

FACULDADE DE ENGENHARIA DA UNIVERSIDADE DO PORTO

**ALINHAMENTO DE IMAGENS DA RETINA USANDO A ESTRUTURA
VASCULAR E TRANSFORMADA DE DISTÂNCIA**

Carmen González Pijuan

Licenciada em Engenharia de Telecomunicações
pela Universitat Politècnica de Catalunya

Dissertação submetida para satisfação parcial dos
requisitos do grau de mestre em
Engenharia Biomédica

Dissertação realizada sob a supervisão de
Professora Doutora Ana Maria Mendonça
do Departamento de Engenharia Electrotécnica e de Computadores
da Faculdade de Engenharia da Universidade do Porto

Porto, Setembro de 2008

Agradecimentos

O meu mais sincero agradecimento a todas aquelas pessoas que de alguma forma contribuíram e me apoiaram no desenvolvimento desta dissertação, com uma menção especial para:

A minha orientadora, a Professora Ana Maria Mendonça, pela sua dedicação, ajuda e disponibilidade, não só na elaboração deste trabalho mas nos meus três anos de estadia nesta Faculdade.

Os meus pais e a minha irmã, que sempre me apoiaram e sem os quais nada disto teria sido possível.

O Rui, cujo apoio e ajuda constantes foram essenciais tanto para a elaboração deste trabalho como para a minha adaptação à vida no Porto.

Resumo

Este trabalho apresenta um novo método de alinhamento de imagens da retina a partir da transformada de distância da sua rede vascular. Trata-se de um algoritmo hierárquico, baseado na extração de pontos característicos que posteriormente são usados para determinar a sequência de transformações geométricas que possibilita o alinhamento das imagens.

O algoritmo desenvolvido é composto por três etapas, na primeira das quais é feita uma compensação grosseira da translação global entre as duas imagens a alinhar, usando a correlação das imagens da transformada de distância das redes vasculares. Nas fases posteriores estabelecem-se correspondências entre pontos das duas imagens que irão permitir, aplicando um processo de otimização, determinar os valores dos parâmetros das transformações geométricas necessárias para o alinhamento.

Após a detecção dos pontos de bifurcação numa das imagens, definem-se blocos à volta dos referidos pontos de controlo e faz-se uma pesquisa da estrutura vascular contida em cada bloco numa área restrita da outra imagem, avaliada mediante a correlação cruzada, estabelecendo assim uma correspondência para o ponto de bifurcação processado.

Na segunda fase do algoritmo aplica-se esta técnica de estabelecimento de correspondências usando um grupo reduzido de pontos de bifurcação, situados nos vasos mais espessos para ter garantias de que existem nas duas imagens. Esses pares de pontos permitem definir os parâmetros de uma transformação afim que compensa, grosseiramente, os factores de escala e rotação entre as imagens. Por último, na terceira fase, processam-se todos os pontos de bifurcação com o mesmo método com o intuito de refinar a o registo final entre as imagens.

Foram avaliados diferentes aspectos do método desenvolvido: a exactidão no estabelecimento de correspondências, a adequação do modelo e a percentagem de sobreposição atingida. Os resultados obtidos levam-nos a concluir que, para os grupos de imagens testados, os erros são mínimos quando se usa a transformada de distância baseada na métrica euclidiana e a transformação geométrica quadrática. Nessas condições atinge-se um erro de alinhamento próximo de um pixel, em média, em tempos da ordem dos 40s.

Abstract

This work presents a new method for retinal image alignment using the distance transform of their vascular networks. It is a hierarchical algorithm, based on feature extraction, which allows the determination of the global geometric transformation that aligns the images.

The proposed algorithm is composed by three stages: in the first stage a coarse compensation of the global translation between the two images to align is performed, using the correlation of the distance transform images of the vascular networks. In the next phases, correspondences between points in the two images are established which allows, by the application of an optimization process, the determination of the geometric transformation that aligns the two images. After the detection of the bifurcation points in one of the images, blocks around these control points are defined and a search of each block's vascular structure in a restricted area of the other image, is done using the cross-correlation as a measure of similarity between blocks, thus establishing a correspondence for the processed bifurcation point.

In the second phase of the algorithm this technique of point matching is applied using a reduced group of bifurcation points, placed in wider vessels in order to assure their existence in both images. These pairs of points allow the calculation of an affine transformation that compensates, coarsely, the scale and rotation factors between the images. Finally, in the third phase, all the bifurcation points are processed using the methodology just described in order to refine the final registration between the two images.

Different aspects of the developed method were evaluated: the accuracy in correspondence establishment, the adjustment of the transformation model and the percentage of overlapping achieved. The obtained results allow the conclusion that, for the tested images, the errors are minimal when the distance transform is based on the euclidean metric and the quadratic geometric transformation is used. In these conditions, on average, an error close to one pixel is achieved, with processing times around 40 seconds.

Índice

CAPÍTULO 1 INTRODUÇÃO	11
1.1 OBJECTIVOS DA DISSERTAÇÃO.....	13
1.2 ESTRUTURA DA DISSERTAÇÃO	13
CAPÍTULO 2 ESTADO DA ARTE.....	15
2.1 CARACTERÍSTICAS GERAIS DOS MÉTODOS DE ALINHAMENTO	15
2.2 TIPOS BÁSICOS DE ALGORITMOS	16
2.2.1 <i>Métodos globais</i>	17
2.2.2 <i>Métodos locais ou elásticos</i>	18
2.3 APLICAÇÃO DOS MÉTODOS	18
2.3.1 <i>Abordagens principais</i>	18
2.3.1.1 Métodos baseados em características	18
2.3.1.2 Métodos globais baseados em área.....	24
2.3.1.3 Métodos elásticos	25
2.3.2 <i>Outras classificações</i>	27
2.3.2.1 Unimodais e Multimodais	27
2.3.2.2 Tipo de transformação.....	29
2.3.2.3 Obtenção dos parâmetros	30
2.3.2.4 Métodos hierárquicos	31
CAPÍTULO 3 ALGORITMO DESENVOLVIDO	33
3.1 INTRODUÇÃO	33
3.2 MATERIAIS	35
3.3 MÉTODO	36
3.3.1 <i>Pré-processamento</i>	37
3.3.2 <i>FASE 1: Translação</i>	39
3.3.3 <i>FASE 2: Transformação afim</i>	43
3.3.4 <i>FASE 3: Transformação final</i>	50
CAPÍTULO 4 RESULTADOS	55
4.1 APRESENTAÇÃO DOS RESULTADOS	56
4.2 AVALIAÇÃO POR ANÁLISE VISUAL	59
4.3 AVALIAÇÃO DAS CORRESPONDÊNCIAS	61
4.4 AVALIAÇÃO DAS TRANSFORMAÇÕES	64
4.5 AVALIAÇÃO USANDO A SOBREPOSIÇÃO DA LINHA CENTRAL DOS VASOS	65
4.6 AVALIAÇÃO GLOBAL	66
4.7 TEMPO DE EXECUÇÃO	68
CAPÍTULO 5 CONCLUSÕES	71
BIBLIOGRAFIA	73
ANEXOS	77
ANEXO A: IMAGENS	79
ANEXO B: MINIMIZAÇÃO DO ERRO QUADRÁTICO MÉDIO PARA A OBTENÇÃO DOS PARÂMETROS	85
ANEXO C: TRANSFORMAÇÕES E SOBREPOSIÇÃO DE REDES VASCULARES	89
ANEXO D: RESULTADOS USANDO AS IMAGENS ORIGINAIS.....	99
ANEXO E: CÁLCULO DOS ERROS NA AVALIAÇÃO DAS TRANSFORMAÇÕES	105
ANEXO F: CÁLCULO DA PERCENTAGEM DE SOBREPOSIÇÃO	107
ANEXO G: TEMPO DE EXECUÇÃO.....	109

