

Interpolação de Imagens Tomográficas através de *Matching* usando Triangulação de Delaunay

AFONSO HENRIQUE MIRANDA DE ALMEIDA PRADO
AGMA JUCI MACHADO TRAINA

USP - ICMSC (Instituto de Ciências Matemáticas de São Carlos)
Grupo de Computação Gráfica e Processamento de Imagens
prado@ipmet1.ipmet.unesp.br
{prado,agma}@icmsc.sc.usp.br

Abstract. Tomographic Image Interpolation is used to transform a sequence of tomographic slices in an isotropic volume data set, a process also called 3D Reconstruction. This work describes a method whose interpolation stage is based in a previous matching stage that makes use of Delaunay Triangulation.

Introdução

Em virtude de restrições próprias dos dispositivos de aquisição de imagens tomográficas (CT e MRT), a separação entre fatias consecutivas obtidas (imagens) é maior que a distância entre pixels consecutivos dentro delas. Portanto, para a Reconstrução 3D, faz-se necessário um processo de interpolação de imagens para a obtenção de um volume de dados que seja isotrópico. As diferenças geométricas de estruturas médicas em fatias sucessivas são tanto menores quanto menor for o espaçamento entre elas. Se a distância entre as fatias sucessivas não for muito maior do que a distância entre pixels consecutivos, então o tradicional método de interpolação tri-linear pode gerar razoavelmente o volume isotrópico desejado. Caso contrário, é conveniente que se estabeleçam correspondências entre pontos (pixels), entre cada par de imagens, antes da interpolação linear que deverá, nesse caso, obedecer às correspondências estabelecidas. Essa etapa de estabelecimento de correspondências é o chamado *matching* das imagens.

A idéia desse método foi proposta por Goshtasby, Turner e Ackerman [Gosh-92]. Nesse trabalho, propomos modificações significativas na etapa de *matching*, a qual faz uso de Triangulação de Delaunay, e mostramos os promissores resultados preliminares.

O Método

Para geração de imagens intermediárias entre cada par de imagens originais, o método consiste na aplicação de duas etapas; uma etapa de *matching*, definindo correspondências entre pontos das imagens, e uma etapa de interpolação linear de densidades, obedecendo às correspondências definidas na etapa anterior.

No caso de imagens tomográficas, a etapa de *matching* deve tentar definir correspondência entre pontos pertencentes ao mesmo tipo de tecido e com características bastante semelhantes, devendo ser bastante fiel, principalmente para os pontos

pertencentes às fronteiras entre tecidos, ou seja, pontos de alto gradiente. Sendo assim, o processo de *matching* proposto é feito em dois passos distintos, um para os pontos de alto gradiente e outro para os pontos de baixo gradiente.

Pontos de alto gradiente são, quase sempre, pontos pertencentes a fronteiras entre tecidos. Como são pontos bastante característicos das imagens, as correspondências podem ser determinadas através de um processo de pesquisa, no qual é selecionado como correspondente de determinado ponto, aquele ponto da outra imagem do par que tenha as características mais semelhantes, levando-se em consideração as diferenças de densidade e gradiente, bem como diferença de posicionamento geométrico entre eles. Esse é o primeiro passo da etapa de *matching*.

Definir correspondência para um certo ponto de uma das imagens, significa definir qual é a disparidade horizontal e vertical que deve ser aplicado a esse ponto para levá-lo ao ponto correspondente da outra imagem.

