

Tratamento de Imagens de Raio-x Utilizando Probabilidade para Identificação de Tecidos

Henrique P. Viana, José Arthur P. Alves, Luana B. Araújo e Manoel Malon C. Moura

Resumo—Uma radiografia é um exame de imagem muito comum que permite a visualização de diversas partes do organismo, sendo um importante recurso na medicina. Portanto, através dessa prática utilizou-se a linguagem de alto nível para computação matemática “Octave”, efetuando o cálculo da média e desvio padrão de tecidos do corpo humano.

Palavras-chave—radiografia, visualização, computação, matemática.

I. INTRODUÇÃO

RADIOGRAFIA é um exame de imagem que utiliza radiação ionizante para captar imagens internas do organismo, possibilitando ver materiais cuja composição não é uniforme com o corpo humano. O feixe de raios X que é transmitido pelo paciente, possibilita o filme radiográfico, o qual, ao ser revelado, mostram estruturas anatômicas em tons de cinza através de uma imagem que permite distinguir estruturas e tecidos com propriedades diferenciadas. Têm-se por exemplo a radiografia de tórax e a dentária panorâmica, que proporcionam a visualização vários males como fratura e tumores.

Dito isto, o presente trabalho tem como objetivo o cálculo da média e o desvio padrão para cada matriz de cor de certos tecidos, através da escolha de uma região do corpo. Através disso pode-se reconhecer tecidos na imagem e compara-los com valores estatísticos. Tudo isso é feito através do software Octave, que é uma linguagem de alto nível desenvolvida para computação matemática capaz de resolver problemas lineares e não lineares, e executar outras tarefas numéricas através de uma linguagem compatível com o MATLAB. É bastante utilizada por alunos, educadores e pesquisadores de todo o mundo.

II. FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

É importante salientar que para realização da radiografia necessita-se de um equipamento específico, que normalmente é um tubo de raios X suspenso sobre uma mesa onde o paciente irá se deitar. Também conta com uma caixa debaixo da mesa que possui a película de raios X ou placa de registro de imagens.

A relação, a seguir, detalha informações acerca dos autores que contribuíram de forma efetiva e igualitária para o desenvolvimento do trabalho.

Henrique P. Viana, do curso de Engenharia da Computação, Faculdade de Computação e Engenharia Elétrica, Universidade Federal do Sul e Sudeste do Pará, Marabá, PA, 68.505-080, Brasil (e-mail: henrique.viana@unifesspa.edu.br).

José Arthur P. Alves, do curso de Engenharia da Computação, Faculdade de Computação e Engenharia Elétrica, Universidade Federal do Sul e Sudeste do Pará, Marabá, PA, 68.505-080, Brasil (e-mail: arthurj167@unifesspa.edu.br).

Quando o aparelho está devidamente posicionado com relação a parte do corpo do paciente que será avaliado, o feixe de raios X irá atravessar o corpo gerando uma imagem, que é registrada pela placa especial de registro de imagens. Ao contrário do que muitos pensam, após a exposição deste tipo de radiação ela não fica no organismo do paciente.

Na área de estudo da estatística, média é definida como um valor que demonstra a concentração de dados de uma distribuição. Seguindo o conceito de que na estatística os dados possuem uma certa posição, média é a medida de posição que irá indicar um valor uniforme dos dados. A seguir, pode-se observar a equação da média que foi utilizada:

Equação (1) da média.

$$\mu = \sum_{i=1}^n x_i p_X(x_i) \quad (1)$$

Dando continuidade, na probabilidade o conceito de desvio padrão se dá através de uma medida de dispersão em torno da média populacional de uma variável aleatória. Já no campo da estatística pode ser chamada de desvio padrão amostral, expressando o grau de dispersão de um conjunto de dados, ou seja, o quanto um conjunto de dados chega a ser uniforme. Os dados tendem a serem cada vez mais homogêneos quanto mais próximo de 0 for o desvio padrão. Em seguida, observa-se a equação utilizada:

Equação (2) do desvio padrão.

$$\sigma = \sqrt{\sum (x - \mu)^2 f(x)} \quad (2)$$

III. METODOLOGIA

O objetivo do desenvolvimento deste projeto consistiu no emprego de alguns dos principais conceitos acerca de processos estocásticos em uma aplicação prática que utiliza a probabilidade para identificação de tecidos em imagens de raio-x. O trabalho teve como elementos centrais de apreciação a utilização de matrizes e cálculos de média e desvio padrão para o tratamento da imagem.

