



EClmag

Escuela y Workshop Argentino en Ciencias de las Imágenes

Santa Fe, Argentina
del 16 al 20 de julio de 2012



**FACULTAD
DE INGENIERIA**
BIOINGENIERIA - BIOINFORMATICA



UNIVERSIDAD NACIONAL DEL LITORAL
FACULTAD DE INGENIERÍA Y CIENCIAS HÍDRICAS

Libro de Actas - ECIImag 2012

5ta Escuela y Workshop Argentino en Ciencias de las Imágenes ECIImag 2012 : actas del workshop / Valeria Colombo ... [et.al.] ; compilado por César Martínez y Enrique Albornoz. - 1a ed. - Santa Fe : Ediciones UNL, 2012.
1 CD-ROM.

ISBN 978-987-657-798-4

1. Procesamiento de Imágenes. 2. Técnicas Digitales. 3. Actas de Congresos. I. Colombo, Valeria II. Martínez, César, comp. III. Albornoz, Enrique , comp.
CDD 005.713

Fecha de catalogación: 09/08/2012

Organizadores



Facultad de Ingeniería
y Ciencias Hídricas
UNIVERSIDAD NACIONAL
DEL LITORAL



**FACULTAD
DE INGENIERIA**
BIOINGENIERIA - BIOINFORMATICA

Sponsors



Auspiciantes



PREFACIO

La 5º edición de la Escuela y Workshop Argentino en Ciencias de las Imágenes (ECImag) tuvo como sede la ciudad de Santa Fe y se llevó a cabo del 16 al 20 de julio de 2012 en instalaciones de la Facultad de Ingeniería y Ciencias Hídricas (FICH) de la Universidad Nacional del Litoral (UNL). Esta edición fue organizada en forma conjunta con la Facultad de Ingeniería (FI) de la Universidad Nacional de Entre Ríos (UNER).

El Workshop constituye un espacio especialmente dedicado a presentar innovaciones y avances en temas afines al procesamiento de imágenes y video, visión por computadora, computación gráfica, visualización, y todas las áreas científico-tecnológicas en las cuales es central la utilización de imágenes en formato digital. En el mismo se presentaron 22 trabajos desarrollados por estudiantes de grado, posgrado, docentes e investigadores pertenecientes a diversas universidades de Argentina y México.

COMITÉ CIENTÍFICO

Claudio Delrieux (UNS)
Néstor Calvo (UNL)
César Martínez (UNL-UNER)
Verónica Medina (UAM, México)
Oscar Yáñez (UAM, México)
Jacob Scharcanski (UFRGS, Brasil)
Oscar Bustos (FaMAF, UNC)
Alejandro Frery (UFAL, Brasil)
Virginia Ballarín (UNMdP)
Mariana Del Fresno (UNCPBA)
Magdalena Lucini (UNNE)
Hugo Rufiner (UNL-UNER)
Enrique M. Albornoz (UNL)
Diego Tomassi (UNL)
Leandro Vignolo (UNL)
Agustina Bouchet (UNMdP)
Juan Ignacio Pastore (UNMdP)
Diego H. Milone (UNL)
Leandro Di Persia (UNL)

COMITÉ ORGANIZADOR

César Martínez (UNL-UNER)
Hugo Rufiner (UNL-UNER)
José Luis Caropresi (UNL-UNER)
Néstor Calvo (UNL)
Enrique Albornoz (UNL)
Gastón Martín (UNL)
Adrian Salvatelli (UNER)
Bartolome Drozdowicz (UNER)
Gustavo Bizai (UNER)

www.ecimag.org

INDICE DE TRABAJOS PRESENTADOS

| | |
|---|----|
| Clasificación de muestras de pan por medio de extracción de características fractales..... | 1 |
| Localización de manos por webcam aplicado a interfaz para dibujo..... | 3 |
| Detección de movimiento en secuencias de video de pacientes con epilepsia monitoreados..... | 5 |
| Aportes al desarrollo de la microscopía de fluorescencia multidimensional cuantitativa..... | 7 |
| Algoritmo para la creación de cariotipos ideales mediante análisis gráfico computacional..... | 9 |
| Implementación de una librería para el procesamiento de imágenes utilizando tecnologías Web.... | 11 |
| Reconocimiento del esqueleto de una mano e implementación de realidad virtual mediante la utilización de una cámara de profundidad..... | 13 |
| Visualización de terrenos con tarjetas de video programables GPU..... | 15 |
| Identificación automática de cultivares de soja basado en el análisis de nervaduras..... | 17 |
| Validación de herramienta de cálculo desarrollada para el estudio de procesos físicos involucrados en la formación de imágenes radiológicas..... | 19 |
| Los modelos moleculares digitales 3D y la química..... | 21 |
| Segmentación semiautomática de imágenes a partir de crecimiento de regiones..... | 23 |
| Herramienta de segmentación híbrida para imágenes volumétricas utilizando ITK..... | 25 |
| Segmentación de exudados en imágenes de fondo de ojo aplicando morfología matemática color..... | 27 |
| Detección de tumores en MRI basada en características texturales..... | 29 |
| Reconstrucción de imágenes digitales por difusión anisotrópica..... | 31 |
| Algoritmo de reconstrucción tomográfica dedicado a un tomógrafo de investigación de alta performance..... | 33 |
| Procesamiento de imágenes en tiempo real, mediante un sistema embebido del tipo ARM. Aplicaciones en rehabilitación visual..... | 35 |
| Estimación del Índice de Vegetación en imágenes multiespectrales de plantaciones de olivos..... | 37 |
| Clasificación y extracción de características en imágenes de playa..... | 39 |
| Algoritmo de detección de regiones hiperintensas en imágenes de resonancia magnética..... | 41 |
| Herramienta de software para el diagnóstico de estudios radiológicos digitales del raquis bajo norma DICOM..... | 43 |



Clasificación de muestras de pan por medio de extracción de características fractales

Rodrigo Baravalle[†]Claudio Delrieux[‡]Juan Carlos Gómez[†]

[†]Laboratorio de Sistemas Dinámicos y Procesamiento de Información
FCEIA, Universidad Nacional de Rosario
- CIFASIS - CONICET

{baravalle,gomez}@cifasis-conicet.gov.ar

[‡]DIEC, Universidad Nacional del Sur - IIIE-CONICET -
Universidad Nacional de Tres de Febrero
cad@uns.edu.ar

1. Introducción

Los métodos de extracción de características son utilizados con el fin de reducir la dimensionalidad de datos de entrada de un problema dado. En el caso de una correcta elección de las características, éstos proveen información relevante sobre los datos originales, descartando aquellos de menor importancia. De esta manera es posible un análisis más eficiente de los datos de entrada.

En el caso de imágenes y datos volumétricos, las dimensiones fractales (DF) obtienen características importantes sobre dichas estructuras, como por ejemplo la fragmentación territorial de zonas geográficas o la rugosidad de las paredes de un órgano humano. Utilizando estos datos es posible la detección temprana de tumores y el análisis de calidad de materiales, entre otros. Además de su utilización en medicina y geología, existen trabajos sobre análisis de calidad en materiales diversos, entre ellos el pan.

En el presente trabajo se propone modelar la estructura de la masa del pan por medio de características fractales. Se lleva a cabo una clasificación de imágenes de muestras reales de pan a partir de la utilización de un vector de características que involucra dimensiones fractales y multifractales [1]. A través de este procedimiento es posible discriminar entre muestras de distintos tipos de panes. Los resultados experimentales muestran tasas de error de clasificación comparables con otros trabajos del estado del arte que proponen distintas características y técnicas de clasificación.

2. Metodología de trabajo

2.1. Obtención de las imágenes

Cincuenta imágenes de cuatro tipos distintos de panes (lactal, baguette, salvado y pan de sandwich), contabilizando doscientas imágenes en total, fueron obtenidas por medio de cortes realizados con un cortador eléctrico. Las imágenes fueron digitalizadas en color a través de un scanner HP PSC 1210. Las imágenes resultantes fueron guardadas en formato TIFF con una resolución de 380×380 píxeles (la mayor superficie posible presente en todos los panes utilizados en el trabajo). El procedimiento es similar al utilizado en [2].

2.2. Vectores de características

Siguiendo el razonamiento propuesto en [2], diversas características fractales y multifractales fueron obtenidas para cada imagen. Particularmente, se obtuvieron la dimensión Box [3], la dimensión morfológica fractal [2], y el espectro multifractal [4] de las mismas. El mencionado espectro contiene dimensiones fractales y los exponentes de Hölder correspondientes a las mismas. Con estas características se conformó un vector de dimensión 42 (20 DFs, 20 Exponentes de Hölder asociados, DF Box y DF Morfológica).

Por otro lado se utilizó un vector con características de color *RGB* (promedio de R, promedio de G, promedio de B), además del promedio de área de burbuja de aire (resultado de la binarización de la imagen), desvío standard de las áreas de las burbujas de aire y fracción de vacío (espacio ocupado por las burbujas sobre el espacio total de la imagen) [2], computando un vector de 6 dimensiones para cada imagen.

A continuación, fueron utilizadas las técnicas de clasificación, *random forests* [5] y *support vector machines* [6] para llevar a cabo la clasificación. Se aplicó *k-fold cross validation* para validar los resultados obtenidos. con $k = 4$ (es decir, se utilizan 75% de muestras para training y 25% de muestras para test).

3. Resultados

En la Tabla 1 pueden observarse los porcentajes de clasificación obtenidos con el método 4-fold cross validation, sobre las doscientas imágenes.

Se desprende de la tabla que los resultados de clasificación obtenidos utilizando support vector machines (librería *libsvm*, kernel rbf) son superiores a los que se obtienen al utilizar random forests (50 árboles). Los resultados muestran que la utilización de características de color presentan una performace similar a la obtenida utilizando características fractales y multifractales, sin embargo, las mismas no son lo suficientemente robustas como las últimas, ya que un cambio en las condiciones de captura de las imágenes provocaría una notable disminución de los aciertos (debido a que el color podría sufrir modificaciones).

Tabla 1: Clasificación según características utilizadas.

| Características | Fractales | No Fractales |
|-------------------------|----------------|--------------|
| Support Vector Machines | 93,5 % | 95 % |
| Random Forests | 88.15 % | 85,3 % |

4. Conclusiones y Trabajos a Futuro

La utilización de características fractales y multifractales en la clasificación de distintos tipos de panes presenta resultados alentadores. Los resultados obtenidos resultan útiles a la hora de validar una muestra sintética, estableciendo características que las mismas deben cumplir, cuando se busca modelar un tipo de pan específico. Los resultados también pueden ser extendidos para ser utilizados como criterios de calidad que deberían cumplir estos productos.

Como trabajo a futuro se propone la evaluación de la robustez del método ante cambios de iluminación y distancia, así como el estudio de las propiedades fractales frente a la isotropía (cambio de dirección de los cortes). Otro trabajo consiste en definir parámetros en sistemas de partículas [7], buscando producir imágenes sintéticas que cumplan con las características encontradas.

Referencias

- [1] Ethel Nilsson. Multifractal-based image analysis with applications in medical imaging. Technical Report Masters Thesis in Computing Science and Mathematics, Umea University, Sweden, 2007.
- [2] Ursula Gonzales-Barron and Francis Butler. Fractal texture analysis of bread crumb digital images. *European Food Research and Technology*, 226:721–729, 2008. 10.1007/s00217-007-0582-3.
- [3] H. O. Peitgen, H. Jürgens, and D. Saupe. Chaos and fractals: new frontiers of science. 2004.
- [4] Silveti A. and Delrieux C. Multifractal analysis of medical images. Actas de la trigésimo novena Jornada Argentina de Informática e Investigación Operativa (JAIIO), pages 1575 – 1581, 2010.
- [5] Leo Breiman. Random forests. *Mach. Learn.*, 45(1):5–32, October 2001.
- [6] Guosheng Wang. A Survey on Training Algorithms for Support Vector Machine Classifiers. In *2008 Fourth International Conference on Networked Computing and Advanced Information Management*, volume 1, pages 123–128, Los Alamitos, CA, USA, September 2008. IEEE.
- [7] Baravalle R., Delrieux C., and J. C. Gómez. Síntesis de texturas utilizando sistemas de partículas. ECIImag 2011. Actas de la Tercera Escuela y Workshop Argentino en Ciencias de las Imágenes, 2011.



Localización de manos por webcam aplicado a interfaz para dibujo

W. O. Bedrij[†] F. F. Benitez[‡] F. F. Benitez[†]

[†] *Facultad de Ingeniería y Cs Hídricas, Universidad Nacional del Litoral, Santa Fe, Argentina
wbedrij@gmail.com*

[‡] *Facultad de Ingeniería y Cs Hídricas, Universidad Nacional del Litoral, Santa Fe, Argentina
federicobenitez2@gmail.com*

[†] *Facultad de Ingeniería y Cs Hídricas, Universidad Nacional del Litoral, Santa Fe, Argentina
fernandobenitezfich@gmail.com*

1. INTRODUCCION

El objetivo del trabajo es desarrollar un algoritmo que permita localizar la posición de las manos y describir su trayectoria teniendo como entrada un video obtenido de una cámara web. Siendo luego aplicado a la creación de interfaces aéreas sin la utilización de marcadores. El trabajo no aborda el seguimiento de la mano, simplemente se trata a cada fotograma de manera independiente.

No supone mayor penalidad en el tiempo de ejecución, sin embargo imposibilita la resolución de casos en donde la mano se encuentra sobre la cara.

Además se supone que el brazo se encuentra cubierto. Si bien la detección sería mucho más simple (al menos en el caso de que no exista superposición), se es difícil la elección de un punto característico

2. MÉTODOS

2.1. Obtención de una imagen de referencia

Con el objeto de eliminar objetos estáticos del análisis, permitiendo así que la mano se sitúe en zonas de coloración parecida sin mayores problemas, se procede a la captura de la imagen del fondo.

Con respecto a la iluminación, esta se considera constante e incidente, evitando una excesiva potencia que pudiera lavar los colores.

2.2. Captura de los fotogramas del video

Cada fotograma es tratado de manera independiente. Se adquiere una imagen a color, y se la separa en los canales HSV. Los frames se envían a los procesos de diferenciación con el fondo y de segmentación de la piel.

En cuanto a la posición de los objetos, se espera que las manos y la cara se encuentren completamente dentro del fotograma y que no se superpongan.

2.3. Diferenciación con el fondo

Se realiza la diferencia entre los canales RGB del frame actual contra la imagen de referencia del fondo. Esto permite discriminar al objeto, como se demostró en [3].

2.4.1. Enmascaramiento de la piel

Se decidió ocupar la información del Hue, como sugiere [2]. Como pre-proceso se aplica un filtro de mediana, tratando además de uniformar la textura de la piel. Se aplica un umbral global en la componente H dejando pasar el rango $H = 7 \pm 5$ (valores experimentales de la piel).

Para eliminar los huecos internos en el Hue, se procedió aplicar un cierre morfológico con un elemento estructurante de forma cuadrada y tamaño de 5x5, como se explica en [1].

Se combina con la máscara de diferencia, obteniéndose entonces objetos no pertenecientes al fondo con un tono parecido al de la piel.

2.4.2. Crecimiento inverso de regiones

Otro método para eliminar los huecos dentro de las regiones es el crecimiento inverso, como se observa en [3]. Trabajando sobre la máscara binaria del Hue, a partir de un punto que se conoce fuera de cualquier zona de interés, realizamos el crecimiento de regiones. Con esto obtenemos el fondo, al invertir la máscara se tendrán las siluetas de los objetos.

2.5. Eliminación de la cara

Luego del proceso anterior, se tiene una imagen compuesta por objetos tipo piel. Estas pueden ser la cara, las manos y algún ruido que haya pasado los filtros. Por eso se etiquetan las regiones, quedándose con las 3 de mayor área, que se supone perteneciente a ambas manos y la cara. Por observación debieran de tener un área similar, si resulta que alguna es excesivamente pequeña con respecto a las otras (25 %) es considerada como ruido y eliminada.

Queda discriminar las correspondientes a las manos, es decir, eliminar la región que identifica a la cara. Para facilitar el proceso, la mano debe tener un dedo extendido. Suponiendo a la cara como redonda, es de esperar que al hacer el factor de redondez

$$C = \frac{\text{Área}}{\pi r^2} \quad (1)$$

sea cercano a 1, quedando así la cara diferenciada de las manos. Donde r es el radio del círculo cuyo centro se corresponde al centroide de la región y pasa por su punto más alejado.

2.6. Ubicación del puntero

Al finalizar el proceso anterior se tienen las áreas interesantes.

Se ubica al puntero como al punto más lejano del centroide de la región. Se pueden observar que los punteros son independientes, es decir que el usuario puede sacar de escena una de las dos manos.

2.7. Diseño de interfaz

Para implementación de la interfaz se diseñó una paleta de colores que consiste en 5 colores: rojo, verde, azul, blanco y negro. También se diseñaron dos objetos, el borrador y el visor de color actual.

La manipulación consiste en tener el dedo índice bien extendido, el dedo índice izquierdo se utiliza para la selección del color y del borrador, el dedo índice derecho es el puntero para dibujar.



Figura 1: Interfaz

3. RESULTADOS

El uso de una imagen de referencia para el fondo permitió que la mano se ubicara sobre zonas de tonalidad parecida.

El Hue mostró ser bastante robusto a los cambios de intensidad de iluminación, por lo que pudo fijarse un umbral en forma experimental y no se necesitaba de una posterior calibración.

En caso de que el dedo se considerara como una región separada sería eliminado por su área insignificante, quedando solo la palma de forma aproximadamente circular, por lo que la heurística fallaba.

Con respecto a la interfaz observamos unas oscilaciones instantáneas producto de detecciones de puntos lejanos no deseados con respecto al centroide de las manos como en el caso cuando se usa la interfaz con una remera corta, como este método se basa en diferencias de imágenes y Hue, el brazo sobrevive a los procesamientos de eliminación, y como es aproximadamente del mismo color de la mano, es segmentado obteniendo así puntos lejanos no deseados, por ello una de las restricciones es usar atuendo que oculte el brazo y descubra las manos.

4. CONCLUSIONES

La detección de la posición de las manos fue posible en tiempo real, si bien se usaron suposiciones como que los brazos estuvieran cubiertos y de que no ocurriera superposición. Los criterios de discriminación de las manos obligó a usar una conformación en las posiciones de los dedos.

Problemas en la segmentación generaba falsas identificaciones, lo que se traducía en discontinuidades en las posiciones de los punteros.

Referencias

- [1] Rafael Gonzalez y Richard Woods. *Digital Image Processing*. Prentice Hall. Estados Unidos, 2002.
- [2] H. D. Cheng, X. H. Jiang, Y. Sun, y J. L. Wang. *Color image segmentation: Advances & prospects*. Pattern Recognition, vol. 34, pp. 2259–2281. Estados Unidos, 2001.
- [3] Javier Godoy, Pablo Novara y Juan Vogt. *Reconocimiento de señas*. 37 Jornadas Argentinas de Informática e Investigación Operativa. Argentina, 2008.



Detección de movimiento en secuencias de video de pacientes con epilepsia monitoreados

Valeria Colombo*

Daniel Acevedo

Ana Ruedin

*Departamento de Computación,
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales,
Universidad de Buenos Aires.
valeriacolombo@yahoo.com.ar

1. INTRODUCCIÓN

En este trabajo se presenta un método para detectar movimiento en secuencias de video captadas mediante un dispositivo de Video-EEG. El método está basado en el reconocimiento de bloques similares en cuadros consecutivos, utilizada en MPEG-2. El método hallado será utilizado para la compresión de los videos, que corresponden a pacientes con epilepsia, y que son una ayuda valiosa para determinar la zona del cerebro afectada. Debido a su gran volumen y su valor intrínseco, se busca comprimirlos manteniendo la calidad de los videos en la figura del paciente, para poder apreciar los gestos y movimientos del paciente durante las crisis. En los sistemas actuales, suelen usarse estándares de propósito general para la codificación de estos como MPEG-2 [1] y MPEG-4 [2] que pueden ser superados en compresión si se codifican con pocos bits las zonas no relevantes; sin embargo no existen directivas de como el video debe ser segmentado. Los métodos más usuales de segmentación explotan información espacial, temporal, o ambas [3]. Nuestra investigación apunta a mejorar esta compresión.

2. CARACTERÍSTICAS DEL VIDEO

Las secuencias de video que vamos a analizar con el algoritmo planteado en este trabajo, consisten en una cámara fija que muestra a un paciente epiléptico recostado en una camilla. En general son videos de muy larga duración, en los cuales la mayor parte del tiempo el paciente permanece quieto.

Las secuencias de video se encuentran ya comprimidas en MPEG-2, por lo que ya vienen con una pérdida de calidad inicial.

Nuestra investigación apunta a mejorar esta compresión, utilizando una segmentación de cada cuadro del video en regiones “con movimiento” y regiones “sin movimiento”.

3. CLASIFICACIÓN DE MACROBLOQUES

El algoritmo desarrollado en este trabajo tiene como objetivo la clasificación de los macrobloques de cada cuadro de un video de los mencionados en la sección anterior, en tres tipos. Esta clasificación será luego utilizada para la posterior aplicación de un algoritmo basado en MPEG-2 para lograr una compresión del video en la que las zonas que no presentan movimiento se comprimen con mucha pérdida, y las zonas en las que hay movimiento se comprimen con la menor pérdida de información posible.

Para todo el análisis del video, se utilizará la componente de Luminancia (Y), de cada cuadro.

A cada cuadro de la secuencia de video, se lo divide en bloques de 16×16 píxeles (macrobloque).

Para cada uno de estos macrobloques, se hace una búsqueda exhaustiva del mismo en el cuadro anterior, guardando el vector de movimiento (Ver Fig. 1) y el error MAD (promedio de errores en valor absoluto). Se dividen los macrobloques en 3 clases:

- Clase A: Si $MAD > U$ se considera que no se encontró ninguna coincidencia en el cuadro anterior, es decir, HAY MUCHO MOVIMIENTO (aunque $\|v\|$ sea pequeña).
- Clase B: Si $MAD \leq U$ y $\|v\| > \alpha$ se considera que HAY MOVIMIENTO.

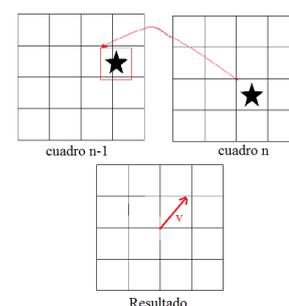


Figura 1: Búsqueda de vector de movimiento: v es el vector de “compensación de movimiento”, siendo $-v$ el vector de movimiento buscado

- Clase C: Si $MAD \leq U$ y $\|v\| \leq \alpha$ se considera que NO HAY MOVIMIENTO (el vector de movimiento es pequeño).

Donde U y α son umbrales elegidos experimentalmente. En la Fig. 2 puede verse la clasificación de los macrobloques de dos cuadros consecutivos en los que el paciente está teniendo una crisis. Para esta prueba se utilizaron los umbrales $U = 4$ y $\alpha = 4$.

En algunos videos se pudieron observar cambios en la luz que afectaban la detección de zonas en movimiento. Para resolver este problema, se reemplazó el vector de movimiento de cada macrobloque por la mediana de los vectores de los macrobloques vecinos, en caso de que fueran muy diferentes.

Los videos están en formato MPEG-2 y presentan distorsiones por la compresión, observándose un pixelado debido a discontinuidades entre los bloques de 8×8 . Para mejorar la calidad del video a fin de detectar acertadamente las regiones de movimiento, se aplica como primer paso un filtro llamado deblocking filter[4], que se basa en la interpolación de los píxeles cercanos a los bordes de los bloques. En la Fig. 3 pueden verse los resultados de aplicar este filtro.



Figura 3: Resultados del algoritmo de Deblocking.