Pontos de baixo gradiente são pontos pertencentes a regiões homogêneas das imagens. Para esses pontos, não se pode usar o mesmo critério usado para os pontos de alto gradiente, uma vez que pontos próximos, em regiões homogêneas, têm densidades e gradientes muito semelhantes. Uma forma consistente de se estabelecer correspondências, nesse segundo passo, é através do uso de informações das correspondências já estabelecidas no primeiro passo, bastando implementar um processo de interpolação dessas últimas. Para isso, propomos:

- primeiro, construir uma triangulação de Delaunay [Aure-91], tendo como vértices os pontos com correspondências já definidas no primeiro passo; a construção da triangulação define o fecho convexo de tal conjunto de pontos;
- segundo, definir disparidades para os pontos das regiões homogêneas que estejam dentro do fecho convexo definido pela triangulação, através de uma rotina de interpolação linear dentro dos triângulos;

- terceiro, definir disparidades para os pontos das regiões homogêneas fora do fecho convexo da triangulação, através de uma rotina de extrapolação.

Uma triangulação é conveniente para interpolação se os seus triângulos são aproximadamente equiláteros; a triangulação de Delaunay é a única que é ótima nesse sentido [Sibs-77]. A rotina de interpolação dentro dos triângulos é feita através de combinação linear das disparidades dos vértices dos triângulos. A rotina de extrapolação tem o objetivo de fazer uma transição suave entre as disparidades das bordas da estrutura médica presente na imagem (aproximadamente a borda do fecho convexo) e as disparidades do fundo da imagem (disparidades nulas), sendo responsável pela diminuição ou eliminação do efeito escada nas bordas da estrutura no volume reconstruído.

Terminada a etapa de *matching*, a etapa de interpolação linear é feita de forma trivial, seguindo as correspondências estabelecidas.

A figura 1 ilustra o método de interpolação de Imagens Tomográficas descrito.

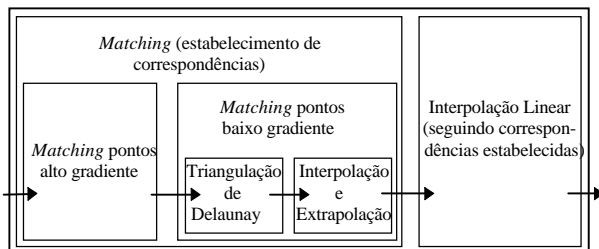


Figura 1: Interpolação de imagens tomográficas através de *matching*, usando triangulação de Delaunay

Resultados

Até o momento, as análises realizadas são somente visuais, as quais, entretanto, já mostram excelentes resultados. Usamos um conjunto de 22 imagens obtidas pelo tomógrafo de RM (Ressonância Magnética) do IFSC-USP, imagens correspondentes a fatias transversais da cabeça de um ser humano, com espaçamento uniforme equivalente a aproximadamente 9 vezes a dimensão do pixel. Reconstruímos o volume através do método proposto e através de interpolação tri-linear, fizemos cortes sagitais e coronais no volume reconstruído e comparamos os resultados obtidos. As figuras 2 e 3 mostram uma comparação entre os cortes sagitais feitos no volume reconstruído por ambos os métodos.

Visualmente já se pode perceber que o método proposto é realmente bastante promissor. O efeito escada, bastante pronunciado no corte do volume reconstruído por interpolação tri-linear, praticamente não se manifesta no corte feito no volume reconstruído por interpolação com *matching*.



Figura 2: Corte Sagital (interpolação tri-linear)



Figura 3: Corte sagital (interpolação c/ *matching*)

Conclusões

O método apresentado é uma modificação do método de [Gosh-92]. A etapa de *matching* proposta faz uso de triangulação de Delaunay e rotinas de interpolação e extrapolação. As análises preliminares mostram que os resultados são bastante promissores.

Referências

- [Aure-91] Aurenhammer, F.; Voronoi Diagrams - A Survey of a Fundamental Geometric Data Structure, ACM Comp. Surv., vol. 23, set. 1991, pp. 345-405
- [Gosh-92] Goshtasby, A.; Turner, D.A.; Matching of Tomographic Slices for Interpolation, IEEE Trans. on Med. Imaging, vol. 11, dez. 1992, pp. 507-516
- [Sibs-77] Sibson, R.; Locally Equiangular Triangulations, The Computer Journal, 21, 1977, pp. 243-245