Índice de figuras

<i>Figura 1.1 Posição da câmara em relação à retina.....</i>	<i>12</i>
<i>Figura 1.2 Distância entre o olho e a câmara.</i>	<i>13</i>
<i>Figura 2.1 Exemplo de pontos de bifurcação detectados [9].....</i>	<i>19</i>
<i>Figura 2.2 Exploração multidireccional para a detecção dos pontos de bifurcação e cruzamento dos vasos [7].....</i>	<i>20</i>
<i>Figura 2.3 Análise exploratória para a detecção de pontos: (a) Pontos com 3 ou 4 vizinhos; (b) fusão dos grupos de pontos identificados; (c) eliminação dos pontos que originam vasos curtos; (d) fusão dos pontos que definem vasos justapostos; (e) extracção de características: orientação dos vasos [9].</i>	<i>20</i>
<i>Figura 2.4 Exemplo de extracção de características dos pontos de bifurcação; largura e ângulos dos vasos originados no ponto [15].....</i>	<i>21</i>
<i>Figura 2.5 Identificação dos VFT [25].</i>	<i>26</i>
<i>Figura 2.6 Distorção compensada pelos algoritmos elásticos [29].....</i>	<i>27</i>
<i>Figura 2.7 Diferentes modalidades de imagens da retina usadas para o alinhamento [34].</i>	<i>28</i>
<i>Figura 3.1 Imagem parcial binária da rede vascular da retina (esquerda) e transformada de distância do mesmo bloco (direita).</i>	<i>34</i>
<i>Figura 3.2 Esquema global do método.</i>	<i>36</i>
<i>Figura 3.3 Exemplo de ponto de bifurcação.</i>	<i>37</i>
<i>Figura 3.4 Substituição dos grupos de pontos de bifurcação adjacentes pelo seu centróide.</i>	<i>38</i>
<i>Figura 3.5 Pontos de bifurcação detectados numa das imagens do conjunto.</i>	<i>39</i>
<i>Figura 3.6 Esquema do algoritmo desenvolvido para a compensação da translação.</i>	<i>39</i>
<i>Figura 3.7 Transformada de distância das imagens a alinhar.</i>	<i>40</i>
<i>Figura 3.8 Correlação entre ITD e JTD: o máximo da correlação fornece as dimensões do vector de translação.....</i>	<i>41</i>
<i>Figura 3.9 Sobreposição inicial (acima) e sobreposição depois da compensação da translação (abaixo).</i>	<i>42</i>
<i>Figura 3.10 Sobreposição inicial (acima) e sobreposição depois da compensação da translação (abaixo).</i>	<i>43</i>
<i>Figura 3.11 Esquema da segunda fase.....</i>	<i>44</i>
<i>Figura 3.12 Determinação do bloco b1 na imagem I à volta do ponto p_1.....</i>	<i>45</i>
<i>Figura 3.13 Determinação do bloco b2 em Jtrans.....</i>	<i>46</i>
<i>Figura 3.14 (Da esquerda a direita) Bloco b1; bloco b2; resultado da correlação; sobreposição final após a compensação da translação local.</i>	<i>46</i>
<i>Figura 3.15 Vector de translação que separa o centro do bloco b2 (ponto verde) do ponto de máxima correlação (ponto vermelho).</i>	<i>47</i>
<i>Figura 3.16 Blocos definidos em I e em Jtrans para a determinação da transformação afim.....</i>	<i>47</i>

<i>Figura 3.17 Sobreposição das imagens I e Jtrans (acima) e sobreposição das imagens I e Jafim (abaixo).</i>	48
<i>Figura 3.18 Esquema da fase 3 do algoritmo.</i>	51
<i>Figura 3.19 Sobreposição das redes vascular após a segunda e a terceira fase do algoritmo.</i>	52
<i>Figura 4.1 Sobreposição das imagens em cada uma das fases do algoritmo.</i>	58
<i>Figura 4.2 Imagens originais (acima) e representação do resultado pelo método “xadrez” (abaixo).</i>	60
<i>Figura 4.3 Representação dos resultados com sobreposição da linha central dos vasos, usando as imagens originais apresentadas na figura 4.2.</i>	61
<i>Figura 4.4 Cálculo de distâncias.</i>	62
<i>Figura 4.5 Gráfico estatístico do tempo de processamento.</i>	68
<i>Figura A. 1 Imagens do grupo 1.</i>	79
<i>Figura A. 2 Imagens do grupo 2.</i>	80
<i>Figura A. 3 Imagens do grupo 3.</i>	81
<i>Figura A. 4 Imagens do grupo 4.</i>	82
<i>Figura A. 5 Imagens do grupo 5.</i>	83
<i>Figura C. 1 Exemplo de alinhamento multimodal do grupo 1.</i>	89
<i>Figura C. 2 Exemplo de alinhamento monomodal do grupo 2.</i>	91
<i>Figura C. 3 Exemplo de alinhamento monomodal do grupo 3.</i>	93
<i>Figura C. 4 Exemplo de alinhamento multimodal do grupo 4.</i>	95
<i>Figura C. 5 Exemplo de alinhamento multimodal do grupo 5.</i>	97
<i>Figura D. 1 Resultados de um exemplo de alinhamento do grupo 1 multimodal (acima) e monomodal (abaixo).</i>	99
<i>Figura D. 2 Resultados de um exemplo de alinhamento do grupo 2 multimodal (acima) e monomodal (abaixo).</i>	100
<i>Figura D. 3 Resultados de um exemplo de alinhamento do grupo 3 multimodal (acima) e monomodal (abaixo).</i>	101
<i>Figura D. 4 Resultados de um exemplo de alinhamento do grupo 4 multimodal (acima) e monomodal (abaixo).</i>	102
<i>Figura D. 5 Resultados de um exemplo de alinhamento do grupo 5 multimodal (acima) e monomodal (abaixo).</i>	103
<i>Figura E. 1 Gráfico da distribuição estatística da raiz do erro quadrático médio.</i>	105

Índice de Tabelas

<i>Tabela 3.1</i> Imagens a alinhar.....	35
<i>Tabela 3.2</i> Parâmetros do algoritmo (fase 2).	49
<i>Tabela 3.3</i> Parâmetros do algoritmo (fase 3).	50
<i>Tabela 3.4</i> Equações das transformações obtidas na fase 3.	53
<i>Tabela 4.1</i> Equações das transformações obtidas em cada fase do algoritmo.	56
<i>Tabela 4.2</i> Transformações finais, resultado da composição das diferentes etapas.	57
<i>Tabela 4.3</i> Definições de distância.....	62
<i>Tabela 4.4</i> Erro (em pixels) na determinação das correspondências.	63
<i>Tabela 4.5</i> Valor médio do erro (em pixels) na determinação das correspondências.	63
<i>Tabela 4.6</i> Média do erro associado a cada tipo de transformação (em pixels).....	65
<i>Tabela 4.7</i> Média da percentagem de sobreposição em cada fase do algoritmo.	66
<i>Tabela 4.8</i> Raiz do erro quadrático médio global (em pixels).	67
<i>Tabela 4.9</i> Média da raiz do erro quadrático médio (em pixels).	67
<i>Tabela C. 1</i> Transformações obtidas para o exemplo de alinhamento multimodal do grupo 1.	90
<i>Tabela C. 2</i> Transformações obtidas para o exemplo de alinhamento monomodal do grupo 2.	92
<i>Tabela C. 3</i> Transformações obtidas para o exemplo de alinhamento monomodal do grupo 3.	94
<i>Tabela C. 4</i> Transformações obtidas para o exemplo de alinhamento multimodal do grupo 4.	96
<i>Tabela C. 5</i> Transformações obtidas para o exemplo de alinhamento multimodal do grupo 5.	98
<i>Tabela E. 1</i> Raiz do erro quadrático médio (em pixels) para cada tipo de transformação.	106
<i>Tabela F. 1</i> Percentagem de sobreposição.....	107
<i>Tabela G. 1</i> Tempos de execução.	109

Capítulo 1 Introdução

O alinhamento ou registo de imagem é o processo pelo qual, dadas duas imagens, é aplicada uma transformação a uma das imagens que permita a sua representação no sistema de coordenadas da outra imagem, com o intuito de poderem ser comparadas ou de possibilitar a integração da informação que contêm. O referido processo consiste portanto em transformar uma das imagens de forma a maximizar a sobreposição entre ambas.

São muitas as aplicações desta técnica, nomeadamente na área de imagiologia médica, se bem que existam outras áreas em que também é usada, por exemplo em cartografia, para o processamento de imagens SAR e LANDSAT, ou em ambientes industriais. Dentro do seu uso na medicina, é aplicada em diferentes exames médicos: ressonância magnética, PET (*Positron Emission Tomography*), retinografia, entre outros.

No caso específico da oftalmologia esta técnica é utilizada para comparar exames realizados ao mesmo doente ao longo do tempo, podendo ser útil também para comparar imagens obtidas com diferentes sensores e fazer a fusão dos seus conteúdos. O custo de desenvolver esta tarefa manualmente é inviável, existindo portanto a necessidade de definir um método automático que permita atingir esses objectivos. O

alinhamento de imagens facilita a avaliação da evolução dos doentes, analisando o progresso da doença ou o impacto de uma dada terapia, permitindo também trabalhar em simultâneo com diferentes imagens correspondentes aos diversos exames realizados.

