ser obtida facilmente a partir do objeto CAVI [Grevera, 1996].

5.3.2 Resultados

Esta técnica foi aplicada em imagens sintéticas (*phantoms*) com 128 x 128 x 16 voxels e imagens cardíacas volumétricas de Ressonância Magnética sincronizadas com ECG (gated-MRI) com 104 x 104 x 11 voxels e dimensões 1.64 x 1.64 x 10.0 mm. O phantom contém somente um cilindro com parede de 12 voxels de espessura em um fundo com 48% de contraste. As imagens de RM foram adquiridas no equipamento Philips 1.5T Gyroscan. Os algoritmos foram implementados como módulos do 3DVIEWNIX [Udupa, 1994] em SUN Ultra-Sparc 1/140. O cálculo dos mapas de distância 3D para a cavidade levou em torno de 6 segundos.

Para a extração da cavidade, após a delimitação das amostras em qualquer corte, o sistema segmenta a estrutura automaticamente. De qualquer modo, ferramentas de edição são colocadas à disposição para eventuais correções, se necessários. Em estudos com *phantoms* com ruído aditivo Gaussiano de 12 dB, a classificação errônea foi inferior a 6% . Figuras 5.6 e 5.7 mostram os resultados para uma imagem de RM. O tempo de processamento foi em torno de 21 segundos.

A figura 5.9 mostra os resultados para a segmentação do miocárdio do VE baseado na cavidade: a) imagem adquirida (7° corte); b) resultado neste corte sem considerar restrições de formato (γ =0); c) segmentação considerando todos os termos; e d) procedimento manual. O tempo de processamento foi em torno de 4 segundos para todo o volume.

Figura 5.7b mostra uma projeção da estrutura tridimensional segmentada.

5.3.3 Discussão e conclusões

A segmentação do miocárdio 3D é complexa, e exige a utilização de conhecimentos a priori para evitar vazamentos no processo. Investigações ainda são necessárias para melhorar as funções de afinidade usadas na conectividade fuzzy, assim como a incorporação de informações de formato para a identificação do miocárdio.

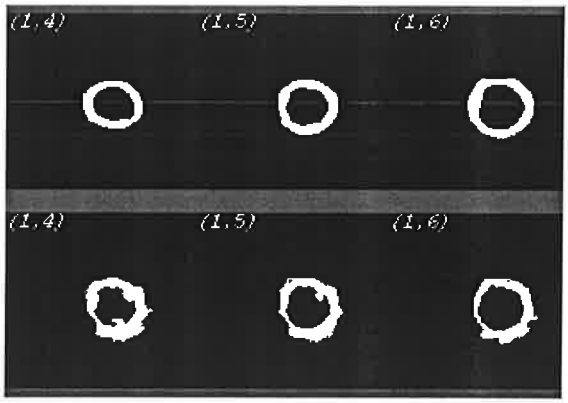


Figura 5.9. Resultados da segmentação do miocárdio da figura 1. Primeira linha: segmentação manual; segunda linha: técnica proposta.

A abordagem proposta pode potencialmente ser utilizada em dados de maior dimensionalidade como estruturas 3D dinâmicas. Esta técnica assegura a conectividade e utiliza algumas informações a priori tais como: posição, formato e o fato de que a cavidade é melhor delimitada do que o miocárdio. Contudo, a proposta supõe que os atributos são homogêneos para cada objeto de interesse (distribuição Gaussiana) e que o formato do epicárdio é suave e semelhante ao do endocárdio.

Esta abordagem também pode ser usada com outras modalidades de imagens e órgãos, pois a mesma estima os parâmetros dos objetos de interesse através de amostras fornecidas pelo usuário. Desse modo, variabilidades devido a calibração, resolução, ruído, órgão, modalidade e paciente são considerados.

5.4 *Refinamento da segmentação por* simulated annealing

O resultado da segmentação nem sempre é satisfatório, exigindo o refinamento automático ou edição interativa através do usuário. Neste trabalho, testamos a hipótese de se refinar a segmentação através de técnicas mais demoradas, porém otimizadas para determinados critérios. São apresentados dois algoritmos para refinar a segmentação de imagens. Os algoritmos de refinamento melhoram uma segmentação inicial através da adição e exclusão de voxels no contorno, seguindo critérios determinísticos e estocásticos. A metodologia foi avaliada sobre "phantoms" numéricos e aplicada a imagens de ressonância magnética.

