

UNIVERSIDADE DO ESTADO DE SANTA CATARINA
DEPARTAMENTO DE CIÊNCIA DA COMPUTAÇÃO
BACHARELADO EM CIÊNCIA DA COMPUTAÇÃO

Matheus Lopes de Freitas
Guilherme Piacentini da Silva

Tarefa - Implementação da segmentação por volume utilizando rotulação

Joinville/SC
2025

SUMÁRIO

1. Introdução
2. Entrada, Processo e Implementação
3. Análise de Saída, Resultados e Conclusão

1. Introdução

Este relatório documenta a implementação de uma solução para segmentação por volume em um conjunto de dados tomográficos simulados, representando uma neoplasia contendo três tipos de células: proliferativas, quiescentes e necróticas. O objetivo principal foi identificar e analisar os maiores agrupamentos (componentes conexos) de cada tipo de célula, extraíndo informações como quantidades e distribuições de tamanhos, além de gerar visualizações tridimensionais dos maiores agrupamentos. A solução foi desenvolvida em Python, utilizando técnicas de rotulação e algoritmos de busca para identificar componentes conexos em um volume 3D.

2. Entrada, Processo e Implementação

O código desenvolvido consiste em um script principal (main.py) e um módulo auxiliar (componentes), que juntos realizam as seguintes etapas:

2.1 Carregamento dos Dados

O arquivo volume_TAC, contendo a matriz numpy 3D que simula a tomografia, foi carregado utilizando a biblioteca pickle.

2.2 Identificação e Contagem das Células

A função `contar_celulas` do módulo `componentes.py` foi utilizada para separar as células em três conjuntos distintos, baseando-se nos valores de cinza:

- Proliferativas:** valor 255.
- Quiescentes:** valor 200.
- Necróticas:** valor 140.

2.3 Rotulação e Identificação de Componentes Conexos

A função (`componentizar_celulas`) do módulo (`componentes.py`) foi aplicada a cada conjunto de células para identificar os maiores componentes conexos. Esta função utiliza um algoritmo de busca (DFS) para agrupar células vizinhas, considerando uma vizinhança 3D adaptada (conectividade-6, equivalente à C4 em 2D, ou conectividade-26, equivalente à C8 em 2D).

2.4 Visualização dos Resultados

A visualização 3D dos maiores componentes conexos foi gerada utilizando a biblioteca (`plotly.graph_objects`). Cada tipo de célula foi representado por uma cor distinta:

- Vermelho:** Células proliferativas.
- Verde:** Células quiescentes.
- Azul:** Células necróticas.

O gráfico 3D interativo foi salvo como um arquivo HTML (`grafico3d.html`) e exibido diretamente no ambiente de execução.

3. Análise de Saída, Resultados e Conclusão

3.1 Saída e Distribuição de Células

O código permite extrair a quantidade total de células de cada tipo e a distribuição dos tamanhos dos agrupamentos, conforme solicitado. Com funções próprias, por exemplo:

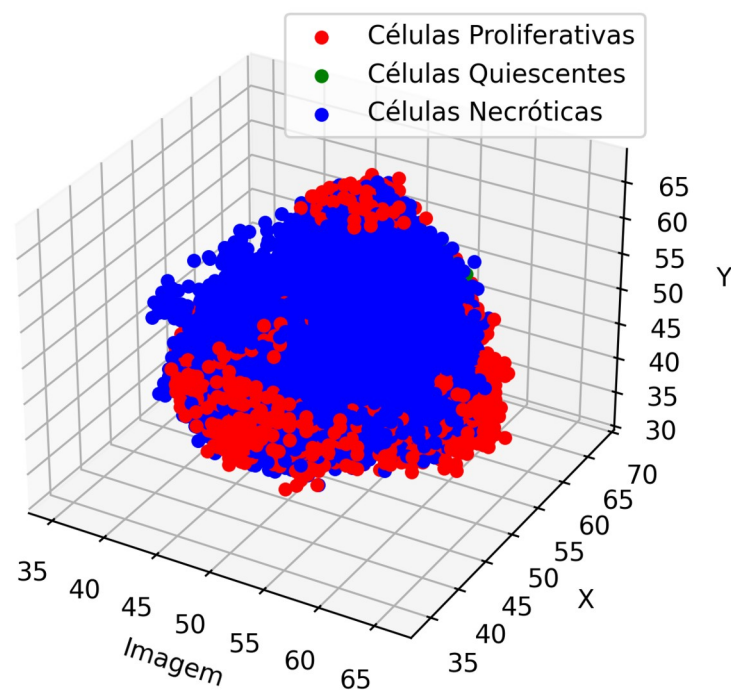
- Total de células proliferativas: (`len(conjProliferativas)`).
- Tamanho do maior agrupamento proliferativo: (`maiorComponenteProliferativas.tamanho`).

```
Número de células Proliferativas: 1730
Número de células Quiescentes: 205
Número de células Necróticas: 6396
Soma dos componentes do tipo PROLIFERATIVA: 1730
Maior componente do tipo PROLIFERATIVA tem tamanho: 1412
Soma dos componentes do tipo QUIESCENTE: 205
Maior componente do tipo QUIESCENTE tem tamanho: 20
Soma dos componentes do tipo NECROTICA: 6396
Maior componente do tipo NECROTICA tem tamanho: 6396
```

3.2 Visualização 3D

O gráfico 3D gerado ilustra a localização e a forma dos maiores agrupamentos de cada tipo de célula no volume tomográfico.

Maiores Componentes Conexos de Cada Tipo



3.3 Impacto da Vizinhança 3D

A escolha da vizinhança (conectividade-6 ou conectividade-26) impacta diretamente na detecção dos componentes conexos. Uma vizinhança mais abrangente (conectividade-26) tende a agrupar mais células, enquanto uma vizinhança mais restrita (conectividade-6) tende a resultar em agrupamentos menores e mais fragmentados.

3.4 Conclusão

A implementação realiza a segmentação por volume e a rotulação dos maiores agrupamentos de células em um volume tomográfico simulado. A solução é eficiente e escalável, podendo ser aplicada a outros volumes 3D com características semelhantes. A visualização 3D serve para facilitar a interpretação dos resultados.