4. CONCLUSIONES

En este trabajo se ha mostrado un método para detectar regiones en movimiento, a fin de utilizarlo en la compresión de videos de pacientes monitoreados. Se han introducido dos modificaciones al mismo, para afrontar dos problemas: efecto del parpadeo de la luz y efecto de bloque característico de MPEG-2. Las soluciones encontradas para estos dos problemas presentaron muy buenos resultados.

Los resultados del algoritmo presentado para la clasificación de macrobloques, son generalmente buenos, permitiendo así poder detectar las áreas de mayor movimiento en los videos.

Como trabajo a futuro queda el refinamiento de la región en movimiento, y la incorporación del algoritmo en la compresión del video.

Referencias

- [1] P.N. Tudor, *MPEG-2 Video Compression*, IEE Electronics & Communications Engineering Journal, Dec. 1995.
- [2] David Salomon, *Data Compression. The Complete Reference*. 4ta Ed., Springer, 2006.
- [3] Hongliang Li and King N. Ngan, *Automatic Video Segmentation and Tracking for Content-Based Application*, IEEE Comm. Magazine, 2007.
- [4] Peter List, Anthony Joch, Jani Lainema, Gisle Bjontegaard, and Marta Karczewicz *Adaptive Deblocking Filter*. IEEE Transactions on Circuits and Systems for Video Technology, vol.13, No. 7, July 2003..



Figura 2: (A): cuadro 1. (B): cuadro 2. (C): Resultados de la clasificación de macrobloques (según el vector de movimiento: rojo: clase A, amarillo: clase B, verde: clase C). (D): en negro, los macrobloques en los que no se detecta movimiento.



Escuela y Workshop Argentino en Ciencias de las Imágenes

16 al 20 de julio de 2012

Santa Fe, Argentina

Organizan



Aportes al desarrollo de la microscopía de fluorescencia multidimensional cuantitativa

J. E. Diaz-Zamboni[†] y V. H. Casco[†]

[†] Laboratorio de Microscopía aplicada a Estudios Celulares y Moleculares (LMAE),
Facultad de Ingeniería, Universidad Nacional de Entre Ríos
javierdiaz@bioingenieria.edu.ar
vcasco@bioingenieria.edu.ar

1. INTRODUCCION

Las células son estructuras tridimensionales (3D) que sufren cambios estructurales y funcionales constantes y por ende, todas sus actividades ocurren en las coordenadas espacio-temporales. Actualmente para capturar estos eventos se utilizan, entre otras técnicas, las imágenes de microscopía óptica multidimensional, que brindan una gran cantidad de información muy valiosa y precisa.

En general, las imágenes multidimensionales son analizadas cualitativamente o semi-cuantitativamente, relacionando distribuciones de intensidades respecto de un control. Sin embargo, la tecnología utilizada para la captura posee gran potencial para el análisis fotométrico cuantitativo para mediciones de concentraciones de los componentes celulares y sus interacciones, y en dinámicas de procesos celulares en el espacio y el tiempo.

Una de las principales ventajas de la microscopía óptica multidimensional es su naturaleza no-destruccionista, que permite la manipulación y registro de células y tejidos prácticamente intactos. Las técnicas de captura óptica multidimensional tienen como instrumento básico al microscopio óptico de fluorescencia que, desde un punto de vista biológico, permite el análisis de la distribución espacial y temporal específica de cualquier componente celular; y que, desde el punto de vista de las imágenes, ofrece un alto contraste entre el objeto de interés y el fondo [1].

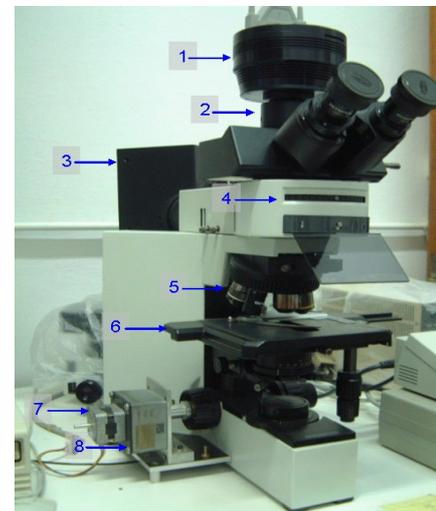


Figura 1: Microscopio fluorescencia multidimensional. 1-cámara CCD, 2-acople óptico, 3-fuente de excitación, 4-filtros de interferencia, 5-objetivos, 6-platina, 7-motor, 8-caja reductora.

2. MÉTODOLÓGÍA

Con el objetivo de mejorar el análisis cuantitativo en experimentos de biología celular y molecular, el LMAE implementó un sistema de adquisición de imágenes multidimensionales a partir de un sistema de epifluorescencia convencional (Fig. 1). En una primera etapa, se desarrolló un sistema de seccionamiento óptico (SO), técnica tomográfica tridimensional (3D) [2]. El mismo se basa en un motor que desplaza la platina y un sistema de registro del tipo CCD (del inglés: *Charge-Coupled Device*) monocromático [3]. En el SO se utilizan secciones más gruesas que en la microscopía clásica, por lo tanto cada sección óptica presenta estructuras en y fuera de foco. Para resolver esto, se analizaron e implementaron algoritmos de desconvolución de imágenes para reasignar la información fuera de foco a sus posiciones originales [4-6], utilizando la función de esparcimiento puntual empírica del sistema PSF (del inglés: *Point Spread Function*) obtenida por SO de microesferas fluorescentes. Paralelamente, se desarrolló una aplicación que unificó varias tareas que se realizaban por separado, agregándose, entre otras, la herramienta que permite obtener secuencias temporales de imágenes 3D [7].

Con el objetivo de mejorar el análisis cuantitativo en experimentos de biología celular y molecular, el LMAE implementó un sistema de adquisición de imágenes multidimensionales a partir de un sistema de epifluorescencia convencional (Fig. 1). En una primera etapa, se desarrolló un sistema de seccionamiento óptico (SO), técnica tomográfica tridimensional (3D) [2]. El mismo se basa en un motor que desplaza la platina y un sistema de registro del tipo CCD (del inglés: *Charge-Coupled Device*) monocromático [3]. En el SO se utilizan secciones más gruesas que en la microscopía clásica, por lo tanto cada sección óptica presenta estructuras en y fuera de foco. Para resolver esto, se analizaron e implementaron algoritmos de desconvolución de imágenes para reasignar la información fuera de foco a sus posiciones originales [4-6], utilizando la función de esparcimiento puntual empírica del sistema PSF (del inglés: *Point Spread Function*) obtenida por SO de microesferas fluorescentes. Paralelamente, se desarrolló una aplicación que unificó varias tareas que se realizaban por separado, agregándose, entre otras, la herramienta que permite obtener secuencias temporales de imágenes 3D [7].

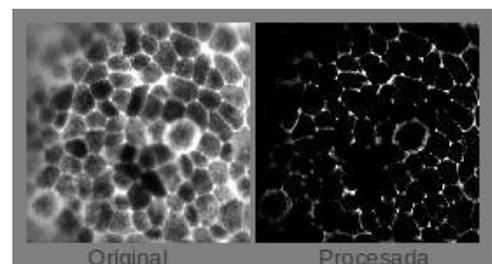


Figura 2. Unión Celular. Sección óptica 128x128, 20x original y procesada (substracción de fondo y desconvolución.)

3. RESULTADOS Y CONCLUSIONES

Actualmente, el sistema permite realizar seccionamiento óptico y desconvolución (Fig. 2), el cual puede repetirse en el

tiempo, posibilitando la captura de la distribución de intensidades en coordenadas temporo-espaciales, agregando la variable de análisis tiempo (4D: coordenadas espaciales + tiempo). Adicionalmente, el sistema de epifluorescencia cuenta con un carrusel de filtros de interferencia, que permite seleccionar canales (rango de longitudes de onda) para analizar diferentes estructuras de los especímenes (Fig. 3) a través del uso de múltiples fluoróforos (5D: coordenadas espaciales + tiempo + longitud de onda).

Pese a las capacidades logradas con el sistema, se han detectado fuentes de aberración que influyen en las propiedades finales de las imágenes multidimensionales. Estas aberraciones inciden directamente sobre los dos supuestos en los que se basa la reconstrucción, linealidad e invariancia espacial, alejando al sistema de este comportamiento. En este sentido, los algoritmos de desconvolución, aún los desarrollos más recientes, sólo contemplan la fuente de ruido fotónico y los niveles de fondo. Por lo tanto, para mejorar la precisión de las mediciones en las técnicas de análisis de imágenes, estudiamos estas degradaciones con el propósito de generar métodos que corrijan las aberraciones, ajustando las imágenes al modelo de formación de la imagen.

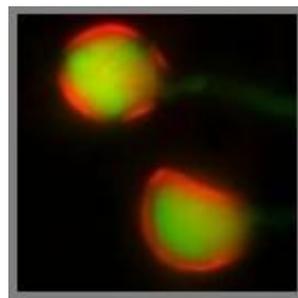


Figura 3: Granos de polen. Sección óptica de 128x128, 40x, 2 canales (Exina canal rojo, Intina canal verde).

Entre las aberraciones que afectan las imágenes, se encuentra principalmente el foto-decaimiento, una transformación fotoquímica irreversible del fluoróforo, que tiene como consecuencia una marcada disminución de la fluorescencia [8]. Este fenómeno es altamente perjudicial en el SO, dado que el decaimiento es variable dependiendo del grado de desenfoque. Para corregir este problema se han ejecutado acciones a nivel bidimensional (Fig. 4) buscando resolver el problema analizando la dinámica del fenómeno para contrarrestar el decaimiento de intensidad [9].

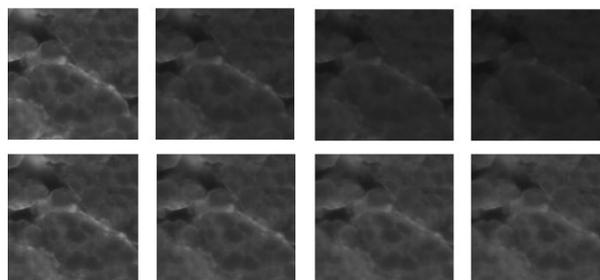


Figura 4: Unión celular. Secuencias temporales de (128x128, 20x y 20min). Superior, secuencia original con fotodecaimiento. Inferior, secuencia corregida luego de ajustar un modelo de decaimiento monoexponencial.

La inestabilidad de la lámpara de excitación también introduce aberraciones, ya que presenta fluctuaciones, introduciendo irregularidades en la proporcionalidad entre la fluorescencia y la intensidad detectada. Además, estas variaciones, generan cambios importante de intensidades entre imágenes consecutivas del SO, introduciendo altas frecuencias que no están presentes en la PSF. Para resolver este inconveniente generalmente se utiliza el promedio de imágenes, pero este mecanismo produce sobre-exposición de la muestra incrementando el fotodecaimiento. Hemos propuesto acciones simples, basadas en la medición de la luz de excitación, para reducir su efecto [10].

Referencias

- [1] J. W. Lichtman & J. A. Conchello. *Fluorescence microscopy*. Nature Methods 2(12), 910-919, 2005.
- [2] J. A. Conchello & J. W. Lichtman. *Optical sectioning microscopy*. Nature Methods 2(12), 920-931, 2005.
- [3] J. F. Adur & J. O. Schlegel, Diseño, desarrollo y construcción de un sistema de avance micrométrico para microscopios fotónicos, Tesis de grado, Facultad de Ingeniería, Universidad Nacional de Entre Ríos, 1997.
- [4] P. Sarder & A. Nehorai, *Deconvolution methods for 3-D fluorescence microscopy images*. Signal Processing Magazine, IEEE 23(3), 32-45, 2006.
- [5] J. E. Diaz-Zamboni, J. F. Adur & V. H. Casco. *Implementación de un algoritmo basado en el método de regulación lineal. Su aplicación en la reconstrucción tridimensional de secciones ópticas*. In: Simulación numérica y modelado computacional, 2004.
- [6] J. E. Diaz-Zamboni, E. Paravani, J. Adur & V. H. Casco. *Implementation of an iterative deconvolution algorithm and its evaluation on three-dimensional images of fluorescence microscopy*. Acta Microscópica 16, 8-15, 2007.
- [7] J. E. Diaz-Zamboni. *Software para usuarios de microscopios de desconvolución digital*. Tesis de grado, Facultad de Ingeniería, Universidad Nacional de Entre Ríos, 2004.
- [8] L. Song, E. J. Hennink, I. T. Young & H. J. Tanke, *Photobleaching kinetics of fluorescein in quantitative fluorescence microscopy*. Biophys J 68(6), 2588-2600, 1995.
- [9] N. B. Vicente, J. E. D. Zamboni, J. F. Adur, E. V. Paravani & V. H. Casco. *Photobleaching correction in fluorescence microscopy images*. Journal of Physics, 2007.
- [10] J. E. Diaz-Zamboni & V. H. Casco. *Development and Testing of an Ultraviolet Light Monitor for Fluorescence Microscopy*. In Focus Magazine, Royal Microscopy Society, 2011.



Algoritmo para la creación de cariotipos ideales mediante análisis gráfico computacional

Ricardo A. Espinosa

Corporación Universitaria de Ciencia y Desarrollo – UNICIENCIA, Bogotá D.C., Colombia

ricardoespinosa@uniciencia.edu.co

1. INTRODUCCION

El ADN contiene la información genética de los individuos y esta se condensa en los cromosomas, que se encuentran en el núcleo de las células y técnicamente son los de mejor visualización. La ciencia encargada de su estudio es la citogenética [1], y el estudio de las características morfológicas de los cromosomas, así como su ordenamiento sistemático es lo que se conoce como *cariotipo*, que es una herramienta para el análisis del comportamiento cromosómico en patologías de un individuo [2]. Los centros de investigaciones en citogenética realizan esfuerzos cada vez mayores para demostrar la relación directa o no de aberraciones cromosómicas con cáncer en humanos [3]. Pero el proceso de elaboración de un cariotipo es dispendioso y limitado puesto que la obtención de imágenes cromosómicas depende de varios factores: técnica en la obtención de muestras, la técnica en la tinción de las mismas, tipo de bandeado (G, R, C o Q), fase del ciclo celular, tecnología utilizada (microscopios ópticos, cámaras fotográficas y software de procesamiento) y sobre todo un ojo muy bien entrenado para la separación de las diferentes parejas de cromosomas, lo que hace subjetivo la elaboración de un cariotipo. Los grupos que desarrollan tecnología de la salud entienden la necesidad de mejorar el proceso, por tal motivo se han desarrollado herramientas a nivel informático [4]. Aproximadamente hace unos 23 años se viene trabajando fuertemente el análisis de las imágenes obtenidas en la metafase para un análisis computacional, en la actualidad hay un gran número de empresas que ofrecen software de organización de cariotipos de manera automática, desde la obtención de la imagen “in vivo” permitiendo enfocar, aumentar el contraste y brillo, captura de la imagen digitalmente, ajuste de las mismas (recorte en la separación de cromosomas superpuestos, alineación e identificación de centrómeros de forma semiautomática) y la obtención del cariotipo final. Muchos de estos sistemas tienen incluido en su software la habilidad de entrenar el sistema para que reconozca mejor los cromosomas y por lo tanto se optimiza con el trabajo del laboratorio en particular. Además tienen a disposición diferentes bases de datos con ideogramas humanos y la posibilidad de comparación de la imagen del cromosoma real obtenida, con el cromosoma ideal, esta comparación la hace un especialista para emitir un diagnóstico. Lo que hace del análisis una técnica costosa por costos de especialista y tiempo de realización lo que limita la posibilidad de ser un recurso diagnóstico para todo público en cualquier condición socio-económica. Por esta razón se desea implementar a partir de las imágenes de los cromosomas obtenidos de la mayoría de los software comerciales, la posibilidad de conversión a un cromosoma “ideal”, lo que sería una función matricial con la viabilidad de comparación automática con los ideogramas dispuesta en las bases de datos propias de los software comerciales o en la web.

2. MÉTODOS

Se tomó la imagen fotográfica en escala de grises de cada cromosoma y se cargó al programa Matlab 7.2 en donde la imagen es identificada como una matriz de $m \times n$ píxeles, cuyos valores numéricos corresponden a la intensidad tonal de la escala de grises. El paquete de procesamiento de imagen de Matlab 7.2 cuenta con la función *IMPROFILE* que permite trazar una guía sobre la imagen cargada y esta a su vez devuelve los diferentes valores de la intensidad tonal (Figura 1) [5].

Se trazan diferentes líneas (*improfile*) a lo largo de la imagen (matriz) fotográfica del cromosoma hasta completar el ancho de la imagen y se promedian los valores en un vector que contiene la información tonal completa de la fotografía.

Una vez se obtiene los valores de la intensidad tonal se someten a umbrales que especifican y limitan los grises utilizados, de forma que se reconozcan solo los tonos más significativos en las bandas

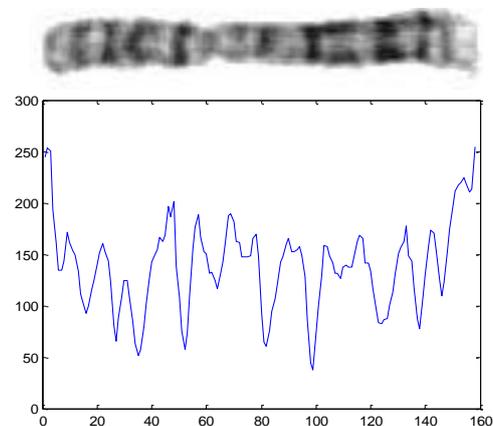


Figura 1. Intensidad tonal de la fotografía vs. Longitud de la imagen.

específicas del cromosoma. Esta información es guardada en un vector IT (Intensidad Tonal). Posteriormente el tamaño de la matriz es guardado en otro vector S (Size) y se empieza la reconstrucción de la imagen ideal del cromosoma. Primero se genera una matriz de ceros (vacía) del tamaño del vector S correspondiente al tamaño de la imagen fotográfica del cromosoma. A esta matriz se le carga los valores de la variable IT a lo largo de la matriz, repitiéndose línea por línea hasta completar el ancho de la matriz, teniendo como resultado la imagen ideal de un cromosoma que tiene el tamaño y las bandas relacionadas con la original pero con una mejora sustancial en presentación y visualización (Figura 2).

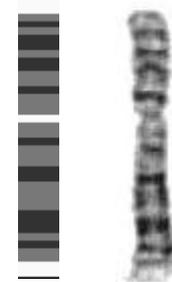


Figura 2. Cromosoma Ideal (izquierda). Fotografía de un cromosoma (derecha)

3. RESULTADOS

Todas las fotografías de cada uno de los cromosomas fueron pasadas por el algoritmo y las imágenes ideales de los cromosomas se ordenaron por la posición del centrómero, según criterios internacionales. Se contrastaron las imágenes de las fotografías con las imágenes obtenidas del algoritmo (Figura 3). Estas imágenes mostraron una relación directa con el tamaño y bandeo de cada uno de los cromosomas, sin pérdida de información. Las bandas se observan claras y se ubican en sitios específicos del cromosoma, haciendo posible un posterior procesamiento para la comparación de los cromosomas clínicos reales con los descritos en las bases de datos. La organización del ideograma se puede hacer de forma automática pues la imagen es una función numérica dispuesta en una matriz.

4. CONCLUSIONES

La imagen ideal lograda por el algoritmo al ser digital presenta ventajas: de visualización que permiten al especialista un diagnóstico más objetivo y certero.

Almacenamiento, puesto que la imagen es guardada como una matriz numérica con simplificación de valores (utiliza solo 3 tonos de grises) reduciendo drásticamente el tamaño del archivo.

Conversión, porque la matriz numérica puede ser pasada a cualquier formato de imagen que permita su impresión o ser enviada a sistemas digitales.

Procesamiento, porque permite la obtención de la imagen como una función numérica a la cual se le puede aplicar métodos matemáticos y estadísticos, que permitan evaluar y encontrar mutaciones cromosómicas estructurales (delección, duplicación, inversiones, traslocaciones) o las que afectan al número de cromosomas (euploidías y aneuploidías) de forma automática.

Clínicas, a causa de que el proceso de análisis del cariotipo es computacional, esto permite la evaluación de varios factores con un costo menor de tiempo y recursos, y ganancia para el paciente que tiene un diagnóstico idóneo, con más variables de evaluación que permiten al especialista tener un conjunto de información y así proponer tratamientos apropiados que permitan mejorar la calidad de vida de los individuos con trastornos genéticos.

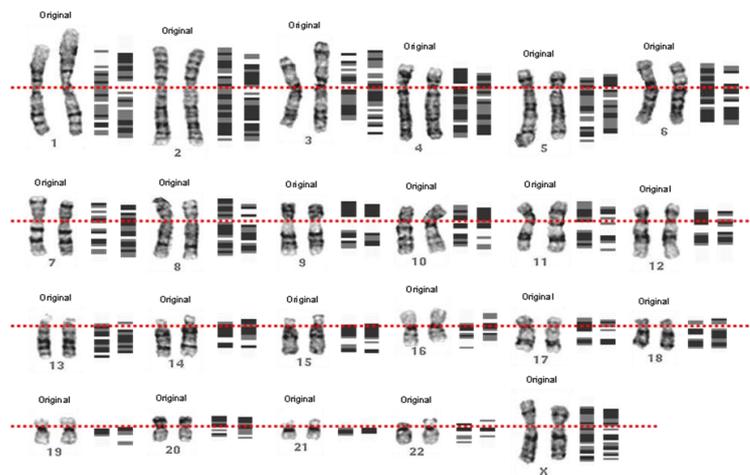


Figura 3. Comparación de imágenes fotográficas e imágenes ideales de los cromosomas en un cariotipo típico de una mujer.

Referencias

[1] Guyton, A., Hall, J. Tratado de Fisiología Médica. Décima Edición. McGraw – Hill Interamericana. 2001.
 [2] SOLARI, A. J. Genética Humana: Fundamentos Y Aplicaciones en Medicina. Editorial Médica Panamericana. Segunda Edición. 1999.
 [3] A. C. Wasilewska, J. Rachtan, Z. Rudek, Z. Drąg. Environmental Health in Central and Eastern Europe. Springer. 2006 pag. 53-64.
 [4] B. Hiller, J. Bradtke, H. Balz, H. Rieder. CyDAS: a cytogenetic data analysis system. BIOINFORMATICS APPLICATIONS NOT. Vol. 21 no. 7. 2005, pag 1282–1283
 [5] MathWorks. Image Processing Toolbox. Fuction IMPROFILE. Disponible online en: <http://www.mathworks.com/help/toolbox/images/ref/improfile.html>



Implementación de una librería para el procesamiento de imágenes utilizando tecnologías Web

Fort Villa Alejandro[†]

[†] *Facultad de Ingeniería y Ciencias Hídricas, Universidad Nacional del Litoral, Santa Fe, Argentina*
alefortvi@fich.unl.edu.ar

1. INTRODUCCION

En los últimos años se ha masificado la utilización de dispositivos móviles de visualizadores de contenidos web y consecuentemente han proliferado los sitios y servicios ofrecidos desde internet [1,2]. Un conjunto de aplicaciones muy requeridas son aquellas que involucran algún procesamiento de imagen, siendo los casos más comunes los sistemas de información geográfica (GIS), sistemas de posicionamiento, aplicaciones de artes gráficas, aplicaciones de reconocimiento de formas en fotos y juegos [3].

Este proyecto parte de la necesidad de una librería de métodos para el procesamiento de imágenes a nivel pixel basada en tecnologías Web del lado cliente. En el presente trabajo se presentan los avances de este proyecto. Esta librería permitirá tanto a desarrolladores de aplicaciones como a usuarios comunes tener una herramienta de manejo sencillo y que a su vez sea potente. Ésta tendrá las características propias del desarrollo Web y se pretende que sea un instrumento eficiente. Es un objetivo también que este conjunto de utilidades para el procesamiento de imágenes sea capaz de desempeñarse en cualquier dispositivo con un navegador compatible con el estándar HTML5 [4]. Las técnicas serán optimizadas para el procesamiento rápido de imágenes e integradas de manera eficiente para que los métodos aprovechen la aceleración por hardware dispuestos por la tecnología de desarrollo.

