

Implementação de Segmentação por Volume em Tomografia com Rotulação

Giovanni Mandel Martignago, João Pedro Garcia Guedes, Matheus Schiochet

¹Departamento de Ciência da Computação – Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC)
Caixa Postal 631 – 89.219-710 – Joinville – SC – Brazil

1. Introdução

A segmentação de volumes tomográficos é uma técnica amplamente empregada no processamento de imagens médicas, com papel fundamental na análise das estruturas internas do corpo humano. Este relatório apresenta o desenvolvimento de um sistema baseado nessa abordagem, com o objetivo de identificar e classificar diferentes tipos de células presentes em uma neoplasia, utilizando imagens tomográficas tridimensionais simuladas.

Para isso, a tomografia é representada por uma matriz 3D de intensidades em tons de cinza, onde cada célula é identificada com base em suas características visuais. O sistema proposto aplica algoritmos de segmentação para reconhecer e diferenciar os tipos celulares dentro do volume.

O presente trabalho tem como objetivo central aprofundar o conhecimento sobre as aplicações práticas da segmentação volumétrica e adquirir a base teórica e técnica necessária para implementar tais métodos. Neste estudo, foram utilizadas técnicas como limiarização, identificação de componentes conexos e rotulação, fazendo a análise dos efeitos causados pelas variações que as escolhas exercem no resultado. Neste sentido, as técnicas serão aplicadas na análise da distribuição de diferentes tipos celulares – proliferativos, quiescentes e necróticos – em um modelo simulado de tomografia. Assim, separando os maiores conglomerados de cada tipo celular, irá permitir uma análise mais aprofundada das características e comportamentos dos grupos que forem identificados, desta forma, possibilitando a avaliação da eficácia e do desempenho dos métodos sendo utilizados de diferentes formas.

2. Descrição do problema

Este trabalho desenvolve um sistema de segmentação de tomografias simuladas em 3D, com o objetivo de identificar e analisar diferentes tipos de células em uma região com neoplasia. A tomografia é representada por uma matriz tridimensional, onde cada ponto possui um valor em tons de cinza que indica o tipo celular: 255 para células proliferativas, 200 para quiescentes e 140 para necróticas.

A proposta envolve três etapas principais: contar o total de células de cada tipo com base nos valores presentes na matriz, identificar e medir os agrupamentos dessas células usando rotulação em 3D e, por fim, isolar o maior grupo de cada tipo celular, gerando três volumes separados.

Os algoritmos foram implementados em Python, sem uso de bibliotecas prontas, e usam diferentes critérios de vizinhança para definir quando os pontos pertencem ao mesmo agrupamento. Essas variações também foram analisadas quanto ao impacto no resultado. Além disso, foram criados scripts para visualizar a tomografia e salvar os volumes segmentados.

3. Objetivo

O objetivo deste trabalho é aplicar técnicas de processamento de imagens para implementação da segmentação por volume utilizando a rotulação. A segmentação procura identificar e classificar os três tipos diferentes de células presentes em uma neoplasia, utilizando as estratégias de vizinhança tridimensional, conectividade 4 e conectividade 8. Neste artigo, utilizamos a nomenclatura 2D de forma transitiva para referir as conectividades em 3D: conectividade 4 corresponde à conectividade 6 (vizinhos por face) e conectividade 8 corresponde à conectividade 26 (vizinhos por face, aresta ou vértice).

O trabalho também tem como objetivo o desenvolvimento de scripts em Python, com foco na implementação manual dos algoritmos de rotulação e segmentação. Mas também, a utilização de ferramentas gráficas para visualização dos resultados e analisar as diferentes formas de vizinhança.

4. Metodologia

A metodologia deste trabalho utiliza a segmentação por volume de uma tomografia, representada por uma matriz tridimensional de voxels.