Os factores que contribuem para a deformação de uma imagem relativamente à outra devem-se principalmente a razões geométricas (figura 1.1): a distância entre a câmara e o doente (figura 1.2) é responsável pelo factor de escala entre as diferentes imagens, a posição do paciente traduz-se num deslocamento, e por último existe um efeito de rotação provocado pela própria rotação do olho.

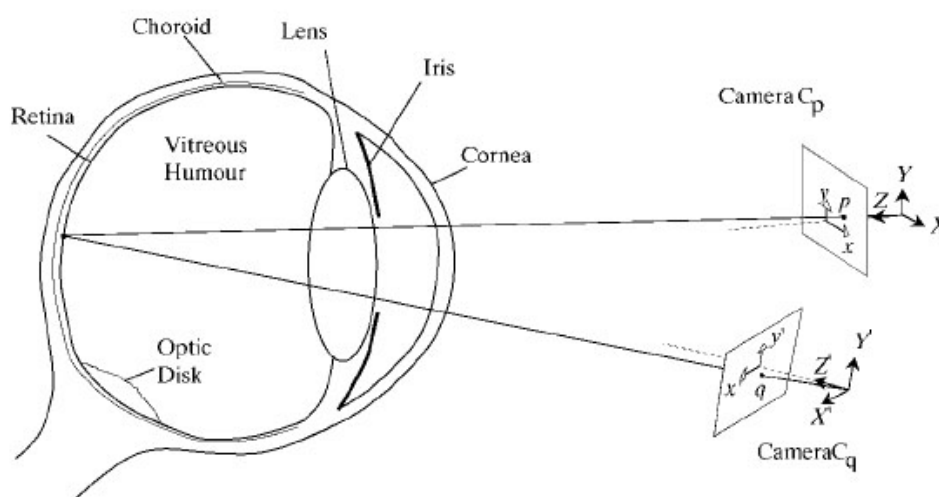


Figura 1.1 Posição da câmara em relação à retina.

É preciso ter em conta ainda que o facto da retina ser esférica introduz também diferenças entre as várias imagens adquiridas, assim como os erros inerentes à câmara e a retina. É com base nestas afirmações que se define a transformação que permite atingir o objectivo do alinhamento, encontrando-se no processo algumas dificuldades adicionais, como, por exemplo, a iluminação irregular ao longo de uma imagem e a existência de grandes regiões sem textura e, portanto, com pouca quantidade de informação.

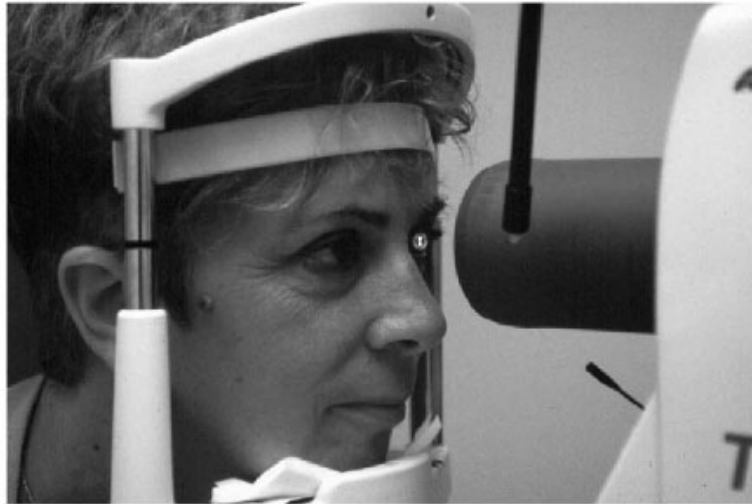


Figura 1.2 Distância entre o olho e a câmara.

1.1 Objectivos da dissertação

O objectivo do trabalho descrito nesta dissertação é desenvolver um método automático de alinhamento de imagens da retina que seja capaz de compensar as deformações geométricas presentes entre as imagens a alinhar. O referido método deverá ter a capacidade de alinhar tanto imagens do mesmo doente adquiridas num único exame, como imagens provenientes de diferentes exames oftalmológicos.

A partir da localização de pontos relevantes da estrutura vascular, nomeadamente os pontos de bifurcação e cruzamento dos vasos sanguíneos, deverá determinar-se a transformação geométrica que permite o alinhamento usando um critério de semelhança calculado a partir da transformada de distância da rede vascular. Pretende-se que o método desenvolvido com a ferramenta Matlab tenha um tempo de execução reduzido e simultaneamente minimize o erro de alinhamento final.

1.2 Estrutura da dissertação

Uma vez expostos os objectivos da dissertação, no capítulo 2 apresenta-se o estado da arte nesta matéria. São revistas as publicações mais recentes sobre métodos de alinhamento de imagens da retina, classificando-os em função das suas características principais.

No capítulo 3 é apresentado o método desenvolvido neste trabalho, explicando detalhadamente as três fases que o compõem. Os resultados expõem-se no capítulo 4:

calculam-se diferentes tipos de erros que em conjunto avaliam a totalidade do método e permitem acabar de definir as características que optimizam o resultado, minimizando o erro no alinhamento. Finalmente, no último capítulo apresentam-se as conclusões.

Capítulo 2 Estado da arte

2.1 Características gerais dos métodos de alinhamento

Independentemente do método escolhido para a resolução do problema, todas as alternativas para o alinhamento de imagem seguem uma estrutura comum. Numa primeira fase decide-se qual o modelo de transformação a utilizar para conseguir o alinhamento desejado, estabelecendo os parâmetros exigidos para a sua definição. É também necessário definir um critério de avaliação dos resultados, que finalmente será usado num processo de optimização que permitirá encontrar o valor dos parâmetros que é óptimo para o alinhamento das duas imagens dadas para o modelo especificado.

As escolhas feitas em relação ao modelo a utilizar, aos seus parâmetros e ao critério de avaliação e de optimização dão origem aos diferentes tipos de métodos. Nesta secção pretende-se apresentar sucintamente os tipos básicos de algoritmos existentes para a resolução do problema de alinhamento de imagens da retina.

2.2 Tipos básicos de algoritmos

Dentro do conjunto de características que definem os diferentes métodos de alinhamento de imagens da retina, existem algumas estruturais, que originam os diferentes tipos básicos de algoritmos. Uma das características estruturais é a forma como a transformação é aplicada às imagens, podendo ser global ou local. No primeiro caso, o método visa encontrar uma transformação que aplicada globalmente a todos os pontos da imagem atinja o alinhamento, enquanto os métodos locais utilizam uma transformação específica para cada um dos pontos da imagem. Desta forma, determinam-se os algoritmos globais, que são aqueles mais habitualmente usados para este tipo de imagens, e os algoritmos locais, também designados de algoritmos elásticos ou deformáveis.

Os algoritmos globais baseiam-se normalmente em modelos de transformação geométrica, cujos parâmetros são calculados a partir de informações obtidas das duas imagens a processar, otimizando a solução, como já foi referido, mediante um critério de avaliação previamente estabelecido. Os modelos de transformação usados, assim como os parâmetros que os definem, são comuns às diferentes abordagens globais. É segundo o tipo de informação processada que se definem os dois subgrupos principais: os métodos baseados em características (*feature-based methods*), que usam apenas informação de alguns pontos da imagem, e os métodos baseados em área (*area-based methods*), que se servem de dados referentes à totalidade ou parcelas da imagem.

Em princípio os diferentes algoritmos globais usam uma ou outra técnica, dando origem a duas classes disjuntas. Porém, recentemente foram apresentadas abordagens que combinam as vantagens das duas técnicas e por isso são referidos como métodos híbridos.

Ao longo desta secção vão ser descritas estas três formas de resolução do problema do alinhamento referidas, para posteriormente fornecer alguns exemplos de aplicação para cada um dos casos.

2.2.1 Métodos globais

Métodos baseados em características

Nestes métodos o cálculo dos parâmetros é feito usando apenas as coordenadas de alguns pontos característicos, ou pontos de controlo, das duas imagens, e estabelecendo possíveis correspondências entre eles. O problema do alinhamento traduz-se então em encontrar um conjunto de correspondências, a partir das quais são calculados os parâmetros da transformação geométrica que optimizam a solução para um dado critério de avaliação também pré-definido. Os diferentes algoritmos diferem no modelo escolhido e na sua aplicação prática, isto é, na forma de estabelecer as correspondências, no critério de semelhança, na função utilizada para a optimização e no modelo de transformação geométrica.

Seguem, portanto, uma mesma estrutura, sendo desenvolvidos nas seguintes etapas:

- Determinação dos pontos de controlo
- Extração das características dos pontos
- Estabelecimento de correspondências
- Obtenção da transformação óptima

A primeira etapa é independente do resto do algoritmo, estando as outras três ligadas entre si, sendo que as duas últimas são executadas em simultâneo em muitos dos métodos.