2. DESARROLLO

2.1. Implementación del modelo

El proyecto se ajusta, principalmente, al paradigma de desarrollo MVC (Figura 1), pero con una menor presencia del módulo de control. Cada módulo se construye de manera individual ajustándose a un modelo de desarrollo incremental [5].

La construcción del módulo de modelo se basó en el máximo rendimiento de las estructuras de control. Para ello se llevaron a cabo pruebas de rendimiento sobre las estructuras vectoriales externas y las estructuras internas a HTML. Posteriormente se construyó una estructura de datos basada en el resultado obtenido de la comparación de rendimientos. En este punto se deciden los tipos de datos para el proyecto y se fija la precisión de los mismos.

Para el módulo de vista se han planeado y se están desarrollando los métodos de acceso que utilizará el usuario, referenciándose la estructura base al módulo de modelo. También son considerados los métodos de visualización que tienen como propósito ser puntos de control intermedios en los diferentes procesamientos.

Para este proyecto se planteó un módulo de control que difiere en sus funcionalidades de aquellas que define el paradigma MVC en la Figura 1. Los métodos de control pautan las exigencias necesarias que permiten conservar el flujo de datos lo más interno posible respecto del modelo, ya que la retroalimentación con el exterior implica una pérdida de precisión y control sobre los datos.

2.2. Implementación de métodos de procesamiento

Con la estructura de datos definida, se llevó a cabo la implementación de los métodos de procesamiento de imágenes. Aquí la precisión de los datos de entrada define el procesamiento de datos. Se contemplan como datos de entrada valores que van de 0 a 255, correspondientes a los canales de un modelo RGBA de una imagen [6]. Se mantiene internamente una estructura de datos capaz de soportar operaciones con tres decimales y seis elementos enteros, mientras que externamente se tiene una estructura de enteros, con los canales de la imagen, que llevan los datos de visualización de los métodos.

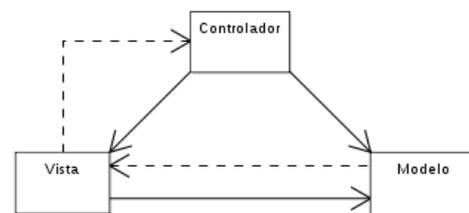


Figura 1: Diagrama Modelo Vista Controlador

3. RESULTADOS

En la Tabla 1 se muestran los resultados de los tiempos de procesamiento para una estructura matricial estándar y para los métodos internos de HTML. Estos últimos son significativamente más eficientes que una estructura matricial. En la tabla se puede apreciar los tiempos para un método constructor del objeto que cumple con la extracción de los datos de la imagen y un método visualizador que vuelca los datos en el objeto de muestra. Para las pruebas se utilizó un Procesador Intel(R) Core(TM)2 Duo CPU E8200 @ 2.66GHz.

| Tamaño de imágenes [px] | 128x128 | 256x256 | 512x512 |
|---|-------------|-------------|--------------|
| <i>Estructura Matricial Orden 2</i> | | | |
| Constructor | 8,12 [ms] | 23,77 [ms] | 93,00 [ms] |
| Visualizador | 196,78 [ms] | 767,03 [ms] | 3076,00 [ms] |
| <i>Estructura Vectorial interna del objeto HTML</i> | | | |
| Constructor | 0,37 [ms] | 0,96 [ms] | 3,30 [ms] |
| Visualizador | 1,85 [ms] | 3,70 [ms] | 9,60 [ms] |

Tabla 1: Tiempos de procesamiento para diferentes imágenes.

En la Figura 2, se presentan algunos resultados visuales en ventanas volátiles propias de la librería para diferentes procesamientos. Las ventanas volátiles permiten obtener de manera interactiva el valor los pixeles visualizándolos en la barra de títulos para los puntos de la imagen sin necesidad de recargar ni adherir la imagen a la página.



Figura 2: (a): Imagen Original (b): Escala de grises. (c) Canal S modelo HSI. (d): Logaritmo magnitud del Espectro de Fourier

4. CONCLUSIONES

El buen rendimiento obtenido al realizar las pruebas con el objeto interno de HTML permite tener buenos indicios de la gran capacidad de procesamiento que posee esta tecnología. Sin embargo, el objeto HTML que permite realizar estos procesamientos maneja datos que carecen de precisión dejando su uso relegado a aplicaciones simples. Para solucionar este inconveniente como trabajo futuro se pondrá la atención en el módulo de modelos para desarrollar una estructura interna de datos ajena a la estructura externa. Poniendo la atención en la optimización, se redefinirá la estructura interna para involucrar en la menor medida posible la participación de datos externos.

Referencias

- [1] Desirée Davis. *The Age of Smartphones: Improving Consumer Satisfaction with the Introductory Sales Experience*. Iterpret LLC. Los Angeles, 2009.
- [2] Damian Ryan y Calvin Jones. *Understanding Digital Marketing: Marketing Strategies for Engaging the Digital Generation*. Kogan Page Limited. Gran Bretaña, 2012.
- [3] Amy N. Langville y Carl D. Meyer. *Google's PageRank and Beyond: The Science of Search Engine Rankings*. Princeton University Press. Estados Unidos, 2012.
- [4] Mark Pilgrim. *HTML5: Up and Running*. O'Reilly Media Inc. Estados Unidos, 2010.
- [5] Danny Goodman. *JavaScript Bible 6th Edition*. Wiley Publishing Inc. Estados Unidos, 2007.
- [6] Rafael Gonzalez y Richard E. Woods. *Digital Image Processing 3rd Edition*. Prentice Hal. Estados Unidos 2008.



Reconocimiento del esqueleto de una mano e implementación de realidad virtual mediante la utilización de una cámara de profundidad

L. Genzelis[†] E. Rojas Fredini[†] C. Yones[†]

[†]Facultad de Ingeniería y Ciencias Hídricas, Universidad Nacional del Litoral, Santa Fe, Argentina

1. INTRODUCCIÓN

En el presente trabajo se ha pretendido explorar las funcionalidades de Kinect, utilizando la información de profundidad suministrada en un programa de aplicación, apoyándose en librerías Open Source. El objetivo propuesto fue que la aplicación reconozca la estructura de una mano, y la posición y dirección de los dedos. Esta información puede utilizarse, por ejemplo, en la interacción entre un usuario y una computadora.

2. MÉTODO

La metodología desarrollada puede resumirse en el diagrama en bloques representado en la Fig. 1. Se parte de una etapa de visualización inicial, en la que se muestra la captura de video. Luego se procede a la fijación del umbral de profundidad, donde se detecta el movimiento para permitir que el usuario indique su distancia a la cámara. Acto seguido, se procede a la aplicación del umbral, donde se procesa la imagen, mostrando sólo aquellos objetos a una distancia menor a la distancia previamente calculada. Finalmente, se avanza a la etapa de detección esquelética, donde se detecta el centro de la mano y las líneas centrales de los dedos. A continuación, se explicará cada uno de estos puntos.

2.1. Etapa de visualización inicial

En esta etapa, simplemente se muestra la captura de la cámara de profundidad, aplicando la paleta de color que se observa en la Fig. 2. Un ejemplo de visualización puede verse en la Fig. 3.



Figura 2: Paleta de color

2.2. Fijación del umbral de profundidad

Se utiliza la diferencia entre imágenes sucesivas para detectar movimiento. El umbral de profundidad se calcula como la mediana de las profundidades cuya diferencia haya sido mayor a un cierto valor. El resultado se muestra en la Fig. 3.

2.3. Aplicación del umbral

En primer lugar, se eliminan todos los elementos de profundidad mayor al umbral. Luego, se aplica un filtro pasa bajos para eliminar las frecuencias más altas, correspondientes en general a ruido en la medición. Por último, utilizando un filtro pasa altos de suma cero se detecta el contorno de la imagen. El resultado se puede observar en la Fig. 3.

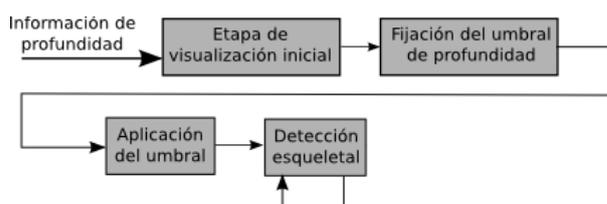


Figura 1: Diagrama en bloques del proceso

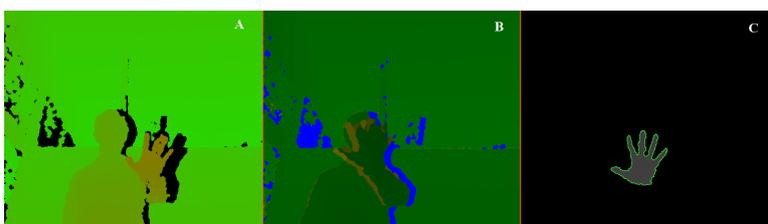


Figura 3: A) Etapa visualización inicial. B) Etapa fijación del umbral de profundidad. C) Etapa aplicación del umbral

2.4. Detección esquelética

En primer lugar, se realiza el cálculo de la posición del centro de la mano, utilizando para esto un promedio de las posiciones de todos los pixels. Luego, se arma una representación 1D de la mano como se explica en [1] o [2], pero utilizando una variación de la función de distancia al centroide que aprovecha la información de profundidad. El elemento de índice θ dentro de este vector v representa el peso de un segmento con origen en el centro de la mano, y con un ángulo θ respecto a la horizontal. El peso de cada segmento se calcula según la Ec. 1, donde (C_x, C_y) son las coordenadas del centro, (u_x, u_y) es un vector unitario con dirección θ y Max es la máxima cantidad de valores a considerar para cada segmento.

$$v[\theta] = \sum_{i=0}^{Max} \frac{i}{profundidad[C_x + u_x i][C_y + u_y i]} \quad (1)$$

El ángulo θ de peso máximo se toma como dirección principal de la mano. Luego de eso, se toma la porción de v correspondiente a 180° centrados en la dirección principal, y se truncan todos los elementos menores a la quinta parte del peso máximo. Después se determina si la mano que se está usando tiene el pulgar a la derecha o a la izquierda. Para ello, se calcula la media de los ángulos que superaron el umbral, pesando cada uno según su correspondiente valor en v .

Luego, se compara el ángulo medio con el punto medio entre el máximo y mínimo ángulo que superaron el umbral. Si es mayor, se considera que el pulgar está situado del lado derecho, de otra forma se considera que está del lado izquierdo.

Finalmente, se aplica una variante pesada del algoritmo k-means[3]. De esta forma se encuentran cinco centros de gravedad sobre la distribución de los valores truncados. La información respecto del pulgar se utiliza para fijar valores iniciales, mejorando con ello la velocidad de convergencia.

En la Fig. 4 puede observarse una captura de la información esquelética de la mano, con su correspondiente función $v[\theta]$, donde los máximos de k-means se han graficado en color verde.

3. RESULTADOS

Para poner a prueba al método se desarrolló una aplicación de realidad virtual, demostrando ésta la robustez y precisión del método. La aplicación permite controlar una mano virtual en un espacio tridimensional e interactuar con objetos del entorno. En la Fig. 5 se ilustra la aplicación desarrollada.

4. CONCLUSIONES

El método propuesto permite obtener buenos resultados, sin importar la posición o inclinación de la mano del usuario, o aun la posición relativa de sus dedos. Además, debido a que la información obtenida es capturada en el espectro de luz infrarroja, el método desarrollado es independiente de las condiciones de iluminación ambiente, lo cual presenta una ventaja importante respecto de los métodos tradicionales basados sólo en información de color.

Referencias

- [1] Hannu Kauppinen, Tapio Seppänen and Matti Pietikäinen. *An Experimental Comparison of Autoregressive and Fourier-based Descriptors in 2-D Shape Classification*. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, vol. 17, pp. 201-207, 1995.
- [2] Z. Ren, J. Yuan, and Z. Zhang. *Robust hand gesture recognition based on finger-earth mover's distance with a commodity depth camera*. In Proc. of ACM MM, 2011.
- [3] George C. Tseng. *Penalized and weighted K-means for clustering with scattered objects and prior information in high-throughput biological data*. Bioinformatics (2007) 23 (17):2247-2255.

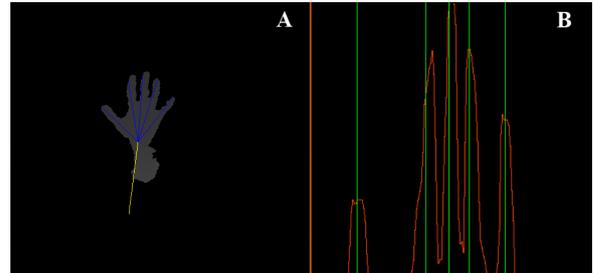


Figura 4: A) Etapa detección esquelética. B) Vector v del esqueleto

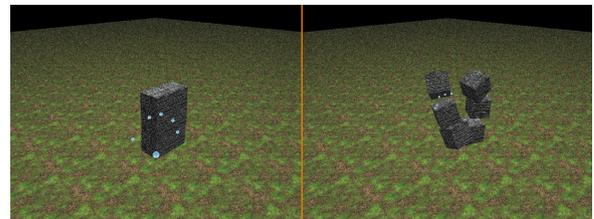


Figura 5: La mano en el espacio virtual imita a la mano del usuario y permite interactuar con el entorno



Visualización de terrenos con tarjetas de video programables GPU

L. Guaycochea[†] H. Abbate[†]

[†] *Facultad de Ingeniería, Universidad de Buenos Aires*
lucas.guaycochea@gmail.com, horacioabbate@yahoo.com

ABSTRACT

La visualización de terrenos presenta una problemática de interés a las aplicaciones que pertenecen al área de la computación gráfica. El problema que se presenta es lograr una visualización en tiempo real de terrenos extensos aptos para aplicaciones interactivas como simuladores de vuelo. El interés reside en administrar eficientemente la gran cantidad de datos utilizados para modelar la superficie de un terreno extenso y detallado.

La solución presentada consiste en el diseño y la implementación de una técnica simple, que obtiene como resultado una visualización precisa con un rendimiento aceptable. La técnica propuesta está basada en la técnica Geometry Clipmaps que pertenece al estado del arte del tema. Además, la misma brinda una visualización donde el error de aproximación percibido por el observador, producto de utilizar resoluciones menores a la máxima disponible, se encuentra acotado a un valor umbral que se considera despreciable.

Por último, la implementación aprovecha el poder de procesamiento de las GPU modernas utilizando la librería gráfica Direct3D 10. Los resultados obtenidos permiten la navegación en tiempo real de grandes extensiones de terreno, consumiendo poco procesamiento de CPU.

1. INTRODUCCION

El desafío en la visualización de terrenos consiste en representar fielmente los detalles del terreno, manteniendo la fluidez de generación de imágenes necesaria para brindar animaciones con continuidad visual. Esto implica encontrar un punto de compromiso entre la granularidad (cantidad de puntos y polígonos) con la que se va a modelar un terreno y la velocidad con la que puede procesarse esa cantidad de datos para generar imágenes con la fluidez deseada.

Las soluciones que se han propuesto para resolver el desafío siguen una misma línea de trabajo. Esta consiste en representar el terreno utilizando distintos niveles de detalle en diferentes regiones del mismo, con el fin de disminuir la cantidad de datos (o geometría) a dibujar. Estas soluciones son conocidas como algoritmos o técnicas de nivel de detalle o, en inglés, level-of-detail (LOD).

Finalmente, el objetivo de este trabajo es presentar una técnica que resuelva el problema de la visualización de grandes extensiones de terreno. A continuación se muestran las ideas del diseño de una técnica que provee buenos resultados visuales de calidad y es eficiente en cuanto al procesamiento requerido. Además, el diseño tiene en cuenta las capacidades de las GPUs actuales (aquellas que responden al Shader Model 4.0 [1]), para lograr una implementación eficiente.

2. TÉCNICA DE RENDERIZADO PROPUESTA

La solución presentada está basada en Geometry Clipmaps [2,3] y pretende agregarle la habilidad de analizar el error introducido por el uso de niveles de detalle. Esto es realizado subdividiendo cada grilla anidada en bloques o tiles. Luego, se decide si alguno de los bloques necesita ser refinado para garantizar una representación del terreno con error acotado (en inglés, error-bounded).

A partir de Geometry Clipmaps, el terreno es representado usando un conjunto de grillas o parches centrados alrededor de la posición del observador. Cada parche representa una región del terreno con distinta resolución o nivel de detalle. El nivel más detallado es el nivel cero, donde el espacio entre los puntos de elevación de la superficie se encuentra en la máxima resolución. El intervalo de muestreo de un parche de un nivel L es 2^L veces el intervalo de muestreo de la máxima resolución disponible, para $L = 0, 1, 2, \dots$

En lo que respecta a los recursos a utilizar, los datos de elevación de los vértices de cada parche serán cargados en una textura y muestreados en los programas de vértices. Como es realizado en Geometry Clipmaps, la actualización de las texturas se realiza de manera incremental utilizando la estrategia de acceso y direccionamiento toroidal.

Sin embargo, esta representación no es suficiente, ya que no permite analizar la percepción de los errores de modelado para asegurar una representación con error acotado. Entonces, para agregar esta propiedad a la técnica presentada, se decide dividir cada parche en bloques. Estos bloques permiten analizar las características locales del

terreno dentro de cada parche, decidiendo si el nivel de detalle del parche es suficiente o no.

Los errores de modelado o aproximación se introducen al representar una región del terreno con un nivel de detalle menor a la máxima resolución disponible. El máximo error de modelado de cada bloque, en un nivel de detalle particular, es una entrada necesaria para analizar si los errores de aproximación son perceptibles por el usuario. En tiempo de ejecución, tras calcular la menor distancia del observador al bloque y utilizando los parámetros de la visualización, se calcula el tamaño del error proyectado en píxeles. Finalmente, la aplicación es configurada definiendo la máxima cantidad de píxeles tolerables para el error proyectado (como se encuentra en coordenadas de la pantalla, en la bibliografía es llamado screen-space error). Este valor constituye un valor umbral con el cual se puede comparar. Si la proyección del máximo error de modelado de un bloque en pantalla excede el valor umbral, entonces esa región de terreno necesita ser representada con una resolución mayor.

3. RESULTADOS

La implementación de la técnica descrita fue realizada para hacer uso de las funcionalidades provistas por las GPUs que responden al Shader Model 4.0 [1], utilizando la biblioteca gráfica Direct3D 10 [4].

La experimentación fue realizada sobre un terreno de referencia llamado “Puget Sound area”[5]. El mismo esta compuesto por una grilla regular de 16.385 x 16.385 puntos con un intervalo de muestreo de 10 metros.

La ejecución de la implementación fue realizada en una PC, sobre sistema operativo Windows 7, con 2.8 GHz Intel® Core™2 Quad, 4 GB de memoria principal y una tarjeta de video Nvidia GeForce GTX 280 con 2GB de memoria de video.

Tabla 1. Resultados de las cinco corridas ejecutadas.

| | Run 1 | Run 2 | Run 3 | Run 4 | Run 5 |
|------------------------|----------|----------|----------|----------|----------|
| Tiempo de Vuelo | 132 seg. | 189 seg. | 180 seg. | 166 seg. | 140 seg. |
| Cuadros Totales | 10960 | 15545 | 13564 | 13118 | 12575 |
| Max. Frame Time | 49.5 ms. | 44.1 ms. | 40.7 ms. | 41.5 ms. | 36.0 ms. |
| Frame Time in 5-10 ms | 49.91% | 43.94% | 37.14% | 41.31% | 49.46% |
| Frame Time in 10-15 ms | 24.80% | 14.91% | 31.21% | 27.19% | 29.11% |

El framework fue configurado para correr en una ventana fullscreen con una resolución de 1920 x 1080 píxeles. El campo de vista horizontal del observador utilizado es de 90 grados. La elección del valor umbral para los errores proyectados fue de 5 píxeles (0,5% de la resolución vertical). La Tabla 1 resume los resultados obtenidos tras ejecutar cinco corridas en las condiciones especificadas. Los cinco experimentos consistieron en un vuelo sobre el terreno a una velocidad de 340 metros por segundo. Se midió el tiempo insumido en la generación de cada cuadro durante un vuelo de entre dos y tres minutos.

4. CONCLUSIONES

La solución desarrollada brinda una técnica de renderizado de terrenos apta para aplicaciones interactivas o tiempo real, como ser videojuegos o simuladores de vuelo. La misma no muestra distorsiones ni artefactos, brindando una representación visualmente exacta del terreno.

La principal contribución de este trabajo es la presentación de una técnica que combina aspectos de las técnicas que pertenecen al estado del arte para brindar una solución sencilla y con un buen rendimiento. La técnica presentada está basada en Geometry Clipmaps, y resuelve la limitación que presenta Geometry Clipmaps para representar superficies con detalles de alta frecuencia sin introducir cambios en la superficie que sean notorios al usuario. Para esto, se opta por incorporar el análisis de la proyección del error de aproximación propio de las representaciones que utilizan nivel de detalle. La estrategia consiste en mantener acotado el error percibido por debajo de un valor que pueda considerarse despreciable. Para lograrlo, el análisis del error es realizado tras dividir las regiones del terreno en bloques, lo que es propuesto en las técnicas basadas en bloques, como Geometrical MipMaps [6].

Finalmente, la técnica es implementada utilizando software y hardware actuales, aprovechando las novedades útiles para optimizar la performance. Los resultados de los experimentos muestran un buen rendimiento de la técnica presentada. El poco tiempo de procesamiento de CPU y GPU que consume, permite que la técnica sea incorporada en un motor gráfico a ser utilizado para el desarrollo de aplicaciones interactivas.

Referencias

- [1] Patidar, S., Bhattacharjee, S., Singh, J.M., and Narayanan, P.: “Exploiting the shader model 4.0 architecture”. Technical Report, Center for Visual Information Technology, IIIT Hyderabad, 2006.
- [2] Losasso, F., and Hoppe, H.: “Geometry Clipmaps: Terrain Rendering Using Nested Regular Grids”. ACM SIGGRAPH 2004 Papers, pp. 769–776, 2004.
- [3] Asirvatham, A., and Hoppe, H.: “Terrain Rendering Using GPU-based Geometry Clipmaps”, GPU Gems 2, 2005.
- [4] Blythe, D.: “The Direct3D 10 system”. ACM SIGGRAPH 2006, Papers on SIGGRAPH ’06, ACM Press, 2006.
- [5] Puget Sound Terrain, USGS & University of Washington. http://www.cc.gatech.edu/projects/large_models/ps.html
- [6] De Boer, W.H.: “Fast Terrain Rendering Using Geometrical Mipmapping”. Unpublished Paper, Available at http://www.flipcode.com/articles/article_geomipmaps.pdf, 2000.



Identificación automática de cultivares de soja basado en el análisis de nervaduras

M. G. Larese^{†‡} R. M. Craviotto[‡] M. R. Arango[‡] C. Gallo[‡] P. M. Granitto[†]

[†]*CIFASIS, Centro Internacional Franco Argentino de Ciencias de la Información y de Sistemas
UAM (Francia) / UNR-CONICET (Argentina)
{larese, granitto}@cifasis-conicet.gov.ar*

[‡]*Estación Experimental Oliveros, Inst. Nac. de Tecnología Agropecuaria, Oliveros, Santa Fe, Argentina
{rcraviotto, marango, cgallo}@correo.inta.gov.ar*

1. INTRODUCCIÓN

La motivación de este trabajo consiste en la búsqueda de patrones distintivos en las nervaduras de distintos cultivares de soja, que permitan realizar el reconocimiento automático de los mismos aún si el resto de las características (forma, color y textura de las hojas) son similares. Es de esperar que, si las plantas en estudio tienen características fisiológicas diferentes, existan también diferencias en sus nervaduras, a pesar de que a simple vista las hojas tengan la misma apariencia. Para el caso particular de los cultivares de soja, se encuentra que las nervaduras presentan una gran variabilidad intra-clase (individuos del mismo cultivar) y una pequeña variabilidad inter-clase (cultivares de soja distintos).