Para o carregamento da tomografia, o volume tomográfico utilizado foi carregado a partir de um arquivo pickle. A matriz 3D resultante representa um conjunto de imagens em tons de cinza empilhadas, onde cada voxel possui um valor de cinza, em que células proliferativas apresentam valor igual a 255, células quiescentes apresentam valor 200, e as células necróticas apresentam valor 140.

Em relação a escolha da vizinhança, foi construído um menu interativo, com as seguintes opções, vizinhança-6 que considera voxels conectados pelas faces e vizinhança-26 que considera voxels conectados pelas faces, arestas e vértices. A escolha impacta na forma como os agrupamentos são detectados.

Para a parte de rotulação dos componentes conectados, foi implementado um algoritmo de busca em largura (BFS) para percorrer e rotular componentes conectados tridimensionais de cada tipo de célula. Para cada voxel não visitado que corresponde ao valor de célula atual, o algoritmo rotula todo o agrupamento conectado, atribuindo um rótulo numérico único. Durante esse processo, também é calculado o tamanho de cada componente.

Após a rotulação, foram extraídas as seguintes informações: a contagem total de voxels para o tipo de célula selecionado, o número de agrupamentos distintos identificados e o tamanho de cada agrupamento. Esses dados permitem avaliar a distribuição espacial e a predominância de cada tipo celular dentro do volume analisado. Além disso, é identificado o maior agrupamento e sua visualização.

5. Implementação

A implementação faz uso das seguintes bibliotecas:

- `numpy`: utilizada para operações matriciais e manipulação do volume tridimensional.
- `matplotlib.pyplot` e `mpl_toolkits.mplot3d`: responsáveis pela visualização gráfica de fatias do volume e pela renderização tridimensional dos agrupamentos celulares.

- *collections.deque*: empregada na implementação da busca em largura (BFS) para rotulagem de agrupamentos.
- *pickle*: utilizada para leitura de volumes tomográficos previamente serializados e armazenados em disco.

Para leitura de entrada, o volume tridimensional é carregado através da função *pickle.load()*, que desserializa o conteúdo de um arquivo binário denominado *volume_TAC*.

Em relação a identificação e rotulagem dos agrupamentos, a função *label_volume()* implementa a segmentação de agrupamentos utilizando uma abordagem de busca em largura (BFS). Para isso, são considerados dois modelos de conectividade espacial entre os voxels: 6 e 26 conexões. A função percorre todo o volume e, ao encontrar um voxel com a intensidade desejada que ainda não foi visitado, inicia uma busca para identificar todos os voxels conectados ao mesmo agrupamento, atribuindo um rótulo inteiro exclusivo a cada grupo.

A função *generate_neighbours(connectivity)* é responsável pela geração de vizinhança, gerando os deslocamentos tridimensionais a serem utilizados na busca, com base no tipo de conectividade (C6 ou C26).

Além disso, duas formas de visualização são utilizadas:

- Histograma: gerado pela função *plotar_histograma()*, exibe a quantidade total de voxels de cada tipo de célula presentes no volume.
- Gráfico 3D: a função *plotar_agrupamento_3d()* permite visualizar, em três dimensões, o maior agrupamento identificado para um determinado tipo de célula. O gráfico utiliza a função *scatter()* para plotar todos os voxels pertencentes ao agrupamento selecionado.

6. Resultados

Os experimentos realizados a partir da execução do sistema implementado permitiram analisar a distribuição e o agrupamento das células no volume tridimensional analisado.

A seguir, são apresentados os resultados quantitativos obtidos em cada caso, destacando o número total de agrupamentos identificados e o maior agrupamento encontrado para cada configuração.

