

**UNIVERSIDADE DO ESTADO DE SANTA CATARINA**

**UDESC**

**NICOLLE BEATRICE ASQUINO**

**TRABALHO 1 – PIM**

**SEGMENTAÇÃO DE VOLUME POR ROTULAÇÃO E COMPONENTES  
CONEXOS**

**JOINVILLE**

**2025**

## 1. TRABALHO

Este trabalho tem como objetivo estudar a aplicação de segmentação por volume em tomografias simuladas, utilizando operações preparatórias como limiarização, identificação de componentes conexos e rotulação.

Para isso, foi fornecido no Moodle um arquivo .pickle contendo uma matriz tridimensional (volume 3D), representando uma tomografia simulada com diferentes tipos de células:

- **Células proliferativas:** valor 255 (ativas e doentes),
- **Células quiescentes:** valor 200 (inativas),
- **Células necróticas:** valor 140 (mortas).

Com base nesse volume, o sistema foi desenvolvido para:

- Identificar e contar os voxels (células) de cada tipo;
- Detectar agrupamentos (componentes conexos) por rotulação 3D;
- Analisar a distribuição dos tamanhos dos agrupamentos;
- Segmentar os **maiores agrupamentos** de cada tipo, gerando novos volumes contendo apenas essas regiões.

## 2. IMPLEMENTAÇÃO

O código desenvolvido conta com 3 funções principais:

- **volumeDFS:** implementa o algoritmo de busca em profundidade (DFS) para realizar a rotulação de componentes conexos em 3D. Essa função percorre o volume e identifica grupos de voxels com o mesmo valor, conectados entre si de acordo com uma vizinhança (conectividade) especificada.
- **maiorAgrupamento():** percorre os rótulos gerados pela rotulação e identifica o agrupamento com maior quantidade de voxels para cada tipo de célula. Em seguida, extrai esse agrupamento em um novo volume segmentado.
- **salvar():** gera e salva imagens .png correspondentes às fatias (slices) do volume tomográfico. Apenas fatias contendo células visíveis são exportadas, para facilitar a análise visual.

### 3. CONECTIVIDADE

#### Conectividade-6

Inicialmente, adotou-se a conectividade-6, que considera como vizinhos os voxels localizados imediatamente ao lado do voxel central nas seis direções ortogonais: frente, trás, cima, baixo, esquerda e direita.

Com essa configuração, agrupamentos são formados apenas quando os voxels compartilham uma face.

A função volumeDFS() foi aplicada com essa conectividade para rotular agrupamentos de cada tipo de célula separadamente (proliferativas, quiescentes e necróticas).

#### Conectividade-26.

O código também foi adaptado para permitir a análise com conectividade-26, que considera todos os 26 vizinhos possíveis em torno de um voxel, incluindo os conectados por arestas e vértices.

Essa configuração tende a formar agrupamentos maiores, pois considera mais conexões possíveis entre voxels.

A comparação entre os dois tipos de conectividade foi realizada com base no número de agrupamentos e no tamanho do maior agrupamento detectado para cada tipo celular. Nas imagens abaixo, Imagem 1 e Imagem 2, fica visível a diferença entre um método conectividade-6 e conectividade-26.

```
[Running] python -u "c:\Users\Nicole\Downloads\udesc\PIM\Trabalho\main.py"
Lista de vizinhos 6-conectados em 3D:

(100, 100, 100)
Valor: 0.0, Quantidade: 991669
Valor: 140.0, Quantidade: 6396
Valor: 200.0, Quantidade: 205
Valor: 255.0, Quantidade: 1730

Maior agrupamento de valor 255 tem 380 voxels.
Maior agrupamento de valor 200 tem 5 voxels.
Maior agrupamento de valor 140 tem 5978 voxels.

32 imagens salvas em 'slices_original'.
31 imagens salvas em 'slices_proliferativas'.
3 imagens salvas em 'slices_quiescentes'.
28 imagens salvas em 'slices_necroticas'.

[Done] exited with code=0 in 7.845 seconds
```