2. METODOLOGÍA

2.1. Base de datos de imágenes

La base de datos utilizada está compuesta por 422 imágenes RGB provistas por el Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA, Oliveros, Argentina). La misma se encuentra dividida de la siguiente manera: 198 imágenes pertenecientes al cultivar 1, 176 del cultivar 2, y 48 del cultivar 3. Cada imagen corresponde a una de las dos hojuelas primarias (pre-formadas en la semilla) de 211 plantas de soja. Se seleccionó trabajar con estas hojuelas debido a que sus características se encuentran menos influenciadas por el entorno y el medio ambiente. No se utilizó ningún procedimiento químico ni biológico para realzar el contraste de las nervaduras. Por el contrario, las imágenes se adquirieron a través de un procedimiento simple, rápido y económico: las hojas se escanearon utilizando un escáner estándar (Hewlett Packard Scanjet-G 3110).

2.2. Segmentación de nervaduras

Se trabajó con las imágenes en escala de grises, ya que el color no es una característica relevante al problema. La segmentación de las nervaduras se realizó mediante la denominada *Unconstrained Hit-or-Miss Transform* (UHMT) [1]. La UHMT es un operador morfológico útil para realizar *template matching*, permitiendo extraer todos los píxeles con un determinado patrón en la configuración de sus vecinos del *foreground* y del *background*.

Se calculó la UHMT sobre 5 versiones escaladas de cada hoja (al 100, 90, 80, 70 y 60%) para luego re-escalar el resultado al tamaño original. Estos 5 resultados se combinaron mediante una suma para obtener una imagen correspondiente a la UHMT combinada (caso 1). Por otro lado, se mantuvieron las tres UHMTs calculadas al 100, 80 y 60% y re-escaladas al tamaño original (caso 2: UHMT #1, UHMT #2 y UHMT #3, respectivamente). A las 4 UHMTs se les realizó ajuste de contraste y umbralización local adaptativa para segmentar las nervaduras. Las UHMTs del caso 2 permiten analizar nervaduras a diferentes escalas (distintos órdenes de nervaduras), mientras que la UHMT combinada muestra detalles tanto de las nervaduras primarias como secundarias.

Sobre las nervaduras segmentadas (casos 1 y 2) se extrajo un patch de 100×100 píxeles de la región central, dando un total de 4 patches por cada hoja. Sobre cada patch se midieron 39 características morfológicas de las nervaduras y las aréolas [2]. De esta manera se obtuvieron 156 *features* por hoja.

Para el reconocimiento se implementó Random Forests [3], un algoritmo reciente de ensemble que emplea un conjunto de árboles no correlacionados como clasificadores individuales. Random Forests tiene un desempeño comparable a los clasificadores más potentes del estado del arte, tales como *boosting* o las máquinas de soporte

Cuadro 1: Resultados de la clasificación de cultivares de soja.

| Número de <i>features</i> | Cultivar 1 | Cultivar 2 | Cultivar 3 | <i>Accuracy</i> promedio |
|--|------------|------------|------------|--------------------------|
| 156 | 66.67 % | 60.23 % | 10.42 % | 57.59 % |
| 10 | 65.15 % | 57.39 % | 27.08 % | 57.58 % |
| Clasificación manual promedio (caso 1) | 47.23 % | 35.76 % | 39.47 % | 41.56 % |
| Mejor clasificación humana (caso 1) | 68.29 % | 34.78 % | 53.85 % | 52.67 % |
| Clasificación manual promedio (caso 2) | 44.95 % | 42.78 % | 43.98 % | 43.94 % |
| Mejor clasificación humana (caso 2) | 48.08 % | 62.86 % | 38.46 % | 53.15 % |

vectorial, con la ventaja de estimar, además, la importancia de las variables de entrada [4]. Esta característica se aprovechó en este trabajo para analizar también la relevancia de los rasgos morfológicos en la discriminación de los distintos cultivares.

3. RESULTADOS

La Figura 1 muestra 3 especímenes de soja (uno por cada cultivar) con sus nervaduras segmentadas.

Los porcentajes de acierto obtenidos usando el conjunto total de 156 *features* se muestran en la primera fila del Cuadro 1. Tal como se puede observar, se obtuvo poco más del 60 % de acierto para dos de los tres cultivares. El tercer cultivar resulta ser el más difícil de detectar.

La clasificación obtenida usando aquellos 10 *features* más relevantes que no estuvieran fuertemente correlacionados entre sí (coeficiente de Pearson menor a 0.9; no detallados a causa del espacio reducido) se muestran en la segunda fila del Cuadro 1. En este caso, la detección del cultivar 1 disminuye levemente, mientras que para el cultivar 2 se reduce en un 2.84 %. Sin embargo, el reconocimiento del cultivar 3 mejora en un 16.66 %. La selección de un número reducido de *features* que no sean redundantes permite hallar un conjunto pequeño de rasgos morfológicos que caracterizan a cada uno de los tres cultivares.

También se incluyen en el Cuadro 1 los resultados de clasificación obtenidos por 5 humanos entrenados quienes manualmente clasificaron los mismos patches con nervaduras segmentadas utilizando la UHMT combinada (caso 1) y los patches multiescala por hoja (caso 2). Se reporta tanto el promedio de aciertos entre los 3 cultivares como el mejor resultado humano. Como se puede observar, el *accuracy* promedio obtenido por el método automático propuesto supera al manual para los casos 1 y 2.

4. CONCLUSIONES

La identificación de cultivares de soja a partir de sus nervaduras es un problema de difícil solución, aún para los humanos entrenados, quienes no encuentran patrones característicos relevantes en las mismas. En este trabajo, si bien la tasa de reconocimiento es relativamente baja, se obtiene un mejor resultado que el obtenido mediante métodos manuales. Actualmente se están analizando nuevas estrategias de análisis y *features* a los fines de mejorar el reconocimiento automático.

Referencias

- [1] P. Soille. Morphological Image Analysis: Principles and Applications. Springer-Verlag. 1999.
- [2] C. A. Price, O. Symonova *et al.* Leaf extraction and analysis framework graphical user interface: Segmenting and analyzing the structure of leaf veins and areoles. Plant Physiology 155:236–245, 2011.
- [3] L. Breiman. Random Forests. Machine Learning, 45:5–32, 2001.
- [4] T. Hastie, R. Tibshirani y J. Friedman The Elements of Statistical Learning, 2nd Edition. Springer. 2009.

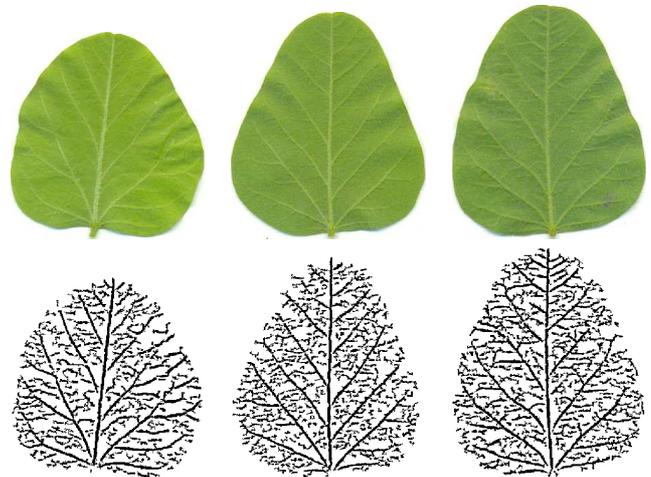


Figura 1: Hojas de soja con sus nervaduras segmentadas a partir de la UHMT combinada (cada columna corresponde a un cultivar distinto).



Validación de herramienta de cálculo desarrollada para el estudio de procesos físicos involucrados en la formación de imágenes radiológicas

F. Malano[†] D. Graña[†] G. Tirao[†] M. Valente[†]

[†] IFEG-CONICET & FaMAF – Universidad Nacional de Córdoba, Argentina
malano@famaf.unc.edu.ar

1. INTRODUCCIÓN

Actualmente existen variadas metodologías basadas en el uso de radiación ionizante para explorar de manera no invasiva regiones dentro de pacientes, de modo que la información recavada sirva para asistir a la formulación del diagnóstico clínico [1]. Las capacidades y limitaciones de cada metodología depende estrictamente de los procesos físicos involucrados en la interacción entre la radiación y los tejidos irradiados. Por lo tanto, conociendo las propiedades de la radiación empleada y las características del material irradiado, es posible emplear teorías y modelos físicos para obtener una descripción analítica adecuada de los procesos que ocurren durante la formación de imágenes radiológicas. Un método de uso frecuente es la simulación Monte Carlo, la cual presenta la ventaja de arrojar resultados muy precisos inclusive en casos geométricos complejos, donde por lo general otras metodologías resultan impracticables.

En este trabajo se presenta una de las etapas de validación de una herramienta original, basada en simulación Monte Carlo, la cual tiene como objeto describir y cuantificar procesos físicos involucrados en la formación de imágenes radiológicas, además de proveer una plataforma para realizar experimentación virtual de la *performance* de cada una de las diferentes técnicas, como radiografía digital, mamografía y tomografía [2]. La validación se realiza comparando con resultados experimentales obtenidos en la línea de imágenes por rayos X del *Laboratorio de Investigaciones e Instrumentación en Física Aplicada a la Medicina e Imágenes por Rayos X (LIIFAMIR^X)*, los cuales fueron adquiridos en condiciones geométricas y físicas similares a las de la simulación.

El modelo de transporte de radiación utilizado en la simulación está basado en el código PENELOPE [3]. El mismo se encuentra integrado con rutinas y algoritmos propios para procesamiento de imágenes, tales como reconstrucción tomográfica, análisis, fusión y visualización 2D - 3D de los resultados. La comparación de resultados simulados con experimentales demuestra la viabilidad del método propuesto, tanto para los modelos físicos como para los algoritmos dedicados al procesamiento de imágenes.

2. MÉTODOS

2.1. Simulación de imágenes radiológicas

La rutina desarrollada permite computar la intensidad de flujo de partículas que atraviesan la muestra en cada región de interés. El conteo se implementa por medio de una grilla regular, lo cual equivale a calcular la intensidad $I(i,j)$ transmitida en cada pixel (i,j) del detector virtual, considerado de eficiencia uniforme y unitaria. En la aproximación en que los efectos de dispersión puedan despreciarse, la relación que vincula las intensidades de flujo es:

$$I(i,j) = I_0(i,j) \cdot \exp \left(\int_{E_{min}}^{E_{max}} \mu(E) \cdot Z(i,j) \cdot dE \right)$$

donde $I_0(i,j)$ representa la intensidad incidente en la posición del pixel (i,j) en ausencia de la muestra, Z es el espesor material que atraviesa la radiación que es detectada en la posición (i,j) , E_{min} y E_{max} son las energías mínima y máxima del espectro de radiación incidente y $\mu(E)$ es el coeficiente de absorción a energía E , que da cuenta de las propiedades físicas de absorción del material de la muestra.

2.2. Diseño y montaje experimental

Se diseñó un *setup* de irradiación especial, como muestra la Figura 1, para comparar y convalidar el modelo de cálculo utilizando datos experimentales como referencia. La muestra consiste de una "escalera" homogénea de aluminio ($Z=13$) con regiones de 10 diferentes espesores, partiendo de 1mm hasta 10mm. El detector utilizado para la adquisición de imágenes experimentales fue un Flat Panel Varian PaxScan 2020+.

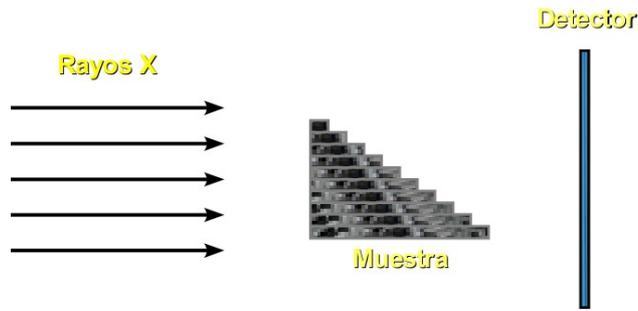


Figura 1: *Setup* de irradiación utilizado tanto en la simulación como en la medición experimental.

3. RESULTADOS

Una vez obtenidas las imágenes experimentales y simuladas (Figura 2), se procede a realizar comparaciones cualitativas y cuantitativas de las intensidades de flujo relativas obtenidas, comparando los valores de intensidad para cada espesor de la muestra estudiada, como se muestra en la Figura 3.

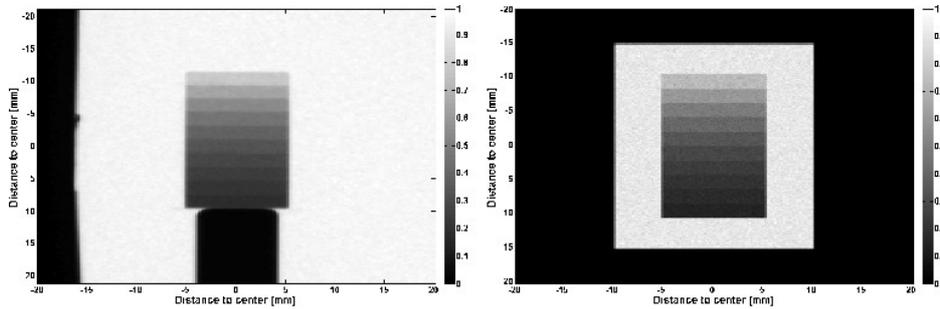


Figura 2: Radiografía experimental (izquierda) y simulada (derecha) de la muestra.

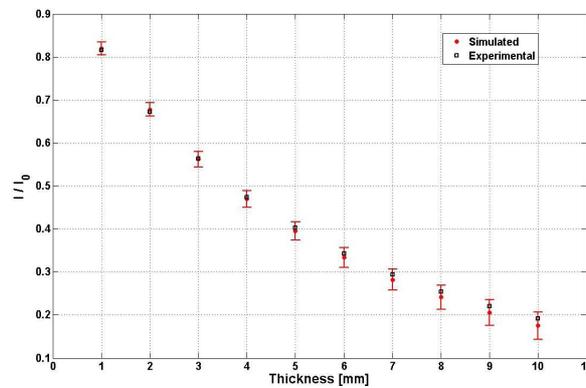


Figura 3: Comparación de intensidades de flujo relativo entre radiografía simulada y experimental.

4. CONCLUSIONES

Los resultados obtenidos demuestran la viabilidad y precisión de la herramienta desarrollada para describir el transporte de radiación en aplicaciones de radiología. La convalidación definitiva requiere ampliar el rango de situaciones y configuraciones de irradiación considerados.

Referencias

- [1] P. Suetens, *Fundamentals of Medical Imaging*. Cambridge University Press. Cambridge, 2009.
- [2] F. Malano, M. Valente, *Analytical and numerical methods for anatomical and metabolic medical imaging. Medical Imaging: Procedures, Techniques and Applications*. Ed. Nova Publisher New York, USA, 2012.
- [3] J. Baro, J. Sempau, J. Fernandez-Varea, F. Salvat, *PENELOPE: an algorithm for Monte Carlo simulation of the penetration and energy loss of electrons and positrons in matter*. Nucl. Instrum. Methods B, 100:31-46, 1995.



Los modelos moleculares digitales 3D y la Química

V. A. Marzocchi⁽¹⁾ A. G. Vilchez⁽²⁾ N. A. Vanzetti⁽³⁾

*Facultad de Ingeniería Química, UNL, Sgo. del Estero 2654, (S3000AOM) Santa Fe, Argentina
vmarzocc@fiq.unl.edu.ar⁽¹⁾ alguvi@unl.edu.ar⁽²⁾ nvanzetti@gmail.com⁽³⁾*

1. INTRODUCCIÓN

En 1953, Watson y Crick publicaron un artículo proponiendo la estructura helicoidal del ADN que incluía una figura esquemática y para visualizar la compleja estructura construyeron un modelo mecánico [1,2].

¿Cuál ha sido la evolución de estos modelos - croquis 2D y modelo mecánico 3D - en más de medio siglo transcurrido? En cuanto al modelado molecular mecánico 3D, actualmente hay una variada oferta de kits comerciales del tipo esferas (átomos) y varillas (enlaces) construidos generalmente en plástico, pero el extraordinario desarrollo se ha producido en los modelos en 2D que simulan 3D, que ha permitido pasar de aquella figura esquemática del ADN a un modelo molecular digitalizado 3D con múltiples opciones de renderización, incluso visión estereoscópica sin grandes requerimientos de hardware y software.

Para una dada sustancia, conocida su composición y estructura química, si además se conocen experimentalmente los parámetros conformacionales de la molécula, se puede obtener su modelo molecular digitalizado como una superficie tridimensional resultante de la intersección de esferas (átomos) y cilindros de poco diámetro (enlaces).

Los primeros repositorios en internet de modelos moleculares digitales 3D (esferas y varillas) datan de mediados de la década de los años 90 [3] y en la actualidad hay una gran cantidad de ellos, algunos con varias decenas de miles de complejos modelos moleculares y la mayoría usan el formato de archivo .pdb [4].

Hay una abundante disponibilidad de software específico, tales como editores de moléculas, animadores, conversores de formato, y de diseño molecular y predicción de propiedades que aplican campos de fuerzas basados en teorías como dinámica molecular y mecánica cuántica [5]. El desarrollo de software con la filosofía libre, ha permitido acceder libremente al código de programación sentando las bases de un acelerado y diversificado desarrollo que redundará en una excelente disponibilidad de software de visualización y modelado molecular de este tipo. Además, generalmente el software libre se consigue legalmente gratis, lo que permite su instalación tanto en máquinas individuales como en gabinetes para uso masivo con fines educativos.

El Gabedit es un software de visualización y modelado molecular libre que además de las opciones de trabajo en entorno gráfico, posee un avanzado constructor de moléculas [6,7]. Para animar modelos moleculares 3D se ha desarrollado el Jmol, un visor Java de código abierto para estructuras químicas en tres dimensiones con prestaciones para compuestos químicos, cristales, materiales y biomoléculas. Es una miniaplicación interactiva para el navegador web, libre, gratis, en castellano, que se propaga como “el futuro de la visualización molecular está aquí” para “docencia primaria, secundaria, terciaria” [8]. El Jmol ofrece la opción de visión estereoscópica con lentes 3D anaglifo, dos elocuentes ejemplos de aplicación son: el Biomodel 3 y el repositorio RCSB. El Biomodel 3 contiene modelos animados con Jmol de glúcidos, lípidos, vitaminas, proteínas y ácidos nucleicos, y se considera como material de uso en la educación secundaria [9]. Por otra parte, el repositorio RCSB, probablemente el portal de macromoléculas biológicas más importante que nuclea a organizaciones de EEUU, Europa y Japón, tiene incluido en su página el Jmol para visualizar las macromoléculas [4].

2. DESARROLLO Y RESULTADOS

Un caso de aplicación: Contaminantes Orgánicos Persistentes

Los Contaminantes Orgánicos Persistentes (COP) son un grupo de compuestos considerados altamente tóxicos que provocan graves efectos sobre la salud humana y el medio ambiente. Por ello, se promovieron medidas de alcance mundial a través del Convenio de Estocolmo sobre COP, cuyo objetivo es proteger la salud humana, eliminando, y cuando esto no sea posible reduciendo, las emisiones y las descargas de los COP. La importancia y actualidad de este tema se evidencia en la continuidad de acciones concertadas mundialmente. El año pasado fue incluido el endosulfán en los COP y en Argentina ya se ha comenzado a tomar medidas a nivel provincial y nacionalmente para su erradicación total. A la fecha, los COP incluyen 22 sustancias; estrictamente algunas son familias de congéneres como el caso bifenilos policlorados, dioxinas y furanos.

Nosotros estamos desarrollando un portal de COP que incluye una base de datos de modelos moleculares de bifenilos policlorados, dioxinas y furanos, construidos con Gabedit y animados con Jmol. Partiendo de los parámetros

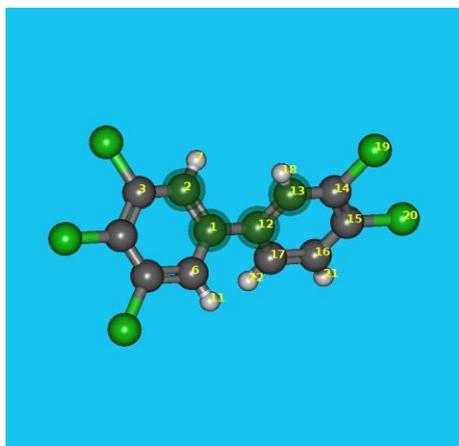


Fig.1: Visualización con el Gabedit del bifenilo policlorado 126.

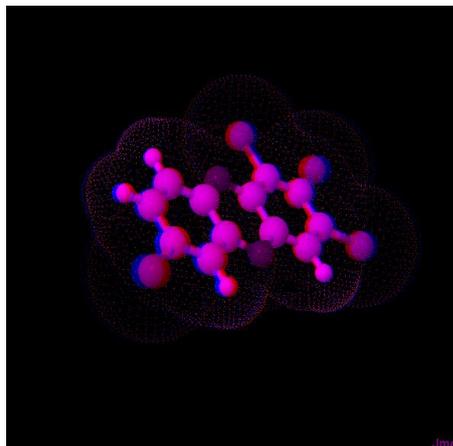


Fig.2: Visualización estereoscópica de la 1,2,3,7 tetraclorodibenzo-p-dioxina usando el Jmol.

conformacionales de las moléculas (distancias de enlace, ángulos planos y ángulos diedros) se calcularon las coordenadas de los centros atómicos de 209 bifenilos policlorados. Usando el Gabedit se obtuvieron los archivos de los modelos moleculares digitales 3D, se capturaron imágenes desde distintos puntos de vista y luego los modelos y las imágenes se alojaron en una base de datos [10,11]. Posteriormente se amplió la base de datos para incluir 75 dioxinas y 135 furanos y se instaló en el sitio web la miniaplicación Jmol para animación de los modelos moleculares [12,13].

En la **Figura 1** se observa un bifenilo policlorado visualizado en la ventana de dibujo del Gabedit en la que se puede observar con claridad el ángulo diedro central que forman los dos anillos (C2-C1-C12-C13). Estos modelos moleculares digitales 3D han servido como eficaz apoyo para evidenciar la relación de este ángulo con la toxicidad debida al efecto dioxina. La **Figura 2** muestra una dioxina visualizada con el Jmol con la opción visión estereoscópica “gafas rojo+azul” para observar con lentes anaglifo.

3. DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES

Todos los programas de visualización en 3D sobre un dispositivo de salida en 2D aplican técnicas que incluyen el uso de perspectiva, escala, animación e iluminación. El Gabedit y el Jmol ofrecen múltiples opciones de renderización de las imágenes de los modelos moleculares, e interactividad que permite movimientos de traslación y rotación del modelo en el plano y en el espacio. Una de las técnicas más efectivas para simular una visualización en 3D es la del paralaje binocular basado en el uso de pares estereoscópicos; el visor Jmol, con opción activada de giro y visión estereoscópica, produce imágenes animadas de la molécula con una excelente sensación de tridimensionalidad.