Métodos baseados em área

Em oposição à abordagem anterior, estes métodos usam a informação de toda a imagem, ou de parcelas da imagem, para calcular os parâmetros da transformação geométrica. Ao invés de usar as coordenadas de pontos de controlo, servem-se de medidas, frequentemente baseadas em intensidade, como, por exemplo, a correlação ou a informação mútua. O processo de optimização consistirá, portanto, em definir mais uma vez um critério de semelhança e calcular o valor dos parâmetros para o modelo geométrico escolhido que optimizam esse critério.

2.2.2 Métodos locais ou elásticos

Os algoritmos elásticos são menos utilizados na resolução do problema do alinhamento de imagens da rede vascular da retina, mas são apresentados também como solução por alguns autores. Este é também um problema de otimização, em que uma vez definido um critério de avaliação a otimizar, as diferentes estruturas que compõem a imagem, nomeadamente os vasos sanguíneos, se deformam em iterações sucessivas até obter a sobreposição máxima das duas imagens. Neste caso não se aplica uma transformação única a uma das duas imagens, mas a cada um dos pontos de uma delas, evidenciando assim a complexidade que representam.

2.3 Aplicação dos métodos

Diversos autores publicaram artigos de classificação de métodos de registo de imagem [1-6], existindo vários critérios para a sua organização. Nesta secção pretende-se apresentar aplicações práticas de métodos específicos para o alinhamento de imagens da rede vascular da retina, organizados segundo as classes especificadas nas referidas publicações. Inicialmente vão ser expostos exemplos práticos dos três tipos de abordagens principais, e finalmente apresentam-se outras classificações correspondentes a características transversais a estes métodos.

2.3.1 Abordagens principais

2.3.1.1 Métodos baseados em características

De seguida abordam-se as diferentes etapas deste tipo de métodos, fornecendo exemplos de aplicação com o intuito de comparar as diferentes propostas existentes. Como a detecção dos pontos de controlo e a extracção de características são processos independentes serão tratados de forma separada, mas o estabelecimento de correspondências e o processo de otimização serão analisados conjuntamente.

Determinação dos pontos de controlo

Geralmente escolhem-se para pontos de controlo pontos que sejam geometricamente distinguíveis, como, por exemplo, intersecções de rectas, pontos de inflexão, cantos, e que estejam uniformemente distribuídos ao longo da imagem. No caso da retina, os pontos de controlo serão naturalmente os pontos de bifurcação e cruzamento dos vasos (ver figura 2.1), se bem que alguns algoritmos usam também os pontos terminais dos vasos [7] ou os pontos da fronteira da rede vascular [8].

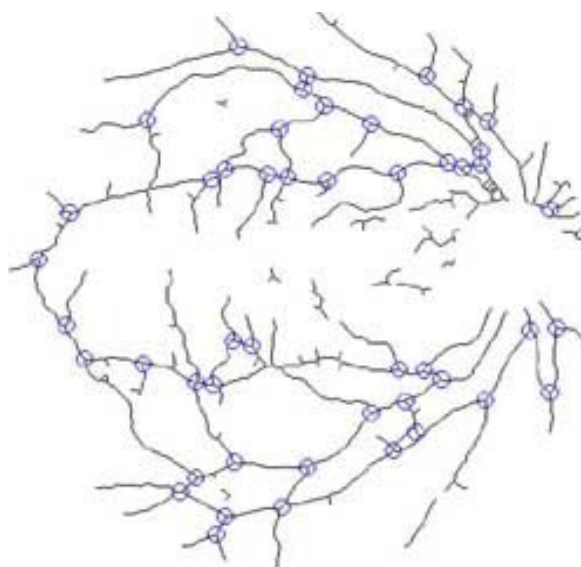


Figura 2.1 Exemplo de pontos de bifurcação detectados [9].

Para a sua detecção existem diferentes soluções, normalmente baseadas em explorações da imagem que avaliam a posição relativa dos pontos da rede vascular: no exemplo da figura 2.2 encontramos um caso em que são analisadas todas as direcções possíveis a partir de cada ponto, classificando-os em pontos terminais dos vasos, pontos interiores, pontos de bifurcação ou pontos de cruzamento, em função do número de vizinhos de cada pixel.

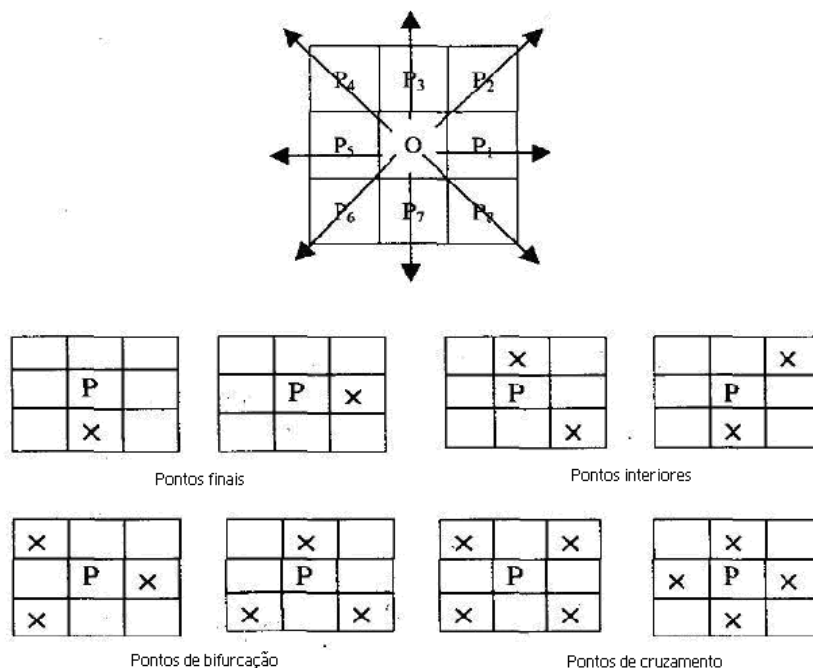


Figura 2.2 Exploração multidireccional para a detecção dos pontos de bifurcação e cruzamento dos vasos [7].

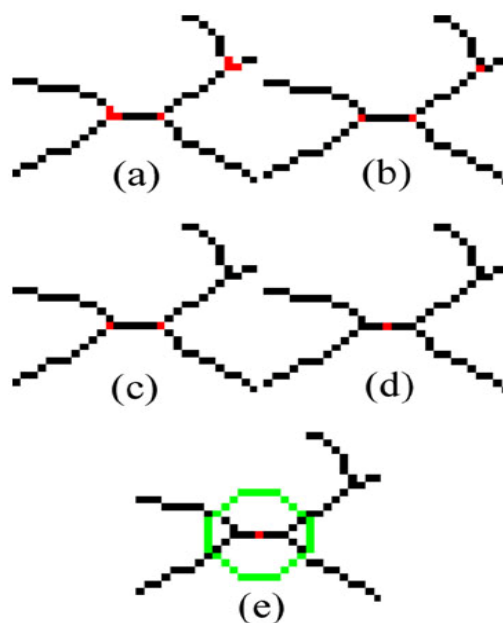


Figura 2.3 Análise exploratória para a detecção de pontos: (a) Pontos com 3 ou 4 vizinhos; (b) fusão dos grupos de pontos identificados; (c) eliminação dos pontos que originam vasos curtos; (d) fusão dos pontos que definem vasos justapostos; (e) extração de características: orientação dos vasos [9].

Na figura 2.3 temos um outro exemplo de algoritmo para a detecção dos pontos de controlo, também baseado no estudo da vizinhança dos pontos da rede vascular. Identificam-se como pontos de bifurcação aqueles pontos da rede vascular que possuem três ou mais pixels vizinhos também pertencentes à rede. Seguidamente, caso existam

pontos de bifurcação adjacentes detectados, considera-se apenas um dos pontos do conjunto e são eliminados aqueles onde têm origem vasos curtos (de comprimento menor que um determinado limiar). Finalmente, sempre que um segmento de um vaso esteja limitado nos seus extremos por dois pontos de bifurcação e tenha um comprimento reduzido, considera-se que existe uma única bifurcação, representada pelo ponto médio do segmento.

Na maioria dos casos estes pontos são identificados nas duas imagens a alinhar de forma a serem posteriormente comparados e associados em pares de pontos correspondentes, se bem que os algoritmos que usam a técnica de *Self Organizing Maps* [10, 11], técnica baseada na aplicação de redes neuronais, apenas precisam da localização de pontos numa das duas imagens.