5.4.1 Método

O trabalho consiste na implementação da técnica "expansão do balão" que é determinística, rápida e segmenta uma imagem a partir de uma semente fornecida pelo usuário, e na implementação de dois algoritmos de refinamento dessa segmentação nas bordas. A escolha entre estes dois algoritmos implica em um compromisso entre o tempo de execução e a qualidade do resultado.

Algoritmos de refinamento nas bordas

Os algoritmos de refinamento nas bordas partem de uma segmentação inicial $S^{(0)}$, aproximada ou não, e geram segmentações sucessivas. A cada passo é escolhido uniformemente um elemento do contorno/superfície. Cada elemento assim escolhido é eliminado da borda com probabilidade 1/2, ou um elemento da vizinhança 8 é adicionado com probabilidade 1/2. Na k -ésima iteração, a escolha entre a segmentação atual e a segmentação gerada é realizada através da minimização de uma função de energia, definida de tal maneira que quanto menor seu valor, melhor a qualidade da segmentação. Busca-se, desse modo, o estado de mínima energia.

A função de energia é formada pela contribuição dos valores normalizados da forma, da textura e do contraste da segmentação:

$$E(S^{(k)}) = \text{forma}\ (S^{(k)}) + \alpha.\text{textura}\ (S^{(k)}) + \text{contraste}\ (S^{(k)}) \qquad (5.26)$$

A medida para forma é análoga à utilizada para o algoritmo "expansão do balão":

$$\text{forma}(S^{(k)}) = [1 + \max\{0, dist_{\max} - dist_{\min} - tolerância_disparidade\}]/\mu_d \qquad (5.27)$$

A divisão por μ_d, a média de todas as distâncias, faz com que a segmentação tenda a crescer pois quanto maior a mesma, menor será o valor da forma.

A textura mede a discrepância de cada pixel i (v_i) com relação à média amostral $\hat{\mu}$:

$$\text{textura}\ (S^{(k)}) = \#(S^{(k)})^{-1} \sum_{i \in S^{(k)}} (v_i - \hat{\mu})^2 \qquad (5.28)$$

$\#(S^{(k)})$ é o número de elementos de $S^{(k)}$ (cardinalidade de $S^{(k)}$).

A textura é normalizada considerando o valor máximo que a mesma poderia assumir num caso ideal sem ruído, ou seja,

$$\alpha = 1/(\hat{\rho} - \hat{\mu})^2 \qquad (5.30)$$

O contraste nas bordas é uma adaptação do contraste de Rangayyan et al [1995] e é uma média dos contrastes locais sobre a normal a cada voxel i do contorno $C^{(k)}$:

$$\text{contraste}(S^{(k)}) = \min\left\{1, \max\left\{0, 1 - \beta.\sum_{i \in C^{(k)}} \sum_{k=0,n} \frac{(v_{i-k} - v_{i+k+1})^2}{k+1}\right\}\right\} \qquad (5.31)$$

Os pixels i, $i-1$, $i-2$, ..., $i-n$ pertencem ao interior da segmentação $S^{(k)}$ e os pixels $i+1$, $i+2$, ..., $i+n+1$ pertencem ao exterior da segmentação. O contraste é normalizado considerando-se o valor máximo que o mesmo poderia assumir num caso ideal (sem ruído)

$$\beta = \left(\sum_{k=0,n} (\hat{\mu} - \hat{\rho})^2 / k+1\right)^{-1} \qquad (5.32)$$

O termo do contraste só é utilizado na fase de convergência do algoritmo. Nesta

$\Delta E = E(S^{(k)}) - E(S^{(c)})$
se ($\Delta E < 0$)
$S^{(c)} \leftarrow S^{(k)}$

a)

$\Delta E = E(S^{(k)}) - E(S^{(c)})$
se ($\Delta E < 0$)
$S^{(c)} \leftarrow S^{(k)}$
senão
$P = e^{-\Delta E / T^{(k)}}$
se $u[0,1) < P$
$S^{(c)} \leftarrow S^{(k)}$

b)

Figura 5.10. Pseudo-código do algoritmo de refinamento nas bordas: (a) por técnica híbrida; (b) utilizando SA.

implementação estabeleceu-se que esta condição se cumpre quando o número de tentativas mal sucedidas, de trocar a segmentação atual $S^{(c)}$ por $S^{(k)}$, exceder $\#\left(C^{(c)}\right)$.

A escolha entre $S^{(c)}$ e $S^{(k)}$ é realizada de acordo com o esquema da Figura 5.10(a) para o refinamento nas bordas por técnica híbrida, e de acordo com o esquema da Figura 5.10(b) para o refinamento nas bordas utilizando simulated annealing (AS). O parâmetro $T^{(k)}$ é a temperatura do "annealing" na k-ésima iteração.