Imagem 1: conectividade-6

```
[Running] python -u "c:\Users\Nicole\Downloads\udesc\PIM\Trabalho\main.py"
Lista de vizinhos 26-conectados em 3D:

(100, 100, 100)
Valor: 0.0, Quantidade: 991669
Valor: 140.0, Quantidade: 6396
Valor: 200.0, Quantidade: 205
Valor: 255.0, Quantidade: 1730

Maior agrupamento de valor 255 tem 1412 voxels.
Maior agrupamento de valor 200 tem 20 voxels.
Maior agrupamento de valor 140 tem 6396 voxels.

32 imagens salvas em 'slices_original'.
32 imagens salvas em 'slices_proliferativas'.
10 imagens salvas em 'slices_quiescentes'.
30 imagens salvas em 'slices_necroticas'.

[Done] exited with code=0 in 4.728 seconds
```

Imagem 2: conectividade-26

## 4. RESULTADOS

Os resultados desta seção foram obtidos utilizando rotulação com conectividade-6.

### 4.1. Voxels por tipo de célula

Após a leitura do volume e separação dos valores por tipo, obteve-se a seguinte contagem de voxels:

```
Valor: 0.0, quantidade: 991669  
Valor: 140.0, quantidade: 6396  
Valor: 200.0, quantidade: 205  
Valor: 255.0, quantidade: 1730
```

Imagem 3: voxel por tipo de célula

### 4.2. Tamanho do maior agrupamento detectado

Após aplicar a rotulação 3D com DFS e calcular os tamanhos dos agrupamentos para cada tipo de célula, obteve-se:

```
Maior agrupamento de valor 255 tem 380 voxels.  
Maior agrupamento de valor 200 tem 5 voxels.  
Maior agrupamento de valor 140 tem 5978 voxels.
```

Imagem 4: maior agrupamento por tipo de célula

Os arquivos .txt com os tamanhos completos dos agrupamentos foram gerados para cada tipo e estão disponíveis como anexos (tamanhos\_necroticas.txt, etc).

### 4.3. Slices gerados

Para facilitar a análise visual, foram geradas imagens das fatias do volume contendo os **maiores agrupamentos segmentados** de cada tipo de célula. Apenas fatias com células visíveis foram salvas. Foram, assim, geradas as seguintes imagens:

```
32 imagens salvas em 'slices_original'.  
31 imagens salvas em 'slices_proliferativas'.  
3 imagens salvas em 'slices_quiescentes'.  
28 imagens salvas em 'slices_necroticas'.
```

Imagem 5: slices criados e salvos

As imagens gerada como `slice_original` é uma fatia que mostra todas as células ao mesmo tempo, com os diferentes valores de cinza (140, 200, 255) representando as necróticas, quiescentes e proliferativas. Assim, pudemos obter diversos slices como esses abaixo:



Imagem 6, 7 e 8: `slice_original` gerado.

## 5. CONCLUSÃO

O presente trabalho teve como objetivo explorar a segmentação volumétrica de uma tomografia, utilizando algoritmos de rotulação 3D e análise de componentes conexos. Através da implementação de uma busca em profundidade (DFS), foi possível identificar agrupamentos conectados de diferentes tipos de células (necróticas, quiescentes e proliferativas) em um volume tridimensional.

A segmentação permitiu quantificar a presença de cada tipo de célula no volume e analisar a distribuição dos tamanhos dos agrupamentos. Esses agrupamentos foram extraídos e salvos em volumes separados, permitindo uma visualização mais clara das regiões com maior concentração celular.

Além disso, foi realizada uma comparação entre as conectividades-6 e 26, demonstrando que a escolha da conectividade influencia significativamente o número de agrupamentos detectados e o tamanho das regiões segmentadas. A conectividade-26, por considerar mais vizinhos, tende a unir regiões mais espaçadas, resultando em agrupamentos maiores e menos fragmentados.

A análise visual dos slices segmentados reforçou os resultados obtidos, permitindo observar de forma clara a localização e a extensão dos agrupamentos dominantes.