Extracção de características

Para o estabelecimento de correspondências, torna-se necessário definir características dos pontos que permitam avaliar a probabilidade dessas correspondências serem válidas. Para esse efeito são usados critérios que não são baseados na intensidade dos pixels, dada a sua variabilidade [12], e recorrem, portanto, a descritores das relações espaciais entre as diferentes estruturas que poderão ser identificadas na imagem. O objectivo é encontrar medidas que não sejam modificadas pelas deformações existentes neste tipo de imagens, ou seja, procura-se definir descritores invariantes. Na maioria dos casos usam-se medidas de distância, ou dos ângulos que formam os vasos originados em cada ponto de bifurcação, ou as duas conjuntamente (figura 2.4) [8, 13, 14].

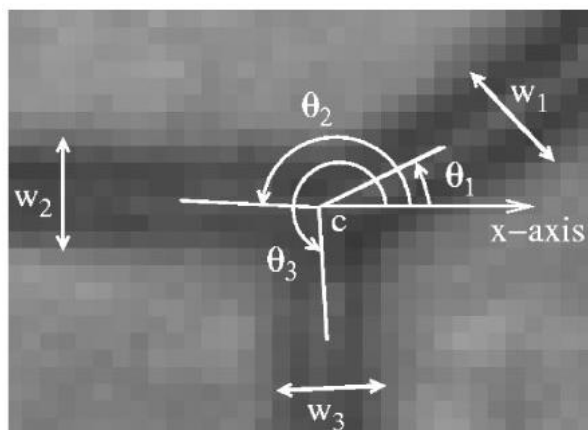


Figura 2.4 Exemplo de extracção de características dos pontos de bifurcação; largura e ângulos dos vasos originados no ponto [15].

Estabelecimento de correspondências e cálculo da transformação óptima

Uma vez obtidos os dados das imagens relativos aos pontos de controlo e as suas características, é preciso desenvolver a etapa de optimização para encontrar a transformação que dá origem a um melhor alinhamento das imagens. É esta a parte que melhor caracteriza e, portanto, diferencia os diversos algoritmos publicados. Sem pretender explicar a totalidade de soluções propostas, vão fornecer-se alguns exemplos comparando as diferentes aplicações desenvolvidas seguindo a metodologia baseada em características.

Em [13], Zana *et al.* desenvolvem um método baseado no cálculo de probabilidades *a posteriori*. Considerando todas as possíveis correspondências entre dois pares de pontos, define-se o espaço de transformações possíveis, calculando para cada uma a probabilidade *a posteriori* de ser válida para todas as correspondências. Seguidamente seleccionam-se as 20 transformações com maior probabilidade, considerando óptima aquela que apresentar um erro quadrático menor. Por outras palavras, optimiza-se o erro quadrático médio e usa-se como medida de similaridade a probabilidade *a posteriori*.

Hu Zhang *et al.* [7] apresentam um algoritmo em que, uma vez obtidos os pontos de controlo, reduzem o espaço das correspondências possíveis em função da distância entre os pares de pontos, optimizando depois a solução no espaço das transformações usando *Single Value Decomposition*, ou seja, escolhendo a transformação que melhor explica a deformação.

Em [16], os autores consideram na fase de estabelecimento de correspondências que a deformação geométrica entre as imagens é representada por uma transformação rígida global, caracterizada por quatro parâmetros, e obtida, portanto, com apenas dois pares de pontos correspondentes. Por isso, para cada par de pontos de bifurcação da imagem de referência calculam-se as transformações que o fazem corresponder com cada um dos possíveis pares de pontos na imagem a transformar. Repetindo este processo para todos os pares de pontos possíveis, define-se um espaço de correspondências iniciais e as suas transformações rígidas associadas. Supondo que existem duas classes de correspondências, as correctas e as incorrectas, e assumindo que seguem distribuições gaussianas, aplicam-se métodos estatísticos, nomeadamente a distância ao R-ésimo vizinho mais próximo, para rejeitar pares correspondentes não válidos. Seguidamente aplica-se o algoritmo iterativo *Expectation-Maximization*, que

serve para estimar os parâmetros, agora de uma transformação bilinear, correspondentes à máxima semelhança, e, portanto, que irá fornecer o melhor alinhamento.

No trabalho de Hart *et al* [17] também se parte de todas as possíveis correspondências, reduzindo esta vez o conjunto em função de dois critérios: tomando como sistema de coordenadas comum a localização do disco óptico, eliminam-se as correspondências de distâncias maiores do que um certo limiar, ordenando as restantes em função da correlação dos pixels da vizinhança, e eliminando as que apresentam factores de escala muito diferentes nas duas dimensões. Em seguida, define-se um modelo de transformação e desenvolve-se um algoritmo iterativo em que, de cada vez, é eliminado o par cuja contribuição para o erro é maior, sendo recalculada a transformação, eliminando também em cada iteração o par que irá contribuir mais para o erro na iteração seguinte.

Esta última técnica é usada também por vários autores, por exemplo em [9] por Laliberté *et al.*. Estes autores estabelecem como correspondências iniciais os pontos separados uma distância menor que um limiar d , com o mesmo número de vasos com origem no ponto, e com diferenças de orientação limitadas por um parâmetro também definido experimentalmente. Eliminam-se os pontos sem correspondências e é usado um método de relaxação que permite ir eliminando correspondências durante a estimação dos parâmetros, descartando os pares com maior contribuição para o erro. A novidade fundamental deste método de relaxação relativamente ao anterior, é que não se especifica qual das duas imagens será transformada, aumentando os custos computacionais mas sem impor condições iniciais.

Uma outra ferramenta usada em diferentes trabalhos é a dos mapas de distância, usualmente incluídos no método *Chamfer Matching* [18]. Uma das duas imagens é usada como modelo e aplica-se sobre a outra uma transformada de distância. A medida de similaridade usada será agora a sobreposição entre o modelo e o mapa de distâncias, atingindo-se a transformação óptima quando o valor do critério é mínimo. Constrói-se um espaço de transformações, percorrendo-o à procura do mínimo absoluto da referida sobreposição. Para reduzir o custo computacional, usam-se imagens de resolução reduzida, convertendo cada quatro pixels da imagem original num único pixel na imagem de resolução imediatamente inferior.

A técnica dos *Self Organizing Maps* (SOMs) [10, 11], como já foi referido, apenas detecta os pontos numa das imagens a alinhar, usando depois redes neuronais

para encontrar na outra os pontos correspondentes segundo os parâmetros da transformação a otimizar.

Existem portanto muitas aplicações práticas e inúmeras ferramentas para este tipo de métodos. O problema é que dependem fortemente do número de correspondências correctas detectadas, ou seja, da exactidão das etapas iniciais. Surgem portanto dificuldades no alinhamento quando a sobreposição inicial das imagens é reduzida [19], se bem que alguns métodos tentam minimizar este problema recorrendo a algoritmos hierárquicos [20] que serão explicados na secção 2.3.2.4.

Independentemente dos recursos utilizados na resolução do problema, os exemplos fornecidos permitem ver como as dificuldades e os objectivos são sempre os mesmos: reduzir o custo computacional, seja trabalhando com imagens de menor resolução, adoptando soluções hierárquicas, ou reduzindo o número de correspondências consideradas.

2.3.1.2 Métodos globais baseados em área

Os métodos baseados em área recorrem geralmente a métodos de optimização global para determinar os parâmetros da transformação a utilizar para um correcto alinhamento. Estas técnicas de optimização têm uma importância fundamental pois evitam erros devido à detecção de mínimos ou máximos relativos. No registo de imagens da rede vascular da retina alguns autores propuseram já aplicações deste tipo.

Mouravliansky *et al.* [21] e Matsopoulos *et al.* [22] desenvolveram os seus estudos neste âmbito, comparando diferentes técnicas globais de optimização, nomeadamente Algoritmos Genéticos, *Simulated Annealing* e *Downhill Simplex Method*. Nos dois artigos estabelece-se um critério de similaridade (*measure of match* - MOM) baseado na definição de correlação de duas imagens binárias da rede vascular da retina:

$$MOM = \frac{1}{n} \sum_{(x,y):I_B(x,y) \neq 0} I_A(T_x(x,y), T_y(x,y)) \quad (2.1)$$

Esta é portanto a função a otimizar usando as técnicas acima referidas. Os resultados experimentais obtidos com os três algoritmos, testados com diferentes tipos de transformações, permitem concluir que os algoritmos genéticos são a melhor técnica

de otimização global. Existem outros estudos que usam este tipo de recurso, mas baseados noutros critérios de semelhança, como, por exemplo, a informação mútua. Ritter *et al.* [23] desenvolveram um algoritmo utilizando este tipo de medida de similaridade e combinado com a técnica de *Simulated Annealing*, concluindo que se atingiam resultados satisfatórios com tempos de execução razoáveis.