No caso do refinamento por técnica híbrida, a condição de parada ocorre na mesma condição de convergência, porém para $2\#\left(C^{(c)}\right)$, o que significa que cada pixel/voxel do contorno/superfície, foi visitado, em média, duas vezes. No caso do refinamento utilizando SA, o fim da execução acontece quando $T^{(k)} \leq T^{(f)}$, onde $T^{(f)}$ é a temperatura final definida pelo usuário.

5.4.2 Resultados

Os algoritmos de refinamento nas bordas convergiram ao se utilizar isoladamente os termos da função de energia: forma $(S^{(k)})$ e textura $(S^{(k)})$, e também ao utilizar ambos conjuntamente: forma $(S^{(k)}) + \alpha$.textura $(S^{(k)})$.

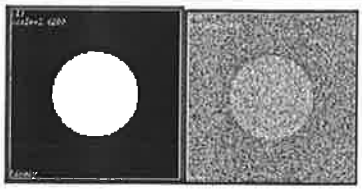


Figura 5.11: (d) Imagem de referência (e) "Phantom" com SNR 2.

Para os testes de robustez ao ruído foi projetada uma imagem de referência considerando-se as dimensões e contrastes típicos encontrados em imagens de ressonância. A imagem de referência (Figura 5.11a) de 100 x 100 pixels, com intensidade de fundo ("background") de 100 unidades, contém um círculo com diâmetro de 50 pixels, centrado, com intensidade média de 140. Foi considerado também o efeito de volume parcial, típico em imagens de ressonância em que um voxel na fronteira de dois tecidos (por exemplo, miocárdio e ventrículo esquerdo), tem intensidade equivalente à média das intensidades dos dois tecidos. O ruído simulado [Staib, 1996] foi do tipo Gaussiano, aditivo, com média zero e desvio padrão s. A relação sinal-ruído foi definida como $\text{SNR} = (140-100)/s$.

A medida de erro utilizada é $\text{Erro} = (\#(\textit{Ideal XOR Obtida})/\#(\textit{Ideal}))\times 100$, que mede a percentagem de falsos positivos e falsos negativos, e está associada com a medida de erro

de volume na prática clínica. O erro de segmentação e o tempo de processamento para SNR=10, 5, 4, 3 e 2 podem ser observados nas Tabelas 5.1 e 5.2 respectivamente. Nota-se a melhora na qualidade da segmentação às custas de tempo de processamento que aumenta mais de 3 ordens de grandeza usando-se a abordagem estocástica.

Tabela 5.1: Erros de segmentação (%) comparando a pré-segmentação usando a expansão do balão, e após refinamentos híbrido e por simulated annealing.

SNR / **Método**	10	5	4	3	2
"Expansão do balão"	4,14	3,89	5,01	6,27	4,04
Refinamento híbrido	3,18	3,49	3,03	5,02	3,89
Refinamento por SA	1,46	1,16	1,82	2,53	2,63

Tabela 5.2: Tempo de execução em segundos (Ultra Sparc 1/140)

SNR / **Método**	10	5	4	3	2
"Expansão do balão"	2,1	3,1	3,1	3,2	3,1
Refinamento híbrido	1402,2	1560,1	1342,1	1343,1	2077,1
Refinamento por SA	2731,3	2039,1	9250,9	11966,1	14497,1

5.4.3 Discussão e conclusões sobre refinamento

Os erros obtidos são baixos e, no caso dos algoritmos de refinamento nas bordas, poderiam ser melhorados se o número de iterações fosse aumentado. Ressalte-se que o erro de classificação de apenas uma camada de pixels (aproximadamente 220 pixels) corresponde a aproximadamente 11,5% de erro. Devido à complexidade das imagens médicas, a simples utilização de medidas de intensidade torna-se insuficiente. Por este motivo, a incorporação de restrições baseadas em atributos de morfologia é necessária, principalmente em aquelas situações onde apenas um clínico treinado consegue resolver satisfatoriamente como, por exemplo, na presença de tecidos com texturas similares. A abordagem de refinamento nas bordas pode ser utilizada para processos onde a precisão é crítica, como é o caso da obtenção de "gold standards".

6 Conclusões

A determinação precisa da evolução temporal, ponto a ponto, de contornos em imagens médicas continua sendo um enorme desafio, sobretudo para órgãos complexos como o coração.

Uma abordagem, usada neste trabalho, é realizar primeiro a segmentação (para obtenção dos contornos), e posteriormente mapear os pontos dos contornos.