Luana B. Araújo, do curso de Engenharia da Computação, Faculdade de Computação e Engenharia Elétrica, Universidade Federal do Sul e Sudeste do Pará, Marabá, PA, 68.505-080, Brasil (e-mail: luanabatist@unifesspa.edu.br).

Manoel Malon C. Moura, do curso de Engenharia da Computação, Faculdade de Computação e Engenharia Elétrica, Universidade Federal do Sul e Sudeste do Pará, Marabá, PA, 68.505-080, Brasil (e-mail: malloncosta@unifesspa.edu.br).

> REPLACE THIS LINE WITH YOUR MANUSCRIPT ID NUMBER (DOUBLE-CLICK HERE TO EDIT) <

Para elaboração do projeto utilizou o software Octave, programa desenvolvido, sobretudo, para computação matemática. Este, possui uma interface em linha de comando para a solução de problemas numéricos, lineares e não-lineares, podendo, então, ser utilizado nos mais diversos experimentos numéricos.

Para melhor compreensão da aplicação desenvolvida, o trabalho foi abordado de duas formas diferentes detalhadas nos itens A, B, um explicando o funcionamento do programa a partir do código fonte, e a outra por meio de conceitos matemáticos e estatísticos.

A. Código

Realizando uma análise sobre o código da aplicação desenvolvida, observa-se as seguintes principais etapas de execução. Inicialmente realiza-se uma limpeza dos valores de execuções anteriores e um arquivo de imagem é solicitado ao usuário, neste caso, o usuário deverá selecionar a imagem de raio-x ao qual deseja realizar o tratamento para identificação de tecidos. Ao receber esta imagem o programa realiza uma validação acerca de seu tipo e tamanho e por fim entra em um laço de repetição que irá tratar a imagem, o que pode ser observado na Figura 1.

Dentro do laço de tratamento se imagem, primeiramente, um conjunto de condicionais é implementado com o objetivo de identificar cada etapa de execução do programa e, a partir disso, fornecer as informações corretas sobre o que deve ser feito ao usuário.

```

6 clear all; %Limpa valores de execuções anteriores
7 [arq caminho]=uigetfile('*.tiff','Selecione o arquivo de
8 % A INTERFACE DE CARREGAMENTO
9 nomecompleto=strcat(caminho,arq); %CONCATENA STRINGS
10 I = imread(nomecompleto); % Armazena a Imagem em form
11 %arquivo válido: bmp, tiff...
12 [M,N,C]=size(I); %Verifica o tamanho da imagem e plan
13 imshow(I); % Mostra a imagem capturada
14 title('Imagem Original do Raio-X'); %insere titulo na
15 for i=1:3 %como há três tipos de tecidos, é necessári
16     % o procedimento
17     %1-refere ao procedimento do tecido mole; 2-Ossos;
18     if(i==1) %Caso seja a primeira execução / Tecido
19         % apresenta um box com a mensagem abaixo
20         gg=msgbox ('Clique em 30 pontos da área que pre
21     elseif(i==2) %Caso seja a segunda execução / Osso
22         % apresenta um box com a mensagem abaixo
23         gg=msgbox ('Clique em 30 pontos da área que pre
24     else %Caso seja a terceira execução / Musculos;
25         % apresenta um box com a mensagem abaixo
26         gg=msgbox ('Clique em 30 pontos da área que pre
27     endif
28     uiwait(gg); % espera até o popup ser acionado
29     [x y]=ginput(30); %guarda coordenadas dos pontos es

```

Fig. 1. Configurações iniciais e laço de tratamento

Ainda dentro do laço, uma matriz é criada para cada tipo de tecido que se deseja identificar, sendo preenchida ao longo da execução do programa com os pontos, inseridos pelo usuário, referentes ao respectivo tecido que se deseja identificar, sendo solicitados 30 pontos de amostra para cada um dos tecidos.

```

31 X=round(x);Y=round(y); %converte para o form
32 for t=1:30
33     R(t)=I(Y(t),X(t),1);% cria a matriz do verr
34     G(t)=I(Y(t),X(t),2);% cria a matriz do verc
35     B(t)=I(Y(t),X(t),3);% cria a matriz do azul
36 end
37
38 Rmole=mean(R);Gmole=mean(G);Bmole=mean(B);% c
39 %vermelho, verde e azul pela função especific
40 R=double(R);G=double(R);B=double(B); %transfo
41 %para calcular o desvio padrão
42 Rsmole=std(R);Gsmole=std(G);Bsmole=std(B); %