Referencias

- [1] Watson J.D. and Crick F.H. *Molecular structure of acid nucleic*. Nature, 171(4356):737-738, 1953.
- [2] Watson J., Crick F., Wilkins M., and Franklin R. *We tell the story of Chemistry*. Chemical Heritage Foundation. <http://www.chemheritage.org>
- [3] Woodcock Dave. *Molecules from Chemistry at Okanagan University College*. 1996-1997. <http://elchem.kaist.ac.kr/jhkwak/okanaganpdb97/molecule/molecule.html>
- [4] RCSB-PDB Protein Data Bank. *An Information Portal to Biological Macromolecular Structures*. <http://www.rcsb.org/pdb/home/home.do>
- [5] CMM: Center for Molecular Modelling. *Universal Molecular Modeling Software List*. http://cmm.info.nih.gov/modeling/universal_software.html
- [6] A.R. Allouche. *What is Gabedit?* <http://gabedit.sourceforge.net/>
- [7] A.R. Allouche. *Gabedit - A graphical user interface for computational chemistry softwares*. Journal of Computational Chemistry, 32 (1):174-182, 2011.
- [8] *Jmol: un visor Java de código abierto para estructuras químicas en tres dimensiones*. <http://jmol.sourceforge.net/index.es.html>
- [9] Angel Herráez. *Biomodel-3: Boquímica estructural para enseñanza secundaria*. <http://biomodel.uah.es>
- [10] Marzocchi A., Beldoménico H. y Vanzetti N. *Bifenilos Policlorados: Relación entre estructura química, parámetros conformacionales y toxicidad efecto-dioxina*. ACI, Chile, 2(4):109-118 (2011)
- [11] Marzocchi V., Vilchez A., Beldoménico H. y Vanzetti N. *Aplicación de software libre en actividades universitarias docentes y de extensión: Visualización y base de datos de bifenilos policlorados*. 40° JAIIO-JSL, Córdoba, Argentina, 2011
- [12] Vilchez A., Marzocchi V., Beldoménico H. y Vanzetti N. *Base de datos de modelos moleculares digitales 3D de Compuestos Orgánicos Persistentes usando software libre*. 41° JAIIO-JSL, 27-31 agosto, La Plata, Argentina, 2012. Aceptado para exposición.
- [13] Visualización y Modelado Molecular: Sitio oficial del PI: 56-273, CAI+D 2009, UNL. <http://www.fiq.unl.edu.ar/modeladomolecular/>



Segmentación semiautomática de imágenes a partir de crecimiento de regiones

Adán Mateos Hernández[†]

[†]Universidad Autónoma Metropolitana, Ciudad de México, Distrito Federal, México
mateosadan_88@hotmail.com

1. INTRODUCCIÓN

En el siguiente material se presenta la descripción breve de un sistema de segmentación de imágenes a partir de crecimiento de regiones desarrollado en lenguaje C# por las facilidades que ofrece en el diseño de prototipos. La segmentación subdivide una imagen en sus respectivas regiones u objetos que la componen. En algunos casos es necesario hacer una segmentación en imágenes muy complejas en su composición (con fondo compuesto de muchos objetos), como consecuencia surgen problemas de selección de regiones compuestas por subregiones. En este proyecto se resuelve el problema de segmentar imágenes con fondos compuestos con poca variabilidad de colores. Para esto se aplica el método de limitar la región a segmentar y después se aplica la selección manual de puntos de regiones consideradas como fondo para, posteriormente, aplicar el método de crecimiento de regiones. Existen paquetes de software que facilitan la segmentación de imágenes que utilizan diversas técnicas, entre ellos se encuentran *FIJI* [1], *ITK-SNAP* [2] es una herramienta *GUI* que combina la segmentación manual y semiautomática con conjuntos de nivel, *TurtleSeg* [3] una herramienta interactiva de segmentación de imágenes 3D, entre otros.

2. MÉTODOS

El objetivo de la aplicación es segmentar regiones compuestas de una imagen. Para esto el sistema cuenta con módulos que, secuencialmente, realizan operaciones que obtienen los resultados deseados. Una vez cargada la imagen a la aplicación pueden aplicarse las operaciones correspondientes.

2.1. Módulo *Selección libre*

Como su nombre lo indica, al activar dicho módulo (un botón en la aplicación) convierte el puntero de mouse en un lápiz con el cual, solo se puede dibujar en el área correspondiente a la imagen, se bosqueja la región a segmentar. El color de la línea es negativo de la imagen con la finalidad de diferenciar la *selección libre* (Fig. 1). Esto aparta una región del resto de la imagen, lo cual deja una imagen menos compleja en componentes del fondo.



Fig. 1 Ejemplo de color de selección libre.

2.2. Módulo *Selección de semillas*

Este módulo se activa después de haber terminado la selección libre, el cual agrega a una matriz las posiciones de cada pixel seleccionado como parte del fondo (manualmente).

2.3. Módulo *Creecer región*

El módulo *crecer región* contiene la parte que define la región que se desea segmentar. El algoritmo que se utiliza es el de crecimiento de regiones [4, 5]. Para definir la selección de los pixels, se toman en cuenta dos propiedades, el nivel de *Intensidad* de la imagen y el nivel de cada color en el canal RGB (*Red, Green and Blue*). Dado un pixel $p(x, y)$, se definen 3 vecindades relativas a p :

$$V1(p) = \{(x+1, y), (x-1, y), (x, y+1), (x, y-1)\}$$

$$V2(p) = \{(x+1, y+1), (x+1, y-1), (x-1, y+1), (x-1, y-1)\}$$

$$V3(p) = V1(p) \cup V2(p)$$

| | | |
|------------|----------|------------|
| (x-1, y-1) | (x, y-1) | (x+1, y+1) |
| (x-1, y) | (x, y) | (x+1, y) |
| (x-1, y+1) | (x, y+1) | (x+1, y+1) |

Fig. 2 Vecinos que se analizan para ser agregados a la cola.

Eligiendo $V3$ se tiene una mejor precisión en cuando al recorte de detalles de bordes de la región que se desea segmentar (Fig. 2).

Para iniciar la selección se obtiene una muestra de los 9 pixels, tomando en cuenta que el pixel semilla sea seleccionado en un área representativa de una región del fondo, se obtiene el promedio independiente de cada uno de los canales (R, G y B), esto para obtener el nivel de saturación de cada color en la región. Después se obtiene el nivel de Intensidad de dicha región de 9 pixeles. Para agregar un pixel que pertenece a la región descrita anteriormente, se inicia la siguiente

comparación: Sea $p(x, y)$ un pixel con componentes $C[i] = \{R, G, B\}$ y $M(C[i])$ el promedio total de saturación en el canal i en la región de 9 pixeles, con un nivel de *Intensidad* $NI((M(R) + M(G) + M(B)) / 3)$. Dado un pixel vecino $V(x', y')$ de la región con la propiedad de nivel de intensidad NI' y sus componentes RGB , este pertenece a la región si se cumple:

$$|V(x', y', R) - M[R]| \leq sr \ \& \ |V(x', y', G) - M[G]| \leq sg \ \& \ |V(x', y', B) - M[B]| \leq sb \ \& \ |NI' - NI| \leq NIreg$$

Donde sr, sg, sb y $NIreg$ son errores ajustables (positivos que corresponden al error aceptado en cada componente RGB y el nivel de intensidad, respectivamente) dependiendo de la imagen. De esta manera se obtienen dos parámetros muy importantes para segmentar regiones casi similares en algunos canales. Por ejemplo, si un pixel vecino al calcularle los parámetros anteriores, este no cumple con una de las condiciones anteriores, es decir, que un canal de RGB sea idéntico, o incluso dos canales, no se podrá agregar como parte del fondo (Fig. 4).

2.4. Módulo *Separar imagen*

Este módulo utiliza un algoritmo parecido al de crecimiento de regiones, pero tomando en cuenta solo los pixels que no están marcados como fondo. De esta manera, copia la región bosquejada a la misma posición (x, y) del otro contenedor de la aplicación.

3. RESULTADOS

Como se mencionó en anteriormente, el objetivo de la aplicación es segmentar regiones compuestas, el resultado obtenido es dicha región (Fig. 3, Fig 4).

Fig. 3 A la izquierda de la figura se muestra la entrada con fondo compuesto por tonos con gradiente. A la derecha se muestra la región compuesta segmentada. Sin pérdida de detalles finos como las líneas delgadas de la imagen.



Fig. 4 A la izquierda de la figura se muestra la imagen de entrada con fondo con pixels de propiedades similares en el canal G de RGB, pero debido al ajuste en el error en la aceptación de pixeles vecinos se obtiene muy buen resultado que se puede ver a la derecha.



Dichas imágenes fueron probadas obteniendo resultados muy pobres en *Gimp* [6] utilizando la herramienta *varita mágica*.

4. CONCLUSIONES

La segmentación de imágenes es un problema del procesamiento de imágenes que aún no se ha podido optimizar en cuanto se trata de imágenes más complejas. En ocasiones se requiere segmentar una imagen sin perder detalles o propiedades de color, con lo cual un pre-procesamiento (levantamiento de bordes o segmentación automática no son de gran ayuda, en un editor de imágenes). Con esta aplicación las imágenes segmentadas no pierden ninguna propiedad. Cabe mencionar que los actuales programas como *Photoshop*, *Gimp* y otros que incluyen la herramienta de segmentación o selección por crecimiento de regiones no pueden segmentar regiones completas, para hacerlo el usuario tiene que borrar manualmente regiones consideradas como fondo lo cual es una tarea poco agradable y que requiere de mucho tiempo. Por otro lado, a pesar de la precisión que se tiene en la segmentación en esta aplicación, existen regiones (que se desean segmentar) de imágenes cuyos componentes RGB o incluso la intensidad son iguales a las de las regiones del fondo. En dichas imágenes la aplicación presenta error, ya que selecciona como fondo parte de la región a segmentar (Fig. 5).



Fig. 5 Error en segmentación

Referencias

- [1] Fiji (software). Junio 2011. [En línea]. Disponible: http://en.wikipedia.org/wiki/FIJI_%28software%29
- [2] ITK-SNAP. Mayo 2011. [En línea]. Disponible: <http://www.itksnap.org/pmwiki/pmwiki.php>
- [3] TurtleSeg aplicación. Mayo 2011. [En línea]. Disponible: <http://www.turtleseg.org/>
- [4] Rafael C. Gonzalez & Richard E. Woods (2008). *Digital Image Processing, third edition*. Upper Sanddler River, New Jersey: Prentice Hall.
- [5] *Region Growing*, Mayo 2011.[En línea]. Disponible: http://en.wikipedia.org/wiki/Region_growing
- [6] *Gimp GNU manipulation program*. May 2011. [En línea]. Disponible: <http://www.gimp.org/>



Herramienta de segmentación híbrida para imágenes volumétricas utilizando ITK

R. Namías[†]M. del Fresno^{‡,*}J. P. D'Amato^{‡,◇}

[†]CIFASIS, UAM (Francia) / UNR-CONICET Rosario, Argentina
namias@cifasis-conicet.gov.ar

[‡]Instituto PLADEMA, Universidad Nacional del Centro, Tandil, Argentina
{mdelfresno,jpdamato}@exa.unicen.edu.ar

* Comisión de Investigaciones Científicas de la Prov. de Buenos Aires (CIC-PBA), Argentina
◇ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina

1. INTRODUCCIÓN

La segmentación de imágenes médicas es un problema particular dentro del procesamiento digital de imágenes. En esta área, debido a la existencia de equipamientos de adquisición en 3 dimensiones, se ha tornado fundamental el desarrollo de técnicas de segmentación tridimensionales (3D). El interés del trabajo es crear una herramienta para llevar a cabo la segmentación volumétrica de órganos en estudios de diagnóstico por imágenes de Resonancia Magnética (RM) de manera precisa y con la mínima intervención de un especialista. Con los resultados, se generarán modelos geométricos para realizar simulaciones físicas con el fin de analizar estrategias quirúrgicas para la condición del prolapso de los órganos pélvicos femeninos. Presentamos la herramienta para segmentación 3D mediante una técnica híbrida, como en [1], la cual incluye crecimiento de regiones [3] y superficies activas [4], en este caso implementado como extensión de la biblioteca *open-source* de procesamiento de imágenes médicas ITK[2].

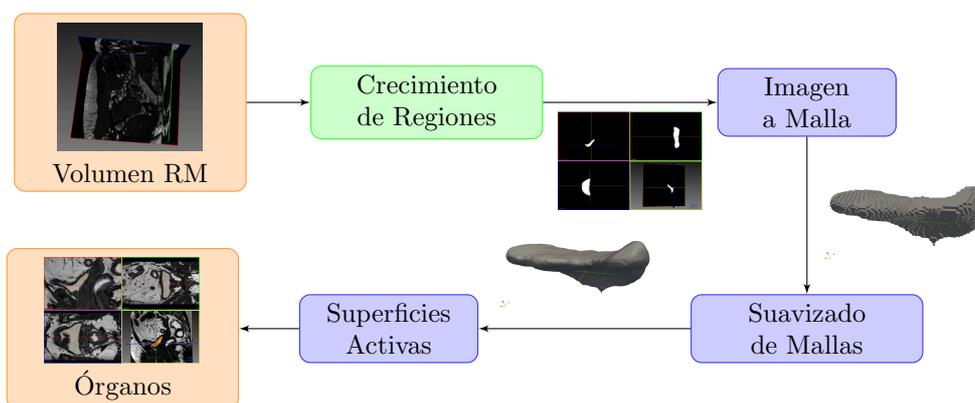


Figura 1: Proceso de Segmentación - Ejemplo: vejiga en estudio de RM

2. MÉTODO

El procedimiento contempla varias etapas, comprendidas en filtros, aprovechando todas las herramientas provistas por la biblioteca *open-source* de procesamiento de imágenes médicas ITK. Esta provee facilidades para implementar nuevas técnicas de segmentación 3D de manera eficiente ya que, por ejemplo, permite leer el formato estándar de imágenes médicas DICOM, brinda estructuras de datos de alto nivel como mallas, tiene soporte *multi-thread* y por sobre todo posee un modelo arquitectónico en *pipeline* el cual es muy apropiado para la tarea.

En ITK, las unidades de procesamiento se agrupan en filtros. ITK brinda implementaciones de diversas técnicas de segmentación, sin embargo como utilizamos variaciones de las técnicas estándares hemos programado

nuevos filtros. En nuestra herramienta, implementamos los siguientes filtros: *crecimiento de regiones*: a partir de semillas provistas por el especialista se buscan vecinos que cumplan con un criterio de aceptación robusto a imágenes con ruido y de esta manera se obtiene una región de interés conformada por vóxeles; un filtro *generador de mallas de superficie (puntos y triángulos)*: a partir del paso anterior se colocan 4 vértices y 2 triángulos por cada cara en el borde de la región de interés conformando una malla cerrada de superficie; un filtro taubin [5] de *suavizado de mallas*: iterativamente se quitan los detalles finos de la malla; y finalmente el filtro de *superficies activas*: los puntos de la malla evolucionan según una ley dinámica que contempla diferentes fuerzas como tensión y curvatura de la malla y fuerzas dependientes de características de la imagen.

3. RESULTADOS

La herramienta se utiliza principalmente para segmentar órganos pélvicos femeninos en estudios de RM. En la figura 1 se presentan las etapas y los resultados parciales luego de la aplicación de cada filtro. La salida del crecimiento de regiones es una imagen volumétrica segmentada con la cual se genera una malla triangular de superficie. Esta malla no es suave, por lo tanto se suaviza mediante un filtro de Taubin [5] para finalmente poder utilizar la técnica de superficies activas. En la figura 2 se presentan diferentes vistas del resultado del proceso de segmentación sobre el estudio original del paciente.

4. CONCLUSIONES

En este trabajo se presenta una herramienta de segmentación en 3D implementada sobre la biblioteca ITK. La arquitectura inherente permite separar cada etapa de procesamiento en un filtro, con lo que cada cual se implementa de la manera más óptima aprovechando la potencia de la biblioteca. Además, es muy versátil ya que fácilmente se puede variar el esquema de procesamiento intercalando nuevos filtros en el *pipeline*.

Se muestra un ejemplo de segmentación realizado con la herramienta dando buenos resultados en la segmentación de órganos pélvicos femeninos en estudios de RM.

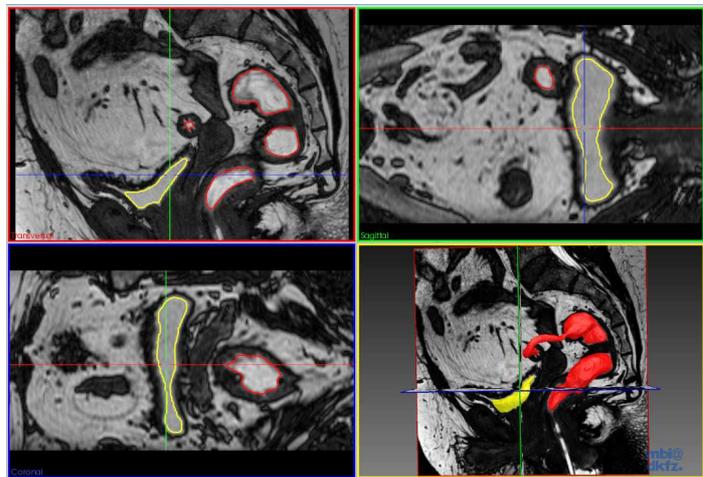


Figura 2: Corte Axial, Sagital; Coronal y Vista 3D. Resultados: Vejiga (amarillo), Recto(rojo).

Referencias

- [1] M. del Fresno, M. Vénere, and A. Clausse. A combined region growing and deformable model method for extraction of closed surfaces in 3d ct and mri scans. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 33(5):369 – 376, 2009.
- [2] L. Ibanez, W. Schroeder, L. Ng, and J. Cates. *The ITK Software Guide*. Kitware, Inc. ISBN 1-930934-15-7, <http://www.itk.org/ItkSoftwareGuide.pdf>, second edition, 2005.
- [3] F. Jianping, Z. Guihua, B. Mathurin, and H. Mohand-Said. Seeded region growing: an extensive and comparative study. *Pattern Recognition Letters*, January 2005.
- [4] T. Mcinerney and D. Terzopoulos. Topology adaptive deformable surfaces for medical image volume segmentation. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18:840–850, 1999.
- [5] Gabriel Taubin. A Signal Processing Approach to Fair Surface Design. *Computer Graphics*, 29(Annual Conference Series):351–358, 1995.



Segmentación de exudados en imágenes de fondo de ojo aplicando Morfología Matemática Color

C. Ordoñez[†] J. Pastore^{†‡} V. Ballarín[†]

[†] *Grupo de Procesamiento Digital de Imágenes Universidad Nacional de Mar del Plata*
jpastore@fi.mdp.edu.ar

[‡] *CONICET*

1. INTRODUCCION

La diabetes es una patología que presenta una curva de ascenso sostenida en el tiempo por lo cual es considerada la enfermedad del nuevo siglo. Actualmente, según la Federación Internacional de Diabetes (IFD), existen más de 366 millones de personas enfermas de las cuales el 50% desconocen su condición dado que se trata de una enfermedad, con frecuencia, asintomática [1]. La diabetes puede causar anomalías en la retina (retinopatía diabética), riñones (nefropatía diabética), y sistema nervioso (neuropatía diabética). Una detección prematura de exudados duros y algodonosos podría prevenir la ceguera. Sin embargo, debido a la alta variabilidad local de contraste y luminancia en las imágenes de fondo de ojo, las propuestas de segmentación automática disponibles en la bibliografía, presentan un gran margen de error. En este trabajo se presenta un nuevo método automático, aplicando Morfología Matemática Color, para la segmentación de exudados duros y algodonosos en imágenes de fondo de ojo con el fin de asistir al experto en el diagnóstico de esta enfermedad. La Morfología Matemática Color permite utilizar la información de color logrando una segmentación más eficiente, con menor error y de manera automática.

2. MÉTODOS

La Morfología Matemática (MM) es una teoría basada en conceptos de geometría, álgebra y teoría de conjuntos, propuesta originalmente para caracterizar propiedades estructurales de diversos materiales. Esta teoría, aplicada al procesamiento de imágenes, permite analizar la forma, tamaño y orientación de objetos en una imagen. La MM ha sido ampliamente definida y estudiada para imágenes binarias y en niveles de gris [2-4]. Sin embargo, en el dominio de las imágenes color, aún no se ha formalizado esta teoría, dado que no existe una extensión natural que permita definir los operadores básicos en este nuevo dominio. A continuación se propone una forma de abordar este problema asumiendo la existencia de un reticulado completo definido sobre un espacio color.

Una imagen en color puede ser modelada como una función $f : D_f \subset \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathfrak{S} \subset \mathbb{R}^3$ donde \mathfrak{S} representa un espacio de color. El procesamiento morfológico de imágenes en color suele hacerse desde dos puntos de vista: el procesamiento marginal y el procesamiento vectorial. El procesamiento marginal consiste en aplicar los operadores morfológicos definidos para imágenes en niveles de gris a cada una de las componentes cromáticas de la imagen. En el tratamiento vectorial se utiliza la teoría de reticulado completo y por lo tanto es necesario definir un orden sobre el subconjunto \mathfrak{S} de \mathbb{R}^3 . Considerando el orden canónico en el espacio cromático \mathfrak{S} el procesamiento marginal es un caso particular del procesamiento vectorial. Por lo tanto, estableciendo un orden apropiado sobre el espacio de color \mathfrak{S} es posible dar una definición general de los operadores básicos, erosión y dilatación, para imágenes color.

Sea $\mathfrak{S} \subset \mathbb{R}^3$ un espacio de color y \leq_3 un orden que dota a \mathfrak{S} de una estructura de reticulado completo. El espacio de funciones $f : D_f \subset \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathfrak{S} \subset \mathbb{R}^3$ con el orden \leq definido como: $f, g : D \subset \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathfrak{S} \subset \mathbb{R}^3$, $f \leq g$ si y sólo si $f(x) \leq_3 g(x) \forall x \in D$, tiene estructura de reticulado [2-5]. Esto permite definir las operaciones básicas erosión y dilatación de una imagen color $f : D_f \subset \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathfrak{S} \subset \mathbb{R}^3$ por un elemento estructurante B , respectivamente, como:

$$\varepsilon_B^{\leq_3}(f) = \inf_{s \in B}^{\leq_3} \{f \circ \tau_s\} \quad \text{y} \quad \delta_B^{\leq_3}(f) = \sup_{s \in B}^{\leq_3} \{f \circ \tau_{-s}\} \quad \text{siendo} \quad \tau_s : \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R}^2$$

$$s \in \mathbb{R}^2 \quad \tau_s(x) = x + s.$$

Es importante tener presente que la erosión y dilatación de una imagen en color dependerá fuertemente del orden establecido en el espacio cromático, por lo tanto, no tienen un único significado como en el caso de imágenes binarias e imágenes en niveles de gris. Si el orden establecido no es un orden total, el ínfimo y el supremo no necesariamente son mínimos y máximos respectivamente, pudiendo aparecer falsos colores en la imagen resultado de aplicar una erosión o

dilatación, es decir, colores que no estaban en la imagen original. Cuando el orden fijado en el espacio cromático es total los ínfimos y supremos son mínimos y máximos respectivamente, y por lo tanto no aparecen falsos colores al aplicar las operaciones básicas.

Una vez definidos los operadores básicos en el dominio de imágenes color se puede definir el filtro morfológico apertura de manera análoga a la MM en niveles de gris [2-4]:

La apertura morfológica de una imagen color f por el elemento estructurante B es definida por:

$$\gamma_B^{\leq}(f) = \delta_B^{\leq}(e_B^{\leq}(f))$$

Considerando el orden lexicográfico para definir los operadores morfológicos color [6], el método propuesto para la segmentación automática de exudados duros y algodinosos se puede resumir en 5 etapas.

