

UNIVERSIDADE FEDERAL DO MARANHÃO
CENTRO DE CIÊNCIAS EXATAS E TECNOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ENGENHARIA DE ELETRICIDADE

JOÃO RODRIGO FERREIRA DA SILVA SOUSA

**METODOLOGIA PARA DETECÇÃO AUTOMÁTICA DE NÓDULOS
PULMONARES**

São Luís

2007

JOÃO RODRIGO FERREIRA DA SILVA SOUSA

**METODOLOGIA PARA DETECÇÃO AUTOMÁTICA DE NÓDULOS
PULMONARES**

Dissertação de Mestrado submetida à
Coordenação do Programa de Pós-Graduação
em Engenharia de Eletricidade da UFMA como
parte dos requisitos para obtenção do título de
Mestre em Ciência da Computação.

Orientador: Prof. Dr. Aristófanés Corrêa Silva

Co-orientador: Prof. Dr. Anselmo C. Paiva

São Luís

2007

Sousa, João Rodrigo Ferreira da Silva.

Metodologia para detecção automática de nódulos pulmonares / João Rodrigo Ferreira da Silva Sousa. – 2007.

967

Impresso por computador (fotocópia).

Orientador : Aristófares Corrêa Silva.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Maranhão,
Programa de Pós-Graduação em Engenharia de Eletricidade, São Luís,
2008.

1. Processamento de imagens. 2. Nódulo pulmonar - diagnóstico por imagens. 3. Nódulo pulmonar - detecção automática. I. Silva, Aristófares Correa, orient. II. Título.

CDU 004.932

JOÃO RODRIGO FERREIRA DA SILVA SOUSA

**METODOLOGIA PARA DETECÇÃO AUTOMÁTICA DE NÓDULOS
PULMONARES**

Dissertação de Mestrado submetida à
Coordenação do Programa de Pós-Graduação
em Engenharia de Eletricidade da UFMA como
parte dos requisitos para obtenção do título de
Mestre em Ciência da Computação.

Aprovada em ____ / ____ / 2007

Prof. Dr. Aristófanés Corrêa Silva
(Orientador)

Prof. Dr. Anselmo Cardoso de Paiva
(Co-orientador)

(Membro da Banca Examinadora)

(Membro da Banca Examinadora)

À minha família.

AGRADECIMENTOS

Agradeço aos meus pais, Haroldo e Zuleide, que sempre ofereceram as oportunidades certas e o apoio necessário.

Ao meu orientador professor Aristófanes Corrêa Silva pela sincera dedicação com a qual orientou o desenvolvimento deste trabalho e pelo empenho e presteza que demonstrou em nossos debates.

A Anselmo, o co-orientador, sempre disponível para ajudar e incentivar e sempre acreditando no potencial de seus alunos.

Ao Prof. Rodolfo e a equipe do CUCC pelas orientações na área médica e pela base de dados fornecida.

Aos alunos do curso, que muito auxiliaram com idéias, críticas ou mesmo só comparecendo aos seminários para oferecer apoio.

Aos muitos que não foram citados, mas que não foram esquecidos.

“Não sabendo quer era impossível, foi lá e fez”.

RESUMO

O câncer de pulmão é uma enfermidade com prevalência significativa em diversos países no mundo todo. O difícil tratamento e a progressão rápida da doença fazem com que os índices de mortalidade das pessoas acometidas por este mal sejam muito altos.

O principal fator contribuinte para um tratamento de sucesso, entretanto, é o diagnóstico precoce. Contudo possíveis omissões na análise dos exames podem levar a um diagnóstico tardio, comprometendo todo o tratamento.

Com o intuito de oferecer uma alternativa computacional de auxílio à detecção de nódulos, servindo como uma segunda opinião para o médico, este trabalho propõe uma metodologia totalmente automática, robusta e consistente.

A metodologia é fundamentada em refinamentos sucessivos da segmentação sobre imagens de tomografia computadorizada utilizando técnicas morfológicas para a obtenção de candidatos a nódulo. A redução de falsos positivos é efetivada pelo SVM com base em características geométricas e de textura.

Os testes realizados com exames reais indicam a viabilidade da solução proposta. Na detecção automática realizada sobre 33 casos a metodologia atingiu 95,21% de acerto com uma média de 0,42 falsos positivos e 0,15 falsos negativos por exame.

Palavras-chave: CAD, detecção automática de nódulos pulmonares, processamento de imagens, SVM, caracterização de nódulo.

ABSTRACT

The lung cancer is a disorder with significant prevalence in several countries worldwide. The hard treatment and the fast progress of the disease increase the mortality rates.

The main factor contributing to a successful treatment is an early diagnosis. However possible omissions in the scan analysis can lead to late diagnosis, compromising all the treatment.

In order to present a computational tool aimed at nodules detection, that can be used as a second opinion to the specialist, this master thesis proposes a methodology for nodules detection that is totally automatic, robust and consistent.

The methodology is based on successive refinements for the segmentation of computed tomography images using morphologic techniques to obtain nodule candidates. The false positive reduction is achieved by SVM based on geometric and texture features.

The tests, performed with real scans, indicate the feasibility of the proposed method. In automatic detection performed on 33 cases the methodology reached 95.21% of correctness with 0.42 false positives and 0.15 false negative per scan.

Key words: CAD, automatic lung nodule detection, image processing, SVM, nodule characterization.

ARTIGOS DO AUTOR RELACIONADOS À DISSERTAÇÃO

SOUSA, João R. F. S.; SILVA. Aristófanés C.; PAIVA, Anselmo C. Lung Structure Classification Using 3D Geometric Measurements and SVM. In: Iberoamerican Congress on Pattern Recognition, 12, 2007, Valparaiso - Chile. **Proceedings...** CIARP 2007. Pág. 783-792.

SOUSA, João R. F. S.; SILVA. Aristófanés C.; PAIVA, Anselmo C.; M. G.; P. C. P. C. Efficient Skeletonization of Hierarchic Volumetric Objects Based on Connected Thinning. *Image and Vision Computing*. Artigo submetido.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1: Imagens de nódulos pulmonares solitários obtidas por tomografia computadorizada. (a) – Nódulo benigno com calcificação central. (b) – Reconstrução tridimensional de nódulo benigno com aparência esférica. (c) – Nódulo maligno com espículas. (d) – Reconstrução tridimensional de nódulo maligno.	9
Figura 2: Nódulos periféricos.	11
Figura 3: Nódulos adjacentes a vasos sanguíneos.	11
Figura 4: Fatia de um exame de tomografia computadorizada da região torácica.	13
Figura 5: Estrutura do algoritmo.	20
Figura 6: Codificação dos <i>voxels</i> do objeto. (a) – Transformada da distância com relação à borda. (b) – Transformada da distância com relação ao VP.	20
Figura 7: Ramo do esqueleto.	25
Figura 8: Seqüência ilustrativa do processo de esqueletonização.	26
Figura 9: Pseudocódigo que demonstra o algoritmo de esqueletonização.	28
Figura 10: (a) – Estruturas internas de um pulmão. (b) – Esqueleto gerado a partir do algoritmo.	29
Figura 11: (a) – Modelo discretizado com 150 <i>voxels</i> de lado. (b) – Esqueleto do modelo. (c) – Modelo vetorial.	29
Figura 12: Ilustração bidimensional da Densidade Esférica	32
Figura 13: Objetos representados em suas caixas mínimas.	33
Figura 14: Hiperplano de separação de duas classes.	38
Figura 15: Vetores de suporte destacados	40
Figura 16: Estrutura lógica da metodologia	41
Figura 17: Fatia de tomografia torácica antes de iniciado o processo.	43
Figura 18: Histograma diagonal de uma fatia de exame de TC.	44
Figura 19: Representação do crescimento de regiões a partir dos quatro cantos de cada fatia.	45
Figura 20: Algoritmo de crescimento de regiões modificado	46
Figura 21: Tórax extraído	47
Figura 22: Pulmão direito segmentado.	48
Figura 23: Detecção de Identificações.	49
Figura 24: <i>Rolling Ball</i>	51

Figura 25: Comparativo das técnicas de reconstrução. (a) – Reconstruída com detecção de identações. (b) – Reconstruída com <i>Rolling Ball</i>	51
Figura 26: Histograma do parênquima pulmonar.....	52
Figura 27: Estruturas densas dos pulmões.....	53
Figura 28: Estruturas isoladas	54
Figura 29: Análise do eixo medial de uma estrutura. (a) – A estrutura sob análise; provavelmente um vaso sanguíneo. (b) – Gráfico representando a profundidade média dos <i>voxels</i> pertencentes ao eixo medial do ramo sob análise.	56
Figura 30: Análise do eixo medial de uma estrutura. (a) – A estrutura sob análise; provavelmente um nódulo. (b) – Gráfico representando a profundidade média dos <i>voxels</i> pertencentes ao eixo medial do ramo sob análise.....	56
Figura 31: Pseudocódigo responsável pela eliminação de estruturas tubulares.	57
Figura 32: Exemplo de resultado obtido com a análise do esqueleto. (a) e (c) – Estruturas antes da análise. (b) e (d) – Estruturas depois da eliminação de regiões tubulares.	58
Figura 33: Identificação do nódulo em uma fatia DICOM pelo especialista.	65
Figura 34: Um caso de detecção bem sucedida, etapa 1. (a) – O volume inicial obtido através da reconstrução das fatias. (b) – Tórax extraído.	65
Figura 35: Um caso de detecção bem sucedida, etapa 2. (a) – O parênquima extraído. (b) – Destaque para as estruturas internas do pulmão.....	66
Figura 36: Um caso de detecção bem sucedida, etapa 3. (a) – Isolamento de cada estrutura tridimensionalmente conectada. (b) – Candidatos enviados ao classificador. Nota-se o nódulo, corretamente classificado em vermelho.....	66
Figura 37: Um caso de detecção mal sucedida, etapa 1. (a) – O volume inicial obtido através da reconstrução das fatias. (b) – Tórax extraído.	67
Figura 38: Detalhe do parênquima eliminado juntamente com o tórax.	68
Figura 39: Um caso de detecção mal sucedida, etapa 2. (a) – O parênquima reconstruído. (b) – As estruturas internas do parênquima.	68
Figura 40: Candidatos a nódulo pulmonar.	69
Figura 41: Algumas fatias contendo o nódulo.....	69

LISTA DE SIGLAS

- CAD** – *Computer-aided Detection* (Detecção Auxiliada por Computador)
- CADx** – *Computer-aided Diagnosis* (Diagnóstico Auxiliado por Computador)
- DICOM** – *Digital Imaging Communications in Medicine* (Representação Digital para Comunicação em Medicina)
- JPEG** – *Joint Photographics Expert Group*
- NEMA** – *National Electrical Manufacturers Association*
- SVM** – *Support Vector Machine* (Máquina de Suporte Vetorial)
- TC** – Tomografia Computadorizada
- UH** – Unidade de Hounsfield
- VP** – *Voxel Profundo*

SUMÁRIO

1.	Introdução.....	1
1.1.	Objetivos.....	2
1.2.	Contribuição	3
1.3.	Trabalhos relacionados	5
1.4.	Visão Geral	7
2.	Conceitos e Contribuições Básicas.....	8
2.1.	Nódulo pulmonar	8
2.1.1.	Tomografia Computadorizada.....	11
2.1.2.	O arquivo DICOM.....	13
2.2.	Sistemas de Auxílio à Detecção e ao Diagnóstico	14
2.3.	Segmentação.....	16
2.4.	Esqueletonização	18
2.4.1.	Esqueletonização eficiente de objetos volumétricos hierárquicos baseada em afinamento conexo.....	19
2.5.	Métricas de classificação	29
2.5.1.	Métricas Propostas.....	30
2.5.1.1.	Desproporção Esférica.....	30
2.5.1.2.	Densidade Esférica	31
2.5.1.3.	Distância Radial Ponderada.....	33
2.5.1.4.	Comparativo das Métricas Propostas	35
2.6.	Máquina de Suporte Vetorial.....	36
3.	Metodologia Proposta.....	41
3.1.	Extração do Tórax	42
3.2.	Extração dos Pulmões.....	47
3.3.	Reconstrução dos Pulmões	48
3.4.	Extração de Estruturas Isoladas	51
3.5.	Separação de vasos e nódulos.....	54
3.6.	Classificação de candidatos	58
3.7.	Avaliação de Desempenho	60
4.	Testes e resultados	61
4.1.	Caso de estudo – detecção bem sucedida	64

4.2. Caso de estudo – detecção mal sucedida	67
5. Conclusão	70
5.1. Trabalhos Futuros	71
6. Referências	72

1. Introdução

O câncer de pulmão vem atraindo a atenção da comunidade científica nos últimos anos pela sua alta prevalência aliada ao difícil tratamento. Sabe-se, entretanto, que a principal causa da doença está relacionada ao hábito de fumar, de modo que este hábito representa um aumento de 20 a 30 vezes nas chances de diagnóstico positivo.

Estatísticas de 2006 indicam que o câncer de pulmão, no mundo todo, é o que acomete o maior número de pessoas. Somente nos Estados Unidos estima-se que a ocorrência de novos casos no referido ano tenha superado os 175.000 [NLCP 07], [ACS 07], enquanto que no Brasil, o número ultrapasse os 27.000 [INCA 07].

Uma outra estatística preocupante relacionada à doença é a sua alta taxa de mortalidade, que, apesar de vir decrescendo nos últimos anos, ainda é alta. Pesquisas indicam que a sobrevida dos pacientes diagnosticados, após 5 anos varia entre 13% e 21% [INCA 07].

A identificação da enfermidade ainda em suas etapas iniciais, entretanto, pode elevar a chance de sobrevida em 5 anos do paciente para até 70% [NF 03]. Deste modo, sabe-se que o diagnóstico precoce é o melhor meio de garantir o sucesso do tratamento, de forma que há uma demanda crescente por meios de aprimorar os atuais mecanismos que o auxiliam.

A tomografia computadorizada (TC) é o exame que permite ao médico visualizar o interior do tórax do paciente através de fatias sucessivas. Recentemente os tomógrafos passaram por diversas melhorias, fornecendo ao médico imagens ainda mais detalhadas da área em observação. Hoje é possível obter fatias com precisão milimétrica, permitindo ao especialista a visualização de lesões ainda em estágio inicial. Este aumento da precisão dos exames, entretanto, vem causando problemas

relacionados ao crescimento do número de imagens que devem ser analisadas pelo médico. Um único exame de TC costuma ser composto por dezenas de imagens e sua observação cuidadosa leva tempo e requer muita paciência e atenção, levando a um rápido cansaço por parte do especialista.

O problema, na verdade, consiste no fato de que o médico baseia o seu diagnóstico, muitas vezes, em características morfológicas da estrutura analisada que só podem ser verificadas espacialmente. Por outro lado a análise do resultado de uma TC é feita, tradicionalmente, através de imagens bidimensionais, representando seções transversais do corpo do paciente.

Esta incompatibilidade entre o que o médico necessita observar e o que lhe é apresentado acaba forçando uma reconstrução mental do aspecto tridimensional dos tecidos analisados, tarefa esta que além de complexa e lenta pode incorrer em enganos significativos.

É neste contexto que surge a necessidade de ferramentas de auxílio à detecção e ao diagnóstico que permitam ao médico aumentar a produtividade do seu trabalho, fornecendo a ele uma segunda opinião sobre os exames analisados e evitando que este médico detenha-se na realização de atividades excessivamente repetitivas.

1.1. Objetivos

Este trabalho tem o objetivo de apresentar uma metodologia para detecção automática de nódulos pulmonares, ou seja, que não dependa da intervenção ou experiência do operador.

As vantagens da automação na detecção de nódulos incluem o aumento na produtividade da atividade médica e melhoras nas taxas de diagnósticos precisos, mas não se limitam a isto. Uma grande vantagem dos métodos automáticos é que os seus

resultados são reprodutíveis. Os resultados obtidos através de uma ferramenta automática serão os mesmos, independente de quem a esteja operando e de quando o faça.

Esta característica permite, dentre outras possibilidades, a avaliação histórica de uma lesão através do comparativo de sua evolução temporal, possibilidade esta que não estaria limitada às imprecisões de uma detecção manual.

Outro objetivo deste trabalho é contribuir para um aumento nas taxas de acerto na detecção ao fornecer ao especialista uma segunda opinião acerca dos nódulos que o mesmo identificou. Especialmente no caso de lesões ainda em estágio inicial, quando a identificação do nódulo tem um impacto mais decisivo no tratamento, é possível que, devido ao seu tamanho reduzido, ele não seja prontamente identificado visualmente, caso em que a ajuda de um *software* CAD teria um grande valor.

Uma outra questão é com relação ao tempo, que no caso de câncer pode ser fundamental. Um *software* tem a capacidade de processar dezenas de exames ininterruptamente e pode fazer isto tanto de dia quanto à noite. Neste caso, o médico poderia deixar uma seqüência de exames processando ao final do expediente e, no dia seguinte, ter uma detecção prévia de todos eles, necessitando apenas de uma revisão e confirmação.

1.2. Contribuição

Esse trabalho vem contribuir com o desenvolvimento de uma metodologia de detecção automática de nódulos pulmonares; uma etapa que precede o diagnóstico propriamente dito, mas que demanda esforço e experiência por parte do especialista.

A metodologia proposta, além de automática, é baseada em algoritmos simples, em sua maioria de fácil implementação e, em geral, rápidos. Isto confere à metodologia

a agilidade e eficiência necessárias para o processamento de um grande volume de dados, sempre levando em conta as restrições de tempo inerentes a qualquer processo que envolva a saúde humana.

Como será descrito posteriormente, a detecção dos nódulos é baseada fortemente em um processo de esqueletonização. Algoritmos desta categoria têm sido utilizados em ferramentas de auxílio ao diagnóstico, em especial na caracterização de sua morfologia com o objetivo de verificar a malignidade do nódulo [SA 04], mas a abordagem aqui utilizada, relacionando-os à detecção, representa uma inovação com resultados satisfatórios.

O próprio algoritmo de esqueletonização utilizado, por si só, representa uma contribuição, pois foi criado e desenvolvido durante esse trabalho para que pudesse atender às necessidades e particularidades da metodologia. As características e funcionamento do algoritmo de esqueletonização desenvolvido serão melhor explicados no Capítulo 2.

Por fim, novas características geométricas foram desenvolvidas especialmente para avaliar a morfologia de estruturas pulmonares na classificação quanto a nódulos e não nódulos. Estas características geométricas, numericamente mensuráveis, tendo sido projetadas para esse problema específico, apresentaram resultados melhores que outras de uso geral, como, por exemplo, a esfericidade¹, medidas da caixa mínima², fecho convexo³, etc.

¹ A esfericidade mede o quanto o formato do objeto aproxima-se de um formato esférico. Esta medida é detalhada no Apêndice A.

² Caixa mínima de um objeto é o menor retângulo (bidimensionalmente) ou paralelepípedo (tridimensionalmente) capaz de conter completamente este objeto. Mais informações podem ser obtidas em [GM 02].

³ Fecho Convexo de um objeto é o menor polígono (bidimensionalmente) ou poliedro (tridimensionalmente) convexo capaz de conter completamente este objeto. Mais informações podem ser obtidas em [PW 01].

1.3. Trabalhos relacionados

Pesquisas têm sido feitas no campo da computação com o intuito de produzir ferramentas que auxiliem o trabalho do médico na análise de imagens de TC. Peldshus demonstrou em seu trabalho [PK 05] a importância de ferramentas CAD como uma segunda opinião no diagnóstico de nódulos pulmonares. Nesse trabalho ficou demonstrado que cerca de 33% dos diagnósticos negativos que compunham sua base tornaram-se positivos após o auxílio computacional.

Recentemente foram divulgadas inúmeras pesquisas demonstrando metodologias e algoritmos para a detecção automática ou semi-automática de nódulos pulmonares solitários. Algumas das metodologias propostas adotam técnicas simples como limiares de intensidade de cinza⁴, a exemplo de [ZB 04], [ZB 03]. Nesses, a detecção de pequenos nódulos se deu através de máximos locais de intensidade de cinza com posterior redução de falsos positivos baseada em características geométricas.