Para as células proliferativas com conectividade 4:

- Total de agrupamentos encontrados: 687
- Maior agrupamento: Rótulo 4 com 380 voxels

Para as células proliferativas com conectividade 8:

- Total de agrupamentos encontrados: 129
- Maior agrupamento: Rótulo 1 com 1412 voxels

Para as células quiescentes com conectividade 4:

- Total de agrupamentos encontrados: 183
- Maior agrupamento: Rótulo 79 com 5 voxels

Para as células quiescentes com conectividade 8:

- Total de agrupamentos encontrados: 124
- Maior agrupamento: Rótulo 40 com 20 voxels

Para as células necróticas com conectividade 4:

- Total de agrupamentos encontrados: 325
- Maior agrupamento: Rótulo 7 com 5978 voxels

Para as células necróticas com conectividade 8:

- Total de agrupamentos encontrados: 1
- Maior agrupamento: Rótulo 1 com 6396 voxels

Os resultados obtidos também são ilustrados por meio de representações gráficas: a figura 1 representa um histograma que mostra a quantidade de células por tipo, e as figuras 2 à 7 representam visualizações 3D dos maiores agrupamentos para cada tipo celular, sob diferentes conectividades espaciais (C6 e C26).

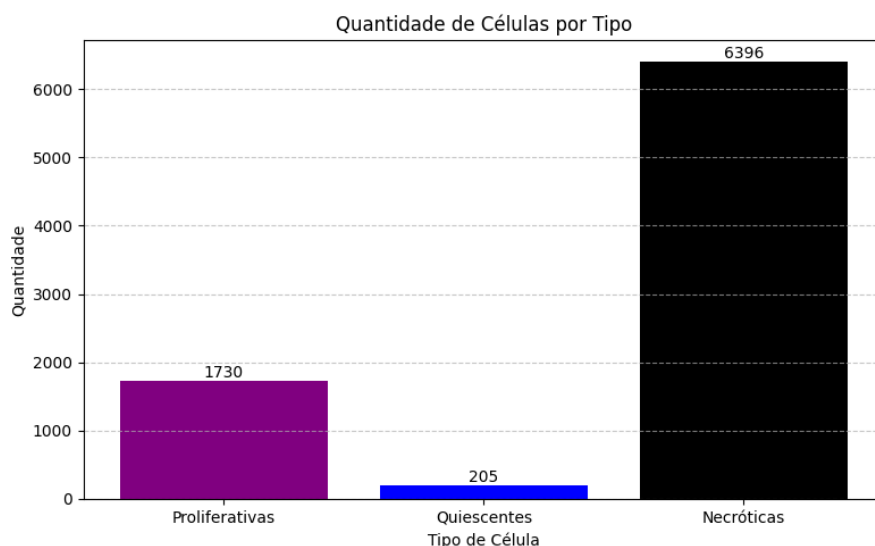


Figure 1. Histograma com a quantidade total de células

A Figura 1 apresenta um histograma com a quantidade total de células de cada tipo. É possível observar que as células necróticas são as mais numerosas, seguidas pelas células proliferativas e, por fim, pelas células quiescentes.

A Figura 2 mostra a visualização tridimensional do maior agrupamento de células proliferativas considerando conectividade 4. Apesar do alto número total de agrupamentos (687), o maior grupo identificado contém 380 voxels, indicando que os agrupamentos são, em geral, pequenos e dispersos.

Na Figura 3, observa-se o maior agrupamento de células proliferativas com conectividade 8. O aumento da conectividade resulta em uma redução no número total de agrupamentos (129), porém permite a formação de um grupo muito maior, com 1412 voxels, evidenciando a influência da conectividade na coesão espacial das células.

A Figura 4 exibe o maior agrupamento de células quiescentes com conectividade 4. O número de agrupamentos é relativamente baixo (183), e o maior grupo é pequeno, com apenas 5 voxels, o que sugere uma distribuição bastante dispersa dessas células.