```

Fig. 2. Coleta de amostras e criação das matrizes de cada tecido

Por fim, o tratamento é finalizado com um conjunto de laços que percorre cada pixel da imagem e os compara, levando em conta a média e o desvio padrão, exibindo ao usuário uma imagem contendo a identificação de cada tecido por uma cor, sendo a cor vermelha para tecido mole, verde para representação dos ossos e azul para representação dos músculos.

```

49 for linha=1:M %este laço percorre as linhas da image
50     for coluna=1:N %este laço percorre as colunas da
51         if((I(linha,coluna,1)>=abs(Rmole-Rsmole))
52             &&(I(linha,coluna,1)<=(abs(Rmole+Rsmole)))) %cor
53             if((I(linha,coluna,2)>=abs(Gmole-Gsmole))
54                 &&(I(linha,coluna,2)<=(abs(Gmole+Gsmole)))) %c
55             if((I(linha,coluna,3)>=abs(Bmole-Bsmole))
56                 &&(I(linha,coluna,3)<=(abs(Bmole+Bsmole))))
57                 if(i == 1) %Se estiver na parte do tecido
58                     I(linha,coluna,1) = 256; %valor maximo c
59                     I(linha,coluna,2) = 0; %valor minimo do
60                     I(linha,coluna,3) = 0; %valor minino do
61                 elseif(i == 2) %Se estiver na parte do os
62                     I(linha,coluna,1) = 0;
63                     I(linha,coluna,2) = 256;
64                     I(linha,coluna,3) = 0;
65                 else %Se estiver na parte do musculo, a c
66                     I(linha,coluna,1) = 0;
67                     I(linha,coluna,2) = 0;
68                     I(linha,coluna,3) = 256;
69             endif
70         endif
71     endif
72     endif
73     endfor
74 endfor
75 figure(2); %abre uma segunda janela, apresentando a
76 imshow(I); %abre a imagem
77 title('Imagem modificada do Raio-X'); %titulo da ja
78 endfor

```

Fig. 3. Geração da imagem tratada

Vale ressaltar que, ao longo de cada inserção de amostras os resultados de identificação do tecido vão sendo exibidos ao usuário, sendo possível a visualização da identificação de apenas de tecido mole, apenas tecido mole e ossos ou tecido mole, ossos e músculos. Isto ficará mais claro no item IV que se refere aos resultados obtidos deste trabalho.

O código completo comentado pode ser consultado no apêndice deste trabalho.

B. Probabilidade e Estatística

Partindo para uma análise sobre a matemática envolvida no desenvolvimento da aplicação, têm-se que:

> REPLACE THIS LINE WITH YOUR MANUSCRIPT ID NUMBER (DOUBLE-CLICK HERE TO EDIT) <

A imagem inserida no programa, de resolução $M \times N$, é armazenada em uma matriz $M \times N \times 3$ no padrão RGB, onde cada cor de pixel corresponde a composição das cores $M \times N \times 1$, $M \times N \times 2$ e $M \times N \times 3$ RGB, respectivamente.

Logo mais, para cada determinada matriz de cor é realizado uma coleta de amostra acerca das regiões típicas de cada um dos três tecidos, e a partir disso, os cálculos estatísticos de média e desvio padrão são realizados para cada um dos tecidos.

Depois de obter os valores para cada tecido, uma varredura é realizada na imagem comparando os pixels de cada matriz de cor com os valores calculados e, assim, realizando uma decisão sobre a que tecido este ponto pertence. Ao final do processo uma cor diferencial é aplicada realçando o pixel da imagem, neste caso, as cores já citadas anteriormente, vermelho para tecido mole, verde para os ossos e azul para o tecido muscular.

A imagem final será a composição de todos os pixels classificados com a cor de cada respectivo tecido.

A imagem, a seguir, demonstra como o programa irá aplicar a seleção de cada área de tecido de acordo com as cores RGB, cada círculo corresponde a uma área com pontos amostrais que podem ser inseridos pelo usuário.