Há, também, pesquisas baseadas em agrupamento⁵ [KK 98], [GM 02], ou em *templates*⁶ [LY 01], somente para citar algumas das linhas de segmentação mais utilizadas. Lee [LY 01], por exemplo, utilizou algoritmos genéticos com o objetivo de melhorar o desempenho e a acurácia de sua técnica de *template matching*, conseguindo acerto superior a 70%. Kanazawa [KK 98] utilizou algoritmos de agrupamento para realizar a segmentação preliminar de vasos sanguíneos e nódulos. Após a etapa de análise, o diagnóstico era feito utilizando-se características extraídas das estruturas detectadas e regras de classificação. Gurcan [GM 02] também utilizou agrupamento.

⁴ Limiarização é a seleção de uma faixa de tons de uma imagem com objetivo de segmentar um objeto ou região de interesse. Mais informações sobre o método podem ser encontradas em [GJ 06].

⁵ O processo artificial de agrupamento visa separar os dados em grupos que contenham atributos similares, facilitando a compreensão das informações que guardam. Um bom algoritmo de agrupamento caracteriza-se pela produção de classes de alta qualidade, nas quais a similaridade intra-classe é alta e a inter-classe é baixa [GM 06].

⁶ *Template Matching*, no contexto do processamento de imagens, é o processo de localizar uma sub-imagem definida (um padrão de busca) dentro de uma imagem desconhecida. Também pode ser descrito como a busca por similaridades entre duas imagens [SS 07].

Em seu trabalho cada fatia do pulmão foi previamente classificada de acordo com a posição no tórax. Posteriormente a extração de candidatos foi realizada com o *k-means* e finalmente a redução de falsos positivos com análise discriminante.

Kostis [KW 03] descreveu um conjunto de técnicas tridimensionais para segmentar, caracterizar e medir variações volumétricas em nódulos pulmonares. Em seu trabalho o autor melhorou os resultados através de um tratamento diferenciado dado na segmentação de nódulos dependendo do tipo de estruturas circundantes.

Várias medidas discriminantes têm sido propostas com a finalidade de diferenciar nódulos e não nódulos. Existem abordagens morfológicas que utilizam características geométricas das estruturas, tanto bidimensionais quanto tridimensionais para descrevê-las. Lu [LX 04] introduziu uma nova característica capaz de estimar a distribuição radial do tecido nodular de maneira não binária. Sousa [SR 07] propôs um conjunto de três métricas morfológicas desenvolvidas especialmente para a caracterização de nódulos pulmonares com as quais foram obtidos índices de acerto de 100%, embora o trabalho utilizasse uma base de dados pequena. Agam [AG 05], por outro lado, desenvolveu um método de reconstrução de árvores pulmonares baseado em filtros de realce e demonstrou sua aplicação no auxílio à detecção de nódulos.

Outros trabalhos adotam características de textura para descrever o tecido e, assim, identificá-lo. Uppaluri [UR 99], por exemplo, utilizou 22 características baseadas em textura para classificar as regiões de uma imagem de TC dentre 6 possíveis grupos, dentre os quais, nódulo, brônquio-vascular e normal.

Na maioria dos trabalhos, uma vez que as características representativas das estruturas tenham sido calculadas, são utilizados classificadores para identificá-las no grupo de nódulos ou não-nódulos. Um dos classificadores que tem se tornado muito popular pela grande capacidade de generalização é a máquina de suporte vetorial

(SVM), que já foi utilizada em diversas pesquisas [LX 04], [MA 02], [SR 07]. As redes neurais e os algoritmos de agrupamento constituem outras classes de classificadores muito comuns e também apresentam resultados satisfatórios [SA2 04], [LS 03].

1.4. Visão Geral

Os próximos capítulos explicam com maiores detalhes a metodologia proposta e os algoritmos e técnicas utilizados para atingir os objetivos desse trabalho. O Capítulo 2 inicia elucidando alguns termos e conceitos teóricos necessários para a compreensão do restante do texto. Dentre os principais tópicos abordados está a própria definição de nódulo pulmonar e, também, de SVM, base do classificador utilizado.

Em seguida, o Capítulo 3 detalha a metodologia proposta. Ele está dividido em seções, cada uma correspondendo a uma fase do processo de detecção automático de nódulos pulmonares.

No Capítulo 4 os resultados obtidos são apresentados e discutidos. Nele é possível observar as fases que compõem uma detecção completa, tanto através de um caso bem sucedido quanto de um caso de falha.

Finalmente o Capítulo 5 conclui o trabalho, apresentando os pontos que ficaram abertos e direcionando os futuros esforços no sentido de aperfeiçoar a metodologia.

2. Conceitos e Contribuições Básicas

Esse capítulo apresenta um conjunto básico dos conceitos mais importantes para a compreensão do trabalho que será apresentado nos capítulos seguintes. O capítulo, contudo, não se limita aos conceitos, tentando, também, contextualizar os mesmos dentro do trabalho e demonstrar sua importância.

2.1. Nódulo pulmonar

Nódulo é uma aglomeração de células que difere em densidade e textura do tecido circundante. Podem ter formato esférico ou irregular e apresentar comportamento benigno ou maligno.

Os nódulos malignos são também denominados de câncer, que é um crescimento anormal de células com a propriedade de invadir tanto os tecidos adjacentes quanto os distantes.

Já os nódulos benignos, apesar de não provocarem metástase⁷, ainda podem interferir no funcionamento do órgão no qual estão alojados.

Boa parte dos nódulos pulmonares surge nas paredes dos brônquios, o que dá ao câncer pulmonar também o nome de broncogênico. Eles também podem ocorrer com frequência nas paredes dos pulmões e podem levar vários anos para se desenvolverem. A fase inicial de desenvolvimento é assintomática e é formada por uma área pré-cancerosa não identificável por exames de imagem. Com o passar do tempo, entretanto, ocorre o desenvolvimento do nódulo e, possivelmente, o espalhamento de suas células

⁷ Metástase é a formação de uma nova lesão tumoral em local distante da origem. Significa dizer que as células neoplásicas conseguiram uma via de disseminação e se propagaram a outras partes do corpo, formando novas colônias.

alteradas pela corrente sanguínea, configurando um processo denominado de metástase [ACS 07].

Um nódulo pulmonar solitário pode ser considerado benigno caso seu crescimento permaneça estagnado por um período de dois anos. As lesões malignas, ao contrário, apresentam tempo de duplicação que pode variar entre 30 e 400 dias, ou seja, seu volume, geralmente, torna-se duas vezes maior nesse intervalo de tempo [UC 98].

A presença de calcificações é, também, um fator sugestivo de benignidade, pois são encontradas mais freqüentemente nos granulomas que nos tumores cancerosos. Nódulos com maior absorção, com valores superiores a 150 ou 200 unidades de Hounsfield⁸ (UH) também são, em geral, benignos. Esse aumento na densidade média deve-se a finas calcificações internas à lesão. As calcificações em nódulos benignos geralmente apresentam posição central, enquanto que calcificações excêntricas também podem ser encontradas nas lesões malignas. A Figura 1(a) é um exemplo de nódulo benigno com calcificação central.

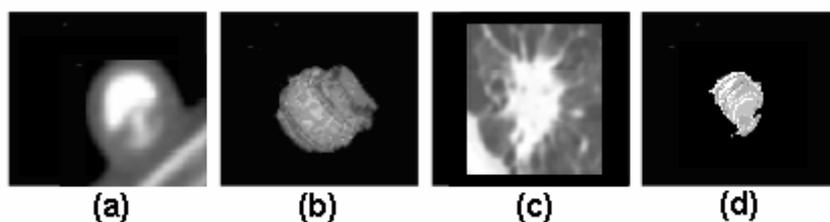


Figura 1: Imagens de nódulos pulmonares solitários obtidas por tomografia computadorizada. (a) – Nódulo benigno com calcificação central. (b) – Reconstrução tridimensional de nódulo benigno com aparência esférica. (c) – Nódulo maligno com espículas. (d) – Reconstrução tridimensional de nódulo maligno.

Pouco reforço na presença de contraste (menos que 20 UH), presença de gordura interna, bordas lisas e diâmetro inferior a 2 cm em paciente assintomático são todas

⁸ Unidade de medida de densidade utilizada em tomografia computadorizada para indicar o grau de absorção radioativa de um determinado *pixel*. A escala é definida de modo que o ar tem o valor -1000, a água o valor 0 (zero) e os ossos mais densos o valor +1000.

características de nódulos benignos. Um exemplo típico de nódulo benigno com bordas lisas e regulares pode ser visto na Figura 1(b).

Os nódulos malignos têm tamanhos que podem exceder 2 cm, bordas espiculadas, tais como as apresentadas nas Figura 1(c) e (d), apresentam densidade média baixa (menor de 150 UH) e maior reforço na presença de contraste. Estas características, entretanto, também podem ocorrer em lesões benignas, não sendo, portanto, decisivas [BF 98].

Quanto ao posicionamento dentro dos pulmões, tem-se verificado uma predominância de nódulos malignos primários nos lobos superiores (70%), especialmente no direito, enquanto que dois terços das metástases ocorrem nos lobos inferiores, em posição cortical. Os nódulos benignos, entretanto, são igualmente distribuídos pelo parênquima [SB 07].

Grande parte da dificuldade na detecção de nódulos pulmonares está no fato de que boa parte deles está agregada a outras estruturas. Detectar corretamente o nódulo significa, também, separá-lo destas estruturas.

Um dos casos de nódulo agregado é o do nódulo periférico. Esse caso consiste em um nódulo muito próximo ou mesmo colado à fronteira externa de um dos pulmões. Esta posição dificulta a identificação de seu contorno e, possivelmente até, a sua detecção, dado que o mesmo pode ser descartado como estrutura externa ao parênquima⁹.

A Figura 2 demonstra alguns casos de nódulo periférico. Mais detalhes sobre como será feita a detecção desse tipo de nódulo nesse trabalho poderão ser vistos na Seção 3.3.

⁹ Parênquima pulmonar é o tecido que forma a parte funcional dos pulmões, ou seja, o tecido formado predominantemente por avéolos pulmonares. Na Figura 4 pode-se ver o parênquima através de uma imagem de tomografia computadorizada.

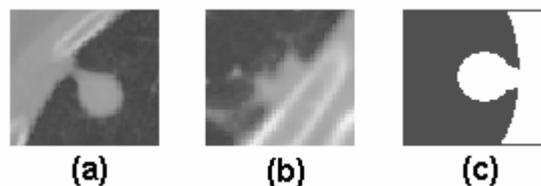


Figura 2: Nódulos periféricos.

O outro caso de detecção difícil é o de nódulos agregados a vasos sanguíneos. Em termos de densidade do tecido existe certa semelhança entre as duas estruturas, mas o formato de ambas é bem diferente. Nódulos têm formato mais esférico e vasos são tubulares.

Para a um processo automático, entretanto, esta diferença não é tão clara, fazendo com que a correta detecção e separação destas estruturas seja um problema de resolução complexa.

A Figura 3 contém exemplos de nódulos colados a vasos sanguíneos. A Seção 3.5 contém detalhes de como esse caso foi tratado.

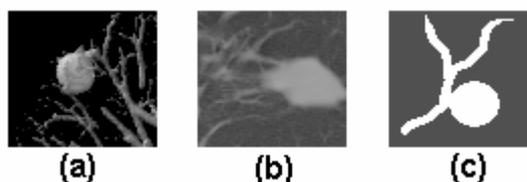


Figura 3: Nódulos adjacentes a vasos sanguíneos.

2.1.1. Tomografia Computadorizada

A tomografia computadorizada (TC) é um exame de imagem fundamentado na aplicação de raios X de baixa intensidade no corpo do paciente através de um emissor rotativo. Sempre no lado oposto ao emissor estão posicionados diversos sensores de modo a captar as emissões que atravessam o corpo do paciente.

O conjunto de informações obtidas pelos sensores após o giro do aparelho permite a reconstrução computacional da seção transversal da região sob análise. A

imagem obtida através desse processo representa não o aspecto visual das estruturas internas do corpo do paciente, mas sim suas taxas de absorção da radiação. Desta forma, a imagem representa com tons mais claros as estruturas com maior absorção; as estruturas com menor absorção, por outro lado, recebem tons mais escuros.

A seqüência de seções transversais obtidas com pequeno distanciamento uma das outras permite a reconstrução volumétrica de toda a área sendo examinada. Nas imagens bidimensionais a unidade mínima de representação visual é denominada *pixel*¹⁰, enquanto que no volume sua unidade é denominada *voxel*¹¹.

Diversas melhorias têm sido propostas no sentido de aumentar a qualidade das imagens produzidas pela TC, assim como reduzir o tempo necessário ao exame. Uma melhoria significativa foi a introdução do tomógrafo helicoidal, que, em lugar de fazer giros sobre cada fatia antes de passar para a próxima, faz um único movimento em forma de espiral, aumentando a velocidade total do exame [SN 05].

Na detecção de nódulos pulmonares a tomografia computadorizada representa um grande avanço com relação à radiografia comum. Os nódulos podem ser mais facilmente detectados devido à ausência de sobreposição de estruturas anatômicas. A regra geral é que os nódulos pulmonares podem ser detectados quando excedem o tamanho dos vasos sanguíneos naquela porção do pulmão. No caso de lesões periféricas, o limite inferior é de 3 mm, enquanto que para a detecção de nódulos centrais, o limite é de 6 mm para uma diferenciação consistente [BF 98].

A Figura 4 é um exemplo de uma imagem de uma seção transversal da área torácica de um paciente. Dependendo da resolução que se pretende obter, ou seja, da

¹⁰ *Pixel* é a unidade de representação gráfica de uma imagem bidimensional. Constitui um quadrado de dimensões reduzidas que é definido através de duas coordenadas espaciais (x,y) e de um valor numérico associado à sua cor ou tom.

¹¹ *Voxel* é o análogo tridimensional do *pixel*, sendo a unidade de representação volumétrica. Constitui um cubo de dimensões reduzidas que é definido através de três coordenadas espaciais (x,y,z) além do valor de seu tom.

distância entre as fatias, é possível que um único exame produza até 200 imagens semelhantes.

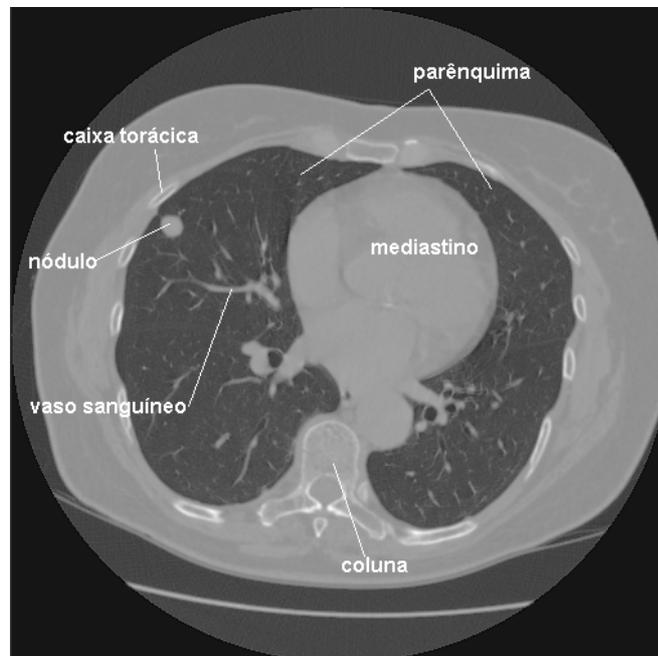


Figura 4: Fatia de um exame de tomografia computadorizada da região torácica.

2.1.2. O arquivo DICOM

A incompatibilidade entre o formato de dados produzido pelos diversos tipos de aparelhos de obtenção de imagem começou a tornar difícil o intercâmbio de imagens médicas entre equipamentos distintos e entre hospitais, clínicas e profissionais de saúde.

Nesse contexto a NEMA (*National Electrical Manufacturers Association*) propôs o padrão DICOM (*Digital Imaging Communications in Medicine*), que estabelece diretrizes para tratar, armazenar, imprimir e transmitir imagens médicas, assim como informações sobre o paciente, o aparelho de exame, o hospital, etc [SN 05].

Cada arquivo DICOM, ao contrário da maioria dos outros padrões para imagens médicas, é composto por um cabeçalho e um corpo. O cabeçalho contém informações úteis na interpretação do conteúdo do corpo do arquivo. Nele pode-se encontrar o tamanho da imagem, o nível de compressão, a data do exame, etc. O corpo carrega a

imagem propriamente dita, que pode ser armazenada tanto em formato não processado quanto compactado através do formato JPEG [ASPH 07].

Cada um dos arquivos gerados em um exame representa uma imagem bidimensional, geralmente uma fatia de um volume maior. Desta forma, exames como os de tomografia torácica consiste de diversos arquivos, representando cada um uma seção transversal do corpo do paciente.

Nesses arquivos cada ponto da imagem é armazenado segundo seu grau de absorção da radiação, conforme já foi explicado. No arquivo DICOM, os pontos estão representados segundo a escala de radiodensidade de Hounsfield, cuja unidade de medida é a Unidade de Hounsfield (UH).

2.2. Sistemas de Auxílio à Detecção e ao Diagnóstico

Muitos dos métodos modernos de aquisição de dados para exames, a exemplo da TC, têm grande participação dos computadores. Na verdade, é inconcebível a realização dos mesmos sem o auxílio computacional.

Por outro lado, os computadores têm pouca participação na etapa seguinte, que é a interpretação dos dados obtidos para a detecção de estruturas ou formulação de um diagnóstico. Tal atividade é, hoje, fundamentalmente executada através de esforço humano.

Os sistemas de auxílio à detecção ou *computer-aided detection* (CAD) e os sistemas de auxílio ao diagnóstico ou *computer-aided diagnosis* (CADx) são resultados de tentativas recentes de atribuir uma maior participação de processos automatizados na detecção e diagnóstico sem, entretanto, substituir o trabalho do médico. Os CAD são sistemas que auxiliam à detecção de estruturas sem, contudo, realizar sobre elas qualquer tipo de diagnóstico. Elas têm a função de chamar a atenção do médico para

regiões que merecem a sua atenção. Os CADx, por outro lado, classificam as estruturas detectadas, diferenciando, por exemplo, nódulos malignos e benignos [WR 05]. Desta forma, os sistemas CADx fornecem ao especialista um diagnóstico preliminar que serve a este como uma segunda opinião, mas que necessita ser validada [GM 00].

Já foi demonstrado, inclusive, que a avaliação de exames de imagem por dois médicos, em conjunto, diminui as taxas de erro [GM 00]. Desta forma, os sistemas CAD e CADx, servindo como esta segunda opinião, podem se tornar ferramentas úteis na redução de erros médicos.

Esta redução em termos de erros é esperada também, como já foi citado, pela redução na sobrecarga do médico, pois este, depois de avaliar uma certa quantidade de exames, fica, naturalmente, cansado, o que pode comprometer a precisão de seus diagnósticos.

Quanto às aplicações, existem as mais diversas possibilidades. Existem ferramentas CAD e CADx para auxílio no diagnóstico de nódulos em exames mamográficos, de tórax e outros. Existem sistemas de análise de sinais cardíacos e cerebrais. Eles também podem ser utilizados na avaliação tecidos lesionados, etc. De fato, são inumeráveis as situações aplicáveis e, talvez em alguns anos, eles estejam presentes, ao lado do médico, em todas as etapas de sua atividade.

A metodologia apresentada nesse trabalho gerou uma ferramenta CAD para exames de TC cujas características serão descritas nos capítulos posteriores. Esta metodologia não chega ao nível de propor um diagnóstico quanto à malignidade ou benignidade de uma região, mas identifica para o especialista as regiões que merecem a sua atenção especial.

2.3. Segmentação

Segmentação é um termo genérico para designar a divisão de uma imagem em regiões com características similares [PW 01]. Na maioria das vezes que se quer processar uma imagem representando um objeto é imprescindível a segmentação desta para que o processamento seja focado unicamente nas regiões de interesse. Isto se deve ao fato de que as imagens apresentam, muitas das vezes, além do objeto que se quer, outras estruturas e um fundo complexo. A etapa de segmentação consiste basicamente em dividir uma imagem original em porções de acordo com seu interesse para as etapas seguintes do processamento.