Maior grupo do tipo Proliferativa

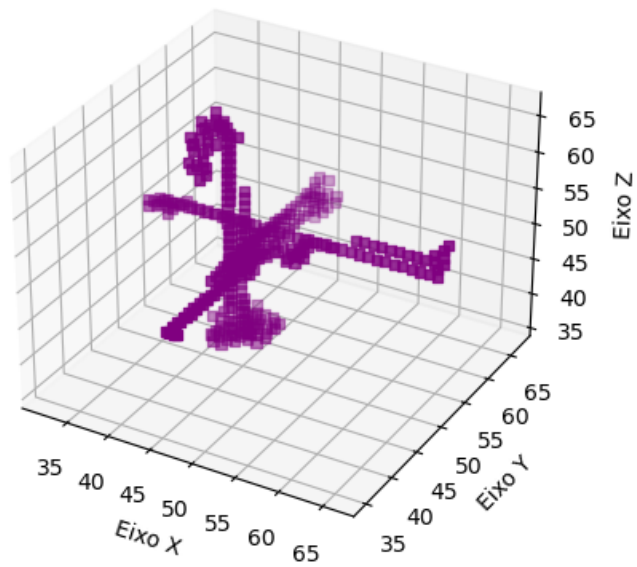


Figure 2. Proliferativas com conectividade 4

Maior grupo do tipo Proliferativa

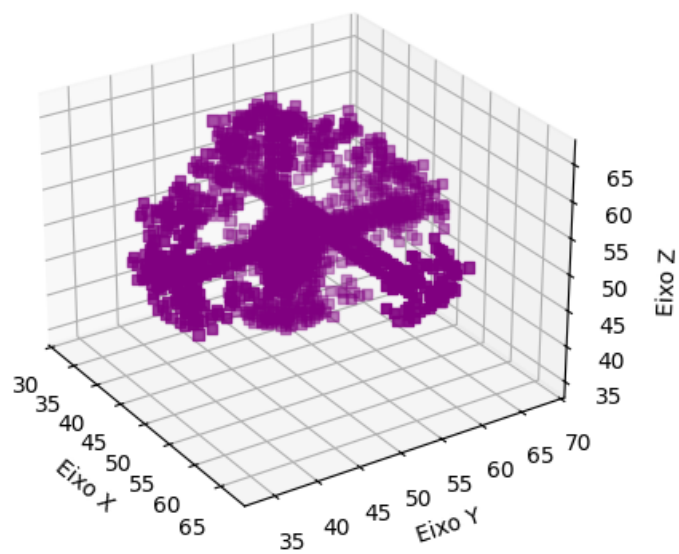


Figure 3. Proliferativas com conectividade 8

Maior grupo do tipo Quiescente

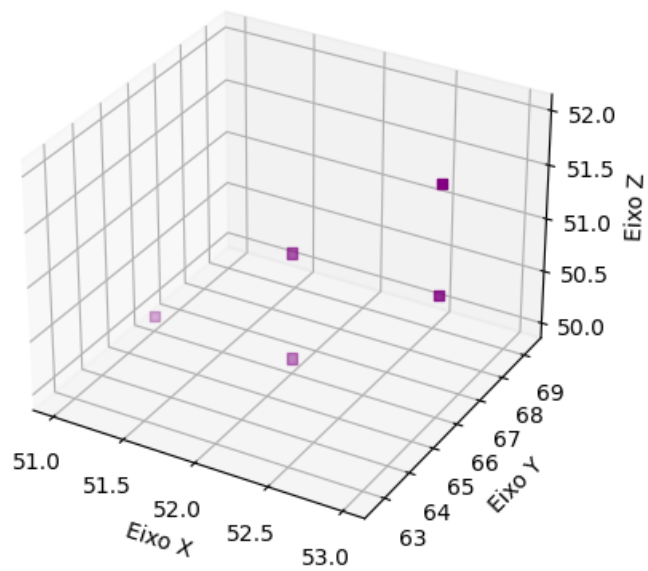


Figure 4. Quiescentes com conectividade 4

Maior grupo do tipo Quiescente

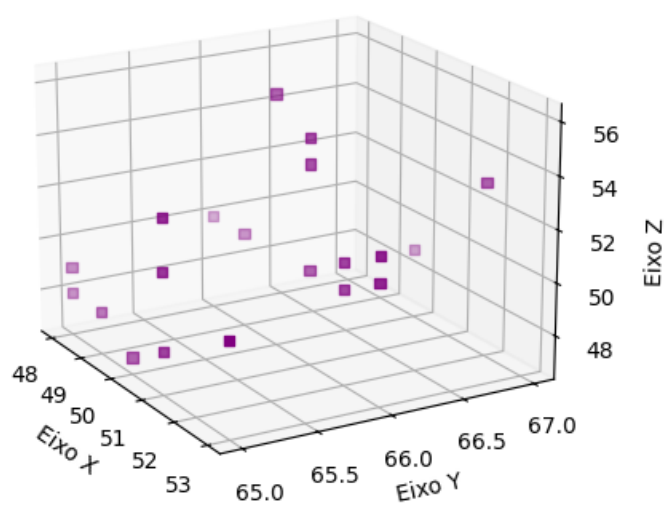


Figure 5. Quiescentes com conectividade 8

Com conectividade 8, como mostrado na Figura 5, o número de agrupamentos de células quiescentes é ainda menor (124), e o maior grupo cresce para 20 voxels. Isso reforça a tendência de conectividades maiores promoverem maior continuidade entre células próximas.

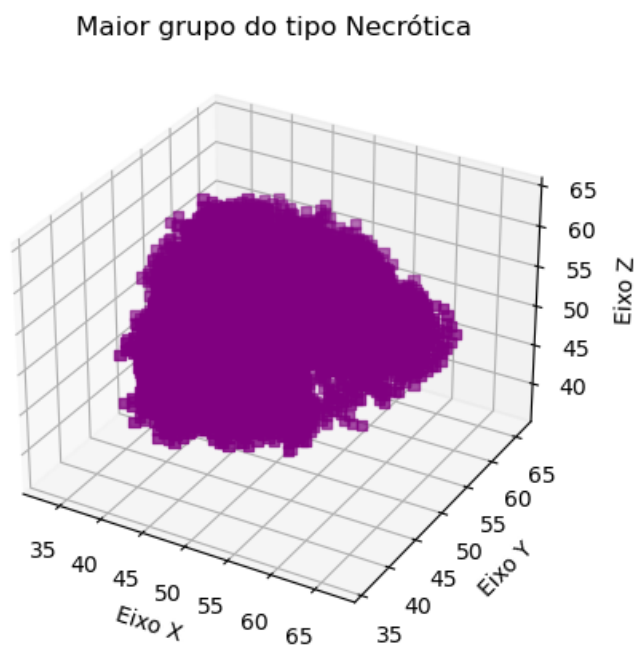


Figure 6. Necróticas com conectividade 4

A Figura 6 representa o maior agrupamento de células necróticas sob conectividade 4. Mesmo com 325 agrupamentos detectados, o maior grupo já possui um tamanho expressivo, com 5978 voxels, sugerindo uma maior concentração ou aglomeração de células desse tipo.

Por fim, a Figura 7 mostra o resultado extremo da conectividade 8 para células necróticas: foi identificado apenas um agrupamento, contendo 6396 voxels. Isso indica que, com conectividade ampliada, as células necróticas formam uma grande massa contínua, possivelmente refletindo uma região necrosada coesa no tecido analisado.

7. Discussão

7.1. Influência da Vizinhança na Segmentação Volumétrica e suas Implicações

A definição da vizinhança é um dos fatores mais determinantes em algoritmos de segmentação tridimensional. Ela afeta desde o desempenho computacional até a fidelidade dos resultados, podendo ter consequências críticas em aplicações práticas, como na análise de imagens médicas.