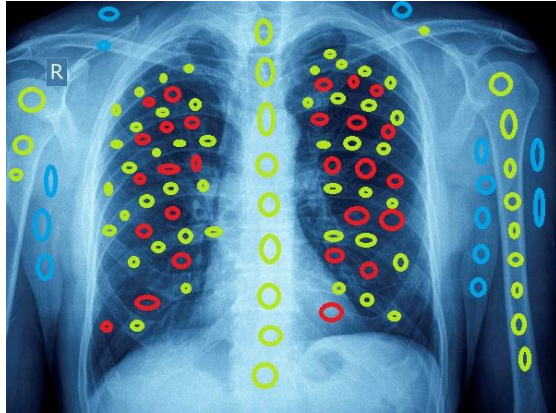


Fig. 4. Imagem de raio-x de um tórax com áreas amostrais destacados

As fórmulas (1) e (2), citadas no item II do trabalho, e a (3), citada abaixo, demonstram as equações utilizadas para os cálculos estatísticos realizados durante a execução do programa. As Figuras 5, 6 e 7, exibem os gráficos referentes às curvas Gaussianas de cada um dos tecidos para uma determinada execução do programa realizada.

$$fX(x) = \left(\frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} \right) e^{-\frac{(x-\mu)^2}{2\sigma^2}} \quad (3)$$

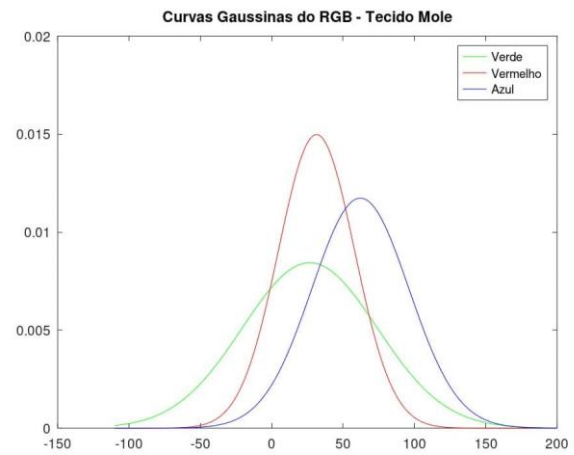


Fig. 5. Curvas Gaussianas do RGB para o tecido mole

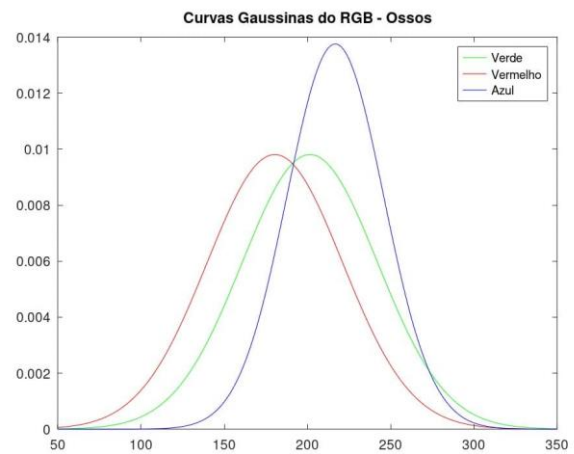


Fig. 6. Curvas Gaussianas do RGB para o tecido dos ossos

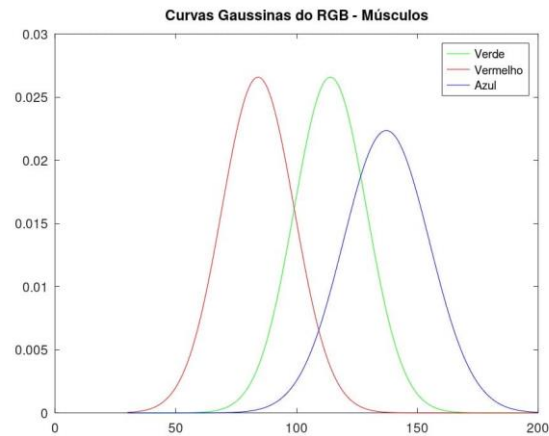


Fig. 7. Curvas Gaussianas do RGB para o tecido muscular

Nos gráficos acima as larguras (horizontal) de cada linha no gráfico representam o desvio padrão e o meio (altura vertical) de cada linha representam a Média.