Dependendo do órgão, da modalidade, e da finalidade de processamento, pode-se empregar várias técnicas de segmentação. A segmentação "*fuzzy* baseado em distribuição de atributos" (seção 5.1) é uma opção interessante quando também se busca a visualização das fronteiras entre tecidos. Visando-se a evolução temporal dos músculos do coração, uma alternativa a ser considerada é a segmentação baseada em conectividade e expansão (seção 5.3), pois este método leva em conta informações a priori para se determinar o miocárdio. O refinamento por *simulated annealing* (seção 5.4) pode ser usado para avaliações objetivas de algoritmos de segmentação.

Tendo-se os contornos, o *tracking* pode ser obtido eficientemente através de contornos intermediários interpolados (seção 4.1). Contudo, esta solução pode ser apenas sub-ótima. A abordagem baseada em "curvatura implícita entre contornos" (seção 4.2) assegura solução discreta ótima, sendo também de simples implementação para casos 3D.

7 Agradecimentos

O desenvolvimento de vários aspectos do tema aqui apresentado contou com o suporte da FAPESP (97/14206-5) e FINEP 66.94.0138.

8 Referências Bibliográficas

1. Accame M, Natale F G B, Granelli F. Efficient labeling procedures for image partition encoding. Signal Processing, vol. 80: 1127-1131, 2000.
2. Amini A A, J. S. Duncan, "Pointwise tracking of left-ventricular motion in 3D", *Proc. IEEE Workshop Visual Motion* **1991**, pp.294-300, 1991.
3. ASHTON E.A., PARKER K.J., BERG M.J., CHEN C.W. (1995) "A novel volumetric feature extraction technique, with applications to MR images", Proceedings of the International Conference on Image Processing, Washington DC, IEEE Press, 1995, pages 564-567.
4. BALLARD, D.H. and BROWN, C.M. *Computer Vision*, Prentice Hall, 1982.
5. BEZDEK J.C., PAL S.K. (1992) *Fuzzy models for pattern recognition*, New York: IEEE Press, 1992.
6. Bezdek JC, Pal SK Fuzzy models for pattern recognition, New York: IEEE Press, 1992.
7. Borgefors G. On digital distance transforms in three dimensions. Computer Vision and Image Understanding, vol. 64(3):368-376, November 1996.
8. BOUDRAA A.E.O., MALLET J.J., BESSON J.E., BOUYOUCEF S.E., CHAMPIER J. (1993) "Left ventricle automated detection method in gated isotopic ventriculography using fuzzy clustering", *IEEE Transactions on Medical Imaging*, volume. 12, number 3, pages 451-465, September 1993.
9. BRUMMER M.E., MERSEREAU R.M., EISNER R.L., LEWINE R.R.J. (1993) "Automatic detection of brain contours in MRI data sets", *IEEE Transactions on Medical Imaging*, volume 12, number 2, pages 153-166, June 1993.
10. Chakraborty A, Staib LH, Duncan JS. Deformable boundary finding in Medical Images by Integrating Gradient and Region Information. IEEE Transactions on Medical Imaging 1996; 15(6):859-870.
11. Cohen I, Ayache N and Sulger P (1992) "Tracking Points on Deformable Objects Using Curvature Information". Proc European Conf Computer Vision, p. 459-466, 1992.
12. Cohen I, Herlin I. Tracking meteorological structures through curves matching using geodesic paths. In: IEEE Proceedings of the International Conference on Computer Vision, Bombay, India, January 1998.
13. COLLINS D.L., PETERS T.M., EVANS A.C. (1992) "Multiresolution image registration and brain structure segmentation", *Proc. of the Satellite Symposium on 3D Advanced Image Processing in Medicine*, Rennes, France, Nov.2-4, 1992, pp. 105-109.
14. Costa, L.F., Cesar Jr., R. M., *Shape analysis and classification: theory and practice*.CRC Press, Boca Raton, 2001
15. FUKUNAGA K. (1992) *Introduction to Statistical Pattern Recognition*, Academic Press, London, 1992, 2nd edition.
16. Furuie, S. S.; Jara, G. E.; Rebelo, M. S.; Melo, C. P. "Segmentação do ventrículo esquerdo cardíaco usando modelo de expansão de balão", *Revista Brasileira de Engenharia - Caderno de Engenharia Biomédica*, 12(3): 99-107, 1996.
17. Furuie, S.S.,Dias, A.V.(2001), "Shape-Based Approach For Pointwise Tracking Of Contours", *IEEE Computers In Cardiology*, v.28, p. 437-440. ISSN 0276-6547
18. Garrido, G.E.J.; Furuie, S. S.; Frery, A.C. Refinamento da segmentação 2D do ventrículo esquerdo em imagens de ressonância magnética baseado em simulated annealing. PhD thesis, 1998, INPE.