Em geral, a fase de segmentação é guiada por algum aspecto da imagem que permita a diferenciação entre as regiões de interesse. Dentre as abordagens possíveis, encontra-se a segmentação por região, por textura ou por contorno [PW 01]. Os métodos baseados em região consistem em agregar *pixels* vizinhos em regiões de acordo com algum critério de semelhança entre eles, sendo a categoria de segmentação mais utilizada neste trabalho. Já aqueles baseados em textura levam em consideração o arranjo espacial entre *pixels* próximos que formam um padrão repetitivo ao longo da região texturizada. Por fim, a segmentação por contorno leva em consideração mudanças bruscas entre *pixels* próximos, comportamento este que geralmente indica a ocorrência de uma fronteira entre regiões distintas.

A segmentação é uma fase delicada do processamento de imagens, porque está intimamente relacionada a questões semânticas da imagem que são difíceis de traduzir para processos automáticos. De fato, é complexo para um processo automático, por exemplo, identificar, dentre as estruturas presentes em uma imagem de TC, os possíveis nódulos.

A dificuldade consiste em encontrar medidas consistentes que possam levar o programa a decidir corretamente a que grupo de segmentação pertence cada *pixel*.

Na área de auxílio ao diagnóstico, entretanto, a detecção de estruturas e lesões ainda necessita, em muitos casos, de melhorias objetivando aumentar as taxas de acerto. A dificuldade na segmentação, como já foi mencionado, consiste em outras estruturas complexas que fazem parte da imagem e que devem ser eliminadas.

O processo de segmentação pode ser classificado em diferentes categorias de acordo com o grau de autonomia do algoritmo com relação à intervenção humana.

Em um extremo têm-se os algoritmos manuais. Eles podem contar com o auxílio de uma ferramenta computacional, mas a segmentação é realizada unicamente pelo operador, sendo que a ferramenta serve apenas para representar graficamente o resultado, armazenar dados, etc.

Um meio termo possível é a segmentação semi-automática, na qual o operador indica ao algoritmo de forma grosseira qual a região de interesse e este se encarrega de refinar a segmentação.

No outro extremo há os algoritmos automáticos, completamente independentes da intervenção do operador. Esses algoritmos tendem a ser mais complexos, entretanto a segmentação, quando bem sucedida, é mais consistente, pois não depende da experiência do operador com a ferramenta, produzindo sempre os mesmos resultados para uma mesma imagem.

A abordagem do trabalho que está sendo realizado é a segmentação automática. Esta foi escolhida por suas vantagens óbvias. Fatores como a experiência do especialista na segmentação podem levar a imprecisões inadmissíveis na área médica.

Um bom exemplo disto é com relação à estimativa do volume do nódulo, a qual é significativamente influenciada pela segmentação. Esta medida é de grande valor na

análise do desenvolvimento do nódulo durante o tempo, formando um histórico que pode indicar a natureza da lesão. Caso esta medida não seja inteiramente confiável pode levar o especialista a conclusões equivocadas que poderiam prejudicar o paciente.

2.4. Esqueletonização

Imagens e volumes, pelas suas próprias características multidimensionais, têm a propriedade de se tornarem exponencialmente mais complexos e maiores com o aumento de suas dimensões ou resolução. Por outro lado, tanto os recursos de *hardware* quanto de *software* têm limitações que em algumas situações podem inviabilizar o processamento de toda a complexidade desses dados.

A necessidade de processar e analisar imagens automaticamente pelo computador, portanto, deu origem, também, à necessidade de representar estas imagens de maneira simplificada de modo a aproveitar melhor os recursos disponíveis, focando o processamento apenas nas características mais relevantes.

Uma solução muito comum para o problema da simplificação é a utilização de esqueletos, pois eles têm a propriedade de conservar o aspecto estrutural do objeto em análise mesmo sendo compostos apenas por entidades elementares como retas e curvas.

Esqueletos são representações simplificadas do objeto formadas pelo eixo medial deste, ou seja, pelos *pixels* ou *voxels* que estão em uma posição central com relação às bordas do mesmo. Costuma-se afirmar, para fins de entendimento, que o esqueleto é, na verdade, a união dos centros de todas as circunferências inscritas no objeto em análise [KG 07].

De modo mais formal, o esqueleto de um objeto é definido pela Equação 1, onde $v(p)$ é uma função que retorna o conjunto de pontos vizinhos a p e $t(p)$ é a transformada da distância de p . A transformada da distância de um *voxel* p é dada

pela Equação 2, onde Im é o conjunto de pontos pertencentes à imagem e $dist$ é uma função que dá a distância entre dois pontos de acordo com alguma métrica determinada.

$$t^*(p) = \begin{cases} t(p), & \text{se } [t(q) < t(p) + 1] \forall q \in v(p) \\ 0 & \end{cases} \quad (1)$$

$$t(p) = \min\{dist(p, q) \mid t(q) = 0, q \in Im\} \quad (2)$$

Os algoritmos de esqueletonização são utilizados nas mais diversas áreas de processamento de imagens. Suas aplicações abrangem desde o auxílio à segmentação até a classificação de imagens através do reconhecimento de formas e padrões.

Nesse trabalho, utilizou-se um algoritmo desta categoria para auxiliar a etapa de escolha dos candidatos a nódulo, conforme descrito na Seção 3.5. O referido algoritmo foi necessário para a identificação das estruturas internas do pulmão que apresentavam características morfológicas compatíveis com nódulos pulmonares.

Não foi utilizado nesse trabalho, entretanto, nenhuma das várias soluções de esqueletonização amplamente conhecidas e adotadas. Optou-se por uma solução própria devido às restrições de eficiência na execução inerentes à metodologia aqui proposta.

2.4.1. Esqueletonização eficiente de objetos volumétricos hierárquicos baseada em afinamento conexo.

Esta seção faz uma descrição do algoritmo de esqueletonização desenvolvido [SR2 07] para auxílio na detecção dos candidatos a nódulo.

O algoritmo em questão realiza a esqueletonização tridimensional baseada em afinamento do objeto inicial. O método utiliza uma codificação de *voxels* fundamentada na transformada da distância para garantir aspectos desejáveis no esqueleto tais como

O mecanismo que produz esta codificação pode ser um algoritmo de crescimento de região simples com as sementes iniciais correspondendo a todos os *voxels* de borda.

A escolha da métrica de distância para esta primeira codificação não influencia sensivelmente nos resultados, então uma boa opção é adotar a distância de 1 unidade entre vizinhos com conectividade 6, ou seja, os *voxels* ligados por faces.

Para a maioria dos objetos esse tipo de codificação apresenta bons resultados, mas para aqueles formados por grandes regiões planas, entretanto, ela não funciona adequadamente. Isto se deve ao fato de que num plano de pequena espessura todos os seus *voxels* seriam imediatamente classificados como borda e receberiam imediatamente a mesma codificação.

Nesses casos considerar como bordas os *voxels* do objeto que são fronteiras tanto tridimensionais quanto bidimensionais é uma estratégia apropriada. É interessante ressaltar, ainda, que os ganhos de qualidade para esse tipo de objetos justificam a mudança de abordagem.

Contudo, qualquer que seja a estratégia para determinar os *voxels* de borda, ao final desta operação todos os *voxels* do objeto receberam uma codificação indicando sua distância com relação à fronteira. O último *voxel* a ser codificado desta forma, entretanto, terá sua distância com relação à borda maior ou igual às respectivas distância de qualquer um dos outros, não havendo, portanto, outro *voxel* mais centralizado que ele. Na Figura 6(a), por exemplo, este seria o ponto central, codificado com o valor 4.

A importância desse *voxel* em particular é tal que justifica atribuir a ele um nome específico para facilitar a sua referência. Será chamado, portanto, de *Voxel Profundo* (VP). Esse *voxel* tem a propriedade de ser o primeiro constituinte do esqueleto do objeto já que ele supostamente teria a posição mais central possível em relação às bordas do objeto.

A segunda transformada da distância terá como semente inicial a posição de VP. O resultado desta operação será uma segunda codificação de todos os *voxels* do objeto. Desta vez, entretanto, marcando suas distâncias com relação a um único *voxel*. Na Figura 6(b) é ilustrado o resultado desse processo.

A finalidade principal desta segunda etapa é garantir a conectividade de todos os *voxels* do esqueleto através de um processo que será explicado com detalhes posteriormente.

Como esta segunda codificação está relacionada com um aspecto importante do algoritmo de esqueletonização, deve ser mais precisa. A solução adotada foi trabalhar com a conectividade do *voxel* com os 26 vizinhos, usando a métrica 3-4-5, ou seja, distância 3 para vizinhos de face, 4 para vizinhos de aresta e 5 para vizinhos de vértice. O motivo que torna a métrica utilizada na transformada da distância com relação às bordas menos precisa que esta última é que a última atribui distâncias diferentes a partir de um mesmo ponto, assemelhando seu resultado à uma proporção da distância euclidiana. Na primeira, somente os *voxels* vizinhos de face recebem uma distância, gerando, possivelmente, uma disparidade maior com a distância real entre eles.

Ao final destas duas etapas de codificação, a cada *voxel* está associado um conjunto de valores que descreve suas propriedades. O primeiro valor evidentemente é a sua intensidade, o segundo a sua distância com relação à borda e o terceiro a sua distância com relação ao VP.

A codificação dos *voxels* com relação ao VP atinge valores cada vez maiores quando se distancia desse ponto central e chega a seu ápice nas extremidades dos ramos do objeto.

Nestas regiões, haverá *voxels* cujas distâncias com relação ao VP sejam maiores que as distâncias de todos os seus vizinhos, sendo chamados máximos locais com relação à distância de VP.

Os máximos locais são importantes, pois determinam as extremidades dos ramos do esqueleto. Sua localização é essencial para que os ramos sejam conhecidos e não tenham suas dimensões incorretamente reduzidas.

Desta forma, todo o objeto deve ser percorrido em busca desses máximos locais e os *voxels* encontrados devem ser considerados como pertencentes ao esqueleto.

Nos casos em que houver não apenas um único *voxel* com distância máxima localmente, mas um pequeno grupo de *voxels* igualmente distantes, o *voxel* de posição central em relação aos outros deve ser tomado como o máximo local.

Esta etapa determina mais alguns *voxels* que comporão o esqueleto final. Juntamente com VP, os máximos locais são os primeiros representantes do resultado do algoritmo e influenciarão sensivelmente na formação posterior do esqueleto.

Na verdade, o restante do algoritmo consiste basicamente em determinar um caminho interno ao objeto que ligue todos os máximos locais, individualmente, ao VP.

A eliminação sucessiva das bordas é, também, uma etapa importante. Nela será definida a maior parte dos *voxels* pertencentes ao esqueleto e os *voxels* restantes serão desconsiderados.

O processo todo consiste em selecionar todos os *voxels* pertencentes à borda do objeto e eliminar aqueles cuja eliminação não comprometer a conectividade de outro *voxel* ao restante do esqueleto.

Quando todos os *voxels* de borda tiverem sido eliminados, novamente os *voxels* mais externos serão selecionados como borda e o processo reinicia até que não seja possível eliminar nenhum *voxel* sem comprometer a conectividade do esqueleto.

Para o teste de conectividade considera-se a codificação baseada na distância com relação ao VP. Para que um *voxel* seja considerado conexo, é necessário e suficiente que exista um caminho que o conecte a um outro *voxel* cuja distância ao VP seja menor que a sua.

Desta forma, se todos os *voxels* forem conexos de acordo com esse critério, haverá para todos eles ao menos um caminho formado por *voxels* com distâncias ao VP sucessivamente menores.

Sendo assim, antes de eliminar um *voxel* de borda, é necessário verificar se o mesmo é necessário para garantir a conectividade de algum ramo do esqueleto. Para isto é suficiente testar se todos os seus vizinhos permaneceriam conectados mesmo após sua eliminação.

Caso um *voxel* de borda seja desnecessário para a conectividade do esqueleto, ele pode ser prontamente desconsiderado, mas se o mesmo for necessário, sabe-se prontamente que ele fará parte do esqueleto, pois em nenhum momento posterior surgiria uma configuração do objeto em que o teste de conectividade possa indicar um resultado diferente.

Portanto, sabendo que esse *voxel* fará parte do esqueleto final e que sua presença é imprescindível para a manutenção da conectividade, testes posteriores de conectividade são desnecessários, mesmo sendo ele pertencente à borda do objeto.

A Figura 7, seqüência da Figura 6, demonstra a formação de um ramo do esqueleto. O *voxel* marcado como A é um máximo local, pois tem a distância com relação ao VP maior que a de seus vizinhos. Os *voxels* selecionados representam um caminho de valores sucessivamente menores que o liga ao VP, tornando a estrutura conexa. Qualquer *voxel* pertencente a esse caminho, mesmo que pertença à borda, a

etapa opcional, pois o esqueleto já foi integralmente determinado nas etapas anteriores e não será modificado nesta.

A importância desta etapa consiste, entretanto, em atribuir ao esqueleto, até então um aglomerado de *voxels* desordenados, uma ordem espacial que torne simples definir informações como, por exemplo, quais *voxels* pertencem ao mesmo ramo, quais ramos são maiores ou mais ramificados e quais os seus extremos.

Para efetivar esse ordenamento levam-se em consideração duas características do esqueleto obtido. A primeira, que todos os ramos convergem, necessariamente, para o VP. A segunda, que todo o esqueleto é formado por segmentos com apenas um único *voxel* de espessura.

Estas duas características tornam possível a utilização de algoritmos simples como os de crescimento de região. A semente para o crescimento é, logicamente, o VP, a partir do qual o algoritmo vai percorrendo os ramos e os identificando, assim como atribuindo a cada *voxel* uma ordenação, à medida que passa por eles.

A estrutura de dados que se deve usar para armazenar a organização dos segmentos depende muito da utilização a que se destina o esqueleto. Dentre as possibilidades estão árvores, pela sua inerente capacidade de representar estruturas hierárquicas, ou listas encadeadas simples, caso apenas a ordem dos *voxels* nos segmentos seja importante.

A Figura 9 ilustra em forma de pseudocódigo o algoritmo completo de esqueletonização descrito.

O algoritmo proposto foi testado em um conjunto de imagens de ressonância magnética, assim como de tomografia computadorizada, da região torácica, apresentando resultados satisfatórios. Nesses casos os volumes passaram por um pré-

processamento unicamente com a finalidade de segmentar o conjunto de estruturas internas do parênquima pulmonar.

```

faz a transformada da distancia das bordas
seleciona o voxel de maior valor
faz a transformada da distancia do voxel profundo
seleciona os maximos locais
enquanto houverem voxels de borda
{
    seleciona os voxels de borda
    percorre os voxels selecionados
    {
        se o voxel atual não for conector
            elimina voxel
        senão
            coloca voxel no esqueleto
    }
}
organiza segmentos

```

Figura 9: Pseudocódigo que demonstra o algoritmo de esqueletonização.

É interessante ressaltar que em imagens complexas como as referidas, que muitas vezes apresentam ruídos provenientes dos métodos de obtenção e com estruturas inerentemente irregulares, o algoritmo foi capaz de gerar um esqueleto bem representativo da morfologia geral dos objetos em análise evitando um crescimento anormal de ramos.

A Figura 10 demonstra a qualidade do esqueleto gerado. A Figura 10(a) apresenta as estruturas internas de parte de um pulmão no qual pode-se visualizar, além das árvores pulmonares, diversos nódulos dispersos pelo parênquima. A Figura 10(b) é o resultado do processo de esqueletonização.

O algoritmo foi aplicado, ainda, em imagens artificiais e apresentou resultados também satisfatórios. Como exemplos, pode-se observar a Figura 11 contendo um modelo de boneco acompanhado de seu esqueleto.

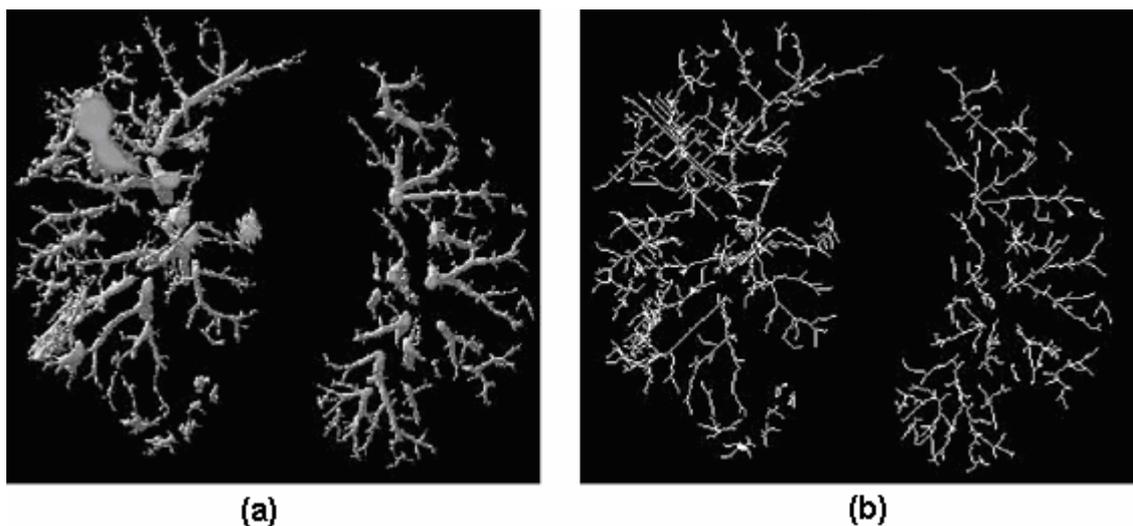


Figura 10: (a) – Estruturas internas de um pulmão. (b) – Esqueleto gerado a partir do algoritmo.

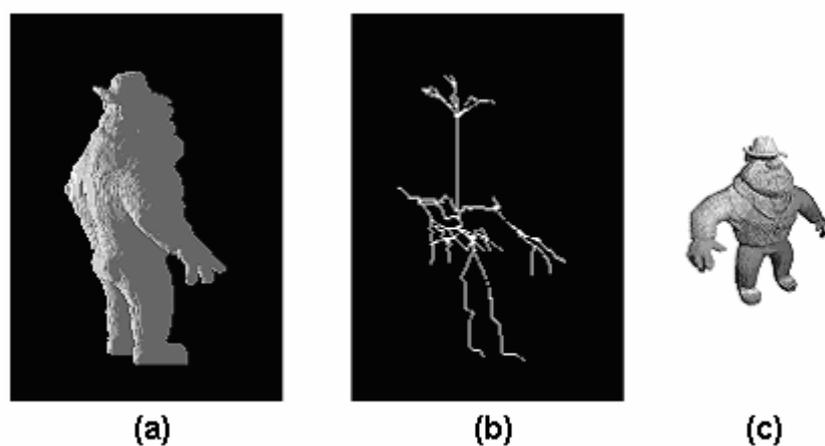


Figura 11: (a) – Modelo discretizado com 150 *voxels* de lado. (b) – Esqueleto do modelo. (c) – Modelo vetorial.

2.5. Métricas de classificação

Métricas de classificação são medidas numéricas que descrevem alguma propriedade de cada item da amostra que se quer classificar.

Baseado nestas medidas, o classificador inicialmente aprende o comportamento do conjunto de treinamento, adquire a capacidade de generalizar suas inferências para casos ainda não conhecidos e gera a função que fará o mapeamento do conjunto de características de um item para sua classificação correta.

2.5.1. Métricas Propostas

Para possibilitar a classificação e alcançar taxas de acerto satisfatórias, é fundamental a utilização de características das estruturas em análise. Nesse sentido, esta seção apresenta a proposta de três novas medidas baseadas na geometria (morfologia) do objeto a ser classificado.

As medidas aqui descritas foram avaliadas e comparadas com outras medidas de ampla aplicação em outros trabalhos e demonstraram grande poder descritivo, especialmente na caracterização de nódulos pulmonares. Em [SR 07] são feitos testes comparativos com outras abordagens, atingindo 100% de correção na classificação dos nódulos. Levando em consideração a base utilizada, que era composta por um número reduzido de casos, os resultados, apesar de promissores, ainda precisam ser validados com testes mais conclusivos.