Ritter *et al.* [23] fazem uma revisão das medidas de similaridade existentes, afirmando que as medidas de correlação usadas em imagens de intensidade têm elevado custo computacional e grande sensibilidade face às variações de iluminação, e que as técnicas baseadas na transformada de Fourier não lidam correctamente com todos os tipos de distorção existentes nas imagens da rede vascular da retina. De facto, os métodos baseados em área têm pouco sucesso em imagens de contraste variado ou com grandes áreas sem textura [24], e este tipo de critérios de semelhança é só usado no limite em pequenas áreas à volta de pontos de referência, definindo parâmetros de similaridade para algoritmos baseados em características [17]. Nas publicações mais recentes não se encontram implementações de algoritmos deste género, excepto em abordagens hierárquicas ou híbridas [19].

2.3.1.3 Métodos elásticos

As aplicações desenvolvidas usando métodos elásticos diferem na função a otimizar. Definem estruturas de vasos em forma de árvore (figura 2.5), chamadas Vessel Feature Tree (VFT) e deformam as diferentes árvores de forma a maximizar a sobreposição. Guo *et al.* [25] definem uma função de custo global para estabelecer correspondências entre árvores de vasos, enquanto Choe and Cohen [26] determinam as deformações mediante uma função de custo baseada no gradiente, e Fang *et al.* [18, 27] usam uma função de energia baseada no cálculo de distâncias entre as diferentes estruturas de vasos detectadas.

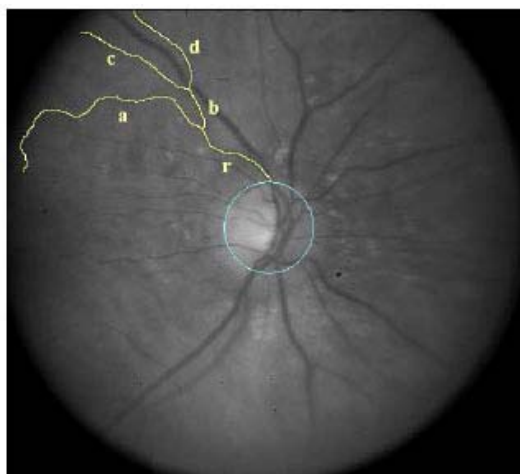


Figura 2.5 Identificação dos VFT [25].

Jasiobedzki [28] apresenta um outro tipo de algoritmo, baseado em *Adaptive Adjacency Graphs*: os vasos são contornos activos, que serão deformados pela atracção de forças internas e externas, atraídos pelas estruturas inicialmente mais próximas, minimizando a energia total de cada um dos contornos. Por último, é interessante referir também a solução desenvolvida por L. Kubecka *et al.* [29], na qual o algoritmo elástico é aplicado após a obtenção de uma transformação geométrica como refinamento do alinhamento. Este tipo de abordagem é usada também por Bernardes *et al.*[30], que desenvolveram um algoritmo composto por três etapas, as duas primeiras fornecendo transformações globais e a terceira e última baseada num método elástico.

Mesmo sendo métodos mais complexos do que os paramétricos, têm uma vantagem significativa: conseguem compensar os erros provocados pelo facto da retina ser esférica. Podemos ver na figura 2.6 como, se usarmos uma grelha de controlo, esta demonstra a diferença nas deformações atingidas por estes métodos em comparação com as atingidas em métodos paramétricos. Porém, dado o elevado custo computacional que caracteriza os algoritmos elásticos e o sucesso obtido com outros métodos, o seu uso não é habitual em aplicações de alinhamento de imagens da retina.

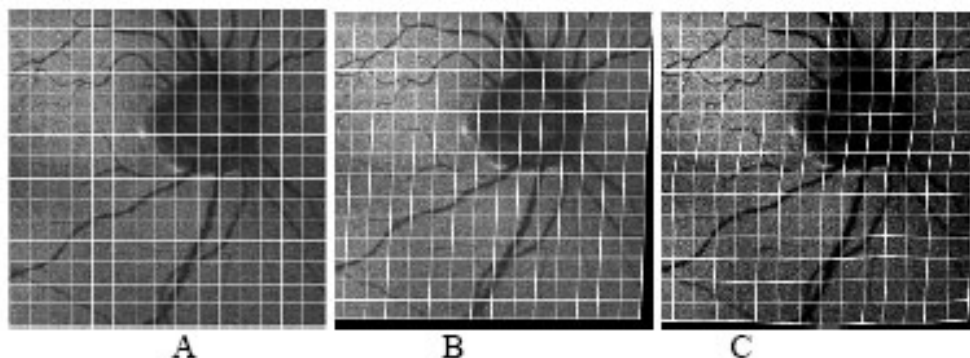


Figura 2.6 Distorção compensada pelos algoritmos elásticos [29].

2.3.2 Outras classificações

Para além desta divisão principal existem outros critérios de classificação para técnicas de alinhamento de imagem. Alguns deles abrangem todos os métodos implementados para imagens da rede vascular da retina: seja qual for a solução utilizada, trata-se de alinhamento de imagens de duas dimensões e intrínsecos. Entende-se por processo intrínseco aquele que foi efectuado utilizando apenas informação da própria estrutura a analisar, a retina neste caso, sendo os algoritmos extrínsecos aqueles que usam objectos externos colocados no órgão a estudar para identificar certos pontos.

Por último, a imensa maioria dos métodos publicados são completamente automáticos, sendo esta uma característica desejável dado que o trabalho manual que supõe, por exemplo, a correspondência de pontos é inviável. No entanto, alguns autores apontam a possibilidade de recorrer à detecção manual de certas correspondências ou regiões [31, 32].

A seguir expõem-se outras classificações existentes que dividem em grupos os diferentes métodos de registo de imagens da rede vascular da retina.

2.3.2.1 Unimodais e Multimodais

Como foi indicado na introdução deste trabalho, existem duas situações que requerem o alinhamento das imagens: por um lado os diferentes exames de um mesmo doente fornecem informações que deverão ser integradas, e por outro lado o seguimento de uma dada doença ou terapia requer a comparação de imagens da mesma modalidade tomadas ao longo do tempo. Poderemos classificar portanto, segundo estes dois casos, os algoritmos como unimodais (alinham imagens obtidas com o mesmo tipo de sensor

em instantes diferentes e por isso também chamadas multitemporais) e os multimodais (trabalham com imagens resultado de diferentes tipos de exames médicos). Dado que as imagens de exames complementares também são tomadas em instantes de tempo espaçados, vai ser utilizada a terminologia unimodal e multimodal, mesmo que as publicações falem de métodos multitemporais.

Existem tanto algoritmos baseados em área como baseados em características para resolver as duas situações, se bem que intuitivamente pode já ver-se que imagens de diferentes modalidades poderão ter maiores divergências em termos de intensidades, e portanto os métodos baseados na extração de pontos poderão ser, de forma geral, mais eficientes.

No artigo publicado por Can *et al.* [33], as imagens a alinhar são obtidas não só com a mesma modalidade como também com a mesma câmara, sendo um exemplo claro de técnica desenvolvida para o caso particular de imagens unimodais. Outras aplicações são realizadas com o objectivo de alinhar imagens de diferentes modalidades [26, 30], mas a tendência e o requisito mais desejável é a elaboração de um método capaz de alinhar de forma eficiente tanto imagens unimodais como multimodais, como acontece no trabalho publicado por Zana e Klein [8].

As diferentes modalidades usadas para o alinhamento são tipicamente as imagens do fundo ocular (imagem Red-Free ou RF) com as angiografias de fluoresceína (FA), ou as angiografias de verde de indocianina (IGCA). As imagens RF são obtidas mediante um anel luminoso focando a retina e a aquisição de imagem do fundo ocular, e são comparadas com as que são obtidas usando agentes químicos de contraste, sendo realçados os vasos do fundo da retina no caso da imagem FA e a rede vascular coroidal no caso da IGCA. Mostra-se na figura 2.7 um exemplo de cada uma destas modalidades.



Figura 2.7 Diferentes modalidades de imagens da retina usadas para o alinhamento [34].