19. Geiger D., Gupta A., Costa L. A. and Vlontzos J. (1995). "Dynamic Programming for Detecting, Tracking and Matching Deformable Contours ". IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, v. 17, n. 3, p. 294-302, Mar 1995.
20. Gonzales RC, Woods R - *Digital image Processing* - Third Edition, Addison Wesley, 1992.
21. Grevera G J, Udupa J K. Shape-based interpolation of multidimensional grey-level images. IEEE transactions on medical imaging. Vol. 15(6):881-892 , December, 1996.
22. GUSTAFSON D.E., KESSEL W.C. (1979) "Fuzzy clustering with a fuzzy covariance matrix", *Proc. IEEE CDC*, San Diego, CA, pages 761-766, January 10-12, 1979.
23. Howing F, Dooley L S, Wermser D. Fuzzy active contour model. IEE Proc Vis. Image Signal Processs. vol. 147(4):323-330, August 2000.
24. JOHNSON R.A., WICHERN D.W. (1992) *Applied Multivariate Statistical Analysis*, Englewood Cliffs: Prentice Hall, Third Edition, 1992.
25. JOLIOT M., MAZOYER B.M. (1993) "Three-dimensional segmentation and interpolation of magnetic resonance brain images" ,*IEEE Transactions on Medical Imaging*, volume 12, number 2, pages 269-277, June 1993.
26. Li, S. Z. *Markov Random Field Modeling in Computer Vision.* New York, Tosiyasu L. Kunii, 1995.
27. LOBREGT S., VIERGEVER M.A. (1995) "A discrete dynamic contour model", *IEEE Transactions on Medical Imaging*, volume 14, number 1, pages12-24, March 1995
28. Kapur, T., Grimson, W. E. L.; Wells III, W. M.; Kikinis R. "Segmentation of brain tissue from magnetic resonance images", *Medical Image Analysis* (1996), 1(2): 109-127.
29. Kindermann, R.; Snell, J. L. *Markov Random Fields and Their Applications.* Providence, R. I.: American Mathematical Society.
30. Magalhaes, M. N., Lima, A. C. P. (2002) *Noções de Probabilidade e Estatística,* Editora da Universidade de São Paulo – EDUSP, 4ª edição, 2002, São Paulo, ISBN 85-314-0677-3.
31. MALLADI R., SETHIAN J.A., VEMURI B.C. (1995) "Shape modeling with front propagation: a level set approach", *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, volume 17, number 2, pages 158-175, Feb 1995.
32. Papademetris X, Sinusas A J, Dione D P, Duncan J S. Estimation of 3D left ventricular deformation from echocardiography. Medical Image Analysis 5(1):17-28, March 2001.
33. Rajapakse JC, Giedd JN, Rapoport JL. Statistical Approach to Segmentation of Single-Channel Cerebral MR Images. IEEE Transactions on Medical Imaging 1997; 16(2):176-186.
34. Rangayyan, R. M.; Elkadiki, S. G.. Algorithm for the computation of region-based image edge profile acutance. *Journal of Electronic Imaging*. 4(1): 62-70, Jan., 1995.
35. Santos AC. Estimativa do fluxo sanguíneo coronariano através de imagens de cineangiografia. Tese de doutorado. Departamento de Eng. Eletricidade, Escola Politécnica da Universidade de São Paulo, 02/10/2000, p. 179.
36. Sethian J A. Level Set Methods and Fast Marching Methods. Cambridge University Press, 1996, 1999. Second Edition.
37. Shen L, Rangayyan RM. A Segmentation-based Lossless Image Coding Method for High Resolution Medical Image Compression. IEEE Transactions on Medical Imaging 1997; 16(3):301-307.