2.5.1.1. Desproporção Esférica

Sabe-se que morfologicamente, vasos sanguíneos são bem diferentes de nódulos pulmonares quando observados sob um ponto de vista tridimensional. Enquanto que os primeiros têm um formato alongado, com possibilidade de ramificações, os últimos têm aspecto mais arredondado e compacto.

Analisando sob esse aspecto, a medida de desproporção esférica é capaz de mensurar o quanto determinada estrutura tem sua superfície irregular com relação a uma superfície totalmente esférica. Isto é conseguido através da comparação entre uma estimativa da área que o volume deveria ter, se fosse totalmente esférico, e a área que ele tem de fato.

Deve-se ressaltar a diferença existente entre *voxels* de borda e área superficial. O conjunto de *voxels* de borda de um objeto constitui um volume, ou seja, é uma grandeza tridimensional, enquanto que a área externa é uma superfície, portanto, bidimensional.

Desta forma, a desproporção esférica é calculada através da Equação 3, na qual A é a área superficial do objeto, R é o raio estimado da esfera com o mesmo volume do objeto. O raio estimado (R) é obtido através da Equação 4, sendo V o volume do objeto.

$$D = \frac{A}{4\pi R^2} \quad (3)$$

$$R = \sqrt[3]{\frac{3V}{4\pi}} \quad (4)$$

A Desproporção Esférica assume valores menores para objetos esféricos e valores maiores para os objetos alongados ou irregulares. A medida apresenta, também, propriedades invariantes com relação à rotação, à translação e à escala.

2.5.1.2. Densidade Esférica

Como já foi dito, as diversas estruturas, nodulares ou não, encontradas no parênquima pulmonar têm formatos mais ou menos compactos de acordo com suas naturezas. Desta forma, as estruturas mais compactas têm maior semelhança com a esfera, enquanto que as menos compactas, ou seja, mais dispersas, têm pouca semelhança com a mesma.

Uma medida muito comum para medir o quão compacta é uma estrutura é comparar o seu volume com o da caixa mínima [GM 02]. Existem, também, variações desta técnica, nas quais é possível empregar o fecho convexo [SA3 04] ou também outras figuras geométricas como elipses [GM 02], mas em geral, o método consiste em calcular uma figura circunscrita ao objeto e comparar o seu volume ao volume ocupado pelo objeto em análise.

Estas técnicas, entretanto, apresentam o problema de calcular o melhor alinhamento¹² da figura circunscrita ou inconsistências relativas à falta de alinhamento, tais como valores diferentes para objetos idênticos, mas com outra rotação, ou seja, não são rotacionalmente invariantes.

A Densidade Esférica, por outro lado, utiliza a esfera, uma figura rotacionalmente invariante, mas sem o inconveniente de ter que calcular as medidas ótimas para circunscrevê-la ao objeto. O que é feito, na verdade, é utilizar uma esfera cujo volume seja o mesmo do objeto em análise e com origem no centro de massa deste. A medida da Densidade Esférica consistirá, portanto, na porcentagem desta esfera que, de fato, também corresponda ao objeto.

A Figura 12 representa visualmente a aplicação desta métrica. Na Figura 12(a) percebe-se que o objeto ocupa a maior parte do círculo, resultando em uma Densidade Esférica elevada. Nas Figura 12(b) e Figura 12(c) não acontece o mesmo devido à maior dispersão do volume do objeto, de forma que a Densidade Esférica resultante assume valores menores.

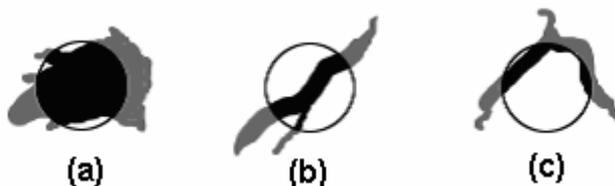


Figura 12: Ilustração bidimensional da Densidade Esférica

A Densidade Esférica é calculada pela Equação 5, na qual n é o número de voxels $P_{x,y,z}$ tais que $P_{x,y,z} \neq 0$ e $(x - M_x)^2 + (y - M_y)^2 + (z - M_z)^2 \leq R^2$, V é o

¹² O alinhamento de uma figura circunscrita consiste na aplicação de uma transformação de rotação sobre a mesma de modo a obter o melhor ajuste sobre o objeto inscrito. Em outras palavras, o objetivo é obter uma figura circunscrita com as menores dimensões possíveis através de um posicionamento desta em torno do objeto inscrito de forma a reduzir as regiões entre a borda deste e o perímetro daquela.

volume do objeto, R é o raio estimado obtido pela Equação 4 e M_x, M_y, M_z é a coordenada do centro de massa do objeto dado pela Equação 6.

$$E = \frac{100 \cdot n}{V} \quad (5)$$

$$M_x = \frac{\sum p_x}{n}, M_y = \frac{\sum p_y}{n}, M_z = \frac{\sum p_z}{n} \quad (6)$$

A Densidade Esférica tem a propriedade de aproximar-se de zero para volumes muito alongados ou com centro de massa externo, enquanto que assume valores próximos de cem para volumes mais esféricos. Além disto, é uma medida invariante quanto a mudanças no objeto no que diz respeito à rotação, translação e escala, sendo, portanto, uma medida suficientemente estável para ser utilizada como um descritor morfológico confiável.

2.5.1.3. Distância Radial Ponderada

As métricas que calculam o achatamento ou alongamento de um objeto baseadas em figuras circunscritas ou características globais pecam por não mensurar as particularidades reais desses objetos.

Na Figura 13 pode-se perceber que, apesar do fato de que as caixas mínimas dos três objetos têm as mesmas dimensões, os objetos em si são muito diferentes. As medidas feitas com base nas dimensões destas caixas mínimas correm o risco de imprecisões significativas.

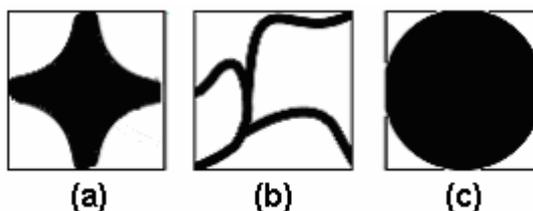


Figura 13: Objetos representados em suas caixas mínimas

Medidas globais como área e volume nem sempre são descritores ideais para certas características dos objetos, pois, novamente, aqueles com mesmas medidas podem ter formas bem diferentes.

A Distância Radial Ponderada afere o grau de achatamento de um objeto a partir de medidas locais dos *voxels*, aumentando a precisão total desse descritor.

A idéia por trás desta medida está na relação de distância entre os *voxels* do volume e o eixo medial deste. Em volumes muito alongados, os *voxels*, em média, tendem a estar a uma pequena distância do eixo medial, enquanto que em volumes mais concentrados, os *voxels* assumem distâncias radiais maiores.

Entretanto, a distância radial média dos *voxels* com relação ao eixo medial, apesar de já fornecer uma idéia do grau de *flatness* do objeto, não é uma medida consistente, já que objetos mais volumosos, tenderiam a ter coeficientes maiores.

Desta forma, a Distância Radial é feita de modo ponderado, garantindo, assim, que a dimensão do volume não interfira na grandeza da medida, mas somente o formato deste.

A Distância Radial Ponderada pode ser obtida através da Equação 7, na qual R é o raio estimado obtido pela Equação 4, $c_{x,y,z}$ é o coeficiente de ponderação, aplicado a cada *voxel* através da Equação 8 e $r_{x,y,z}$ é a distância radial do *voxel* de coordenadas x, y, z .

$$Drp = R^{-1} \sum_{x,y,z} c_{x,y,z} \quad (7)$$

$$c_{x,y,z} = \frac{3}{4\pi} \left[(r_{x,y,z} + 0,5)^3 - (r_{x,y,z} - 0,5)^3 \right]^{-1} \quad (8)$$

A distância radial $r_{x,y,z}$, como já foi dito, é a distância do *voxel* ao eixo medial do objeto naquele ponto dada pela Equação 9, onde q é um ponto qualquer e Ma é o conjunto dos pontos pertencentes ao eixo medial do objeto.

$$r_{x,y,z} = \min\{dist(p_{x,y,z}, q) | q \in Ma\} \quad (9)$$

Inicialmente, é realizada a transformada da distância de maneira regular sobre o volume, de acordo com a Equação 2, conferindo a cada *voxel* um índice que representa o seu grau de afastamento das bordas. Os *voxels* mais internos, constituintes do eixo medial, terão, desta forma, valores mais elevados.

A distância radial é justamente a inversão do sentido ascendente desses valores, atribuindo aos *voxels* centrais o índice zero e aos demais, a medida em que se afastam, valores sucessivamente maiores até que as bordas sejam atingidas.

A Distância Radial Ponderada tem a propriedade de assumir valores próximos à unidade em volumes pouco alongados e valores maiores para volumes mais alongados. Também é uma medida invariante para rotações, translações e escalas.

2.5.1.4. Comparativo das Métricas Propostas

As três medidas foram avaliadas separadamente, assim como em conjunto. Verificou-se que, dentre as características propostas, a que apresentou os melhores resultados foi a Densidade Esférica. Sozinha, esta métrica foi capaz de obter um grau de acerto muito bom, como pode ser verificado pela Tabela 1.

O mais importante, entretanto, foi que as outras métricas propostas, apesar de não fazerem, isoladamente, uma classificação tão boa, em conjunto com a Desproporção Esférica caracterizam o candidato a nódulo de maneira tão precisa que a taxa total de acerto, na amostra em questão, foi de 100%.

A título de comparação, a Tabela 1 também apresenta resultados obtidos em outra abordagem. A *Radial Volume Distribution* foi proposta por Lu [LX 04] e demonstrou ser um métrica com alto poder descritivo. Maiores detalhes sobre os testes estão descritos em [SR 07].

Tabela 1: Comparativo das métricas propostas

Métrica	Sensibilidade	Especificidade	Total de Acerto
Desproporção Esférica	78,94%	100%	96,99%
Densidade Esférica	100%	99,56%	99,62%
Distância Radial Ponderada	71,05%	97,36%	93,60%
As três métricas propostas	100%	100%	100%
Radial Volume Distribution	91,4%	99,5%	-

2.6. Máquina de Suporte Vetorial

Máquinas de Suporte Vetorial (SVM) são sistemas de aprendizagem que utilizam um espaço de hipóteses de funções lineares em um espaço de muitas dimensões [CN 00]. São treinados com algoritmos de aprendizagem com forte influência da teoria de otimização e de aprendizagem estatística. Esta estratégia foi introduzida por Vapnik [VV 98] e é um poderoso método que em poucos anos vem superando outros sistemas em uma variedade de aplicações.

A teoria de SVM afirma que enquanto outras técnicas de aprendizagem se baseiam na otimização do desempenho sobre um conjunto de treinamento, ela é capaz de minimizar o risco de classificar de forma errada padrões ainda desconhecidos. Em outras palavras, a capacidade de generalização das SVMs mostra-se superior a outros métodos conhecidos.

De forma geral, o objetivo de um treinamento bem sucedido utilizando SVMs é a obtenção de hiperplanos que dividam as amostras no espaço de características de

maneira a otimizar os limites de generalização além, é claro, de manter a eficiência para tratar um número grande de instâncias.

O que ocorre na verdade é que em casos onde o conjunto de amostras é composto por duas classes separáveis o SVM é capaz de encontrar um hiperplano baseado em um conjunto de pontos denominados Vetores de Suporte que maximize a margem de separação entre estas classes. Entretanto, quando as duas classes não são separáveis, o SVM ainda é capaz de encontrar um hiperplano através da teoria da otimização que divida da melhor forma as amostras e que não seja significativamente abalado por pontos que estejam fora da região correta de classificação.

Um conceito fundamental para o entendimento do poder de classificação do SVM é o de hiperplano. Hiperplano é uma superfície de separação de duas regiões num espaço multidimensional, onde o número de dimensões possíveis pode ser, até, infinito.

Desta forma, o SVM é capaz de estimar o melhor hiperplano possível que possa separar os pontos de duas classes de amostras de modo que em cada lado do mesmo fique o maior número possível de pontos da mesma classe e que a distância entre os pontos e o hiperplano seja, também, a maior possível. A Figura 14 mostra hiperplanos de separação entre duas classes linearmente separáveis. O hiperplano ótimo, em tom mais escuro, não somente separa as duas classes, mas também o faz mantendo a maior distância possível com relação aos pontos da amostra.

De uma maneira mais formal, considerando o conjunto de amostras de treinamento (x_i, y_i) , sendo $x_i \in R^n$ o vetor de entrada, y_i a classificação correta das amostras e $i = 1, \dots, n$ o índice de cada ponto amostral, o objetivo é estimar a função $f : R \longrightarrow \{\pm 1\}$ que classifique corretamente os exemplos de teste.

A etapa de treinamento, portanto, ao tentar estimar a função $f(x) = (w \cdot x) + b$, procura por valores de w e b tais que a Equação 10 seja satisfeita, indicando que cada

ponto terá uma classificação correta.

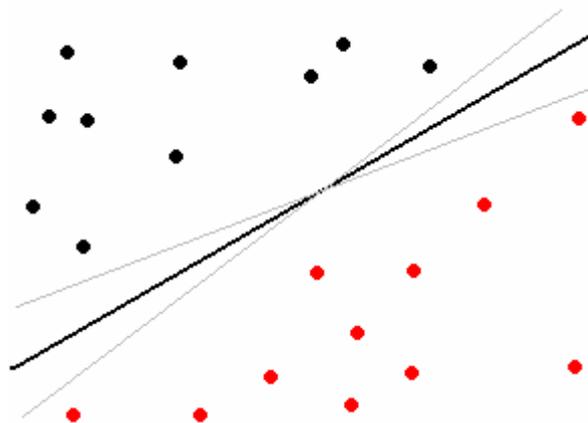


Figura 14: Hiperplano de separação de duas classes

$$y_i((w \cdot x_i) + b) \geq 1 \quad (10)$$

Além disto, sabendo que a distância do hiperplano aos pontos da amostra mais próximos (margem) é dado por $1/\|w\|$, a estimativa de w e b deve levar em consideração uma maior margem, maximizando o seu valor.

Desta forma, de acordo com a teoria da otimização, os valores ótimos de w e b serão encontrados ao minimizar a equação de custo (Equação 11) de acordo com a restrição dada pela Equação 10 [CA 06].

$$\Phi(w) = \frac{w^2}{2} \quad (11)$$

Nos casos nos quais uma separação perfeita entre as duas classes não for possível, entretanto, o SVM ainda possibilita encontrar um hiperplano que minimize a ocorrência de erros de classificação. Isto é possível através da inclusão de variáveis de folga, que permitem que as restrições da Equação 10 sejam quebradas.

Nesse caso, o problema de otimização passa a ser a minimização da Equação 12 de acordo com a restrição imposta pela Equação 13. C é um parâmetro de treinamento que estabelece um equilíbrio entre a complexidade do modelo e o erro de treinamento.

$$\Phi(w, \xi) = \frac{w^2}{2} + C \sum_{i=1}^N \xi_i \quad (12)$$

$$y_i((w \cdot x_i) + b) + \xi_i \geq 1 \quad (13)$$

Desta forma, utilizando-se a teoria dos multiplicadores de Lagrange [CA 06], pode-se chegar à Equação 14 na qual pretende-se encontrar os multiplicadores de Lagrange α_i ótimos e que satisfaçam a Equação 15.

$$w(\alpha) = \sum_{i=1}^N \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j=1}^N \alpha_i \alpha_j y_i y_j (x_i \cdot x_j) \quad (14)$$

$$\sum_{i=1}^N \alpha_i y_i = 0, \quad 0 \leq \alpha_i \leq C \quad (15)$$

Apenas os pontos onde a Equação 10 seja exatamente igual à unidade têm correspondentes $\alpha_i \neq 0$. A estes pontos dá-se o nome de vetores de suporte, pois se localizam, geometricamente, sobre as margens. Esses pontos têm uma importância fundamental na definição do hiperplano ótimo, pois são eles que delimitam a margem do conjunto de treinamento.

Na Figura 15 os pontos destacados representam os vetores de suporte da amostra. Os pontos além da margem não influenciam decisivamente na determinação do hiperplano, enquanto que os vetores de suporte, por terem pesos não nulos, são decisivos.

Para que o SVM possa classificar amostras que não são linearmente separáveis, é necessário transformar o espaço de características para um novo espaço de dimensão suficientemente grande na qual a amostra passe a ser linearmente separável. Para obter esse resultado a referida transformação deve ser não linear. Isto é obtido com a adoção dos *kernels*.

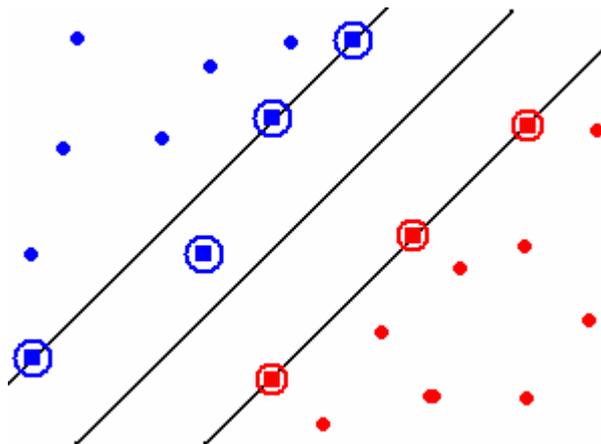


Figura 15: Vetores de suporte destacados

Nota-se que a Equação 14 depende das amostras apenas como um produto de vetores (x_i, x_j) . Utilizando a transformação não linear φ tem-se o novo produto $(\varphi(x_i)\varphi(x_j))$ num espaço de dimensão maior. Substituindo, contudo, esse produto por uma função K que obtenha o mesmo resultado diretamente a partir das amostras originais, não existe mais a necessidade de se conhecer o mapeamento φ .

A função K é denominada *kernel* e pode realizar o mapeamento das amostras para um espaço de dimensão muito elevada sem aumentar a complexidade dos cálculos.

A Equação 16 mostra o resultado da Equação 14 com a utilização de um *kernel*.

$$w(\alpha) = \sum_{i=1}^N \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j=1}^N \alpha_i \alpha_j y_i y_j K(x_i, x_j) \quad (16)$$

Nesta dissertação, o SVM foi utilizado na etapa de classificação dos candidatos a nódulo, decidindo se estas estruturas eram de fato nódulos legítimos ou apenas estruturas normais. Nesta classificação, contudo, não se levou em conta o tipo de nódulo, se benigno ou maligno.

3. Metodologia Proposta

A metodologia proposta nesta dissertação foi implementada, dando origem a uma ferramenta capaz de validá-la. Grande parte das imagens desse trabalho, em especial as desse capítulo, foram obtidas desta ferramenta através do *framework* de visualização volumétrica proposto em [SR 05].

A descrição da detecção dos nódulos foi dividida em várias etapas, principalmente porque a própria metodologia foi idealizada utilizando esta organização, conforme Figura 16. Isto foi feito porque, cada etapa compondo uma camada da aplicação, melhora a manutenibilidade do código e permite que elas sejam, até certo ponto, independentes. Desta forma, a metodologia em questão primou, não somente por resultados no que diz respeito ao ponto de vista médico, mas também pela qualidade em engenharia de *software*.

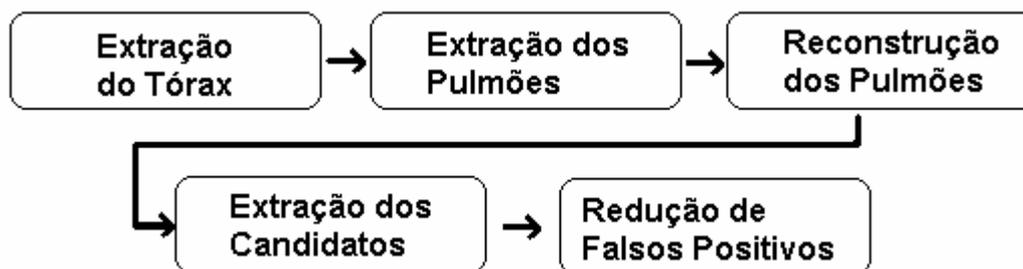


Figura 16: Estrutura lógica da metodologia

Sendo assim, as seções seguintes detalham as diversas fases do processo, desde a extração do tórax até a detecção dos nódulos de fato.