2.3.2.2 Tipo de transformação

Todos os métodos aplicam uma transformação a uma das imagens para conseguir o alinhamento desejado com a outra, sendo o tipo de transformação usada, ou seja, o número e tipo de parâmetros a definir, mais um critério possível de classificação. Consoante a esse critério, encontramos nos artigos publicados as seguintes opções [16, 22, 35]:

- **Translação:** Definida apenas com dois parâmetros, dada a sua simplicidade não resolve por si só o problema do alinhamento. No entanto, é usada nas primeiras fases das abordagens hierárquicas para realizar uma aproximação inicial, ou uma determinação das possíveis correspondências correctas. A equação 2.2 ilustra a transformação, sendo (x, y) as coordenadas originais de um ponto, (x', y') as coordenadas transformadas e (x_0, y_0) os parâmetros da transformação.

$$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} x_0 \\ y_0 \end{pmatrix} \quad (2.2)$$

- **Linear:** Esta transformação é composta por quatro parâmetros $(S, \theta, x_0$ e $y_0)$ e é referida por alguns autores como transformação rígida global. Mesmo sendo mais complexa do que a translação, o seu uso não é generalizado: tem em linha de conta o deslocamento horizontal e vertical, mas apenas um factor de escala e outro de rotação.

$$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = S \begin{pmatrix} \cos \theta & -\sin \theta \\ \sin \theta & \cos \theta \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} x_0 \\ y_0 \end{pmatrix} \quad (2.3)$$

- **Afim:** é sem dúvida o modelo mais usado no registo de imagens da rede vascular da retina. Definida com seis parâmetros $(a_{1,2,3,4}, x_0, y_0)$, conserva as rectas e o seu paralelismo, podendo ser descomposta numa translação e uma transformação linear que considera a rotação e factores de escala independentes nas duas dimensões.

$$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} a_1 & a_2 \\ a_3 & a_4 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} x_0 \\ y_0 \end{pmatrix} \quad (2.4)$$

- Projectiva: definida com nove parâmetros ($a_{ij}; i=1..3;j=1..3$), dos quais apenas oito são independentes dado que o parâmetro $a_{3,3}$ assume o valor 1. Na equação 2.5 que define a transformação, w representa a coordenada homogénea extra, e u e v são as coordenadas homogéneas transformadas.

$$\begin{pmatrix} u \\ v \\ w \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} a_{11} & a_{12} & a_{13} \\ a_{21} & a_{22} & a_{23} \\ a_{31} & a_{32} & a_{33} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ 1 \end{pmatrix}, \quad \begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} u/w \\ v/w \end{pmatrix} \quad (2.5)$$

- Bilinear: trata-se da transformação polinomial mais simples, contendo oito parâmetros ($a_i, b_i; i=0..3$) e transforma linhas rectas em curvas.

$$x' = a_0 + a_1x + a_2y + a_3xy \quad (2.6)$$

$$y' = b_0 + b_1x + b_2y + b_3xy \quad (2.7)$$

- Quadrática: Definida com doze parâmetros ($a_{ij}; i=1,2;j=1..6$), é depois da transformação afim, a mais usada no registo de imagens em oftalmologia porque apresenta a vantagem de ser capaz de compensar os efeitos produzidos pelo facto da retina ser esférica. No entanto, os autores recorrem mais frequentemente à transformação afim dado que os seus custos computacionais são menores e os resultados são de qualidade aceitável.

$$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} a_{11} & a_{12} & a_{13} & a_{14} & a_{15} \\ a_{21} & a_{22} & a_{23} & a_{24} & a_{25} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} x^2 \\ xy \\ y^2 \\ x \\ y \\ 1 \end{pmatrix} \quad (2.8)$$

2.3.2.3 Obtenção dos parâmetros

Outra forma de classificar os algoritmos é segundo a metodologia que usam para o cálculo dos parâmetros da transformação. Neste sentido existem dois tipos de métodos:

- Métodos baseados em pesquisa (*search-oriented methods* ou *feedback methods*): são métodos baseados em características nos quais o processo de estabelecimento de correspondências e de cálculo da transformação são realizados simultaneamente. Por outras palavras, para cada transformação calculada actualizam-se as correspondências definidas como correctas e recalculam-se os parâmetros, até finalmente ficarmos com o número de pontos mínimo para obter a transformação óptima. São um exemplo para este caso os métodos que usam o algoritmo *Iterative Closest Point* (ICP) [20] e as abordagens hierárquicas.
- Métodos directos (*direct methods*): incluem os métodos baseados em área e alguns métodos de estabelecimento de correspondências. Baseiam-se em algoritmos de optimização global que calculam a transformação que dá origem ao erro mínimo, incluindo toda a informação extraída da imagem.

2.3.2.4 Métodos hierárquicos

Geralmente o problema do alinhamento das imagens da rede vascular da retina é abordado directamente, ou seja, procurando a transformação óptima, que uma vez aplicada a uma das imagens maximiza a sobreposição com a outra imagem. No entanto, uma parte dos algoritmos paramétricos baseados na extracção de pontos característicos não segue este padrão e resolve o alinhamento de forma hierárquica.

Por exemplo, no método proposto por Can *et al.* [33], calculam-se três transformações sucessivas: a primeira delas, uma translação, serve apenas para determinar quais as possíveis correspondências correctas; a segunda, uma transformação afim, já resolve o alinhamento das imagens; a terceira, utilizando doze parâmetros, encontra um modelo quadrático que permite maior refinamento dado que consegue compensar os erros provocados pelo facto da retina ser esférica.

Existem ainda abordagens que não só incluem o conceito de hierarquia pelo facto de calcularem diferentes transformações, cada vez mais complexa, mas também porque a área da imagem abrangida aumenta em cada iteração. Consideram inicialmente apenas uma pequena região da imagem, portanto um número reduzido de correspondências, e um modelo de transformação simples, com poucos parâmetros. Em sucessivas iterações, aumentam a área da imagem considerada, e portanto o número de

pontos de referência, assim como a complexidade da transformação [15, 20, 31]. Conseguem assim resolver o principal problema dos algoritmos em características: a dificuldade em alinhar imagens com sobreposição inicial reduzida.

Capítulo 3 Algoritmo desenvolvido

3.1 Introdução

Uma vez analisados os trabalhos desenvolvidos para o alinhamento de imagens da rede vascular da retina, concluímos que os métodos baseados em características, ou mesmo os métodos híbridos, possuem melhor desempenho do que os que usam exclusivamente técnicas baseadas em área. No entanto, ambas as abordagens sofrem de alguns inconvenientes: nos métodos baseados em características existe um espaço de correspondências de grandes dimensões que fazem aumentar os tempos de processamento; os métodos baseados em área são muito sensíveis às zonas sem informação e estão normalmente associados a algoritmos de otimização global que podem levar à obtenção de mínimos ou máximos locais. Por estas razões, decidimos desenvolver um método essencialmente baseado na extracção de pontos característicos, identificando assim as zonas da imagem que contêm informação e, seguidamente e de forma local, usar uma medida de semelhança mais próxima dos métodos baseados em área, a correlação normalizada, evitando assim o estabelecimento de correspondências entre pontos de bifurcação inicialmente obtidos nas duas imagens.

No entanto, um outro problema inerente aos métodos baseados em área, no caso de serem dependentes das intensidades, e como já foi referido no capítulo 1, é existir

frequentemente uma iluminação irregular entre as imagens que dificulta o alinhamento. Dada a variabilidade da iluminação entre as imagens, e mesmo dentro da própria imagem, é preciso utilizar uma outra característica, que não a intensidade, que nos permita estabelecer um critério de semelhança. Para isso, depois de obtidas as imagens binárias da rede vascular da retina, vai usar-se a transformada de distância: as novas intensidades da imagem transformada passam a ser dependentes da distância de cada um dos pontos da rede vascular ao fundo da imagem (figura 3.1), sendo portanto mais elevadas nos vasos de maior largura, o que facilita a sua caracterização. Este facto tem grande relevância dado que os vasos mais espessos são os que dão maior garantia de ser detectados por qualquer algoritmo de segmentação da rede vascular.

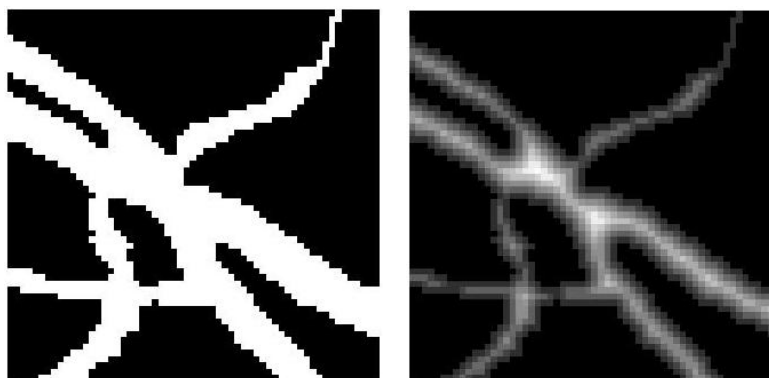


Figura 3.1 Imagem parcial binária da rede vascular da retina (esquerda) e transformada de distância do mesmo bloco (direita).