38. Staib, L. H.; Duncan, J. S. Model-based deformable surface finding for medical images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 15(5):720-731, Oct., 1996.
39. Terzopoulos D, Metaxas D. Dynamic 3D models with local and global deformations: deformable superquadrics. IEEE Transactions on PAMI, vol. 13(7):703-714, July 1991.
40. UDUPA J.K., ODHNER D., SAMARASEKERA S., GONCALVES R., IYER K., VENUGOPAL K., FURUIE S., (1994) "3DVIEWNIX: an open, transportable, multidimensional, multimodality, multiparametric imaging software system", SPIE volume 2164, pages 58-73, 1994.
41. UDUPA J.K., Samarasekera, S. (1995) Fuzzy Connectedness and object definition, Proceedings of the Medical Imaging 1995, Society of Photo-Optical Instrumentation Engineers, vol. 2431, pp. 2-11, 26-28 February 1995, San Diego, CA.
42. Udupa J K, Herman G T (2002). Guest editorial – Medical Image Reconstruction, Processing, Visualization, and Analysis: the MIPG perspective. IEEE Transactions on Medical Imaging, vol. 21 (4):281-295, April 2002.
43. UDUPA J.K., HERMAN G.T. (1991) *3D Imaging in Medicine*, CRC Press, Boca Raton, FL, 1991.
44. Udupa J. K. (2000). "3D Imaging: Principles and Approaches". In: 3D Imaging in Medicine. Eds: J. K. Udupa and G. T. Herman, CRC Press, 2ª edition.
45. WU C., CHEN Y., HSIEH K. (1992) "Texture features for classification of ultrasonic liver images", *IEEE Transactions on Medical Imaging*, volume. 11, number 2, pages 141-152, June 1992.
46. XUAN J., ADALI T., WANG Y. (1995) "Segmentation of Magnetic Resonance brain image: integrating region growing and edge detection", Proceedings of the International Conference on Image Processing, Washington DC, IEEE Press, 1995, pages 544-547.
47. Young A A, Axel L. Three dimensional motion and deformation of the heart wall: estimation with Spatial Modulation of Magnetization – A model-based approach. Radiology, vol. 185:241-247, 1992.

9 Anexos

9.1 Estimativa da curvatura gaussiana via level sets

Curv(u)= $\nabla.\mathbf{n}$ (4.7)

Onde **n**: vetor normal ao contorno no ponto u.

Seja f(x,y) a função level set. Então, da equação 4.8:

n $=\nabla f / |\nabla f|$

Para o caso do contorno 2D, tem-se:

$$n = \frac{(f_x.u_x + f_y.u_y)}{\sqrt{f_x^2 + f_y^2}} \tag{8.1}$$

onde f_x, f_y : derivadas parciais em x e y, respectivamente

u_x , u_y: vetores unitários nas direções x e y, respectivamente.

Da equação 4.7, tem-se:

$$\text{Curv(x,y)}= \left(\frac{\partial}{\partial x}.u_x + \frac{\partial}{\partial y}.u_y\right)\frac{(f_x.u_x + f_y.u_y)}{\sqrt{f_x^2 + f_y^2}} \tag{8.2}$$

$$= \frac{(f_{xx}.f_y^2 - 2f_{xy}.f_x.f_y + f_{yy}.f_x^2)}{\sqrt{(f_x^2 + f_y^2)^3}} \tag{8.3}$$

onde f_{xx}, f_{xy} , f_{yy}: derivadas parciais de segunda ordem

De forma análoga, para o caso 3D, tem-se:

Curv(x,y,z)=

$$\frac{(f_x^2(f_{yy} + f_{zz}) + f_y^2(f_{xx} + f_{zz}) + f_z^2(f_{xx} + f_{yy}) - 2f_x.f_y.f_{xy} - 2f_x.f_z.f_{xz} - 2f_y.f_z.f_{yz})}{\sqrt{(f_x^2 + f_y^2 + f_z^2)^3}} \tag{8.4}$$

Numericamente, as derivadas parciais das equações 8.3 e 8.4 podem ser estimadas por diferenças finitas [Sethian, 1999]. Supondo grade retangular uniforme ($\Delta x= \Delta y=\Delta z=1$), tem-se:

$$
\begin{aligned}
f_x(i,j,k) &= \frac{\left(f(i+1,j,k) - f(i-1,j,k)\right)}{2} \\
f_y(i,j,k) &= \frac{\left(f(i,j+1,k) - f(i,j-1,k)\right)}{2} \\
f_z(i,j,k) &= \frac{\left(f(i,j,k+1) - f(i,j,k-1)\right)}{2}
\end{aligned}
\tag{8.5}
$$

$$
\begin{aligned}
f_{xx}(i,j,k) &= f(i+1,j,k) - 2f(i,j,k) + f(i-1,j,k) \\
f_{yy}(i,j,k) &= f(i,j+1,k) - 2f(i,j,k) + f(i,j-1,k) \\
f_{zz}(i,j,k) &= f(i,j,k+1) - 2f(i,j,k) + f(i,j,k-1)
\end{aligned}
\tag{8.6}
$$

$$
\begin{aligned}
f_{xy}(i,j,k) &= \frac{f(i+1,j+1,k) + f(i-1,j-1,k) - f(i-1,j+1,k) + f(i+1,j-1,k)}{4} \\
f_{xz}(i,j,k) &= \frac{f(i+1,j,k+1) + f(i-1,j,k-1) - f(i-1,j,k+1) + f(i+1,j,k-1)}{4} \\
f_{yz}(i,j,k) &= \frac{f(i,j+1,k+1) + f(i,j-1,k-1) - f(i,j+1,k-1) + f(i,j-1,k+1)}{4}
\end{aligned}
\tag{8.7}
$$