O processamento, totalmente automático, inicia-se com a etapa de extração do tórax, onde são eliminados os artefatos externos ao mesmo. Em seguida a extração dos pulmões é feita eliminando do volume os tecidos densos da parede torácica, constituídos

principalmente por músculos e ossos, através de um algoritmo de limiarização seletivo por localidade. Em seguida, através da técnica morfológica conhecida como *Rolling Ball*, ocorre a reconstrução das paredes dos pulmões, ocasião na qual as mesmas são restauradas para evitar a desconsideração de nódulos periféricos. O passo seguinte consiste em eliminar, dos pulmões, os tecidos moles, principais constituintes do parênquima, preservando somente as estruturas nele contidas, o que novamente é realizado com auxílio de um limiar dinâmico. Finalmente, utilizando algoritmos de crescimento de região, cada estrutura é identificada e isolada. Então os candidatos são identificados com base nas características de seu esqueleto, finalizando a fase de extração de candidatos. Em seguida as estruturas identificadas são submetidas ao classificador SVM para a redução de falsos positivos.

Para facilitar o acompanhamento do efeito de cada etapa do processo de segmentação sobre a imagem de tomografia, esse trabalho toma como base ilustrativa, na medida do possível, uma única fatia e, a partir dela, demonstra o resultado de cada etapa. Esta fatia original que norteará a ilustração do texto desse capítulo está representada na Figura 17.

3.1. Extração do Tórax

A imagem de tomografia computadorizada é composta, muitas vezes, além da seção transversal do corpo do paciente de alguns artefatos indesejáveis, tais como a superfície na qual o paciente repousava, lençóis, etc, representados na Figura 17 pelas estruturas numeradas 1 e 2. É evidente a necessidade de eliminar tais estruturas a fim de não comprometer o resultado da segmentação.



Figura 17: Fatia de tomografia torácica antes de iniciado o processo.

Como estas estruturas são, em geral, bastante distintas da região de interesse desta fase da segmentação, que no caso é o tórax, o processo de extração aqui descrito é bastante simples, sendo fundamentado apenas em um algoritmo de crescimento de regiões¹³ [GR 02] associado a um processo de limiarização.

Esta associação é necessária porque na imagem de tomografia, os *voxels* do parênquima têm tons de cinza aproximadamente iguais aos encontrados fora da região torácica. Desta forma, a eliminação dos artefatos externos ao tórax com o uso de um limiar simples acarretaria também na eliminação dos pulmões.

Para evitar esse inconveniente, utilizou-se o algoritmo de crescimento de região com sementes externas ao tórax e critério de similaridade como sendo os *pixels* com tom de cinza abaixo do limiar pretendido. Desta forma, todos os *voxels* escuros do

¹³ Crescimento de Regiões é um dos métodos mais simples de segmentação. Consiste em agrupar *pixels* ou subregiões em regiões maiores de acordo com um critério de similaridade que pode ser o tom de cinza, brilho, textura, etc. As regiões agrupadas sempre são consideradas vizinhas de acordo com algum critério de adjacência. A região inicial, a partir da qual o algoritmo expande, agrupando as regiões vizinhas é denominada “semente”.

fundo serão eliminados e o pulmão será preservado já que a parede torácica, sendo composta de *voxels* claros, impede que o crescimento de região a transponha.

Inicialmente deve-se determinar o critério de parada para o algoritmo de crescimento de região; Dado que o tórax é consideravelmente mais denso que a região exterior, existe uma faixa de valores razoavelmente larga que pode ser usada como limiar. Esta faixa é facilmente encontrada através da análise do histograma¹⁴ da imagem, que apresenta picos bem distintos marcando a região externa, composta por ar, e os tecidos musculares. Na implementação desse trabalho foi utilizado um histograma rápido, que analisou somente os *pixels* pertencentes ao plano que corta as fatias de acordo com a diagonal em azul na Figura 17.

O histograma resultante é representado pela Figura 18. Nela se pode ver o limiar de corte, entre os níveis de cinza correspondentes aos tecidos moles e ar (pico 1) e os músculos e ossos (pico 2).

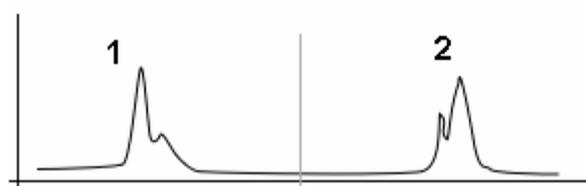


Figura 18: Histograma diagonal de uma fatia de exame de TC.

Uma vez encontrado o limiar, as sementes do crescimento de região são lançadas nos quatro extremos de cada fatia, dado que o algoritmo, por questões de desempenho, somente atua de forma bidimensional. A Figura 19 mostra em vermelho o resultado do crescimento em alguns momentos diferentes. A Figura 19(a) mostra as sementes em

¹⁴ Histograma é uma representação da quantidade de *pixels* com determinado valor de amplitude [PW 01]. Em outras palavras, é a função de distribuição de freqüência dos tons de uma imagem. O histograma é obtido através de $h(t) = \{quant(P_{x,y}) | P_{x,y} = t\}$, onde $quant(P_{x,y})$ é a função que retorna o número de ocorrências de um valor e $P_{x,y}$ é o tom do *pixel* de coordenadas x e y.

vermelho, em seguida, um momento logo após o início do crescimento é representado na Figura 19(b). O resultado final do crescimento pode ser visto na Figura 19(c).

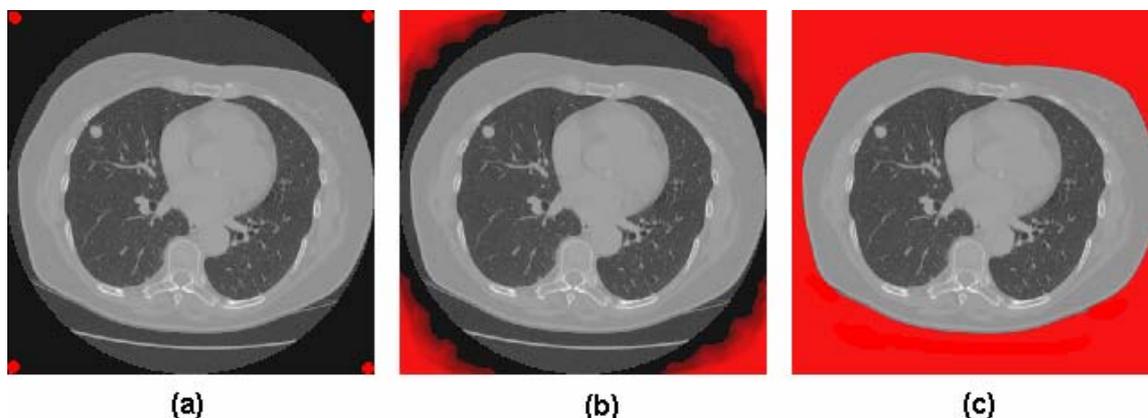


Figura 19: Representação do crescimento de regiões a partir dos quatro cantos de cada fatia.

O algoritmo de crescimento utilizado, entretanto, possui uma ligeira modificação. Percebe-se pelo elemento 1 na Figura 17 que é possível encontrar estruturas bastante densas fora da região torácica, sendo que um limiar puro não seria capaz de eliminá-las. Desta forma, foi necessária a introdução de um comportamento diferenciado no algoritmo de crescimento de região para que ele seja capaz de eliminar todas as estruturas pouco densas e, ainda, consiga eliminar as estruturas mais densas e afiladas.

Na verdade, a característica descrita do algoritmo é tão somente a adição de uma tolerância no crescimento de região. Normalmente esse algoritmo expande sua área somente através dos *pixels* dentro do limiar, mas com esta tolerância ele se torna capaz de penetrar em regiões além do limiar, ou seja, ignorando o critério de similaridade.

Desta forma, enquanto expandindo em regiões dentro do critério normal de similaridade, o algoritmo de crescimento modificado se comporta da maneira habitual, mas ao encontrar uma região fora do limiar, ele continua a crescer, mas decrementando sua tolerância até que a mesma atinja o valor zero. A Figura 20 contém um

pseudocódigo do algoritmo de crescimento de regiões utilizado com as modificações em destaque.

```

seleciona sementes iniciais
enquanto houver sementes
{
    seleciona uma semente
    percorre os vizinhos da semente
    {
        se o vizinho estiver dentro do limiar
        {
            atribui penetracao 5 ao vizinho
            inclui vizinho como semente
        }
        senão, se a penetracao da semente for maior que zero
        {
            atribui penetracao decrementada ao vizinho
            inclui vizinho como semente
        }
    }
}

```

Figura 20: Algoritmo de crescimento de regiões modificado

Encontrou-se, empiricamente, que a medida ótima para a profundidade da penetração seria de cinco *pixels*. Esse valor garante que todas as estruturas indesejáveis sejam eliminadas ao passo que, sendo a parede torácica muito mais larga, não é significativamente afetada a ponto de ser transposta. O resultado da fase de extração do tórax pode ser visto na Figura 21.

É importante enfatizar que as modificações e valores descritos são baseados em um conhecimento prévio sobre a categoria de imagens que se está processando. Sabe-se que os artefatos externos ao tórax são todos afilados e sua espessura não ultrapassa uma medida que impeça sua eliminação através desse método. Sabe-se, também, que a parede torácica é significativamente mais espessa que todos os artefatos externos a ela.



Figura 21: Tórax extraído

3.2. Extração dos Pulmões

O próximo passo é a extração dos pulmões. Assim, torna-se necessária a eliminação do mediastino, da parede torácica, enfim, de todas as estruturas que não façam parte do parênquima pulmonar.

Novamente a técnica de crescimento de região é utilizada. O limiar de corte é calculado através do mesmo histograma diagonal comentado na seção anterior, sendo que desta vez apenas os *voxels* restantes são considerados.

A diferença, entretanto, está na inicialização da semente de crescimento. Ela deverá ser colocada em uma região de grande densidade no tórax, que pertença à área que deve ser eliminada.

Para determinar esta posição, foi utilizado o mesmo princípio de diagonal utilizado para calcular o histograma. Inicia-se uma busca a partir do canto superior esquerdo de cada fatia, seguindo a diagonal principal, até encontrar o primeiro *pixel* pertencente ao tórax. Uma vez tendo este sido encontrado, a semente é lançada e o crescimento de região inicia-se, desta vez, entretanto, sem a modificação de tolerância.

O resultado desta fase, contudo, não apresenta bons resultados, devido à presença de diversas estruturas densas tais como vasos sanguíneos ou mesmo nódulos periféricos, que pertencem ao parênquima pulmonar, mas foram incorretamente eliminados devido à sua densidade elevada e proximidade com a parede externa dos pulmões. Um exemplo claro disto é apresentado na Figura 22 na qual é ilustrado o pulmão direito.

A reconstrução do contorno correto dos pulmões com o objetivo de resgatar as estruturas que foram eliminadas incorretamente é feita na próxima etapa.

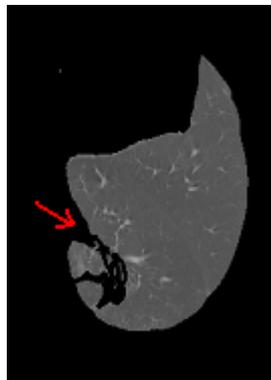


Figura 22: Pulmão direito segmentado

3.3. Reconstrução dos Pulmões

Como foi dito na Seção 3.2, e ilustrado através da Figura 22, certas estruturas acabam sendo erroneamente eliminadas da segmentação pelo algoritmo descrito anteriormente. Fica evidente a necessidade de reincorporar as regiões indevidamente excluídas para que o resultado da metodologia não fique comprometido.

Novamente um conhecimento prévio sobre os dados e sobre o objeto que está sendo segmentado é utilizado. Sabe-se que o pulmão é um órgão de contornos suaves, sem reentrâncias. Desta forma, qualquer orifício ou descontinuidade abrupta encontrada em seu contorno é um forte indício de falha no perímetro e deve ser reconstruído.

Na verdade, é a reconstrução do perímetro pulmonar que vai garantir que os nódulos periféricos não sejam desconsiderados na detecção, fazendo com que esta seja uma etapa de importância estratégica na metodologia.

Nesta dissertação duas técnicas de reconstrução foram experimentadas sendo a primeira denominada detecção de indentações e a segunda *Rolling Ball* [GM 02].

A técnica de detecção de indentações é baseada na análise da razão entre dois tipos de distâncias medidas entre dois pontos do contorno. A distância euclidiana indica o comprimento do segmento de reta que une os dois pontos e sempre é a menor distância possível entre os dois. A distância através do contorno é, geralmente, maior que a primeira, sendo determinada pelo comprimento da parede pulmonar dentre os dois pontos.

Esta técnica consiste em detectar concavidades muito intensas através da observação de quanto maior é a distância no contorno com relação à distância euclidiana. Caso a razão entre as duas supere um limiar, esta concavidade deverá ser reconstruída para o contorno definido pela distância euclidiana.

A Figura 23 dá uma noção mais precisa das distâncias. Dados dois pontos genéricos 1 e 2 do contorno, a Figura 23(a) representa em vermelho o que seria a distância euclidiana, enquanto que a Figura 23(b) representa em vermelho a distância sobre o contorno.

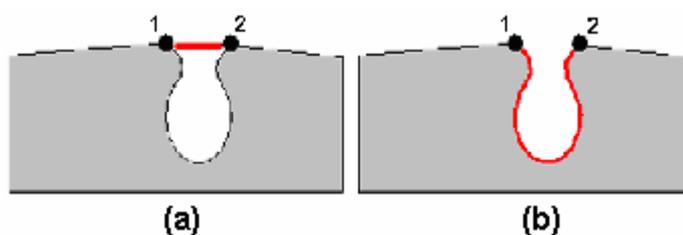


Figura 23: Detecção de Identações

O resultado da aplicação desta técnica ficou aquém do desejado, sendo difícil encontrar um limiar adequado para todos os casos ou mesmo um intervalo de comparação para cada ponto do contorno. Além disto, a reconstrução gerada é demasiadamente grosseira, sendo algumas vezes inadequada para os fins desejados.

A outra técnica pesquisada foi a *Rolling Ball*, que consiste em operações morfológicas de fechamento [GR 02] executadas com um elemento estruturante circular. A idéia conceitual é de que uma circunferência rola sobre o contorno do pulmão, fazendo com que as concavidades onde ela não consiga entrar sejam reconstruídas.

De maneira mais formal, a operação de fechamento entre uma imagem A e um elemento estruturante B é dada por $A \bullet B = (A \oplus B) \ominus B$, onde $A \oplus B$ é uma operação de dilatação dada por $A \oplus B = \{c \mid c = a + b, a \in A, b \in B\}$ e $A \ominus B$ é uma operação de erosão dada por $A \ominus B = \{x \mid x + b \in A \text{ para todo } b \in B\}$. Maiores informações sobre morfologia matemática podem ser obtidas em [FJ 96].

Na Figura 24 ilustra-se a idéia central do algoritmo. Nesta situação específica, a circunferência está passando sobre uma concavidade sem que tenha conseguido percorrer todo o contorno interno a ela, sendo necessária, portanto, a reconstrução desta área.

A *Rolling Ball* apresentou melhores resultados que a técnica anterior por ser mais simples, tanto conceitualmente quanto em termos de implementação e também por proporcionar melhores reconstruções e, portanto, foi utilizada na metodologia proposta.

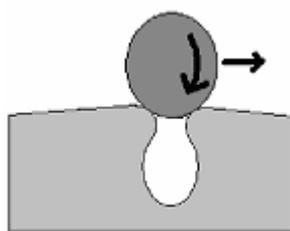


Figura 24: *Rolling Ball*

Na Figura 25 pode-se perceber isto mais claramente. A Figura 25(a) é o resultado da reconstrução utilizando a técnica de detecção de identações. Nota-se a reconstrução exagerada e grosseira da concavidade referente ao mediastino. Já na Figura 25(b), proveniente do *Rolling Ball*, o resultado é mais suave e sem os erros ocorridos com a primeira.

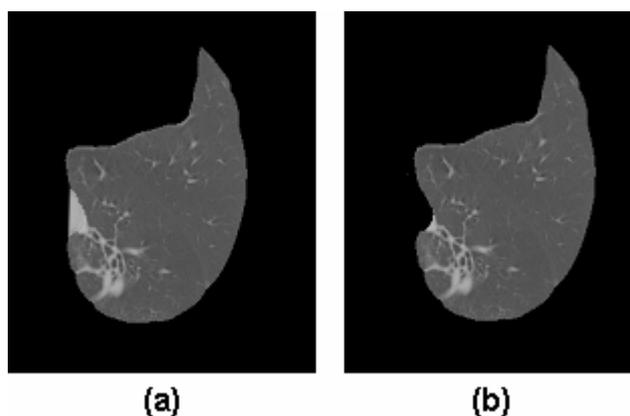


Figura 25: Comparativo das técnicas de reconstrução. (a) – Reconstruída com detecção de identações. (b) – Reconstruída com *Rolling Ball*.

3.4. Extração de Estruturas Isoladas

Uma vez que os pulmões estão segmentados, inicia-se, de fato, a detecção das estruturas internas. Estas sendo mais densas que o parênquima permitem novamente a utilização de um limiar.

A escolha de um limiar nesse caso, entretanto, não é tão simples quanto nas etapas anteriores. As estruturas, apesar de mais densas que o parênquima, apresentam

um aumento gradual de densidade a partir das bordas, ocasionando que a escolha de um valor muito alto possa reduzir o volume total dos possíveis nódulos.

Desta forma, o procedimento mais adequado é ser um tanto conservador na escolha do limiar, ou seja, escolher um valor até um pouco abaixo do necessário de forma que as estruturas segmentadas fiquem um tanto alargadas. Isto é preferível a ter o caso contrário, no qual *voxels* pertencentes a estas estruturas são desprezados.

Novamente, para a escolha desse limiar, deve-se partir para a análise do histograma dos *voxels* ativos¹⁵ do volume. Desta vez, como já foi dito, não existe uma distinção clara entre as faixas daqueles pertencentes aos tecidos menos e mais densos. Além disto, dentre as estruturas densas, não serão encontradas somente nódulos, mas também vasos sanguíneos, brônquios, etc.

A Figura 26 é um exemplo de histograma obtido nesta fase da segmentação. O único pico encontrado na imagem é formado por *voxels* escuros do parênquima. Os *voxels* claros, sendo minoria não formam um pico. O limiar, portanto, visando eliminar somente os *voxels* mais escuros é posicionado logo no ponto de inflexão que finaliza o cume do histograma.



Figura 26: Histograma do parênquima pulmonar

Depois da escolha do limiar, todos os *voxels* abaixo do mesmo são descartados, permanecendo somente aqueles que fazem parte das estruturas internas do pulmão. Antes, contudo, de ser possível identificar que tipo de estrutura é cada região, é

necessário conferir a cada uma delas uma identidade única. Isto é importante para que elas sejam analisadas e classificadas isoladamente, já que até então estão todas compondo uma só entidade que é o conjunto de tecidos densos do parênquima, ilustrado na Figura 27.



Figura 27: Estruturas densas dos pulmões

Para isolar as estruturas foi utilizado mais uma vez o algoritmo de crescimento de regiões. Cada ponto pertencente ao parênquima segmentado deu origem a uma semente a partir da qual cada região tridimensionalmente conectada pode ser identificada. Nota-se, na Figura 28, que algumas delas são compostas apenas de vasos sanguíneos, outras de brônquios, mas em grande parte, elas são compostas de um conjunto de estruturas diferentes, dentre as quais, vasos sanguíneos, brônquios e nódulos.