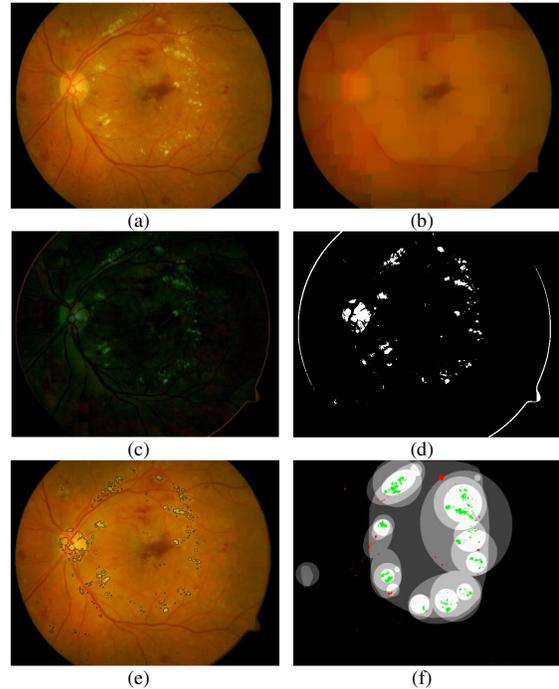
Etapa 1: En la Figura a se puede observar que los exudados presentan un color claro (áreas blanco-grisáceas) con respecto al fondo. Esta característica hace que al aplicar el operador morfológico apertura, definido para imágenes color, se eliminen los exudados más pequeños que el tamaño del elemento estructurante inicial. Si se aplica este operador nuevamente, aumentando el tamaño del elemento estructurante, se eliminan los exudados de mayor tamaño. Continuando con este proceso n veces, se obtendrá solamente el fondo de la imagen (ver Figura b).

Etapa 2 - Si restamos a la imagen original la imagen obtenida en la etapa anterior, se obtiene una nueva imagen donde se destacan los exudados (Ver Figura c).

Etapa 3 - De la imagen RGB obtenida en el paso anterior, puede verse que la información relevante se encuentra en el plano verde. Se binariza esta componente tomando como valor umbral el 95% del valor modal del histograma de la imagen (Ver Figura d).

Etapa 4 - En esta etapa se aplica el algoritmo de Canny para la detección de bordes [7].

Etapa 5 - Finalmente para visualizar los resultados se superpone a la imagen original la imagen obtenida en la etapa anterior (Ver Figura e).



3. RESULTADOS Y COCLUSIONES

Para la validación del método propuesto se utilizaron las bases de datos diaRetdB0 y diaRetdB1, (Diabetic Retinopathy Database and Evaluation Protocol) [8-9]. Estas bases de datos facilitan los estudios comparativos de la segmentación de las diferentes estructuras que componen la retina y algunos de los signos oculares de la retinopatía diabética como exudados duros y exudados algodinosos. Para evaluar la performance del método propuesto se utilizó el “groundtruth” de exudados, el cual consiste en la opinión de cuatro profesionales que establecen las zonas correspondientes que encierran exudados en la retina. Se obtuvieron niveles de confianza de 0.9 y precisiones de alrededor del 83% (Ver Figura f).

Referencias

- [1] Web site of the International Diabetes Federation, www.idf.org.
- [2] Serra J 1982 Image analysis and mathematical morphology vol. 1. Academic Press, London.
- [3] Serra J 1988 Image analysis and mathematical morphology vol. 2. Academic Press, London.
- [4] Facon J, Morfología 1996 Matemática. Teoría e ejemplos. Editora Univ. Champagnat da Pontífica UCP.
- [5] H. Talbot, C. Evans, and R. Jones. Complete ordering and multivariate mathematical morphology: Algorithms and applications. In Proceedings of the International Symposium on Mathematical Morphology (ISMM '98), pages 27-34, 1998.
- [6] J. Angulo, “Morphological colour operators in totally ordered lattices based on distances: Application to image filtering, enhancement and analysis,” Computer Vision and Image Understanding, vol. 107, pp. 56–73, 2007.
- [7] Canny J 1986 A Computational Approach to Edge Detection IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence 8(6) pp 679-698.
- [8] Kauppi, T., Kalesnykiene, V., Kamarainen, J.-K., Lensu, L., Sorri, I., Raninen A., Voutilainen R., Uusitalo, H., Kälviäinen, H., Pietilä, J., DIARETDB1 diabetic retinopathy database and evaluation protocol, Technical report (PDF).
- [9] Standard Diabetic Retinopathy Database. <http://www2.it.lut.fi/project/imageret/diaretdb1/>



Detección de tumores en MRI basada en características texturales

Orlando, José Ignacio[†] Manterola, Hugo Luis[†] del Fresno, Mariana^{‡†}

[†] Instituto Pladema, Facultad de Ciencias Exactas, UNCPBA
{ignaciorlando, manterolaluis}@gmail.com

[‡] Comisión de Investigaciones Científicas de la Prov. de Buenos Aires (CIC-PBA), Argentina
mdelfres@exa.unicen.edu.ar

1. INTRODUCCION

La segmentación de tumores en imágenes de resonancia magnética (MRI) tridimensionales es una práctica muy difundida en la radioterapia oncológica, dado que permite al profesional médico realizar mejores diagnósticos o evaluar la respuesta del paciente a determinadas terapias. Entre las diversas estrategias utilizadas en la bibliografía, las más simples y robustas para este tipo de aplicaciones son las basadas en crecimiento de regiones [1, 2]. Estos algoritmos son inicializados mediante la selección manual de un conjunto de puntos iniciales, o semillas, ubicadas sobre la región de interés, e incorporan progresivamente aquellos vóxeles que satisfacen un determinado criterio de crecimiento. En un trabajo previo se ha considerado la utilización del promedio de intensidades de las semillas como información característica de la región [3], incorporando a ella los puntos que cuentan con una proporción p de vecinos cuyo valor de intensidad difiere en un máximo t respecto de la media de la región.



Figura 1: Etapas del método propuesto.

En este trabajo se propone un algoritmo de crecimiento de regiones en dos etapas basado en información de texturas. Inicialmente los parámetros son configurados de manera restrictiva, a los efectos de obtener una región aproximada a la real. Posteriormente se colecta la información de esta región para inicializar nuevamente al algoritmo, esta vez con parámetros más flexibles, lo que permite refinar el volumen obtenido (Fig. 1).

2. MÉTODO

El método propuesto contempla la utilización de indicadores calculados a partir de matrices de co-ocurrencia [4]. Las mismas registran de qué manera se interrelacionan las intensidades de gris de los vóxeles en los entornos analizados en la dirección de un vector de desplazamiento d dado. Sobre estas matrices es posible calcular un conjunto de descriptores que registran alguna característica particular de la textura subyacente. El modelo aplicado en este trabajo utiliza un refinamiento propuesto en [5], que permite registrar en la matriz la información volumétrica de la textura.

El esquema de trabajo cuenta con dos etapas. La primera es inicializada de manera manual por el usuario, seleccionando semillas dentro de la zona del tumor e incorporándolas a una lista L . Posteriormente, se calcula el valor característico de la textura de la región, que consiste en el promedio del valor del indicador elegido sobre esos puntos iniciales. El algoritmo progresa extrayendo cada vóxel de L e incorporando aquellos que cuentan con una proporción p de vecinos cuyo valor de indicador difiere del valor característico de la región como máximo en una cantidad t , y se incorporan sus vecinos próximos a L . El método se detiene cuando no existen más puntos en L . El conjunto de vóxeles incorporados constituye una región volumétrica que se aproxima,

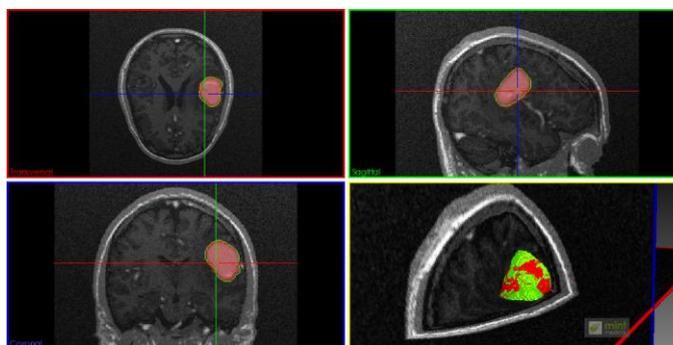


Figura 2: Vistas Axial, Sagital, Coronal y tridimensional de la región segmentada (rojo), superpuesta sobre el volumen de referencia (verde).

aunque posiblemente no lo suficiente, al tumor. Para mejorar el resultado obtenido se inicializa un nuevo proceso de crecimiento, denominado *push*, en el que se utilizan como semillas los vóxeles que recubren a la región de interés, y se ajustan los parámetros p y t de acuerdo a un nuevo radio w de análisis (más pequeño) utilizado para el cálculo de la matriz de co-ocurrencia. El resultado obtenido es un volumen mucho más cercano al del tumor.

3. RESULTADOS

El algoritmo propuesto fue aplicado sobre imágenes de MRI cerebrales artificiales generadas con TumorSim [6], y las regiones obtenidas fueron comparadas respecto al volumen de referencia utilizando los indicadores de calidad propuestos en [7]: el factor Q representa la calidad de la región segmentada, y se obtiene como el cociente entre la intersección de esta región con la de referencia y la unión de ambas; mientras que Q^+ representa la proporción de falsos positivos (vóxeles que fueron incluidos en la región segmentada pero en el volumen de referencia no están incluidos) y Q^- la de falsos negativos (puntos que no fueron incluidos a la región pero que están incluidos en el volumen de referencia). Los descriptores de textura utilizados fueron la Varianza (que registra la variabilidad de los grises en el entorno) y la Suma Promedio (que mide el promedio de co-ocurrencias de gris en la región), obtenidos a partir del promedio que cada uno toma sobre matrices de co-ocurrencia calculadas en las direcciones canónicas, en entornos de radio 4. En la Tabla 1 se presentan los valores de calidad obtenidos luego de la etapa inicial de la segmentación y del *push* de refinamiento. Según puede observarse, la etapa de *push* permite mejorar notoriamente los resultados obtenidos por el algoritmo. En la Fig. 2, por otro lado, se presentan las vistas sagital, axial y coronal del volumen obtenido para la segmentación de un tumor cerebral, utilizando la varianza, superpuesto con el volumen de referencia y la MRI original.

Tabla 1. Factor de calidad Q y proporción de falsos positivos Q^+ y negativos Q^- de las regiones segmentadas respecto al volumen de referencia.

| | Varianza | | Suma Promedio | |
|-------|--|-------------------------------------|---------------------------------------|-----------------------------------|
| | <i>Etapa 1</i> $t=5500, p=0.4, w=4$ | <i>Push</i> $t=6000, p=0.3, w=3$ | <i>Etapa 1</i> $t=40, p=0.55, w=4$ | <i>Push</i> $t=10, p=0.5, w=3$ |
| Q | 0.52 | 0.92 | 0.78 | 0.87 |
| Q^+ | 0.00 | 0.04 | 0.01 | 0.12 |
| Q^- | 0.48 | 0.04 | 0.21 | 0.01 |

4. CONCLUSIONES

En este trabajo se presentó un algoritmo de crecimiento de regiones para la segmentación de tumores en MRI cerebrales basado en indicadores de textura calculados sobre medidas estadísticas de segundo orden. Los resultados preliminares obtenidos sobre imágenes artificiales muestran un comportamiento altamente aceptable del algoritmo para la recuperación de las estructuras de interés, con una intervención del usuario mínima. En un futuro se pretende utilizar las regiones volumétricas obtenidas para inicializar otros algoritmos que permitan refinar los resultados con una precisión subvóxel y la aplicación del esquema completo sobre imágenes reales.

Referencias

- [1] E. Ferrante, M. del Fresno, P. Escobar y J. Massa. “Segmentación de MRI aplicada al análisis de la evolución de tumores en series temporalmente espaciales”. Proceedings del Simposio Argentino de Informática y Salud, 40 JAIIO, p. 124-130, ISSN: 1853-1881. Córdoba, Argentina. 2011.
- [2] R. B. Dubey, M. Hanmandlu y S. K. Gupta. “Region growing for MRI brain tumor volume segmentation”. Indian Journal of Science and Technology, Vol. 2, No. 9, pp. 26-31. ISSN: 0974-6846. 2009
- [3] J. I. Orlando, H. L. Manterola, M. del Fresno, J. Massa. “Segmentación y caracterización de volúmenes en imágenes médicas tridimensionales”. Proceedings del 15° Concurso de Trabajos Estudiantiles EST 2012, 41° JAIIO. Artículo en prensa. 2012.
- [4] R. M. Haralick, K. Shanmugam e I. Dinstein. “Textural Features for Image Classification”. IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics. Vol. SMC-3, No. 6, pp. 610-621. 1973.
- [5] A. S. Kurani, D. Xu, J. Furst y D. Stan Raicu. “Co-occurrence Matrices for Volumetric Data”. Proceedings The 7th IASTED International Conference on Computer Graphics and Imaging, Hawaii, 2004.
- [6] M. Prastawa, E. Bullitt y G. Gerig. “Simulation of Brain Tumors in MR Images for Evaluation of Segmentation Efficacy”. Med. Image Anal. Vol. 13(2), pp. 297-311. 2009.
- [7] M. del Fresno, M. Vénere y A. Clausse. “A combined region growing and deformable model method for extraction of closed surfaces in 3D CT and MRI scans”. Comp. Med. Imag. and Graph., Vol. 33, No. 5, pp. 369-376. 2009.



RECONSTRUCCIÓN DE IMÁGENES DIGITALES POR DIFUSIÓN ANISOTRÓPICA

Piperno Szternfeld, Jaime Eliezer

jaime.piperno@gmail.com

Waterloo, Matías Alejandro

matiwater@gmail.com

Facultad Regional Concepción del Uruguay

Universidad Tecnológica Nacional

Concepción del Uruguay, Entre Ríos, República Argentina

1. INTRODUCCION

A menudo las imágenes digitales contienen imperfecciones debidas a diversas causas, por ejemplo en ocasiones las imágenes satelitales contienen franjas negras que dificultan la correcta interpretación de las mismas. También existen pinturas que contienen grietas o rajaduras que nos presentan un problema similar: Nuestro propósito es reconstituir la imagen original, eliminando los valores totalmente negros ($RGB = (0,0,0)$).

En nuestro trabajo presentamos dos alternativas de solución al problema de reconstrucción de imágenes digitales, ambas basadas en la teoría de la difusión anisotrópica del calor, gobernada por una ecuación clásica de la física (Ec. 1).

$$I_t = \text{div}(\nabla I_t) = \Delta I_t$$

Ec. 1: Evolución del calor en derivadas parciales

Además se exponen los resultados obtenidos junto con una comparación entre ambos tipos de algoritmos, finalizando con un análisis de posibles mejoras y aplicaciones de los mismos.

2. MÉTODOS

En nuestro trabajo se utilizaron básicamente dos métodos, primeramente se utilizó la ecuación de difusión del calor en su versión isotrópica y anisotrópica. Se realizaron pruebas basadas en el libro de referencia [1] y el trabajo publicado de referencia [3].

Posteriormente se continuó el estudio con un método Ad Hoc de “arrastre” de información desde regiones sanas hacia regiones dañadas dentro de la imagen.

Se finalizó el estudio haciendo una comparación entre los distintos resultados obtenidos por ambos métodos.

3. RESULTADOS

Los resultados obtenidos son la restauración de imágenes dañadas. Los daños restaurados son manchas de color negro en diversas formas y distribución, bien sean pequeños puntos o gruesas líneas.



Fig. 1: Rostro restauración

4. CONCLUSIONES

En nuestro trabajo se puede apreciar que la restauración de imágenes es un tema sumamente complejo, y que permite ser abordado desde distintos puntos de vista. Hasta el momento, hemos probado algunas de las ideas que nos han ido surgiendo a medida que nos adentrábamos más en el tema.

Si bien estamos más que conformes con los resultados obtenidos y de cómo fuimos evolucionando, somos conscientes de que son soluciones simples o rudimentarias en comparación con lo que es capaz de hacer un ser humano, por lo que creemos que el tema da para mucha más investigación y que aún estamos muy lejos de lograr resultados plenamente satisfactorios.

Referencias

- [1] WEICKERT, JOACHIM (1998): *Anisotropic Diffusion in Image Processing*, ECMI Series, Teubner-Verlag, Stuttgart, Germany.
- [2] PITAS, I. (2000): *Digital Image Processing Algorithms and Applications*, John Wiley & Sons, Inc., New York, USA.
- [3] PERONA P., MALIK J. (1990): *Scale-space and edge detection using anisotropic diffusion*, IEEE Trans. On Pattern Analysis and Machine Intelligence, vol. 12.



Escuela y Workshop Argentino en Ciencias de las Imágenes

16 al 20 de julio de 2012

Santa Fe, Argentina



Algoritmo de reconstrucción tomográfica dedicado a un tomógrafo de investigación de alta performance

C. Quintana[†], D. Graña[†], M. Valente[†], G. Tirao[†]

[†]IFEG-CONICET y FaMAF, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina
gtirao@famaf.unc.edu.ar

1. INTRODUCCIÓN

El valor de la información que puede extraerse a partir de imágenes por contraste de absorción de rayos X resulta de gran importancia en variados campos de investigación y aplicación. A partir de esta información puede caracterizarse de manera muy precisa la morfología, estructuras internas y propiedades físicas varias, y en el campo médico representa la herramienta fundamental para establecer fehacientemente el diagnóstico clínico.

Este trabajo presenta resultados obtenidos en el Laboratorio de Investigaciones e Instrumentación en Física Aplicada a la Medicina e Imágenes por Rayos X (*LIIFAMIR^X*) de la Universidad Nacional de Córdoba. Los sistemas de comunicación y control de *hardware*, los algoritmos de adquisición de datos, el procesamiento de las imágenes, así como las técnicas de reconstrucción tomográfica y visualización volumétrica fueron completamente desarrollados para adaptarse específicamente a la línea de tomografía de alta resolución. Se muestran algunos resultados y la caracterización preliminar de los métodos implementados para la reconstrucción tomográfica evaluando la calidad de la reconstrucción virtual 3D en función de los parámetros de la adquisición, características de la muestra, y algoritmos matemáticos de procesamiento.

2. MÉTODO

2.1. Diseño y montaje experimental de la línea de tomografía de alta resolución

Los datos fueron adquiridos en la línea integral de imágenes por rayos X del *LIIFAMIR^X*, para prestaciones de alta performance en tomografía de muestras biológicas e industriales. La muestra es colocada en un portamuestra con 3 grados de libertad controlados automáticamente por el sistema de control de posicionamiento. En el proceso de adquisición puede modificarse la fuente de rayos X e incluirse accesorios ópticos para conformar el haz de rayos X. La detección consiste de un sistema electrónico procesador de pulsos y un arreglo bidimensional de tipo *panel flat* de 20cm de lado y alta resolución (200 μ m) con sensibilidad optimizada para el rango energético de operabilidad. El equipamiento en su totalidad fue diseñado, construido y montado completamente en el *LIIFAMIR^X*. El sistema automatizado de adquisición y procesamiento consiste de un *software* integral desarrollado en plataformas C++ y MatLab, y está compuesto por tres módulos principales, uno dedicado a la comunicación, control y adquisición de datos, otro a la reconstrucción tomográfica y el tercero se ocupa de la visualización tridimensional en varias modalidades.

2.2. Adquisición de datos y algoritmo de reconstrucción tomográfica

La formación de la imagen es fuertemente dependiente del setup experimental, principalmente de la fuente de rayos X (composición espectral, tamaño y divergencia) y del sistema de detección [2]. La integración adecuada de diversas técnicas de adquisición con algoritmos matemáticos de procesamiento y visualización específicos, permite optimizar la información relevante extraída de una muestra. La técnica de tomografía computada revela las variaciones volumétricas del coeficiente de absorción de la muestra estudiada, permitiendo detectar estructuras internas. Esta técnica consiste en generar una imagen tridimensional digital obtenida a partir de una cantidad de imágenes planares correspondiendo a proyecciones radiográficas del objeto a diferentes ángulos

[1]. Para cada corte bidimensional del objeto, al que llega una intensidad de haz I_0 , se genera una imagen por transmisión de rayos X de intensidad I . La distribución de intensidad detectada está relacionada con la distribución local de atenuación del haz dentro del objeto $F(i, j)$ por medio de:

$$G(s, \theta) = \log \left[\frac{I}{I_0} \right] = \mathbf{T}_R F(i, j) \quad (1)$$

donde \mathbf{T}_R indica la transformada de Radon, θ es el ángulo de la proyección y s representa la dirección perpendicular al eje óptico del haz. A partir de aquí, el proceso de reconstrucción tomográfica consiste, esencialmente en hallar $F(i, j)$ utilizando métodos de transformada inversa. En la literatura existen variados algoritmos de reconstrucción 3D que pueden ser usados, como por ejemplo, reconstrucción de Fourier, Linogram, Layergram Filtrado. En este trabajo, el método elegido fue el de retroproyección filtrada, con el filtro de Shepp-Logan [1].

3. RESULTADOS

Se utilizaron fantasmas específicos con el objeto de caracterizar la performance de los algoritmos de reconstrucción y procesamiento, identificando estructuras de un mismo material, comparando las dimensiones de los objetos y estudiando la resolución espacial de las imágenes 3D. Se evaluaron las limitaciones geométricas de la reconstrucción, colocando un mismo objeto en diferentes posiciones y orientaciones relativas al eje de rotación. Se estudió el poder de resolución en la escala de grises a partir de las intensidades relativas al medio circundante considerando diferentes materiales y espesores. Además, se consideró la cantidad de proyecciones y filtros utilizados en la reconstrucción como parámetros de calidad. A modo de ejemplo, se muestra a continuación resultados correspondientes a investigaciones sobre la detección y caracterización de osteoporosis de tejido óseo humano, como muestran las figuras 1 y 2.

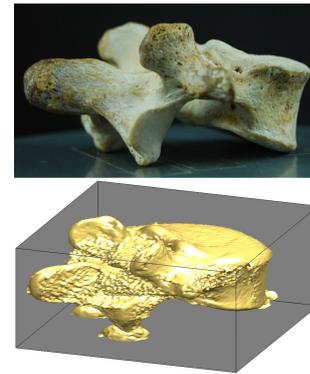


Figura 1: Fotografía (arriba) y reconstrucción 3D (abajo) de una vértebra humana obtenida en el *LIIFAMIR^X*.

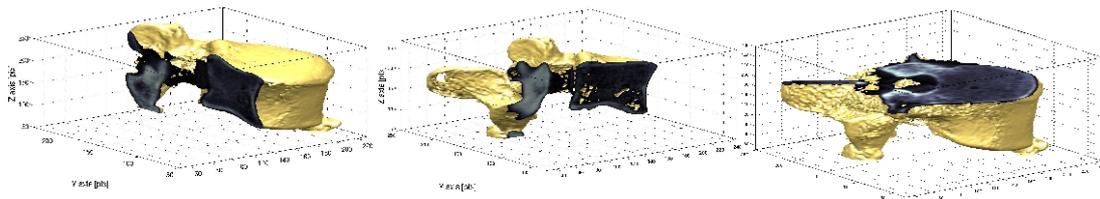


Figura 2: Visualización volumétrica con cortes para acceder a las estructuras internas.

4. CONCLUSIONES

Las reconstrucciones 3D obtenidas demuestran la gran capacidad y potencial del instrumental y sistemas asociados de la línea de tomografía de alta resolución de *LIIFAMIR^X*. Los algoritmos de reconstrucción tomográfica y visualización 3D cumplen satisfactoriamente con el objetivo de obtener la información deseada de la muestra bajo estudio. En las muestras analizadas se comprobó que las dimensiones y proporciones reales de los objetos se conservan, independiente de la orientación y posición relativa al eje de rotación, como así también se reconocen y reconstruyen adecuadamente diferentes materiales de escaso contraste respecto al medio circundante. La formación de artefactos pone en evidencia la importancia de compatibilizar la geometría de irradiación respecto a los métodos de reconstrucción 3D para implementar mecanismos realistas y precisos en condiciones de aplicarse en situaciones prácticas.