9.2 lista de artigos publicados em revistas e congressos pelo autor referente a este tema

1. J.K.Udupa, D.Odhner, S.Samarasekera, R.Goncalves, K.Iyer, S.Sharma, K.Venugopal, S.Furuie, "The 3DVIEWNIX software system user manual", Technical Report no. MIPG203, Medical Image Processing Group, Department of Radiology, University of Pennsylvania, Oct. 1993, 316p
2. J.K.Udupa, D.Odhner, S.Samarasekera, R.Goncalves, K.Iyer, S.Sharma, K.Venugopal, S.Furuie, "The 3DVIEWNIX software system Library Reference Manual", Medical Image Processing Group, Department of Radiology, University of Pennsylvania, December 1993, 221p
3. J.K. Udupa, D. Odhner, S. Samarasekera, R. Goncalves, K. Iyer, K. Venugopal, S. Furuie, "3DVIEWNIX: an open, transportable, multidimensional, multimodality, multiparametric imaging software system", SPIE vol.2164, pp.58-73, 1994.
4. S.S. Furuie, L.A. Moura, J.K. Udupa, "Classificação de imagens 3D baseado em vetor de atributos", Revista Brasileira de Engenharia - Caderno de Engenharia Biomédica RBE-CEB, vol.12(3), 1996, p.75-86.
5. S.S. Furuie, G.E. Jara, M.F.S. Rebelo, C.P. Melo, "Segmentação do ventrículo esquerdo cardíaco usando modelo de expansão de balão", Revista Brasileira de Engenharia - Caderno de Engenharia Biomédica RBE-CEB, vol 12(3), 1996, p.99-108.
6. S.S. Furuie, M.F.S. Rebelo, M.A. Gutierrez, C.P.Melo "Segmentation of Left Ventricle Myocardium in MRI using Endocardium Layer Expansion", IEEE Computers in Cardiology 1997, vol.24, pg. 141-144
7. L.C. Parzianello, S.S. Furuie, L.A. Moura, "Determinação automática das regiões de interesse em estudos de ventriculografia radioisotópica", Revista Brasileira de Engenharia - Caderno de Engenharia Biomédica RBE-CEB, vol. 13(3):115-126, julho de 1997.
8. S.S. Furuie, G.E. Jara, M.F.S. Rebelo, L.C. Parzianello, M.A Gutierrez "Segmentação do Miocárdio do Ventrículo Esquerdo em Ressonância Magnética", SIBGRAPI'97, Campos de Jordão, 14-18 de outubro, 1997, 5pg.
9. S.S. Furuie, GEJ Garrido, "Incorporando Conhecimentos de Morfologia na Segmentação de Imagens Médicas 2D e 3D", Anais do IV Forum Nacional de Ciência e Tecnologia em Saúde, Curitiba, PR, 1998, pp.481-482.
10. S S Furuie, MS Rebelo, MA Gutierrez, CP Melo "Assessment of 3D Myocardium Segmentation in MRI using endocardium layer expansion model", IEEE Computers in Cardiology'1998, IEEE Press, pp.661-664
11. G.E.J. Garrido, S.S. Furuie, MA Gutierrez, A.C. F. Orgambide "Refinement of Left Ventricle Segmentation in MRI based on Simulated Annealing", Proc. of the 20th International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society, IEEE Press, Hong Kong, 1998, p. 598-601.
12. AC Santos, SS Furuie, MA Gutierrez "Estimation of Coronary Blood Flow by Contrast Propagation using Simulated X-Ray Angiography", IEEE Computers in Cardiology' 99, pp. 379-382.
13. GEJ Garrido, S.S. Furuie, AC Frery "Refinamento da segmentação do ventrículo cardíaco esquerdo em imagens de Ressonância Magnética baseado em simulated annealing", Revista Brasileira de Engenharia Biomédica, v.16,n.2, p.71-82, mai-ago 2000.
14. Doria AS, Rebelo MS, Castro CC, Naka E, Lotito APN, Sallum A, Zapata ALC, Silva CA, Kiss MHB, Furuie SS, Cerri GG. Análise Comparativa entre aquisição tri (3D) e bidimensional (2D) em ressonância magnética – aplicabilidade clínica em joelhos em artrite reumatóide juvenil (ARJ). Radiol Bras 2000;33:129-137.
15. Santos A C, Furuie S S. Estimativa de Fluxo Sanguíneo nas Artérias Coronárias usando imagens de Cineangiografia. Boletim Técnico da Escola Politécnica da USP, Dept. Engenharia de Telecomunicações e Controle. BT/PTC/0020, p1-14. ISSN 1517-3550. São Paulo, 2000.