¹⁵ *Voxels* cujo valor seja diferente de zero e que não tenham sido eliminados na segmentação.

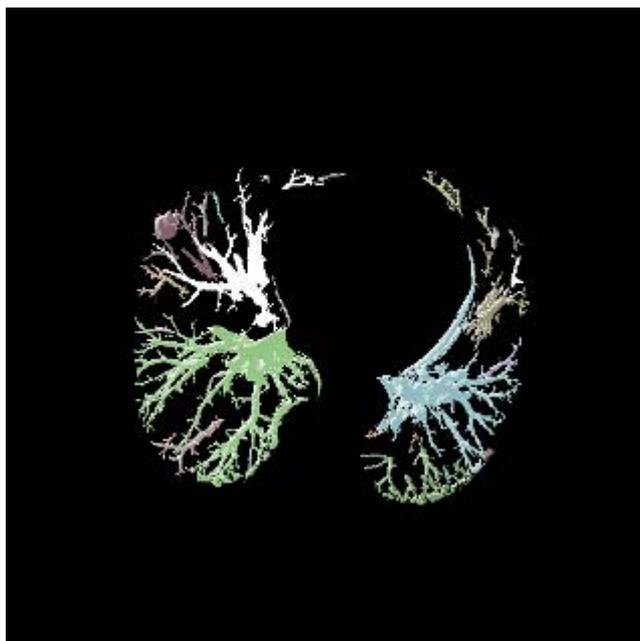


Figura 28: Estruturas isoladas

Fica evidente, portanto, que existe ainda a necessidade de processar cada estrutura no intuito de dividi-la em seus componentes essenciais, para que somente os candidatos a nódulo passem para a etapa de classificação.

3.5. Separação de vasos e nódulos

Como foi visto, a separação de nódulos e outras estruturas é necessária. Com base nas propriedades morfológicas dos vasos sanguíneos e brônquios, que apresentam formato tubular, é possível identificá-los em meio às estruturas até então segmentadas e eliminá-los.

Estruturas tubulares, em geral, aproximam-se relativamente bem de seu eixo medial. A exploração desta propriedade através de um algoritmo de esqueletonização tem na metodologia o objetivo de separar, no parênquima, as diversas estruturas que apresentem esta propriedade.

O objetivo é que, tendo as principais estruturas tubulares sido eliminadas da segmentação, permaneçam dentre as restantes apenas os nódulos e alguns poucos falsos candidatos que poderão ser refinados na etapa de classificação através do SVM.

Como dentro do parênquima pode-se obter facilmente centenas de estruturas diferentes a serem segmentadas, uma demora excessiva nesta etapa poderia comprometer todo o processo. Para a esqueletonização, portanto, foi desenvolvido um algoritmo cujas principais características são agilidade e eficiência, uma vez que os algoritmos propostos na literatura apresentavam um tempo de processamento inadequado para esta aplicação.

Os fundamentos para se obter tal desempenho foram, além de um desenvolvimento planejado e estruturas de dados especializadas, a obtenção do esqueleto final em apenas uma etapa, sem necessidade de pós-processamento ou melhorias. O algoritmo utilizado, também proposto como contribuição, foi apresentado na Seção 2.4.1.

A idéia por trás da segmentação baseada no esqueleto é detectar regiões, ou seqüências de *voxels* pertencentes ao eixo medial das estruturas, que apresentem baixa variação de profundidade média, ou seja, da distância média do eixo medial com relação à borda do objeto. Esse padrão é característico de estruturas tubulares, tais quais as que são necessárias eliminar.

A exemplo do que foi dito, pode-se perceber na Figura 29(a) que o ramo assinalado provavelmente representa um vaso sanguíneo. A observação da profundidade média de seu eixo medial, através da Figura 29(b) permite perceber a sua baixa variação.

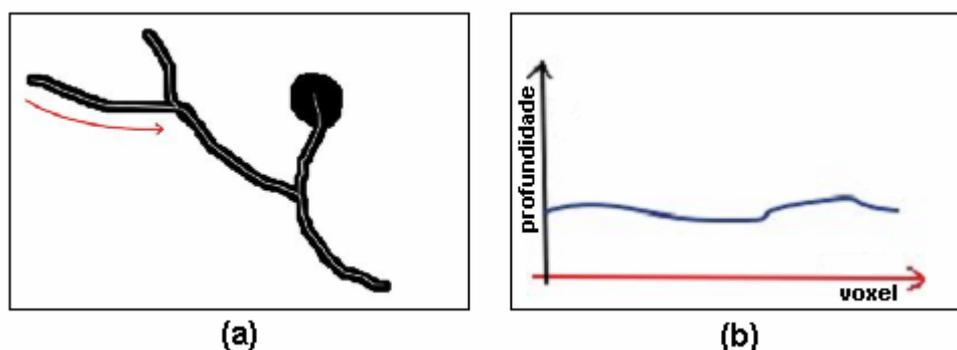


Figura 29: Análise do eixo medial de uma estrutura. (a) – A estrutura sob análise; provavelmente um vaso sanguíneo. (b) – Gráfico representando a profundidade média dos *voxels* pertencentes ao eixo medial do ramo sob análise.

Em contrapartida, a estrutura indicada na Figura 30(a) tem grande potencial de ser um nódulo agregado a um vaso. A mesma análise sobre a profundidade média dos *voxels* de seu esqueleto indica um padrão bem diferente. Conforme a Figura 30(b), nota-se um súbito aumento de valores a partir da fronteira do nódulo, comportamento este que pode ser utilizado para detectá-lo.

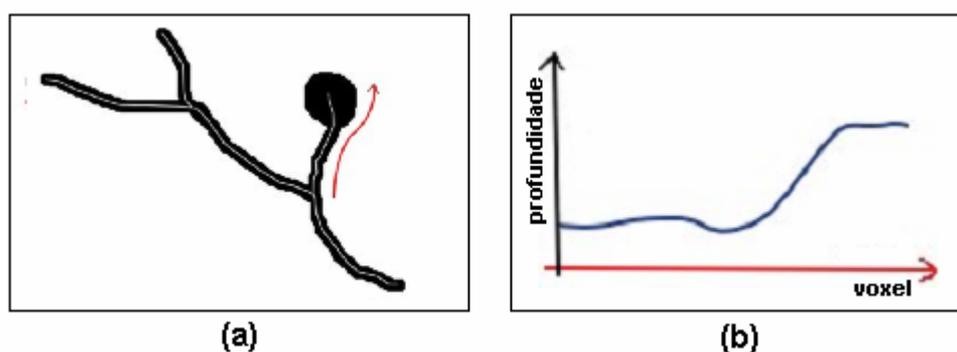


Figura 30: Análise do eixo medial de uma estrutura. (a) – A estrutura sob análise; provavelmente um nódulo. (b) – Gráfico representando a profundidade média dos *voxels* pertencentes ao eixo medial do ramo sob análise.

Desta forma, o algoritmo de detecção baseado no esqueleto percorre os *voxels* pertencentes ao eixo medial de cada ramo do esqueleto. O ponto de máximo valor de profundidade é selecionado e a sua vizinhança com mesmo padrão é selecionada

também. A seleção da vizinhança deve levar em consideração a profundidade média dos *voxels* mediais vizinhos e a variação de um para o outro, sequencialmente.

Uma vez tendo sido selecionada a região, ela é avaliada previamente. Uma razão muito grande entre o comprimento da parte do ramo selecionada e sua espessura indica claramente uma região tubular. Por outro lado, uma espessura grande com relação ao comprimento indica uma estrutura compacta, passível de ser um nódulo.

A Figura 31 mostra o pseudocódigo responsável pela análise dos ramos do esqueleto de cada estrutura e determinação de regiões com características nodulares, que serão consideradas candidatas a nódulo na próxima etapa.

```

para cada estrutura isolada
  gera o esqueleto da estrutura
  percorre os ramos do esqueleto gerado
    eliminaVasos(ramo);

função:eliminaVasos(ramo)
{
  obtem o voxel de máxima profundidade do ramo
  obtem vizinhança do maximo que maximize o declive
  se a vizinhança caracteriza um nódulo
    considera a vizinhança um candidato
  senao
  {
    elimina a vizinhança por ser um vaso
    eliminaVasos(resto do ramo);
  }
}

```

Figura 31: Pseudocódigo responsável pela eliminação de estruturas tubulares.

Esta análise prévia permite eliminar uma grande parte de estruturas tubulares, mantendo na imagem apenas aquelas que serão consideradas candidatas a nódulo.

A Figura 32 demonstra a eficiência desta etapa da segmentação. A Figura 32(a) e a Figura 32(c) representam as estruturas internas do pulmão antes da análise do esqueleto. Já nas Figura 32(b) e Figura 32(d), pode-se perceber que a maioria das

estruturas tubulares foi eliminada enquanto que apenas algumas estruturas mais compactas foram mantidas. Ainda assim fica claro que muitas delas não são, de fato, nódulos pulmonares verdadeiros. Assim, a etapa seguinte, de classificação através do SVM é proposta para identificar quais destas estruturas são realmente nódulos pulmonares.

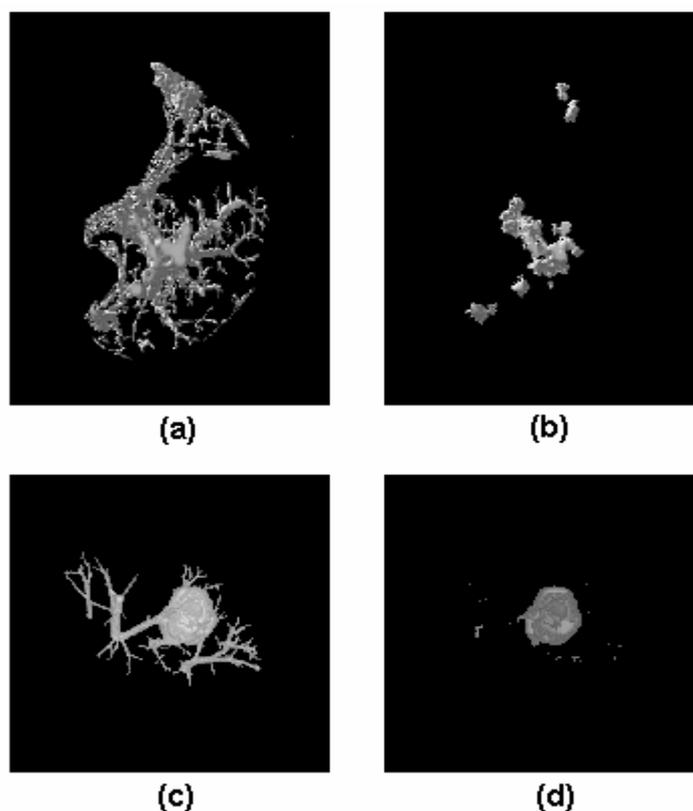


Figura 32: Exemplo de resultado obtido com a análise do esqueleto. (a) e (c) – Estruturas antes da análise. (b) e (d) – Estruturas depois da eliminação de regiões tubulares.

3.6. Classificação de candidatos

Até o momento foi demonstrado como é feita a segmentação até o ponto de obter os candidatos a nódulo. A próxima etapa consiste em selecionar, dentre os candidatos, aqueles que possivelmente são nódulos verdadeiros.

A etapa de classificação de candidatos é realizada com auxílio do SVM. Conforme explicado adiante, o SVM avalia as amostras baseado em características numéricas extraídas previamente.

O presente trabalho utilizou características comumente aplicadas em outras pesquisas com a mesma finalidade, mas também características novas, desenvolvidas especialmente para a descrição de nódulos pulmonares e sua diferenciação de outras estruturas pulmonares. O Anexo A apresenta a descrição de todas as medidas pesquisadas, dentre as quais, medidas de geometria (Desproporção Esférica, Densidade Esférica, Distância Radial Ponderada, Esfericidade, Elongação e Boyce-Clark Radial Shape Index), de textura (Contraste, Energia, Entropia, Homogeneidade e Momento), de histograma (Média, Desvio Padrão, Obliquidade, Curtose, Energia e Entropia) e espaciais (Posição do Candidato).

O conjunto de características extraídas de cada candidato dá origem a um vetor que o caracteriza. Como cada característica, entretanto, diz respeito a um aspecto isolado do candidato. Ocorre que muitas delas estão em unidades diferentes e freqüentemente em escalas desproporcionais.

A adoção do vetor, tal qual foi obtido após o cálculo destas características faria com que algumas delas fossem superestimadas pelo classificador SVM devido ao valor, numericamente maior, enquanto que outras, por variarem em intervalos menores, seriam subestimadas.

A importância de uma característica, entretanto, não está relacionada com o seu valor numérico, mas com o significado deste perante um contexto maior, o qual o SVM não conhece.

A maneira de evitar uma classificação errada por esta disparidade, portanto, é transformar todas as características para que passem a variar em um único espaço, tal como seria se elas representassem diferentes dimensões de um mesmo domínio. Em outras palavras, o vetor de características deve ser normalizado.

Desta forma, tradicionalmente o espaço de variação utilizado é $[-1,1]$, ou seja, para cada característica, o menor valor possível é mapeado para -1, enquanto que o maior é mapeado para 1.

O vetor resultante da transformação acima é denominado vetor de entrada sendo submetido ao classificador SVM previamente treinado.

O resultado da classificação é, também, um valor numérico positivo ou negativo. O sinal desse valor representa a classificação do candidato de acordo com o SVM.

3.7. Avaliação de Desempenho

Com o objetivo de avaliar o desempenho da metodologia de maneira objetiva e imparcial adotou-se dois critérios de medida. O primeiro foi a adoção de estatísticas relativas à classificação dos candidatos a nódulo, o segundo foram as taxas de falsos positivos e negativos por exame.

Para avaliar a capacidade de classificação dos candidatos a nódulo foram consideradas suas sensibilidade, especificidade e acurácia. A sensibilidade é definida por $TP/(TP + FN)$, a especificidade por $TN/(TN + FP)$ e a acurácia por $(TP + TN)/(TP + TN + FP + FN)$, onde TP é o número de casos de classificação positiva correta, TN o número de classificações negativas também corretas, FP e FN são os casos de classificação errônea, positiva e negativa, respectivamente.

Também foi medida as taxas de falsos positivos e falsos negativos por exame, que são medidas de desempenho mais significativas que as anteriores na avaliação de CADs por serem dependente igualmente da detecção e da classificação. A taxa de falsos positivos por exame é dada por $FE = FP/n$, onde n é o número de exames usados nos testes. A taxa de falsos negativos por exame é dada por $FS = FN/n$.

4. Testes e resultados

A base de dados de imagens médicas utilizada nesse trabalho foi adquirida no Instituto Fernandes Figueira e no Hospital Universitário Pedro Ernesto, ambos na cidade do Rio de Janeiro. Estas imagens foram obtidas através de um tomógrafo Helical GE Pro Speed sob as seguintes condições: 120 KVp e 100 mA, respectivamente, de voltagem e corrente do tubo. Tamanho das imagens de 512 x 512 *pixels* com *voxels* de 0,67 x 0,67 x 1 mm, quantizadas em 12 bit e armazenadas em formato DICOM.

Os exames foram feitos sem a injeção de contraste, que poderia ter sido utilizado para facilitar o diagnóstico, mas também poderia incorrer em morbidade e, ocasionalmente, mortalidade por efeitos alérgicos.

É importante salientar que os nódulos foram previamente detectados e diagnosticados por médicos especialistas e que esses diagnósticos foram confirmados por exames histopatológicos ou, ainda, radiológicos através da análise da estabilidade após três anos.

Esse procedimento de validação da base justifica seu tamanho reduzido. Ao todo foram analisados 33 exames com número de fatias variado, indo de 10 a 29 por exame. O número total de nódulos disponíveis na base foi de 33 casos, dentre benignos e malignos.

O procedimento para avaliar as estatísticas de acerto foi efetuar a validação cruzada na amostra, tomando a cada iteração, um grupo de dois elementos arbitrários para teste e os outros para o treinamento, isto é, cada candidato a nódulo que compunha a base de testes era ocasionalmente, e em diferentes iterações, usado para treinamento ou validação, de acordo com o grupo ao qual ele foi escalado em cada momento. Esse

tipo de validação permitiu o uso de todas as estruturas segmentadas para obter um treinamento mais consistente e uma validação mais precisa.

Como resultado dos testes e de acordo com os critérios descritos acima, verificou-se uma taxa de falsos positivos por exame igual a 0,42 e de falsos negativos igual a 0,15. Esses resultados indicam um bom poder de detecção da metodologia com um todo, mas pode ser melhorado.

Os valores de sensibilidade, especificidade e acurácia foram satisfatórios, conforme já pronunciado por outro trabalho desta dissertação [SR 07]. A sensibilidade total da classificação, medida sobre os candidatos a nódulo obtidos foi de 84,84%. A especificidade atingida foi 96,15% e a acurácia total do método foi de 95,21%.

A Tabela 2 dá uma noção mais precisa da distribuição dos erros de classificação dentro da base de testes. Pode-se perceber que mais da metade dos exames foi classificada corretamente, ou seja, sem a ocorrência de falsos positivos ou negativos. Por outro lado, pode-se notar que a ocorrência de mais que 1 erro no mesmo exame somente foi verificada em 4 casos, ou seja, cerca de 12% da base.

Tabela 2: Relação do número de exames com o tipo de falha apresentada

Número de Falsos positivos	Número de Falsos Negativos	Total de exames
0	0	19
0	1	3
1	0	7
1	1	1
2	0	1
3	0	1
3	1	1
Total		33

Comparativamente, em [PK 05] o autor obteve uma taxa de 1,25 falsos casos por exame utilizando um CAD baseado principalmente em características geométricas. Chang *et al* em [SI 06] atingiu 0,88 falsos positivos por exame e 100% de sensibilidade através de testes de esfericidade, mas utilizou uma base de dados reduzida com apenas 8 exames. Zhang atingiu 83,9% de acurácia e 3,5 falsos positivos por exame com seu método [ZX 04].

Das métricas utilizadas na descrição dos candidatos a nódulo pulmonar, as que se mostraram mais eficientes, além das descritas na Seção 2.5.1, foram as do histograma, as medidas de textura de Haralick, medidas de gradiente e a medida de localização do nódulo dentro do pulmão, sendo estas as escolhidas para a formação do vetor de características

Entretanto notou-se que as medidas relacionadas ao tom de cinza, tais como as de textura e gradiente não foram tão descritivas quanto o esperado. Observou-se que, em geral, devido à baixa resolução das imagens obtidas pelos exames de tomografia atuais, as particularidades do tecido que poderiam identificar nódulos e não nódulos não são totalmente captadas. Desse modo, e seguindo a tendência da literatura relacionada, as características geométricas desempenharam o papel principal na detecção.

Houve, contudo, um decréscimo nas taxas de eficiência da classificação se comparado diretamente com o trabalho anterior [SR 07], onde as métricas de geometria do nódulo foram propostas inicialmente e citadas na Seção 2.5.1.4. Isto se deve primeiramente ao modo como os candidatos foram segmentados em cada caso. Enquanto nesse trabalho o processamento foi inteiramente automático, em [SR 07] parte da segmentação foi realizada semi-automaticamente por especialistas. Isto implica que esta segmentação semi-automática contou com o conhecimento médico sobre a semântica dos exames, facilitando o trabalho do classificador.

Desse modo, as eventuais falhas nas etapas de segmentação automática desencadearam esta redução na acurácia da metodologia.

Um outro fator que justifica esta redução é a utilização de um número diferente de casos para teste e validação, assim como exames de outros pacientes.

Como conclusão geral dos testes realizados, mais uma vez ficou demonstrado o valor das métricas de geometria introduzidas na Seção 2.5.1. A adoção de outras medidas, em especial as de textura, também contribuiu para o incremento da eficiência da detecção. Tais medidas conferem à metodologia a capacidade de identificar os nódulos não somente pela sua forma, mas também pelo seu tecido constituinte.

Com relação ao tempo necessário para uma detecção completa, verificou-se que é variável, dependente do caso sob análise e do número de fatias que o compõe. O tempo médio ficou em torno de 8 min em um computador de configuração mediana.