Referencias

- [1] T.M. Buzug. *Computed Tomography*. Springer-Verlag, Berlin. 2008.
- [2] C. Quintana, G. Tirao y M. Valente *Image processing techniques to evaluate mammography screening quality*. Brazilian journal of medical physics Vol. 5 (1) pp. 47-52, 2011.



Procesamiento de imágenes en tiempo real, mediante un sistema embebido del tipo ARM. Aplicaciones en rehabilitación visual.

M. M. Raponi[†] C. Delrieux[‡]

[†] *División LIDAR, CEILAP (CITEDEF), Buenos Aires, Argentina*
mraponi@citedef.gob.ar

[‡] *Departamento de Ingeniería Eléctrica y Computadoras, Universidad Nacional del Sur,*
IIIIE (CONICET), Bahía Blanca, Argentina
cad@uns.edu.ar

1. INTRODUCCION

Un gran número de personas padecen disfunciones visuales severas sin llegar a ser completamente ciegos (*baja visión*). La OMS define baja visión como: "pérdida de agudeza visual (AV) y/o campo visual (CV), que incapacita para la realización de tareas de la vida diaria, incluso tras un tratamiento y/o corrección refractiva convencional". Pacientes con reducción severa del CV, presentan una movilidad disminuida (no logran evitar obstáculos o identificar defectos del terreno de manera efectiva). Si la visión periférica está intacta pero la AV se encuentra comprometida, la realización de actividades que necesitan alta agudeza visual (como leer, escribir, coser, etc.) se ven seriamente afectadas. Mediante el empleo de elementos ópticos y sistemas electrónicos (magnificadores de imágenes, circuito cerrado de TV, etc.), es posible brindar un cierto grado rehabilitación visual a estos pacientes. El acceso a dichos dispositivos es generalmente restrictivo debido a su alto costo, y no siempre brindan un beneficio sustancial al paciente. En general, sólo compensan una de las deficiencias y no se adaptan a la evolución temporal de la patología. En este trabajo se presenta el desarrollo de un dispositivo de rehabilitación visual, capaz de mejorar la calidad de vida de personas con disfunciones visuales severas. El sistema es reconfigurable, portátil y de bajo costo, capaz de adquirir y procesar imágenes en tiempo real, efectuar un realce selectivo de la información visual y mapear dicha información en un patrón de estimulación apropiado. El software se basa en plataformas libres (open-source) y está lo suficientemente modularizado como para permitir una rápida adaptación a nuevos dispositivos embebidos o librerías, y un efectivo rediseño ajustando la plataforma a la evolución de la patología del paciente.

2. MÉTODOS

2.1. Implementación hardware

La plataforma desarrollada consta de tres componentes: un módulo de adquisición de señales de video, un módulo de procesamiento basado en tecnología ARM (Advanced RISC Machines) y un módulo de visualización. La adquisición se efectúa mediante una mini-cámara (Logitech Pro-9000) de resolución espacial 1600x1200 píxeles y foco ajustable, que se conecta a la unidad de control mediante un puerto USB 2.0. El dispositivo de salida consiste en unos videolentes (video eyewear EVG920V) que poseen dos displays LCD TFT gráficos de 640x480 píxeles (VGA) mediante los cuales se generan imágenes virtuales de aproximadamente 80" a 2 m de distancia. Ellos aceptan señales de video compuesto (NTSC/PAL/SECAM), consumen menos de 1.1 W y su batería dura unas 4 horas de uso. El corazón del sistema es una placa de desarrollo BeagleBoard (rev. C4) que posee un núcleo de procesamiento ARM® Cortex™ A8 con frecuencia de trabajo de 600 MHz, 256 Mb de RAM, un DSP C64x+ y un acelerador gráfico. La placa tiene conectividad con periféricos (teclado y mouse USB), webcam, LCD, memorias SD, etc.

2.2. Arquitectura de la solución de software

La adquisición, el procesamiento y la visualización de las imágenes, involucra elementos del stack completo de software: un sistema operativo, drivers de kernel, librerías gráficas de bajo nivel, toolkits gráficos y herramientas del user space. Se optó por el sistema operativo embebido Ångstrom v2.6.32 y la adquisición de imágenes se realizó a través de los drivers de V4L2, que son llamados desde la librería highgui de OpenCV (Open Source Computer Vision), la cual está especialmente diseñada para aplicaciones de visión artificial, es de código abierto, multiplataforma y en continua evolución [1]. V4L es una interfaz de kernel para video captura y drivers de salida. Dentro de las principales características del software podemos mencionar: a) *reconfigurabilidad*: se adapta al paciente y al estadio de su enfermedad, b) *versatilidad* (multifunción), c) *simplicidad* (fácil de manejar, control simple), d) *conectividad*: videolentes, monitor PC, televisor, e) *zoom digital ajustable y autofocus*, f) *visión aumentada*, g) *OCR+TTS*: reconocimiento

de caracteres y conversión de texto a sonido (speech). Los resultados obtenidos en los primeros test de la plataforma, demuestran que es posible adquirir video de alta calidad, procesar digitalmente dicha información y visualizar los resultados en tiempo real [2].

2.3. Algoritmos desarrollados

Se implementaron una serie de algoritmos, algunos de los cuales describiremos a continuación, de manera muy breve. Autofoco: consiste en determinar un operador F que da una idea del grado de enfoque actual de la cámara:

$$F = \frac{\sum |S(I)|}{n} \quad (1)$$

Donde S es un filtro Sobel de dimensión 3x3 que se aplica sobre cada frame de la señal de video (matriz I). Luego se calcula el valor promedio de la imagen filtrada, siendo n la cantidad de píxeles. El valor obtenido (F) se relaciona con la presencia de altas frecuencias espaciales: cuanto más enfocada se encuentra la imagen, mayor es el valor de F. La webcam permite que el usuario administre su enfoque a través del envío de números entre 0 y 255.

Binarización: consta de 3 etapas: *difuminado*, para reducir los efectos de la compresión jpg que genera artefactos de blocking móviles, *umbralizado adaptativo* y *erosión*, para acentuar las divisiones entre las características resaltadas.

OCR+TTS: consiste en el reconocimiento de textos y su traducción a un archivo para luego ser leído por medio de un engine de *Text to Speech* (Festival). Como preprocesamiento se aplica el *algoritmo de Sauvola* [3] cuyo umbral de binarización $t(x,y)$ se calcula a partir de la media $\mu(x,y)$ y la desviación standard $\sigma(x,y)$ de las intensidades de los píxeles en una ventana W_{xy} , centrada alrededor del pixel con coordenadas x,y:

$$t(x, y) = \mu(x, y) \left[1 + k \left(\frac{\sigma(x, y)}{R} \right) - 1 \right] \quad (2)$$

donde R es el valor máximo de la desviación standard (R=128, para imágenes de 8 bits) y k es un parámetro que toma valores positivos. El algoritmo es muy resistente a las perturbaciones locales, como los efectos de ringing y blocking.

Detección de bordes: la interfaz permite el filtrado espacial mediante diferentes filtros: Sobel, Canny, Laplaciano, etc., para resaltar los bordes de los objetos en las escenas visuales.

Visión aumentada: proporciona a individuos con visión túnel, la información necesaria acerca de objetos ubicados en su periferia (fuera del campo visual del paciente, el cual varía según el estadio de la enfermedad), permitiendo mejorar la movilidad de los mismos, sin comprometer la visión central residual. Cada frame está conformado por la imagen original ampliada (zoom) y los bordes de los objetos (en segundo plano) de la escena original, brindando información vital del campo visual más amplio (con menor resolución o detalle, pero suficiente para la navegación).



Figura 1: Modo de visualización configurado para visión aumentada

3. RESULTADOS

Se realizaron experiencias preliminares con un paciente con baja visión (que padece cataratas congénitas desde su nacimiento) y se obtuvieron resultados más que satisfactorios que brindaron información vital para futuros rediseños.

4. CONCLUSIONES

Se presentó el diseño y desarrollo de un sistema de rehabilitación visual, que permite la adquisición, procesamiento y visualización de imágenes digitales en tiempo real.

Referencias

- [1] G. Bradski y A. Kaebler. *Learning OpenCV*. Ed. O'Reilly Media Inc., 2008.
- [2] Marcelo Raponi y Rodolfo Bonnin. *Dispositivo de rehabilitación visual basado en sistemas embebidos del tipo ARM*. Congreso Argentino de Sistemas Embebidos, CASE. UTN-FRBA, Argentina, 85-88, 2011.
- [3] J. Sauvola y M. Pietikäinen. *Adaptive document image binarization*. Pattern Recognition, 33 (2), 225-36, 2000.

Estimación del Índice de Vegetación en Imágenes Multiespectrales de Plantaciones de Olivos

N. V. Revollo^{1,2} F. Roberti³ C. Soria³ R. Carelli³

1 Instituto Argentino de Oceanografía. CONICET, Bahía Blanca, Argentina

2 Dpto. de Ing. Eléctrica y de Computadoras UNS-CONICET, Bahía Blanca Argentina

*3 Instituto de Automática, Fac. de Ingeniería, Universidad Nacional de San Juan, San Juan, Argentina
nrevollo@criba.edu.ar*

1. INTRODUCCION

El procesamiento de imágenes multiespectrales permite estudiar diferentes procesos relacionados con el medio ambiente, como es el caso de la concentración de la vegetación en la superficie terrestre [1, 2, 3]. El índice de vegetación de diferencia normalizada NDVI es utilizado para estimar la cantidad y calidad de la vegetación sana en base a la medición de los valores de intensidad de algunas bandas del espectro electromagnético que la vegetación emite o refleja. En este trabajo se propone la estimación del NDVI en imágenes multiespectrales obtenidas de cámaras de bajo costo. En particular, se analizan imágenes de plantaciones de olivos en diferentes estados de salud. La estimación del índice de vegetación permitirá determinar la salud de los olivos, característica que no es visible a partir de técnicas de procesamiento en imágenes convencionales.

2. MÉTODOS

2.1. Rectificación de Datos

La adquisición de datos se realiza a través del dispositivo Kinect de Microsoft. Este consta de una cámara RGB y un sensor de profundidad que consiste en un proyector de láser infrarrojo combinado con un sensor CMOS monocromático (Fig.1 a.). En este trabajo se utilizan imágenes RGB e IR (Fig.1. b., c.). La posición del sensor RGB y el monocromático ocasiona un desplazamiento de las coordenadas bidimensionales entre las imágenes RGB e IR. Por ello es necesario aplicar una transformación proyectiva bidimensional. El algoritmo para calcular la matriz de proyección requiere de la correspondencia entre cuatro puntos de control en la imagen RGB y cuatro puntos en la imagen IR. A partir de ellos se resuelve la matriz de proyección y se rectifica la imagen IR para lograr la superposición de ambas.



Figura 1. a) Cámara Kinect. b) Imagen RGB. c) Imagen IR. d) Imagen Pseudo-coloreada.

2.2. Índice de vegetación de diferencia normalizada

Con el motivo de observar la radiación del infrarrojo cercano sobre la vegetación se crea una imagen pseudo-coloreada resultante de la combinación de las bandas RG e IR. En esta imagen el canal del infrarrojo cercano IR es asignado al canal R_1 de una nueva imagen $R_1G_1B_1$. Luego R es asignado al canal G_1 y G al canal B_1 (Fig. 1. d.).

El índice de vegetación ha sido creado para cuantificar la salud de la vegetación en imágenes. El más usado es el índice de vegetación de diferencia normalizada: $NVDI = (IR - R) / (IR + R)$, en donde las variables R e IR están definidas por las medidas de reflexión espectral adquiridas en las regiones del rojo e infrarrojo cercano, respectivamente. Estas reflexiones espectrales son la razón entre la radiación reflejada sobre la entrante en cada banda espectral individual. Por ello los valores varían en un rango de 0 a 1. Como consecuencia de lo anterior, el NDVI varía entre -1,0 y +1,0. El límite inferior es señal de que no existe vegetación, mientras que el límite superior indica vegetación alta. En la Figura 2. a. se puede observar las curvas de salud de la vegetación donde los valores menores a 0,4 indican actividad foliar baja mientras que los valores mayores a 0,4 corresponden a niveles activos. El NDVI permitirá determinar si existen diferencias en las imágenes de árboles captadas como pruebas, lo cual no es visible en el espectro RGB o IR en forma cualitativa. La Figura 2. b. indica la variación que existe en el índice NDVI para cada pixel. Luego para evaluar en

detalle los NDVI obtenidos se selecciona el área que contiene la copa de la plantación a estudiar.

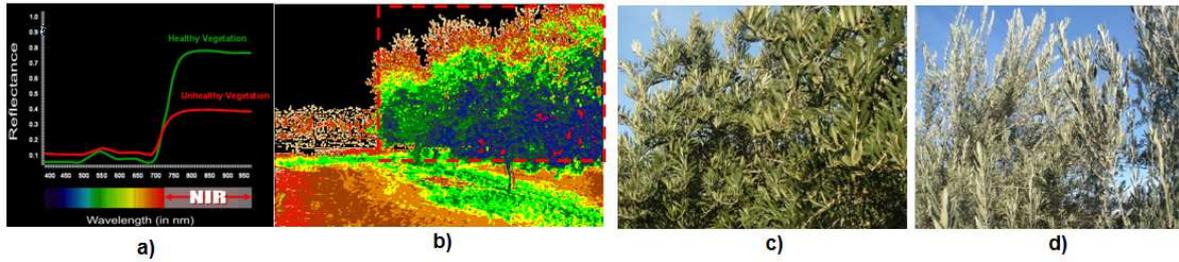


Figura 2. a) Curva espectral. b) NDVI. c) Imagen de olivo saludable. d) Imagen de olivo no saludable.

3. RESULTADOS Y DISCUSION

Para verificar los resultados obtenidos, la metodología se aplica a imágenes de árboles de olivos en distintas condiciones de salud, en la Figura 2. c. se puede observar un árbol en mejores condiciones de salud respecto a 2. d.

La imagen clasificada por niveles de NDVI se muestra en la Figura 3. En a. se aprecia la variación de este índice entre cero y uno sobre las hojas del árbol. Luego se clasifica como saludables aquellas hojas que se encuentran con un índice de vegetación por encima de 0,4 y como hojas no saludables las que se encuentran por debajo de estos valores.

En la Figura 3. b. sobre la izquierda, correspondiente al olivo no saludable, se observa que el 54 % son hojas saludables, mientras que el 46% restante son hojas no saludables. De la porción de datos saludables sobre el total de la información, el 38% se encuentra en el rango NDVI de [0,4- 0,6), el 16% entre [0,6-0,8) y los valores menores al 1% en el rango de [0,8-1). En los datos de hojas no saludables, el 6% se encuentra en el intervalo [0-0,2) y el 40% en el [0,2- 0,4) respectivamente.

En el ejemplo de la Figura 3. b. sobre la derecha, correspondiente al olivo saludable, se puede apreciar que el 84% de las hojas son saludables y el 16 % no saludables, lo que indica una variación respecto al ejemplo considerado previamente. De los valores que representan hojas saludables el 16% se encuentra en el intervalo de [0,4-0,6), el 24% en [0,6-0,7), el 29% en [0,7-0,8), el 15 % en [0,8-0,9) y por último el 1% representa valores en el intervalo mayor que 0.9. Dentro de los datos de hojas no saludables el 6% se encuentra en el intervalo [0,1-0,2) y el 10% en [0,2- 0,4). La comparación de los valores NDVI de ambas imágenes indica correctamente una mayor área saludable en el segundo caso. Esto demuestra la utilidad de la información del canal infrarrojo de imágenes multiespectrales para evaluar la salud de plantas en este tipo de clasificación.

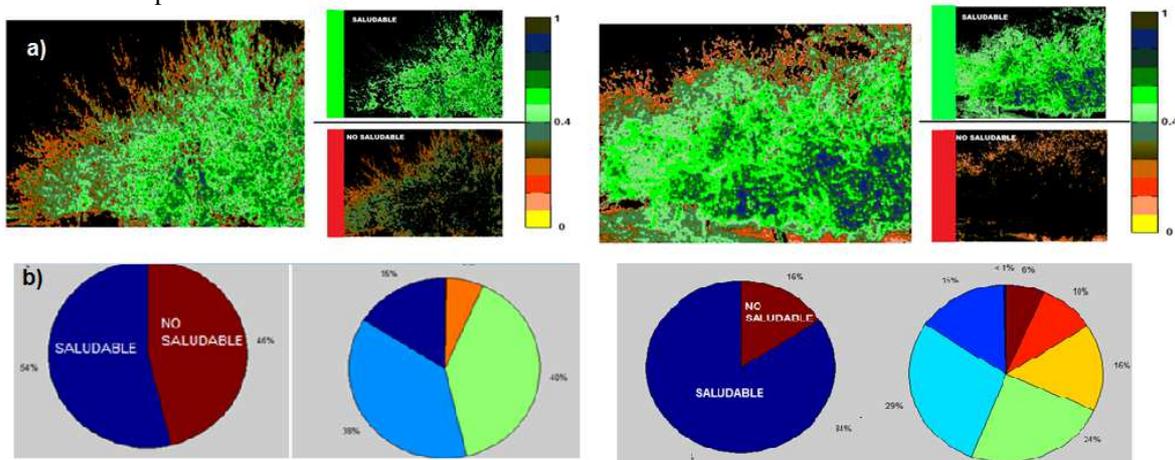


Figura 3. a) NDVI olivo saludable vs. No saludable. b) Porcentaje NDVI.

4. CONCLUSIONES

El procesamiento de imágenes multiespectrales es una técnica usada para la extracción de información de diferentes fenómenos naturales. En este trabajo se obtuvo el índice de vegetación normalizado de plantas de olivo que fueron captadas con cámaras de bajo costo, más precisamente a partir de la cámara Kinect creada para ser usada en video juegos y aplicada a algunos proyectos de procesamiento de imágenes. La metodología empleada fusiona los datos de la imagen RGB y la imagen IR con lo que se obtiene la matriz de índices de vegetación, cuyos valores varían entre [-1,1]. Los resultados obtenidos demuestran que adicionando información de la banda del infrarrojo cercano y la aplicación de técnicas de procesamiento de imágenes es posible clasificar plantas saludables y no saludables de acuerdo al NDVI.

Referencias

[1] Jorge Lira Chávez . *Tratamiento Digital de Imágenes Multiespectrales*. Instituto de Geofísica, UNAM, 2010.
 [2] Crippen, R.E. *Calculating the vegetation index faster*. *Sensing of Environment*, 34, 71-73, 1990.
 [3] Myneni, R. B., F. G. Hall, P.J. Sellers, and A.L. Marshak. *The interpretation of spectral vegetation indexes*. *IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing*, 33, 481-486, 1995.



Clasificación y Extracción de Características en Imágenes de Playa

N. V. Revollo^{1,2,3} G. N. Revollo¹ C. Delrieux² G. M. Perillo^{1,4}

1 Instituto Argentino de Oceanografía. CONICET, Bahía Blanca

2 Dpto. de Ing. Eléctrica y de Computadoras UNS-CONICET, Bahía Blanca Argentina

3 Facultad de Ingeniería UNJU, Jujuy Argentina

4 Departamento de Geología UNS, Bahía Blanca Argentina

nrevollo@criba.edu.ar

1. INTRODUCCION

Las playas presentan cambios morfológicos constantes debido a factores ambientales como olas, mareas y vientos. Eventos extremos excepcionales pueden producir grandes modificaciones en periodos cortos de tiempo. En este trabajo se propone la identificación y medición de las zonas que conforman la playa empleando técnicas y métodos basados en visión por computadora. Se utiliza un proceso de clasificación híbrido combinando algoritmos supervisado y no supervisado.

2. MÉTODOS

2.1. Pre-segmentación

Para mejorar la segmentación de imágenes de zonas de playas se implementa un método híbrido entre el Mean Shift y Clasificación por Distancia con el objetivo de disminuir la dispersión entre las clases. El proceso de clasificación con el método Mean Shift se aplica sobre la imagen media rectificada, donde se selecciona el área de interés en que se encuentran las zonas de la playa. El algoritmo se usa para encontrar las principales modas en el histograma y luego concentrar los valores de intensidad de la imagen a estas modas [1]. Luego se selecciona un grupo de píxeles prototipos por cada zona de la playa que son las clases.

2.2. Clasificación de Zonas

La clasificación por mínima distancia consiste en la determinación de las medias de cada clase, en este caso el prototipo centroide, definido previamente [2]. Luego la asignación de cada valor a la clase se realiza considerando la menor distancia. Claramente, el comportamiento del algoritmo está condicionado por la elección de las regiones prototipos: cuanto mayor sea la separación cromática de estas regiones, mayor será la probabilidad de asignar cada píxel a su correspondiente clase.

2.3. Extracción de Características

La extracción de características es realizada sobre imágenes segmentadas en las cuales el o los objetos estén bien definidos. Medir zonas de playa consiste en determinar el porcentaje de área de la imagen que ocupa cada una. Conociendo la relación metros por píxel es posible traducir esos porcentajes a valores reales en la superficie terrestre. La medición de la superficie de cada zona de la playa requiere una segmentación en la cual solo se identifique un objeto por zona. Por ello luego del proceso de clasificación por distancia mínima, la imagen resultante es descompuesta en distintas imágenes, una por cada uno de los grupos. El objetivo de esta descomposición es la eliminación de pequeñas zonas espurias para lograr una única región por clase.

El área de cada clase es el porcentaje que representan sus elementos en la imagen completa. La aproximación más simple de este porcentaje está dada por el número de píxeles que representan cada zona. Como ocurre en la determinación de perímetro, la aproximación simple carece de precisión en contornos curvos. Por este motivo, resulta útil la representación de contornos mediante códigos de cadena a partir de los cuales el cálculo de área se realiza con algoritmos de integración numérica.

3. RESULTADOS Y DISCUSION

El proceso de clasificación con el método Mean Shift se aplica sobre la imagen media rectificada, donde se selecciona el área de interés en que se encuentran las zonas de la playa. El algoritmo se usa para encontrar las principales modas en el histograma y luego concentrar los valores de intensidad de la imagen a estas modas (Fig. 1.). Es importante notar

que aunque se verifica una reducción de la dispersión, en esta etapa se realiza sólo una pre-segmentación de las zonas, las cuales son visualmente más distinguibles. El algoritmo de clasificación mínima está condicionado por la elección de las regiones prototipos: cuanto mayor sea la separación cromática de estas regiones, mayor será la probabilidad de asignar cada pixel a su correspondiente clase. Como ejemplo se muestra en la Figura 2. la clasificación por distancia mínima euclídea para diferentes estados de la playa. Luego se aplica el algoritmo de extracción de bordes con lo que se elimina zonas espurias de acuerdo al tamaño. La medición del área de cada zona se realiza sobre las imágenes filtradas Tabla 1. La verificación de los resultados se realiza mediante la superposición de las zonas clasificadas sobre la imagen real (Fig. 3).

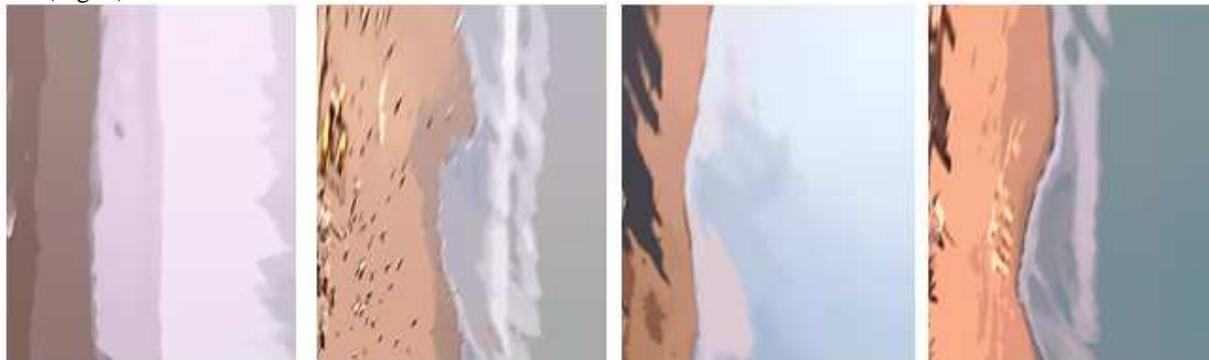


Figura 1. Algoritmo MeanShift. La diferencia entre las zonas es visualmente más distinguible.