IV. RESULTADOS OBTIDOS

A seguir, é apresentado o resultado da execução do programa para o tratamento da imagem de radiografia da Figura 8.



Fig. 8. Imagem de raio-x de um tórax

Como explicado no item III-A deste trabalho, ao iniciar o programa, é solicitado ao usuário que selecione a imagem da qual se deseja realizar o tratamento. Após sua seleção, uma caixa de texto é exibida, conforme pode-se observar na Figura 9, solicitando a seleção de 30 pontos que formarão o espaço amostral referente ao tecido mole ou vazio, esta seleção deve ser feita na segunda aba aberta pelo programa que apresenta a imagem de radiografia inserida anteriormente, Figura 10.

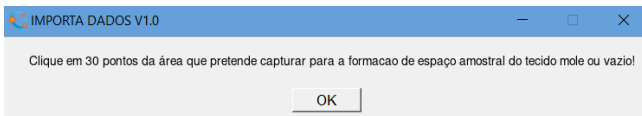


Fig. 9. Caixa de texto de seleção de tecido mole ou vazio

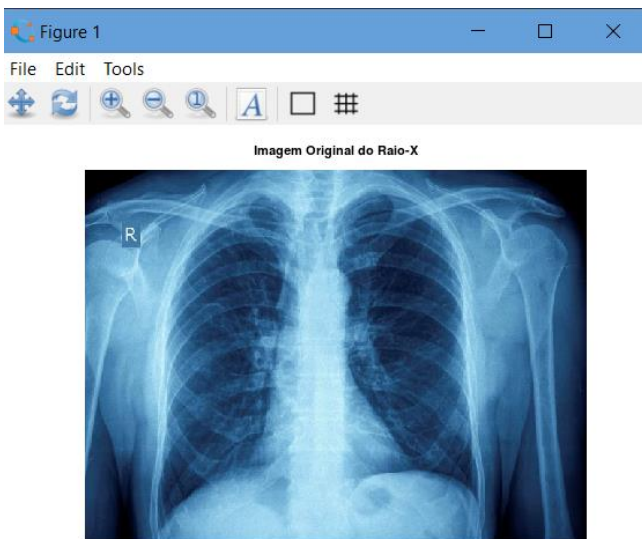


Fig. 10. Imagem apresentada para seleção de pontos amostrais

Ao término da seleção de pontos, uma segunda e terceira aba são abertas. A segunda, Figura 11, solicita que o usuário selecione 30 pontos amostrais a serem utilizados para a identificação do tecido ósseo. Por sua vez, a terceira, Figura 12, apresenta a imagem parcialmente tratada, com apenas o tecido mole identificado, já que a coleta dos pontos amostrais deste tecido já foi realizada, nesta imagem, a seleção das amostras deve ser realizada.

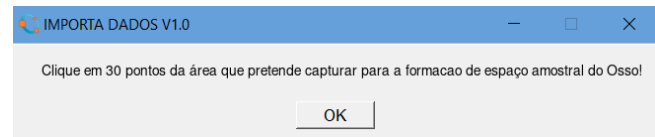


Fig. 11. Caixa de texto de seleção de tecido ósseo



Fig. 12. Imagem parcialmente tratada com a identificação do tecido mole

Assim como já demonstrado, os mesmos passos são seguidos para a identificação do tecido muscular, de forma que: é exibida uma caixa de texto pedindo a inserção de 30 pontos que servirão de base para composição do espaço amostral do tecido muscular, Figura 13; e é exibida uma imagem parcialmente tratada, com os tecidos mole e ósseo já identificados, para que o usuário selecione os pontos amostrais do tecido muscular, Figura 14.