4.1. Caso de estudo – detecção bem sucedida

Esta seção apresenta o detalhamento ilustrado passo a passo de um caso bem sucedido de detecção realizado sobre um exame cujo nódulo foi identificado por um especialista de acordo com a Figura 33. O processo é descrito com base no volume originalmente obtido através da reconstrução das fatias do exame, conforme Figura 34(a).

A Figura 34(b) é o resultado da segmentação do tórax através da eliminação dos artefatos externos. A Figura 35(a) é o resultado da segmentação do parênquima e sua reconstrução para prevenir a eliminação de nódulos periféricos.



Figura 33: Identificação do nódulo em uma fatia DICOM pelo especialista.

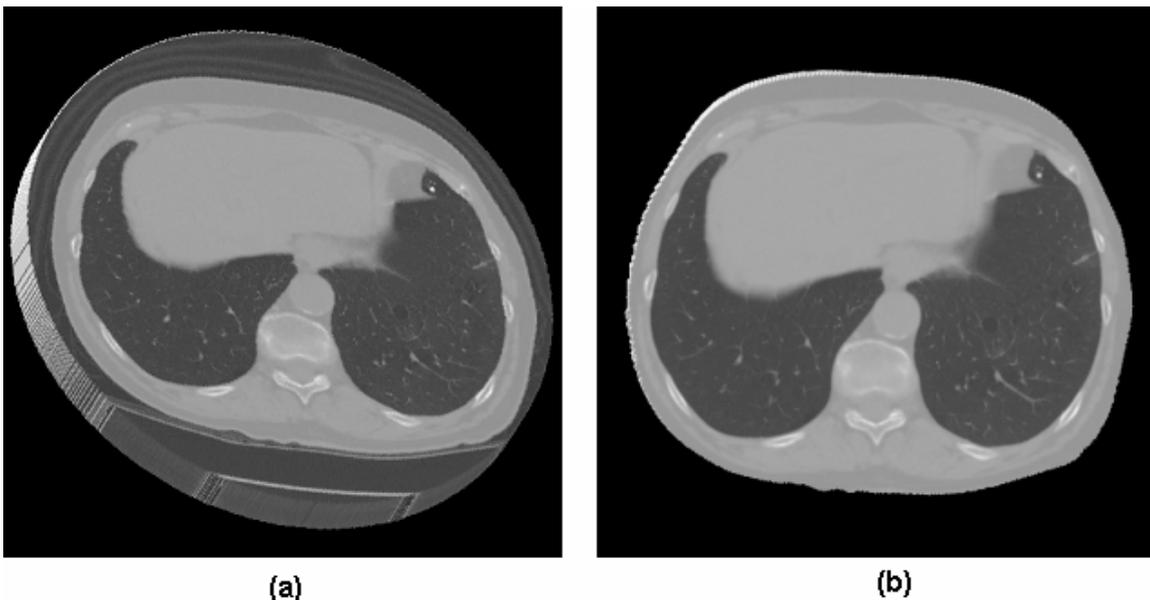


Figura 34: Um caso de detecção bem sucedida, etapa 1. (a) – O volume inicial obtido através da reconstrução das fatias. (b) – Tórax extraído.

A eliminação dos tecidos moles do parênquima permite obter somente as estruturas mais densas do seu interior. O resultado desta etapa pode ser visto na Figura 35(b). Em seguida estas estruturas são isoladas conforme Figura 36(a), na qual cada estrutura está pintada com uma cor. Dentre elas somente aquelas semelhantes a nódulos

são seleccionadas como candidatas. A Figura 36(b) revela uma boa seleção de candidatos, facilitando o trabalho do SVM.

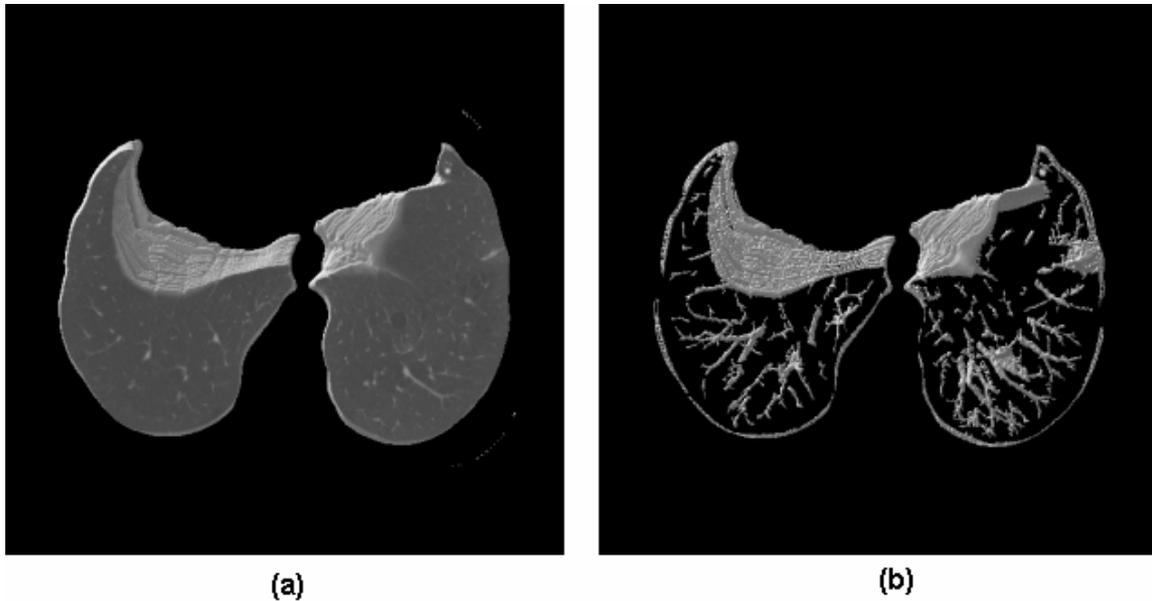


Figura 35: Um caso de detecção bem sucedida, etapa 2. (a) – O parênquima extraído. (b) – Destaque para as estruturas internas do pulmão.

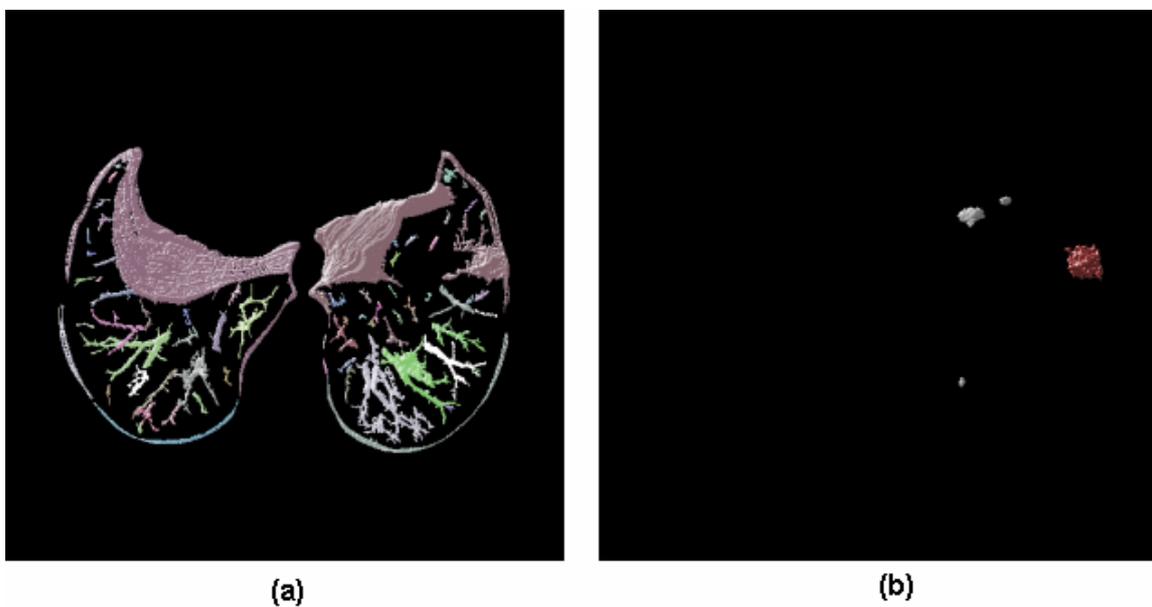


Figura 36: Um caso de detecção bem sucedida, etapa 3. (a) – Isolamento de cada estrutura tridimensionalmente conectada. (b) – Candidatos enviados ao classificador.

Nota-se o nódulo, corretamente classificado em vermelho.

O resultado da classificação foi correto. O SVM desconsiderou as outras estruturas e considerou um nódulo somente a estrutura pintada de vermelho na Figura 36(b).

4.2. Caso de estudo – detecção mal sucedida

Como nem todas os nódulos foram corretamente detectados, esta seção mostra um caso onde houve uma falha na detecção. Na medida do possível será feita uma análise das causas que possam ter levado à omissão.

O processo inicia-se como o do caso bem sucedido, demonstrado na Seção 4.2. A Figura 37(a) mostra o volume inicial e a Figura 37(b) mostra o tórax segmentado.

A etapa de extração do parênquima, entretanto, como pode ser visto na Figura 38 eliminou incorretamente algumas estruturas internas, fazendo necessária a reconstrução do perímetro dos pulmões. Como a Figura 39(a) ilustra, a fase de reconstrução foi bem sucedida e as estruturas foram resgatadas.

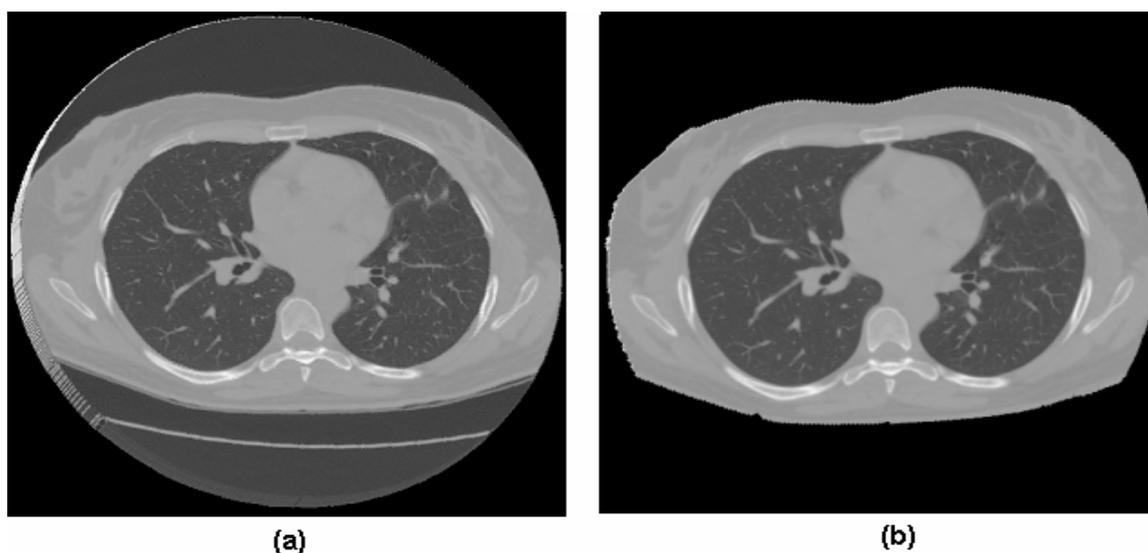


Figura 37: Um caso de detecção mal sucedida, etapa 1. (a) – O volume inicial obtido através da reconstrução das fatias. (b) – Tórax extraído.

A Figura 39(b) mostra o resultado da segmentação das estruturas internas do pulmão. Nesse caso, diferentemente do anterior, ocorre uma grande concentração de vasos por todo o parênquima, dificultando a identificação do nódulo.

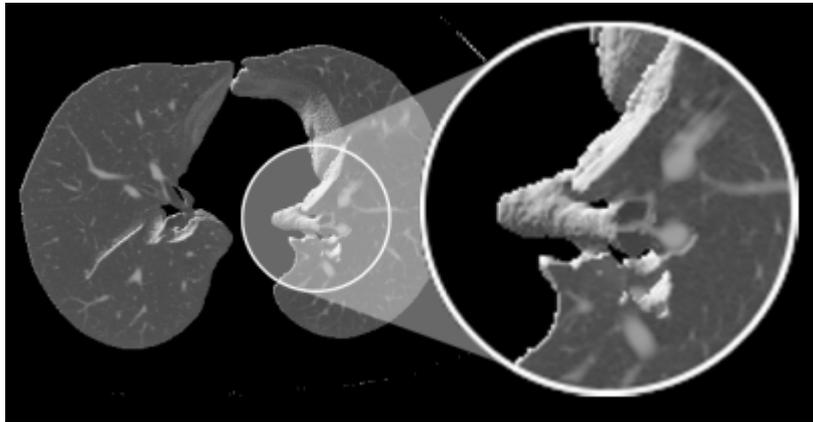


Figura 38: Detalhe do parênquima eliminado juntamente com o tórax.

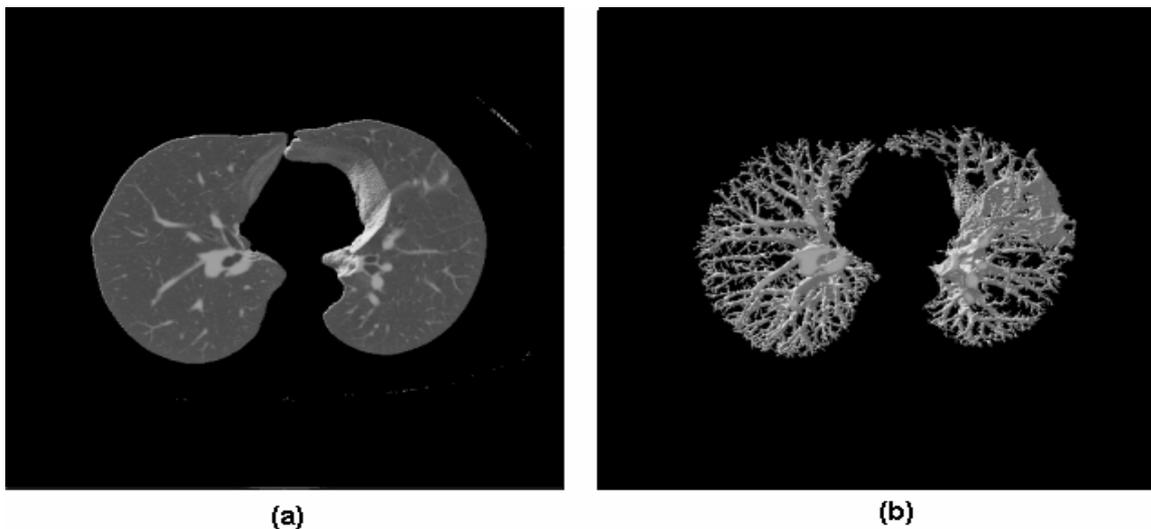


Figura 39: Um caso de detecção mal sucedida, etapa 2. (a) – O parênquima reconstruído.
(b) – As estruturas internas do parênquima.

De fato, a Figura 40, mostra que a eliminação dos vasos sanguíneos acabou por eliminar parte do nódulo, comprometendo a sua detecção.

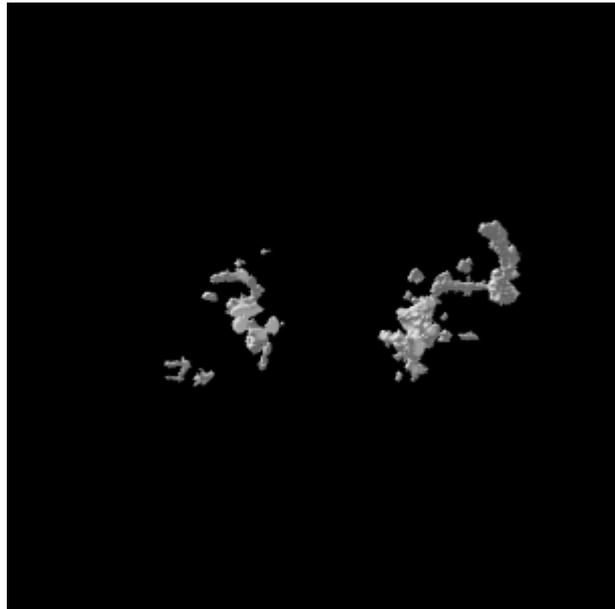


Figura 40: Candidatos a nódulo pulmonar.

Através da Figura 41 pode-se ter uma idéia dos motivos que levaram à falha na identificação desse nódulo. Apesar do mesmo ter um contorno nítido na fatia da Figura 41(a), sua constituição torna-se menos definida em outras fatias, a exemplo do que pode ser visto nas Figura 41(b) até (d).

Outro fator de possível confusão é a grande vascularização da área, que juntamente com o aspecto amorfo do nódulo, fez com que o mesmo fosse eliminado juntamente com as estruturas tubulares.

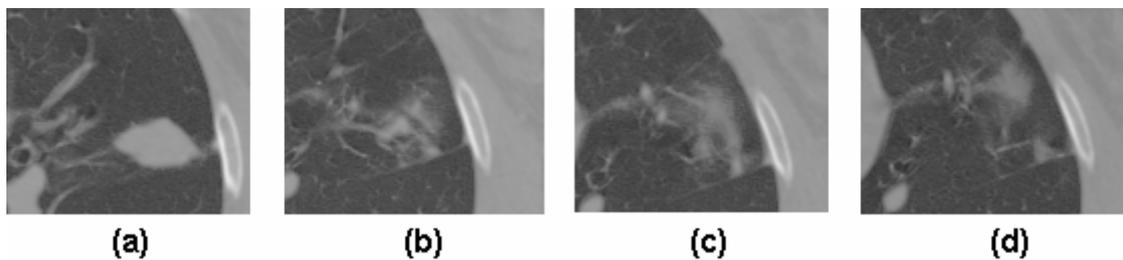


Figura 41: Algumas fatias contendo o nódulo.

5. Conclusão

Esse trabalho apresentou uma metodologia de detecção automática de nódulos pulmonares. A seqüência de etapas envolvidas desde a obtenção do exame até a indicação do nódulo segmentado, assim como os resultados obtidos, indicam que é uma metodologia robusta e confiável.

A inexistência de parâmetros definidos pelo usuário, da participação deste na detecção do nódulo ou de componentes randômicos reforçam a constância da segmentação. Independente de quem estiver operando o *software* que implementa a metodologia ou de sua experiência, o resultado mostra-se sempre o mesmo, ou seja, esse resultado é reproduzível.

Esta também é uma característica que permite o processamento de um grande número de exames diferentes em lote. É possível selecionar todos os exames que se quer processar e obter em um só passo o resultado de todos eles, sem intervenção, necessitando apenas da validação posterior do médico.

As medidas de eficiência, notadamente o número de 0,42 falsas detecções por exame, indicam que a metodologia é promissora. Contudo, apesar dos bons resultados, algumas melhorias ainda podem ser feitas com o objetivo de tornar as taxas de acerto mais altas.

Ademais a metodologia é composta de etapas consecutivas que produzem gradativamente o resultado final da segmentação. O baixo acoplamento destas etapas permite uma fácil expansão das mesmas com o objetivo de melhorar resultados ou mesmo de tratar casos e situações diferentes.

5.1. Trabalhos Futuros

Como proposta para continuação desse trabalho, portanto, sugere-se a obtenção de mais exames para a composição de uma base maior com a finalidade de fazer um treinamento mais completo no classificador e poder validar a detecção em mais casos.

Ainda, alguns pontos na detecção podem ser melhorados. Um exemplo é a separação de nódulos e vasos. Esta etapa, apesar de funcionar corretamente para grande parte dos casos, falha em outros, necessitando de aperfeiçoamentos.

O bom resultado das características geométricas introduzidas podem apontar no sentido de que o desenvolvimento de métricas específicas para o problema da classificação de candidatos a nódulo seja um caminho promissor. Seguindo esta diretriz, talvez a produção de novas medidas de textura ou posição ajudassem a caracterização dos nódulos.