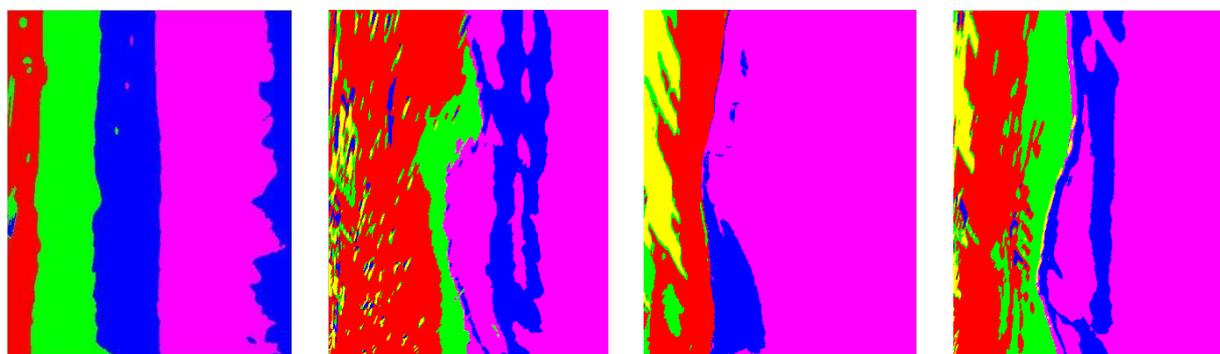


Figura 2. Clasificación de zonas de playa por el Método de Distancia Mínima.

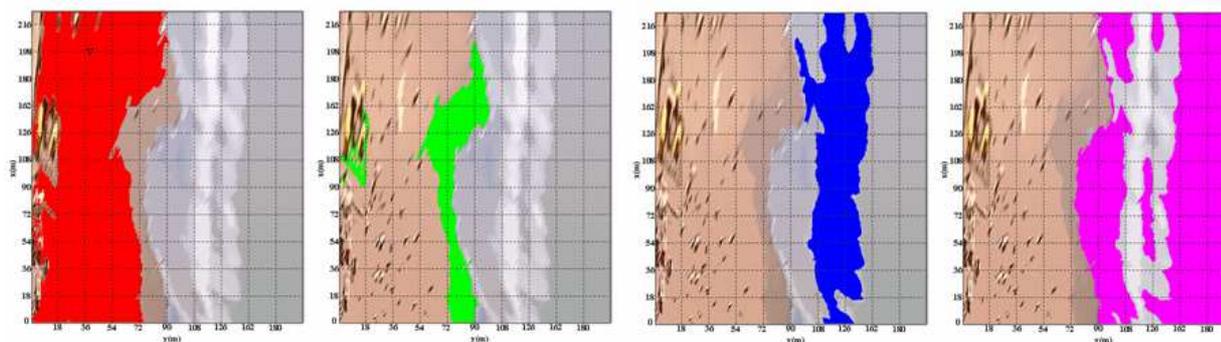


Figura 3. Clasificación de áreas con el método híbrido propuesto etiquetadas automáticamente.

| Zona 1 (rojo) | Zona 2 (verde) | Zona 3 (azul) | Zona 4 (magenta) |
|----------------------|---------------------|---------------------|----------------------|
| 14984 m ² | 3512 m ² | 6579 m ² | 15742 m ² |

Tabla 1. Medición de áreas de la Figura 3.

4. CONCLUSIONES

La clasificación de imágenes de playa empleando un método híbrido permite distinguir y estimar el área de las diferentes zonas. En este trabajo se obtuvo la segmentación y valor del área de las zonas de la playa bajo diferentes condiciones climatológicas.

Referencias

- [1] Y. Cheng and K.S. Fu. *Conceptual clustering in knowledge organization*. IEEE Trans. Puttern Analysis and Machine Intelligence, vol. 7, pp. 592-598, 1985.
- [2] Girard, C. M. and Girard, M. C. (1999). *Processing of Remote Sensing Data*. Dunod, Paris.
- [3] N. Revollo, C. Delrieux G.M. E. Perillo "Software de Visión por Computador en Sistemas de Monitoreo Ambiental". WICC 2012.



Algoritmo de Detección de Regiones Hiperintensas en Imágenes de Resonancia Magnética

Florencia Rodrigo[†] Maximiliano Filipuzzi[†] Juan Pablo Graffigna[†] Roberto Isoardi[‡] Maximiliano Noceti[‡]

[†]*Gabinete de Tecnología Médica, Facultad de Ingeniería, Universidad Nacional de San Juan*
lfor_86@hotmail.com maximi_f88@hotmail.com jgraffig@gateme.unsj.edu.ar

[‡]*Fundación Escuela de Medicina Nuclear (FUESMEN), Mendoza*
roberto@fuesmen.edu.ar maxinoceti@hotmail.com

1. INTRODUCCION

Numerosas patologías se manifiestan frecuentemente en Imágenes de Resonancia Magnética (IRM) como regiones hiperintensas con respecto al tejido normal [1]. Por tal motivo se destaca la necesidad de desarrollar un algoritmo que permita detectar, delimitar y definir aquellas Regiones de Interés (ROI), al analizar estudios de Resonancia Magnética (RM), particularmente para las lesiones de Esclerosis Múltiple (EM). Por esta razón, el objetivo del presente trabajo fue analizar aquellos parámetros que permitan realizar la segmentación óptima de las zonas de interés.

Para establecer qué son regiones hiperintensas se empleó una Base de Datos (BD), desarrollada por los autores, con estudios de pacientes diagnosticados con EM. Esta patología se basa en la desmielinización de los axones y se manifiesta en IRM mediante placas hiperintensas en las secuencias PD, T2 y FLAIR.

De esta manera, con más de 4300 regiones hiperintensas validadas por un especialista, se desarrolló un algoritmo que permita detectar las mismas, de la manera más aproximada al proceso realizado por el médico. Junto a estas regiones de lesión hiperintensas, también se detectan regiones de hueso, por ejemplo, que también se expresan con altos niveles de gris. Esto permitirá, posteriormente, detectar ROIs con los mismos niveles de intensidad en nuevos estudios, y mediante técnicas de minería de datos y algoritmos inteligentes, realizar un procedimiento de clasificación de hiperintensidades.

2. MÉTODOS

2.1. Base de Datos

La Base de Datos se encuentra constituida por 100 estudios de 68 pacientes con diagnóstico de EM, de un equipo de RM de 0,5T. Estos estudios presentan múltiples secuencias, dentro de las cuales, en la serie Axial FLAIR se ha llevado a cabo un proceso de delimitación de regiones de lesión. Este arduo proceso fue realizado por un médico especialista en neuroimagen, el cual indicaba 2 puntos por cada lesión: el primero en el centro y el segundo en la periferia. Esto permitió, posteriormente, delimitar las ROIs mediante crecimiento de región por punto semilla, hasta el nivel de gris del punto frontera. Las marcas se registraron en una capa superpuesta (OVERLAY) bajo las normas DICOM y todas fueron validadas por el mismo médico especialista.

2.2. Detección automática de regiones hiperintensas

Una vez delimitadas las regiones de lesión, se estableció la necesidad de desarrollar un sistema de detección automática de regiones, del mismo nivel de hiperintensidad, el cual puede ser utilizado, por ejemplo, en sistemas de diagnóstico asistido por computadora.

Para ello fue necesario solucionar 2 problemas determinados: la ubicación de los puntos semillas de crecimiento y el rango de crecimiento de estas semillas.

Para determinar las regiones de hiperintensidad (puntos semilla) se realiza una binarización por umbral dinámico, según el resultado de la Ecuación 1, donde P1 es una constante.

$$\text{Umbral de Deteccion} = \frac{\text{Mediana}^2}{\text{Media}} * P1 \quad (1)$$

La media de la imagen se modifica al haber mayor o menor cantidad de muestras extremas (hiperintensidades), mientras que la mediana varía en menor medida ante la presencia de las mismas. Mientras mayor cantidad de hiperintensidades haya en la imagen, mayor será la media y por tanto el umbral de detección será menor para poder detectar a cada una de las mismas. El resultado de esta primera binarización es una imagen en blanco y negro, donde las regiones blancas corresponden a las zonas hiperintensas de la imagen original. Para realizar el crecimiento se utiliza el centroide de estas regiones como puntos semillas para realizar un crecimiento, sobre una imagen umbralizada, a un nivel de gris determinado por la Ecuación 2, donde P2 es una constante.

Esta ecuación responde a la premisa de que las regiones hiperintensas en ocasiones no presentan un contraste muy marcado con regiones en su frontera que también son brillantes, por ello mientras más brillo posea la imagen, el nivel de gris de umbralización deberá ser mayor para conseguir que las ROIs estén bien definidas.

$$\text{Umbral de Crecimiento} = \frac{\text{Media}^2}{\text{Mediana}} * P2 \quad (2)$$

Para definir el valor de las constantes P1 y P2, que limitan los puntos semilla y rangos de crecimiento, se utilizaron los estudios marcados de la Base de Datos. Para ello se realizó un barrido de los 2 parámetros mientras se hacía una superposición de las regiones marcadas automáticamente y las marcadas por el médico.

La superposición se analizó mediante la función XOR (u or-exclusiva) que da por resultado 1 cuando los valores en ambas imágenes umbralizadas son distintos. Por lo tanto, las zonas de lesión marcadas por el médico que se superponen a regiones marcadas automáticamente, se suprimen, obteniendo como resultado el valor cero. Es decir, que únicamente se obtendrá un “valor blanco o 1” a la salida cuando las regiones marcadas automáticamente no correspondan con las marcadas en la Base de Datos, debido a un crecimiento pobre, a un crecimiento desmesurado, o a que no se correspondan con marcas de lesión.

Esto permite definir si las regiones marcadas automáticamente son más pequeñas o más grandes que las de la Base de Datos, y de esta manera, esperar un mínimo de área resultante a la salida del XOR cuando las regiones sean lo más parecidas posibles.

3. RESULTADOS

El método planteado se utilizó para realizar el barrido en el espacio parámetro (P1, P2) como resultado final del área a la salida de la función XOR y se obtuvo el resultado mostrado en la Figura 1. El barrido se realizó sobre 20 estudios con un total de 360 imágenes. Puede verse como el área aumenta a medida que aumenta el parámetro de crecimiento debido a áreas más disímiles con respecto a las de la Base de Datos. A su vez, en el otro sentido, si se disminuye la cantidad de puntos semilla, la cantidad de ROIs detectadas será cada vez menor, por lo que el área de la salida disminuye, evidenciando malos resultados.

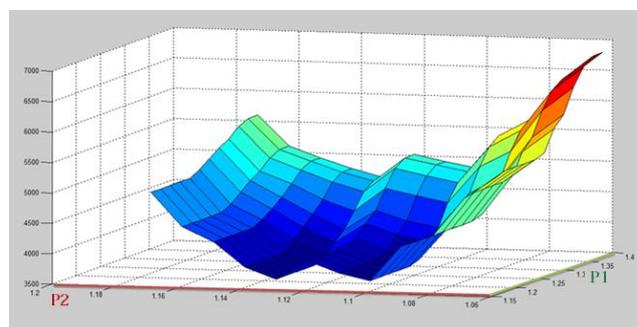


Figura 1 – Mínimo global P2=1,13 y P1=1,22.

Como puede observarse, se han manifestado dos mínimos locales, donde uno de ellos corresponde al mínimo global. Debido a lo mencionado con respecto a los puntos semilla, se adjudicó como mejor zona a aquella de quiebre, en la que a partir del mínimo global, comienza a incrementarse el resultado de área. Esto se debe a que todas las áreas de lesión son indicadas por un punto semilla y el crecimiento de las mismas se condice. Los valores correspondientes a esta zona fueron luego empleados en el detector con excelentes resultados de marcación de regiones hiperintensas (ver Figura 2).

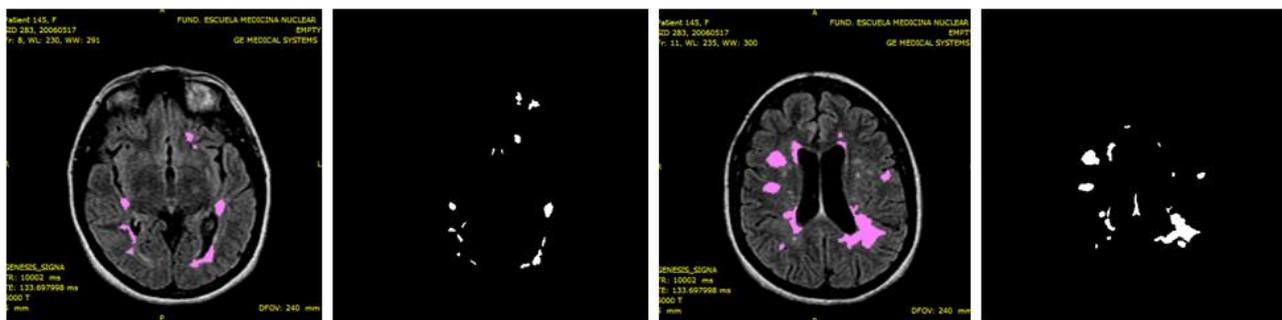


Figura 2 – Marcas del especialista y a su derecha marcas del algoritmo de detección de regiones hiperintensas.

4. CONCLUSIONES

La detección de regiones hiperintensas en estudios de RM es de gran interés diagnóstico en la práctica clínica diaria. Este proceso de segmentación es la base de algoritmos de interpretación complejos [2]. Mediante sistemas que permitan delimitar estas zonas, de manera similar a un médico especialista o manteniendo parámetros semejantes, es posible diagnosticar estas zonas hiperintensas mediante sistemas especializados u obtener características de estas regiones. Mediante este trabajo se presenta un algoritmo que detecta adecuadamente las regiones hiperintensas de EM como etapa previa a la clasificación de lesiones.

Referencias

- [1] Marriott JJ, Miyasaki JM. *Therapeutics and Technology Assessment Subcommittee of the American Academy of Neurology*. American Academy of Neurology, USA, 2010.
- [2] Fenton JJ, Taplin SH, Carney PA, Abraham L. *Influence of computer-aided detection on performance of screening mammography*. N Engl J Med, 2007.



Herramienta de Software para el Diagnóstico de Estudios Radiológicos Digitales del Raquis bajo Norma DICOM

Santini, Fernando Oscar [†] Santini, Carlos Ariel [†]

[†] Universidad Nacional de Entre Ríos – Facultad de Ingeniería – Bioingeniería

1. INTRODUCCION

La deformidad del raquis es un problema frecuente en la práctica clínica, es una enfermedad potencialmente progresiva que afecta a los niños durante los periodos de crecimiento rápido y en la mayoría de los casos se estabiliza con la madurez esquelética dejando a la persona con una deformidad permanente. La detección temprana de esta patología es esencial a fin de disminuir la necesidad del tratamiento quirúrgico [1].

El método recomendado por la Scoliosis Research Society para el diagnóstico de escoliosis, es la medición del ángulo de Cobb [2].

Mediante radiografía digital bajo Norma DICOM y aplicando la transformada de Hough, la cual es una técnica utilizada para aislar características de forma particular dentro de una imagen [3], se desarrolló una herramienta de software que permite medir de manera semi-automática el ángulo de Cobb con el objetivo de aumentar la confiabilidad y eficiencia del diagnóstico, otorgándole mayor objetividad al mismo.

2. MATERIALES Y METODOLOGÍA

2.1. Materiales

Se trabajó con una base de datos de 45 imágenes que representan a 45 bordes vertebrales de 15 radiografías digitales bajo Norma DICOM, en proyección antero-posterior obtenidas de dos digitalizadores de distinta marca (Philips y Kodak). De cada radiografía, se seleccionó de manera aleatoria 3 bordes vertebrales a diferentes alturas del raquis obteniendo un total de 45 imágenes (bordes vertebrales) denominadas Imágenes de Prueba (Fig. 1).

Se trabajó con 6 Imágenes de Test para realizar la validación del algoritmo seleccionado.

Se utilizó como herramienta de trabajo el software MATLAB 7.10.

2.2. Metodología

2.2.1. Procesamiento de Imágenes

A cada una de las 45 imágenes de prueba se le aplicó un pre-procesamiento basado en eliminación de ruido. Luego se analizaron 5 métodos: Tres métodos de Detección de Bordes (Prewitt, Canny y LoG), y dos métodos de Umbralización del Histograma (Otsu y un método propuesto por los autores del trabajo). Cada uno de los 5 métodos fue implementado bajo una amplia variación de parámetros, obteniendo un total de 171.180 imágenes procesadas.

2.2.2. Transformada de Hough

A cada una de las 171.180 imágenes resultantes, se le aplicó un algoritmo que utiliza a la transformada de Hough [4] para determinar las rectas representativas de los bordes vertebrales (Fig. 2).

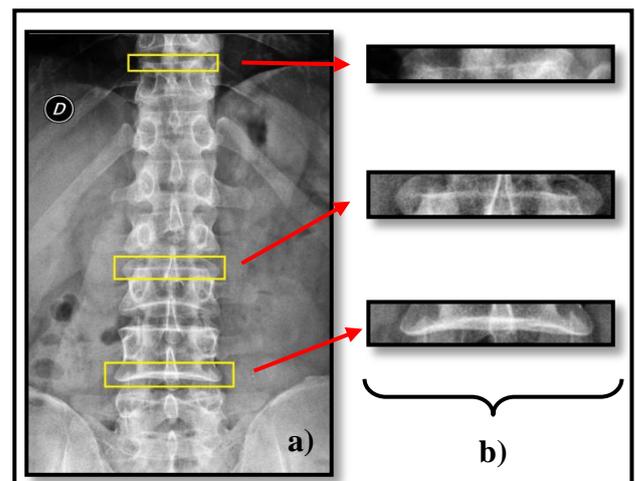


Figura 1: a) Radiografía Digital. b) Imágenes de Prueba.

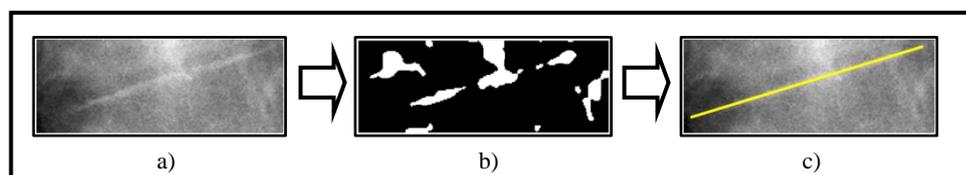


Figura 2: a) Imagen de Prueba. b) Imagen Procesada. c) Recta obtenida luego de la transformada de Hough

2.2.3. Calificación de los Métodos

Las 171.180 rectas resultantes fueron analizadas y contrastadas con rectas trazadas sobre las 45 imágenes de prueba por un Médico Especialista en Traumatología y Ortopedia Especializado en Columna Vertebral (rectas de referencia). De la comparación entre el ángulo de cada recta resultante y el de la recta de referencia correspondiente, se asignó un valor numérico para representar de manera objetiva el desempeño de cada recta.

Para la selección del mejor algoritmo, se desarrollo un sistema de calificación para cada uno de los 5 métodos analizados.

2.2.4. Validación del Algoritmo

Para la validación del mejor algoritmo propuesto, se trabajó con 6 Imágenes de Test (seleccionadas de a pares sobre 3 radiografías). Sobre estas mismas, se comparó las mediciones realizadas mediante la aplicación del algoritmo seleccionado con las mediciones realizadas por dos examinadores en forma manual. Las mediciones de los examinadores fueron el resultado del promedio de dos mediciones consecutivas sobre una misma imagen de Test, mientras que las mediciones realizadas mediante la aplicación del algoritmo seleccionado sobre una misma Imagen de Test devuelven el mismo resultado.

3. RESULTADOS

El algoritmo que tuvo mejor desempeño fue aquel propuesto por los autores del trabajo y consecuentemente el que se utilizó para realizar la validación.

En la Tabla 1 pueden observarse las diferencias medias entre el método semi-automático (que utiliza el algoritmo seleccionado) y cada examinador sobre cada radiografía de Test. Se puede observar que en ningún caso la diferencia media con cada examinador superó los 5 grados y que a su vez el promedio de las diferencias medias fue de 2,83 grados.

Se diseñó una interfaz gráfica a través de la cual el usuario puede implementar el método semi-automático para la medición del ángulo de Cobb (Fig. 3). Consiste en seleccionar manualmente los 2 bordes vertebrales necesarios para realizar la medición y luego el trazado de las rectas y el cálculo del ángulo de Cobb es realizado de forma automática por el software.

Tabla 1: Diferencias Medias entre el Método Semi-Automático y los Examinadores

| Radiografía N° | Diferencia media con | | Media |
|----------------|----------------------|-----|-------|
| | Examinador | | |
| | 1 | 2 | |
| 1 | 0,5 | 0,5 | 0,5 |
| 2 | 3,5 | 3,5 | 3,5 |
| 3 | 4,5 | 4,5 | 4,5 |
| Promedio | | | 2,83 |

4. CONCLUSIONES

- Los resultados obtenidos de la aplicación del algoritmo definitivo estuvieron dentro de los valores de tolerancia aceptados por la Scoliosis Research Society.
- Se diseñó una herramienta de software útil para el diagnóstico de escoliosis.
- El software introdujo el concepto de medición objetiva.

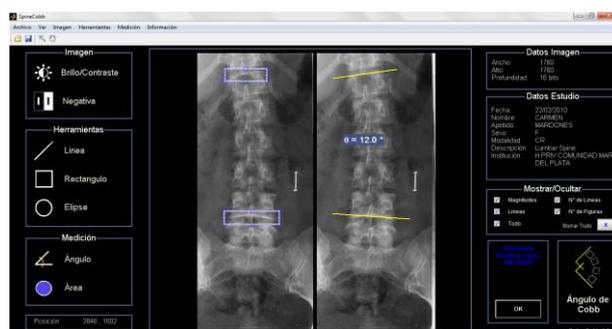


Figura 3: Interfaz del Software a través de la cual el algoritmo seleccionado puede ser implementado.

Referencias

- [1] VALLEJOS MEANA, Néstor et al. Detección precoz de la Escoliosis. *Arch. argent. pediatr.* [online]. 2005, vol.103, n.4, pp. 367-370. ISSN 1668-3501.
- [2] Morrissy RT, Goldsmith GS, Hall EC, Kehl D, Cowie GH: Measurement of the Cobb angle on radiographs of patients who have scoliosis. Evaluation of intrinsic error. *J Bone Joint Surg Am* 72:320–327, 1990
- [3] Biosignal and Biomedical Image Processing – MATLAB-Based Applications. John L. Semmlow, Robert Wood Johnson Medical School New Brunswick, New Jersey, U.S.A. ISBN: 0–8247–4803–4.
- [4] Juan Pablo Urrea Duque, Emanuel Ospina Piedrahíta – “Implementación de la transformada rápida de Hough para la detección de líneas para un sistema de visión de bajo nivel” – Universidad Nacional de Colombia – Facultad de Ingeniería y Arquitectura –Dep. de Ing. Eléctrica, Electrónica y Computación - 2002.

**5° Escuela y Workshop Argentino
en Ciencias de las Imágenes**

ECImag 2012

Santa Fé, 16 al 20 de julio de 2012