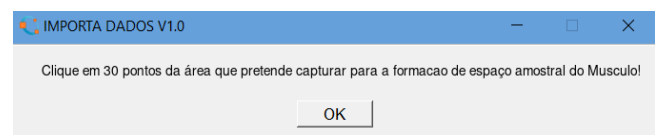


Fig. 13. Caixa de texto de seleção de tecido muscular

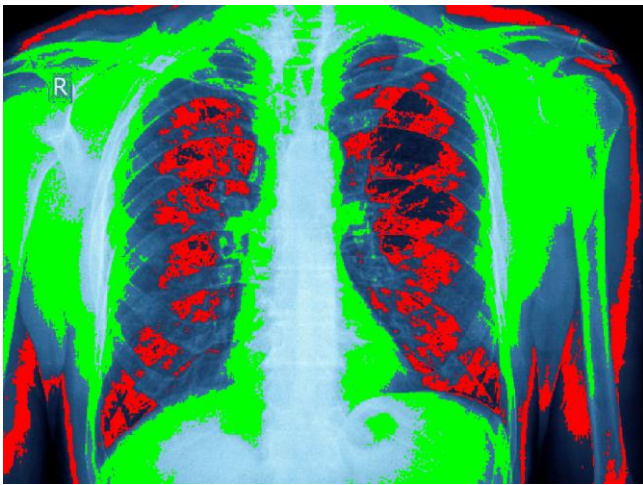


Fig. 14. Imagem parcialmente tratada com a identificação dos tecidos mole e ósseo

Por fim, com todas as amostras para cada um dos tecidos coletadas, a imagem final, contendo a identificação dos mesmos é gerada, Figura 15. Ao término da execução da aplicação o usuário terá em sua tela a aba contendo a imagem original, Figura 10, e a aba contendo a imagem totalmente tratada, Figura 15.

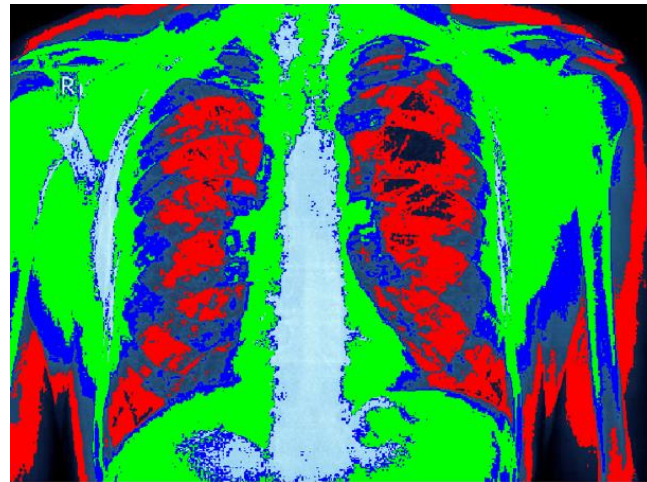


Fig. 14. Imagem tratada com a identificação dos tecidos mole, ósseo e muscular

V. CONCLUSÃO

Conclui-se que a radiografia é uma das técnicas mais antigas e mais utilizadas para diagnósticos através de imagens no campo de estudo da medicina, além disso, utiliza-se a mesma em outras áreas, como por exemplo, dentro da indústria e em outros campos da ciência e da tecnologia. Através desta técnica e do software Octave foi possível realizar com êxito o problema apresentado, de análise e identificação por probabilidade os tipos de tecidos e aqueles que possivelmente não se enquadravam por conta de suas características.

APÊNDICE

A. Código Comentado

%-----PROCESSOS ESTOCASTICOS-----

```
%---Programa de identificação de tecidos em---
%---imagens de Raio-x utilizando média e-----
%-----desvio padrão-----
```

```
clear all; %Limpa valores de execuções
anteriores
[arq caminho]=uigetfile('*.','Selecione o
arquivo de imagem'); %ABRE A INTERFACE DE
CARREGAMENTO
nomecompleto=strcat(caminho,arq); %CONCATENA
STRINGS DE CAMINHO
I = imread(nomecompleto); % Armazena a Imagem
em formato RGB (Se arquivo válido: bmp,
tiff...
[M,N,C]=size(I); %Verifica o tamanho da imagem
e plano de cores
imshow (I); % Mostra a imagem capturada
title('Imagem Original do Raio-X'); %insere
titulo na janela da imagem original
```

```
for i=1:3 %como há três tipos de tecidos, é
necessário um laço para repetir 3 vezes o
procedimento
%1-refere ao procedimento do tecido mole; 2-
Ossos; 3-Musculos
if(i==1) %Caso seja a primeira execução /
Tecido Mole; apresenta um box com a mensagem
abaixo
gg=msgbox ('Clique em 30 pontos da área que
pretende capturar para a formacao de espaço
amostral do tecido mole ou vazio! ','IMPORTA
DADOS V1.0');
elseif(i==2) %Caso seja a segunda execução /
Ossos; apresenta um box com a mensagem abaixo
gg=msgbox ('Clique em 30 pontos da área que
pretende capturar para a formacao de espaço
amostral do Osso! ','IMPORTA DADOS V1.0');
else %Caso seja a terceira execução /
Musculos; apresenta um box com a mensagem
abaixo
gg=msgbox ('Clique em 30 pontos da área que
pretende capturar para a formacao de espaço
amostral do Musculo! ','IMPORTA DADOS
V1.0');
endif
```

```
uiwait(gg); % espera até o popup ser acionado
[x y]=ginput(30); %guarda coordenadas dos
pontos escolhidos para a amostra
```

```
X=round(x);Y=round(y); %converte para o
formato apropriado - arredonda os números
```

```
for t=1:30
R(t)=I(Y(t), X(t),1); % cria a matriz do
vermelho das amostras
G(t)=I(Y(t), X(t),2); % cria a matriz do
verde das amostras
B(t)=I(Y(t), X(t),3); % cria a matriz do
azul das amostras
end
```

```
Rmole=mean(R); Gmole=mean(G); Bmole=mean(B);
% calcula as médias dos tons vermelho, verde
```