7.2. Conectividade e Formação de Componentes

O tipo de vizinhança adotado define o nível de conectividade entre voxels, impactando diretamente a maneira como os componentes são formados. Vizinhanças menores tendem

Maior grupo do tipo Necrótica

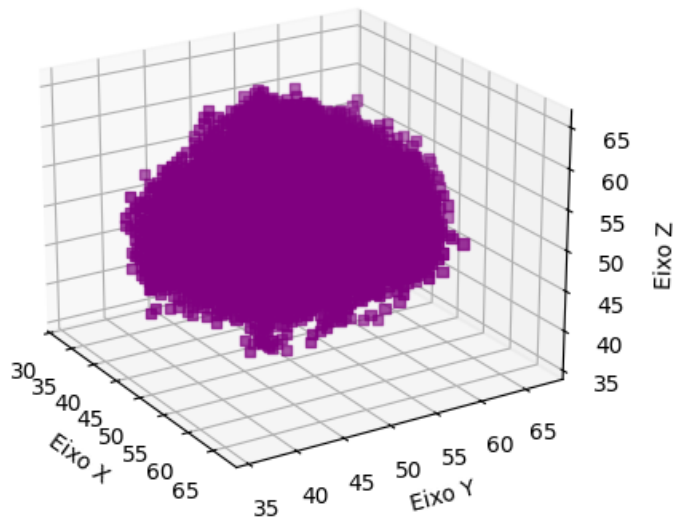


Figure 7. Necróticas com conectividade 8

a separar com mais rigidez regiões próximas, o que pode ser útil em contextos onde a distinção entre estruturas é essencial. Já vizinhanças mais amplas conectam voxels mais distantes, favorecendo agrupamentos contínuos e coesos.

Essa escolha precisa ser estratégica: segmentações muito fragmentadas ou excessivamente agregadas podem distorcer a representação do objeto analisado.

7.3. Equilíbrio entre Detalhamento e Desempenho

Segmentações baseadas em vizinhanças maiores geralmente são mais sensíveis a detalhes, pois favorecem conexões sutis entre regiões adjacentes. No entanto, essa sensibilidade vem com um custo: mais vizinhos implicam mais comparações, maior uso de memória e tempo de processamento mais elevado.

Por outro lado, vizinhanças restritas são computacionalmente mais eficientes, mas podem comprometer a precisão ao desconsiderar conexões relevantes. O desafio está em encontrar o equilíbrio entre complexidade computacional e fidelidade morfológica dos resultados.

7.4. Riscos em Aplicações na Saúde

Na área da saúde, a escolha inadequada da vizinhança pode comprometer análises clínicas. Em segmentações de tecidos ou células, conectividades muito limitadas podem deixar de revelar relações importantes entre estruturas — como a extensão de uma área necrótica ou a disseminação de células tumorais.

Se a conectividade não for corretamente identificada, existe o risco de subdiagnóstico ou de interpretações equivocadas que influenciam diretamente o planejamento

terapêutico. No caso de tecidos malignos, por exemplo, uma segmentação subestimada pode ocultar áreas de risco que mereceriam atenção clínica imediata.

8. Conclusão

O trabalho realizado permitiu compreender e aplicar com sucesso a segmentação por volume, utilizando rotulação de componentes conectados em 3D. A implementação dos algoritmos com as vizinhanças do tipo 6 e 26 mostrou ser eficaz para identificar e rotular agrupamentos de células proliferativas, quiescentes e necróticas.

A partir da rotulação, foi possível observar informações importantes como a quantidade total de células de cada tipo, a distribuição dos tamanhos de agrupamentos de cada tipo de célula, além de gerar visualizações 3D dos maiores componentes. Esses dados são fundamentais para a análise de uma neoplasia.

O uso de vizinhanças distintas demonstrou impacto direto nos resultados da segmentação, mostrando a importância da escolha da conectividade adequada de acordo com o contexto da análise. Portanto, os objetivos propostos foram alcançados, tanto na implementação prática da segmentação por volume quanto na visualização dos dados.