16. GF Busatto, DR Zamignani, CA Buchpiguel, GEJ Garrido, MF Glabus, ET Rocha, AF Maia, Mc Rosario-Campos, CC Castro, SS Furuie, MA Gutierrez, PK McGuire, EC Miguel "A voxel-based investigation of regional cerebral blood flow abnormalities in obsessive-compulsive disorder using single photon emission computed tomography (SPECT)", Psychiatry Research: Neuroimaging Section,v.99 (2000), p. 15-27.
17. AC Santos, SS Furuie. Coronary Movement Analysis using X-ray Cineangiographic Images. Computers In Cardiology, vol. 27, pg. 679-682
18. A.C.dos Santos; S.S.Furuie. Correspondência de Pontos em Sequência de Artérias Coronárias. Revista Brasileira de Engenharia Biomédica, vol. 17(1):19-27, jan/abr/2001, ISSN 1517-3151.
19. S S Furuie, A V Dias. Shape-Based Approach For Pointwise Tracking Of Contours. In: Computers In Cardiology 2001. Vol. 28: 437-440. Rotterdam, September 23-26, 2001. ISSN 0276-6547
20. A C Santos, S S Furuie. Estimation Of Coronary Blood Flow By Contrast Propagation Using X-Ray Angiographic Images A.C. Santos, SF In: Computers In Cardiology 2001. Vol. 28: 445-448. Rotterdam, September 23-26, 2001. ISSN 0276-6547
21. Furuie S S, Santos A C. Estimation of Coronary Blood Flow using Cineangiographic images. Radiology, vol. 221 (P), supplement RSNA 2001. Pg. 158.
22. AC Santos, SS Furuie, JCB Figueiredo. Tracking points in sequence of arteries in cineangiography. In: Medical Imaging 2001: Physiology and Function from Multidimensional Images. Chin-Tu Chen; Anne V Clough; Eds, Proceedings of SPIE. Vol. 4321:450-457. ISBN 0-8194-4007-8.
23. Furuie S S, Dias A V. A robust pointwise tracking of contours. *In Medical Imaging 2002: Image Processing, Milan Sonka, J. Michael Fitzpatrick, Editors, Proceedings of SPIE* Vol. 4684, page 1751-1758 (2002). 23-28 February 2002 San Diego, California USA., ISSN 1605-7422, ISBN: 0-8194-4429-4
24. Gutierrez M A, Pilon P E, Lage S G, Kopel L, Carvalho R T, Furuie SS. Assessment of carotid diameter and wall thickness in ultrasound images using active contours improved by a multiresolution technique. *In Medical Imaging 2002: Physiology and Function from Multidimensional Images, Anne V. Clough, Chin-Tu, Editors, Proceedings of SPIE* Vol. 4683, page 248-255 (2002) SPIE 1605-7422. 23-28 February 2002 San Diego, California USA.
25. (aceito) GEJ Garrido, SS Furuie, CA Buchpiguel, CMC Bottino, OP Almeida, CG Cid, CHP Camargo, CC Castro, MF Glabus, GF Busatto. RELATIONSHIP BETWEEN MEDIAL TEMPORAL ATROPHY AND FUNCTIONAL BRAIN ACTIVITY DURING MEMORY PROCESSING IN ALZHEIMER'S DISEASE: A COMBINED MRI AND SPECT STUDY. Journal of Neurology, Neurosurgery and Psychiatry, 29 pgs
26. (aceito) Geraldo F. Busatto, Griselda E. J. Garrido, Osvaldo P. Almeida, Claudio C. Castro, Cândida H. P. Camargo, Carla G. Cid, Carlos A. Buchpiguel , Sergio Furuie & Cassio M. Bottino A voxel-based morphometry study of temporal lobe grey matter reductions in Alzheimer's disease. Neurobiology of Aging (www.elsevier.com/locate/neuaging). 33pgs