> REPLACE THIS LINE WITH YOUR MANUSCRIPT ID NUMBER (DOUBLE-CLICK HERE TO EDIT) <

```
e azul pela função específica mean
R=double(R); G=double(R); B=double(B);
%transforma no formato apropriado para
calcular o desvio padrão
Rsmole=std(R); Gsmole=std(G); Bsmole=std(B);
% calcula os desvios padrão do vermelho,
verde e azul pela função específica std

% Os laços abaixo servem para percorrer cada
pixel da imagem, já que se trata de
% uma matriz e por fim, compara os valores
calculados juntamente da média e do
% desvio padrão

for linha=1:M %este laço percorre as linhas
da imagem
    for coluna=1:N %este laço percorre as
colunas da imagem
        if((I(linha,coluna,1) >= abs(Rmole-
Rsmole)) && (I(linha,coluna,1) <=
(abs(Rmole+Rsmole)))) %compara o valor do
Vermelho do pixel com o cálculo da média e
do desvio do Vermelho
            if((I(linha,coluna,2) >= abs(Gmole-
Gsmole)) && (I(linha,coluna,2) <=
(abs(Gmole+Gsmole)))) %compara o valor do
Verde do pixel com o cálculo da média e
do desvio do Verde
                if((I(linha,coluna,3) >= abs(Bmole-
Bsmole)) && (I(linha,coluna,3) <=
(abs(Bmole+Bsmole)))) %compara o valor
do Azul do pixel com o cálculo da média
e do desvio do Azul
                    if(i == 1) %Se estiver na parte do
tecido mole, a cor vermelho é
acrescentada no pixel em questão
                        I (linha, coluna,1) = 256; %valor
maximo do vermelho - lembre-se, 1 se
refere ao vermelho
                        I (linha, coluna,2) = 0; %valor
minimo do verde - lembre-se, 2 se
refere ao verde
                        I (linha, coluna,3) = 0; %valor
minino do azul - lembre-se, 3 se
refere ao azul
                    elseif (i == 2) %Se estiver na parte
do osso, a cor verde é acrescentada no
pixel em questão
                        I (linha, coluna,1) = 0;
                        I (linha, coluna,2) = 256;
                        I (linha, coluna,3) = 0;
                    else %Se estiver na parte do musculo,
a cor azul é acrescentada no pixel em
questão
                        I (linha, coluna,1) = 0;
                        I (linha, coluna,2) = 0;
                        I (linha, coluna,3) = 256;
                    endif
                endif
            endif
        endif
    endfor
endfor
```

```
figure(2); %abre uma segunda janela,
apresentando a imagem modificada
imshow(I); %abre a imagem
title('Imagem modificada do Raio-X'); %
titulo da janela da imagem modificada
```

endfor

REFERÊNCIAS

- [1] CARNEIRO, JEAN. Propostas de trabalho: Aplicação em medicina – Tratamento de imagens. Marabá: Unifesspa, 2021, 10p.
- [2] CHEST XRAY. Adobe Stock, 2021. Disponível em: <https://stock.adobe.com/br/search?k=chest+xray&search_type=recentsearch>. Acesso em: 20 de dezembro de 2021.