Além do desenvolvimento de novas características, um outro caminho promissor é a contextualização e relacionamento das características existentes. Um exemplo é a interpretação diferenciada do tamanho de um candidato de acordo com sua posição dentro do parênquima. Outra possibilidade é a interpretação da geometria do candidato relacionando-a com outras estruturas circunvizinhas.

Por fim, como trabalho futuro, seria possível uma extensão da metodologia para identificação de outras enfermidades identificáveis por tomografia do tórax, tais como tuberculose, pneumonia, edemas, fibroses e outras.

6. Referências

- [ACS 07] AMERICAN CÂNCER SOCIETY. Cancer Reference Information. Disponível em: <http://www.cancer.org> Acesso em 05-09-07.
- [AG 05] AGAM, Gady; ARMATO, Samuel G.; WU, Changhua. Vessel tree reconstruction in thoracic CT scans with application to nodule detection. **IEEE Trans. Med. Imaging**, 24, pág. 486-499, 2005.
- [ASPH 07] ARNOLD SCHOOL OF PUBLIC HEALTH. **The DICOM Standard**. Disponível em: <http://www.sph.sc.edu/comd/rorden/DICOM.html> Acesso em 12-09-07.
- [BF 98] BUGENER, Francis A.; KORMANO, Martti. **Diagnóstico Diferencial em Tomografia Computadorizada**. Revinder, 1998.
- [CA 06] CHAVES, Adriana C. F. **Extração de Regras Fuzzy para Máquinas de Vetor Suporte (SVM) para Classificação em Múltiplas Classes**. Abr. 2006. Tese de Doutorado Apresentada na Pontifícia Universidade Católica. Rio de Janeiro - RJ.
- [CN 00] CRISTIANINI, Nello; TAYLOR, John S. **An Introduction to Support Vector Machines and Other Kernel-based Learning Methods**. Cambridge University Press, Mar. 2000.
- [GJ 06] GAZZONI, Jean C.; MARCON, Cesar L.; FRANCISCON, Marcio A.; F. B. M. Limiarização e Binarização na Análise de Objetos em Imagens Digitais. *Synergismus scyentifica*, vol 1, pág. 685-695. 2006.
- [GM 00] GIGER, Maryellen L. **Computer-aided Diagnosis in Medical Imaging: A New Era in Image Interpretation**. *Business Briefing: Next-Generation Healthcare*. 2000.
<http://www.wma.net/e/publications/bb2000.htm>. 08-10-07.
- [GM 02] GURCAN, Metin; SAHINER, Berkman; PETRICK, Nicholas; H-P. C.; E. A. K.; P. N. C.; L. H. Lung nodule detection on thoracic computed tomography images: Preliminary evaluation of a computer-aided diagnosis system. *Medical Physics*, vol. 29, n. 11, pág. 2552-2558. Nov. 2002.
- [GM 06] GUIDINI, Maurício P.; RIBEIRO, Carlos H. C. Utilização da biblioteca TerraLib para algoritmos de agrupamento em Sistemas de Informações Geográficas. In: Brazilian Symposium on GeoInformatics, 8, 2006, Campos do Jordão – Brasil. **Proceedings...** INPE. pág. 303-314.

- [GR 02] GONZALEZ, Rafael C.; WOODS, Richard E. **Digital Image Processing**. 2 ed. New Jersey: Prentice Hall. 2002.
- [HR 73] HARALICK, Robert M. SHANMUGAM, K.; DINSTEN, I. Texture Features from Image Classification. *IEEE Transactions on System, Man and Cybernetics*, v. 3, n. 6, pág. 610-621, 1973.
- [INCA 07] INSTITUTO NACIONAL DO CÂNCER. Estimativa 2006: Incidência do Câncer no Brasil. Disponível em: <http://www.cancer.org> Acesso em 10-08-07.
- [FJ 96] JACKES, Facon. **Morfologia Matemática: Teoria e Exemplos**. Curitiba – Brasil, 1996.
- [KG 07] KLETTE, Gisela. **Topologic, Geometric, or Graph-Theoretic Properties of Skeletal Curves**. 2007. Dissertação de Mestrado Apresentada na Universidade de Groningen. Países Baixos.
- [KK 98] KANAZAWA, K.; KAWATA, Y.; NIKI, N.; H. S.; H. O.; R. K. Computer-aided diagnosis for pulmonary nodules based on helical Ctimages. In: International Conference on Pattern Recognition, 14, 1998, Brisbane – Australia. **Proceedings...** IEEE Computer Society Press. Pág 1683-1685.
- [KW 03] KOSTIS, William J.; REEVES, Anthony P.; YANKELEVITZ, David F.; C. I. H. Three-Dimensional Segmentation and Growth-Rate Estimation of Small Pulmonary Nodules in Helical CT Images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 22, n. 10, pág. 1259-1274. Out. 2003.
- [LS 03] LO, Shih-Chung; HSU, Li-Yueh; FREEDMAN, Matthew; Y. M. F. L.; H. Z. Classification of Lung Nodules in Diagnostic CT: An Approach Based on 3-D Vascular Features, Nodule Density Distributions, and Shape Features. In: Presented at the Society of Photo-Optical Instrumentation Engineers (SPIE) Conference, 2003, San Jose, California - EUA. **Proceedings...** The International Society for Optical Engineering. Pág. 183-189.
- [LX 04] LU, Xiaogang; WEI, Guo-qing; QIAN, Jianzhong. Learning-based pulmonary nodule detection from multislice CT data. In: INTERNATIONAL CONGRESS OF CARS, 18, 2004, Chicago - EUA. **Proceedings...** Pág. 1356.
- [LY 01] LEE, Yongbum; HARA, Takeshi; FUJITA, Hiroshi; S. I.; T. I. Automated Detection of Pulmonary Nodules in Helical CT Images Based on an Improved *Template-Matching* Technique. *IEEE TRANSACTIONS ON MEDICAL IMAGING*, vol. 20, n. 7, pág. 595-604. Jul. 2001.

[MA 02] MOUSA, Wail A. H.; KHAN, Mohammad A. U. Lung nodule classification utilizing support vector machines. In: IEEE International Conference on Image Processing, Rochester, 2002, New York - USA. **Proceedings...** Pág. 153-156.

[NF 03] NAVARRO, Fabiana M. **Estudo Comparativo dos pacientes com Câncer de Pulmão, tabagistas e não Tabagistas.** Monografia apresentada na Universidade Federal do Oeste do Paraná, Cascavel - PR, 2003.

[NLCP 07] NATIONAL LUNG CANCER PARTNERSHIP. Frequently Asked Questions. Disponível em:
<http://www.nationallungcancerpartnership.org/page.cfm?l=faq> Acesso em 09-11-07.

[PK 05] PELDSCHUS, Kerstein; HERZOG, Peter; WOOD, Susan A.; J. I. C.; P. C.; U. J. S. Computer-Aided Diagnosis as a Second Reader: Spectrum of Findings in CT Studies of the Chest Interpreted as Normal. *Chest*, 128, pág. 1517-1523, Set. 2005.

[PW 01] PRATT, William K. **Digital Image Processing.** 3ª ed. Los Altos, California, USA: Wiley, 2001

[SA 04] SILVA, Aristófanos C. **Algoritmos para Diagnostico Assistido de Nódulos Pulmonares Solitários em Imagens de Tomografia Computadorizada.** Jan. 2004. Tese de Doutorado Apresentada na Pontifícia Universidade Católica. Rio de Janeiro - RJ.

[SA2 04] SILVA, Aristófanos C.; JUNIOR, Perfilino E. F.; CARVALHO, Paulo C. P.; M. G. Diagnosis of Lung Nodule Using the Semivariogram Function. *Lecture Notes in Computer Science*, vol. 3138, pág. 242-250. Out. 2004.

[SA3 04] SILVA, Aristófanos C.; CARVALHO, Paulo C.; NUNES, Rodolfo; M. G. **Algorithms for Assisted Diagnosis of Solitary Lung Nodules in Computerized Tomography Images.** Rio de Janeiro: IMPA – Visgraf, 2004.

[SB 07] SURCIN, Bárbara F. **Nódulo Pulmonar Solitário.** Monografia apresentada na Faculdade de Ciências Médicas da Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro - RJ, 2007.

[SI 06] SLUIMER, Ingrid; PROKOP, Mathias; GINNEKEN, Bram V. Computer Analysis of Computed Tomography Scans of the Lung: A Survey. **IEEE Trans. Med. Imaging**, 25, pág. 385-405, 2006.

[SN 05] SILVA, Narciso L. F. **Segmentação de Nódulos Pulmonares em Imagens de Tomografia Computadorizada.** Monografia apresentada na Faculdade de Engenharia da Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro - RJ, 2005.

[SR 05] SOUSA, João R. F. S. **Desenvolvimento de um Framework para representação, manipulação e visualização de Dados Volumétricos.** Monografia apresentada na Universidade Federal do Maranhão, São Luís - MA, 2005.

[SR 07] SOUSA, João R. F. S.; SILVA, Aristófanés C.; PAIVA, Anselmo C. Lung Structure Classification Using 3D Geometric Measurements and SVM. In: Iberoamerican Congress on Pattern Recognition, 12, 2007, Valparaiso - Chile. **Proceedings...** CIARP 2007. Pág. 783-792.

[SR2 07] SOUSA, João R. F. S.; SILVA, Aristófanés C.; PAIVA, Anselmo C.; M. G.; P. C. P. C. Efficient Skeletonization of Hierarchic Volumetric Objects Based on Connected Thinning. *Image and Vision Computing*. Artigo submetido.

[SS 07] SULAIMAN, Siti N.; ALIAS, Mohd F.; ISA, N. A. M.; M. F. A. R. An Expert Image Processing System on *Template Matching*. *International Journal of Computer Science and Network Security*, vol. 7, n. 7, pág. 234-238. Jul. 2007.

[UC 98] UEHARA, César; JAMNIK, Sérgio; SANTORO, Ilka L. **Câncer de pulmão.** *Medicina, Ribeirão Preto*, Ribeirão Preto - RJ, 31, pág. 266-276, Jun 1998.

[UR 99] UPPALURI, Renuka; HOFFMAN, Eric A.; SONKA, Milan; P. G. H.; G. W. H.; G. M. Computer recognition of regional lung disease patterns. *Am. J. Respir. Crit. Care Med.*, vol 160, n. 2, pág. 648-654. Ago. 1999.

[VV 98] VAPNIK, Vladimir N. **Statistical Learning Theory.** New York, NY, USA: Wiley, Set. 1998.

[WR 05] WIEMKER, R.; PROGALLA, P.; BLAFFERT, T.; D. S.; O. H.; E. S.; R. T.; T. F. Aspects of computer-aided detection (CAD) and volumetry of pulmonary nodules using multislice CT. *The British Journal of Radiology*, vol. 78, n. 1, pág. S46-S56. Jan. 2005.

[ZB 03] ZHAO, Binsheng; GANSU, Gordon; GINSBERG, Michelle S.; L. J.; L. H. S. Automatic detection of small lung nodules on CT utilizing a local density maximum algorithm. *Journal of Applied Clinical Medical Physics*. Vol. 4, n. 3, pág. 248-260, 2003

[ZB 04] ZHAO, Binsheng; GINSBERG, Michelle S.; LEFKOWITZ, Robert A.; L. J.; C. C.; L. H. S. Application of the LDM algorithm to identify small lung nodules on low-dose MSCT scans. In: Presented at the Society of Photo-Optical Instrumentation Engineers (SPIE) Conference, 2004, Valparaiso - Chile. **Proceedings...** The International Society for Optical Engineering. Pág. 818-823.

[ZX 04] ZHANG, G.; HOFFMAN, E. A.; SONKA, M. Computerized detection of pulmonary nodules using cellular neural networks in CT images. SPIE. **Proceedings...** Vol. 5370, pág. 30–41, 2004.

Anexo A

Medidas Descritivas dos Candidatos a Nódulo Pulmonar

1. Medidas Geométricas

1.1. Desproporção Esférica

A desproporção esférica mede a regularidade das bordas de um objeto. É dada pela Equação A-1, onde R é o raio da esfera com mesmo volume V do objeto e obtido através da Equação A-2. A é a área do objeto.

$$D = \frac{A}{4\pi R^2} \quad (\text{Eq. A-1})$$

$$R = \sqrt[3]{\frac{3V}{4\pi}} \quad (\text{Eq. A-2})$$

1.2. Densidade Esférica

A densidade esférica mede o quão compacto é um objeto. É dada pela Equação A-3 na qual n é o número de *voxels* com valor de tom $P_{x,y,z}$ tais que $P_{x,y,z} \neq 0$ e $(x - M_x)^2 + (y - M_y)^2 + (z - M_z)^2 \leq R^2$, V é o volume do objeto, R é o raio estimado obtido pela Equação A-2 e M_x, M_y, M_z é a coordenada do centro de massa do objeto.

$$E = \frac{100 \cdot n}{V} \quad (\text{Eq. A-3})$$

1.3. Distância Radial Ponderada

A Distância Radial Ponderada mede o grau de achatamento de um objeto, sendo obtida através da Equação A-4, na qual R é o raio estimado obtido pela Equação A-2,

$c_{x,y,z}$ é o coeficiente de ponderação, aplicado a cada *voxel* através da Equação A-5 e

$r_{x,y,z}$ é a distância radial do *voxel* de coordenadas x, y, z .

$$Drp = R^{-1} \sum_{x,y,z} c_{x,y,z} \quad (\text{Eq. A-4})$$

$$c_{x,y,z} = \frac{3}{4\pi} \left[(r_{x,y,z} + 0,5)^3 - (r_{x,y,z} - 0,5)^3 \right]^1 \quad (\text{Eq. A-5})$$

1.4. Esfericidade

A esfericidade mede o quanto o formato do objeto aproxima-se de um formato esférico. É obtida através da Equação A-6, onde V é o volume do objeto e A é a sua área.

$$Es = \left(6V^{\frac{2}{3}} \pi^3 \right) A^{-1} \quad (\text{Eq. A-6})$$

1.5. Elongação

A alongação mede o grau de alongamento ou assimetria de um objeto. É calculado através da Equação A-7 na qual Ar_{\min} é a medida da menor aresta da caixa mínima, enquanto que Ar_{\max} é a medida da maior aresta.

$$El = \frac{Ar_{\min}}{Ar_{\max}} \quad (\text{Eq. A-7})$$

1.6. Boyce-Clark Radial Shape Index

Esta medida mede a regularidade da forma de um objeto. É obtida através da Equação A-8, onde n é o número de *voxels* de borda do volume e r_i ou r_k são as distâncias de *voxels* de borda específicos para o centro de massa do objeto.

$$Bc = \sum_{i=1}^n \left| \left(\frac{100 \cdot r_i}{\sum_{k=1}^n r_k} \right) - \frac{100}{n} \right| \quad (\text{Eq. A-8})$$

2. Medidas de Textura

As medidas de textura foram calculadas sobre a matriz de co-ocorrência do volume, que é dada pela Equação A-9, onde v é a função que dá um dos 26 vizinhos tridimensionais de um *voxel* de acordo com o índice α e $P_{x,y,z}$ é o valor do um *voxel* de coordenadas x, y, z .

$$Co(i, j) = \left\{ \text{quant}(P_{x,y,z}, v(P_{x,y,z}, \alpha)) \mid P_{x,y,z} = i, v(P_{x,y,z}, \alpha) = j, \alpha \in \{1, \dots, 26\} \right\} \quad (\text{Eq. A-9})$$

2.1. Contraste

O contraste é a medida da quantidade de variação local de níveis de cinza em uma imagem. É dado pela Equação A-10, na qual G é a quantidade de níveis de cinza, $Co(i, j)$ é o elemento da matriz de co-ocorrência situado na linha i e coluna j .

$$Con = \sum_{i=0}^{G-1} \sum_{j=0}^{G-1} Co(i, j) \cdot (i - j)^2 \quad (\text{Eq. A-10})$$

2.2. Energia

A energia, dada pela Equação A-11, é medida de não uniformidade de uma imagem. Em uma imagem uniforme existem poucas transições de níveis de cinza. Nesse caso, a matriz de co-ocorrência possui baixas entradas de alta magnitude.

$$Ene = \sum_{i=0}^{G-1} \sum_{j=0}^{G-1} Co(i, j)^2 \quad (\text{Eq. A-11})$$

2.3. Entropia

A entropia ou grau de dispersão de níveis de cinza mede a quantidade de variação local da imagem. A entropia é calculada pela Equação A-12.

$$Ent = \sum_{i=0}^{G-1} \sum_{j=0}^{G-1} -Co(i, j) \cdot \log(Co(i, j)) \quad (\text{Eq. A-12})$$

2.4. Homogeneidade

Quanto menor a variação dos valores dos *pixels* da imagem, maior é o valor da homogeneidade, que é obtido através da Equação A-13.

$$Hom = \sum_{i=0}^{G-1} \sum_{j=0}^{G-1} \frac{1}{1 + (i - j)^2} \cdot Co(i, j) \quad (\text{Eq. A-13})$$

2.5. Momento

O momento atinge seu valor máximo quando a concentração dos valores na diagonal da matriz de co-ocorrência for máxima. Ele é obtido com a Equação A-14.

$$Mom = \sum_{i=0}^{G-1} \sum_{j=0}^{G-1} \frac{(Co(i, j))^2}{1 + |i - j|} \quad (\text{Eq. A-14})$$

3. Medidas do histograma

As medidas de histograma foram utilizadas tanto no histograma obtido diretamente da imagem quanto no histograma de seu gradiente.

Histograma é uma representação da quantidade de *pixels* com determinado valor de amplitude [PW 01]. Em outras palavras, é a função de distribuição de frequência dos tons de uma imagem. O histograma é obtido através de $h(t) = \{quant(P_{x,y}) | P_{x,y} = t\}$,

onde $quant(P_{x,y})$ é a função que retorna o número de ocorrências de um valor e $P_{x,y}$ é o tom do *pixel* de coordenadas x e y.

3.1. Média

A média é dada pela Equação A-15, onde h_i é o valor do histograma normalizado¹⁶ para um determinado tom i e L é o valor máximo de tom do histograma.

$$\mu = \sum_{i=0}^{L-1} i.h_i \quad (\text{Eq. A-15})$$

3.2. Desvio Padrão

O desvio padrão é dado pela Equação A-16, onde V é a variância do histograma, obtida através da Equação A-17.

$$\sigma = \sqrt{V} \quad (\text{Eq. A-16})$$

$$V = \sum_{i=0}^{L-1} (i - \mu)^2 .h_i \quad (\text{Eq. A-17})$$

3.3. Obliquidade

A obliquidade é obtida através da Equação A-18, onde M_3 é o terceiro momento angular, dado pela Equação A-19.

$$O = \frac{M_3}{\sigma^3} \quad (\text{Eq. A-18})$$

$$M_3 = \sum_{i=0}^{L-1} (i - \mu)^3 .h_i \quad (\text{Eq. A-19})$$

¹⁶ O histograma é dito normalizado quando a soma de todos os seus valores é igual à unidade.

3.4. Curtose

A curtose é dada pela Equação A-20, onde M_4 é o quarto momento angular, dado pela Equação A-21.

$$C = \frac{M_4}{\sigma^4} \quad (\text{Eq. A-20})$$

$$M_4 = \sum_{i=0}^{L-1} (i - \mu)^4 \cdot h_i \quad (\text{Eq. A-21})$$

3.5. Energia

A energia é dada pela Equação A-22.

$$E = \sum_{i=0}^{L-1} (h_i)^2 \quad (\text{Eq. A-22})$$

3.6. Entropia

A Equação A-23 permite obter o valor da entropia.

$$En = - \sum_{i=0}^{L-1} h_i \cdot \log(h_i) \quad (\text{Eq. A-23})$$

4. Medidas Espaciais

4.1. Posição do Candidato

A posição do candidato indica a sua distância com relação ao ponto central das fatias do exame. É dada pela Equação A-24, onde (c_x, c_y) é o centro de massa do objeto e (e_x, e_y) é o centro de massa das fatias, ambos desconsiderando o eixo z .

$$Pos = \sqrt{(c_x - e_x)^2 + (c_y - e_y)^2} \quad (\text{Eq. A-24})$$