Passamos assim de uma imagem binária para uma nova imagem, em níveis de cinzento, contendo nas intensidades mais informação do que a rede vascular binária, que nos permitirá definir os critérios de semelhança. Para além de se tratar de um algoritmo híbrido baseado na transformada de distância, uma outra característica importante é o facto de ser um método hierárquico. Esta abordagem tem a vantagem de aproximar-se progressivamente da solução, distribuindo a complexidade e o custo computacional ao longo das diferentes fases. Para resolver o problema do alinhamento vamos usar a correlação normalizada como medida de semelhança, identificando secções das estruturas vasculares extraídas de uma imagem na outra; o uso de um método hierárquico vai ajudar-nos a reduzir as áreas de pesquisa na segunda e terceira etapas do algoritmo, com a consequente diminuição de tempo de processamento.

Nas secções a seguir apresenta-se o algoritmo desenvolvido, referindo inicialmente quais os materiais usados, para seguidamente explicar separadamente cada

uma das etapas que compõem o método. Os resultados e a sua análise serão apresentados no capítulo 4.

3.2 Materiais

O método apresentado para alinhar imagens da retina com base na sua rede vascular foi desenvolvido com a versão 7.1 do software Matlab®. Usaram-se neste trabalho 19 imagens de 5 doentes, que constituem os 5 grupos de imagens existindo em cada um deles uma retinografia e várias angiografias, dependendo do grupo (ver tabela 3.1). Cinco pares foram usados como imagens de treino na elaboração do método, enquanto que os pares restantes serviram de imagens de teste. Todas as imagens têm dimensão 516x660 pixels.

Tabela 3.1 Imagens a alinhar.

	Retinografias	Angiografias	Total Imagens
Grupo 1	1	4	5
Grupo2	1	2	3
Grupo 2	1	3	4
Grupo 4	1	2	3
Grupo 5	1	3	4

As angiografias são imagens em níveis de cinzento, obtidas após a administração de um agente químico de contraste que permite que os vasos sanguíneos sejam realçados. As retinografias são imagens coloridas que permitem a observação do fundo ocular, para as quais se foca na retina um anel luminoso durante a aquisição.

O nosso objectivo é portanto alinhar as imagens anteriormente referidas usando para esse efeito a transformada de distância das suas redes vasculares. A segmentação da rede vascular não é o objectivo deste trabalho; as imagens originais foram segmentadas usando o algoritmo desenvolvido por *A. Mendonça e A. Campilho* [36], e as imagens da rede vascular obtidas com este método são as imagens de partida para a aplicação do método desenvolvido. Podemos ver no anexo A as imagens correspondentes a cada um dos grupos, tanto as imagens originais como as que contêm as redes vasculares segmentadas.

3.3 Método

Como já foi referido previamente, trata-se de um método hierárquico, em três fases, que usa a transformada de distância da rede vascular da retina como base para o alinhamento. Numa primeira fase, usamos as transformadas de distância das imagens a alinhar para definir a transformação mais simples, uma translação, que nos aproxime da solução final. Uma vez compensada esta translação, na segunda fase vamos estimar uma transformação que seja capaz de realizar um alinhamento global grosseiro entre as duas imagens, usando para esse fim apenas alguns pontos relevantes da imagem, mas que nos dêem garantia da obtenção dessa primeira aproximação. Finalmente, na última fase, obtemos a transformação que permite o alinhamento final, desta vez encontrando a transformação que resulta de um processo de otimização que nos permite encontrar os parâmetros que maximizam a sobreposição entre imagens. A estrutura geral do método pode ser observada na figura 3.2.

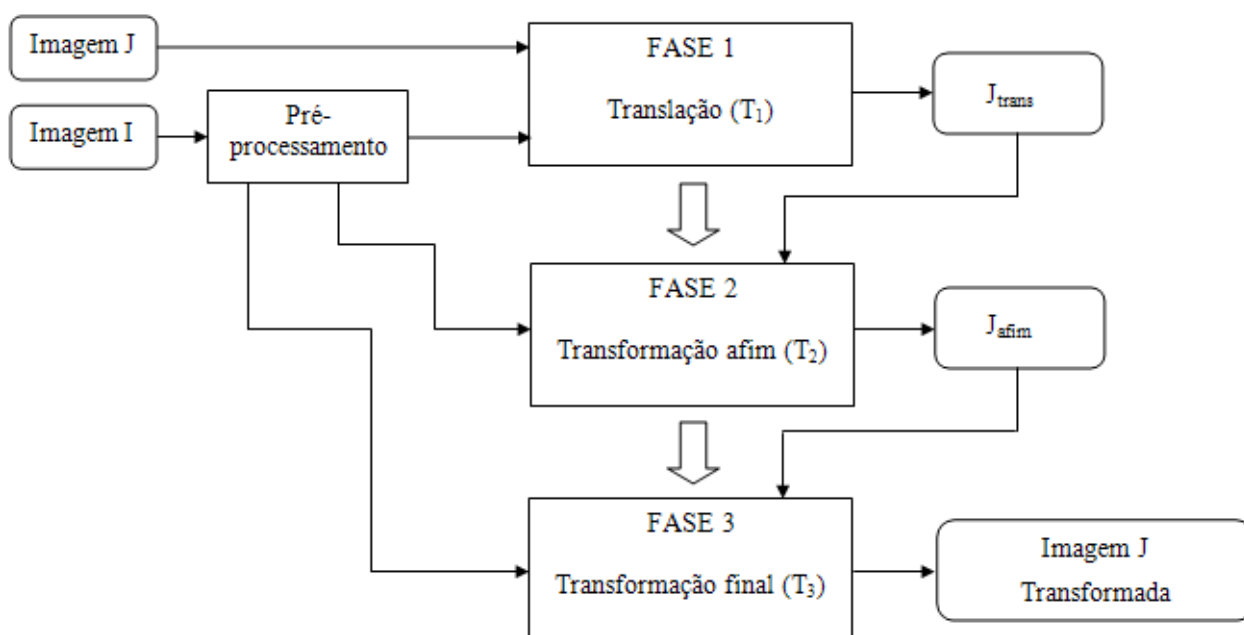


Figura 3.2 Esquema global do método.

3.3.1 Pré-processamento

O algoritmo apresentado neste trabalho é híbrido, ou seja, tem características dos métodos baseados em características e dos métodos baseados em área. Portanto, é necessária uma primeira fase de pré-processamento onde se identifiquem as referidas características; estas são pontos característicos da imagem que possam ser identificados automaticamente e estejam espalhados de forma razoavelmente uniformemente pela imagem. Vamos usar portanto os pontos de bifurcação e cruzamento de vasos, dado que cumprem estes requisitos.

A detecção de pontos característicos poderá ser por vezes uma operação de elevado custo computacional, pois é preciso detectar os pontos nas duas imagens a alinhar, e extrair características dos pontos que serão usadas para estabelecer correspondências entre os pontos das duas imagens. Neste caso, será preciso apenas detectar os pontos numa das duas imagens, a imagem de referência (imagem I), e não necessitamos extrair características dos pontos dado que usaremos uma técnica baseada em área, a correlação local, para encontrar os pontos correspondentes na segunda imagem (imagem J).

A metodologia implementada para a localização de pontos de bifurcação é baseada no trabalho de Laliberté *et al.* [9]. Usando a imagem da rede vascular adelgada, com vasos de largura um pixel, consideramos que um ponto de bifurcação ou cruzamento de dois vasos sanguíneos é um ponto da rede que possui no mínimo 3 vizinhos que pertencem também à rede vascular, sendo os pontos com dois vizinhos os pontos centrais dos vasos e os pontos com um único vizinho os extremos dos vasos (figura 3.3).

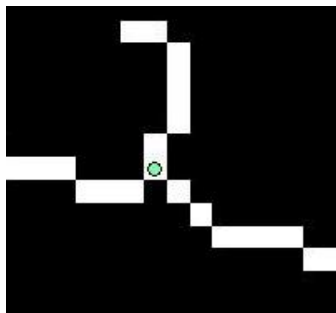


Figura 3.3 Exemplo de ponto de bifurcação.

Uma vez identificados os pontos que possuem mais do que 3 vizinhos, poderá acontecer que se tenham detectado pontos de bifurcação adjacentes. No entanto considera-se que se trata de uma única bifurcação, e que o ponto de bifurcação é o centróide do grupo de pontos adjacentes (figura 3.4).

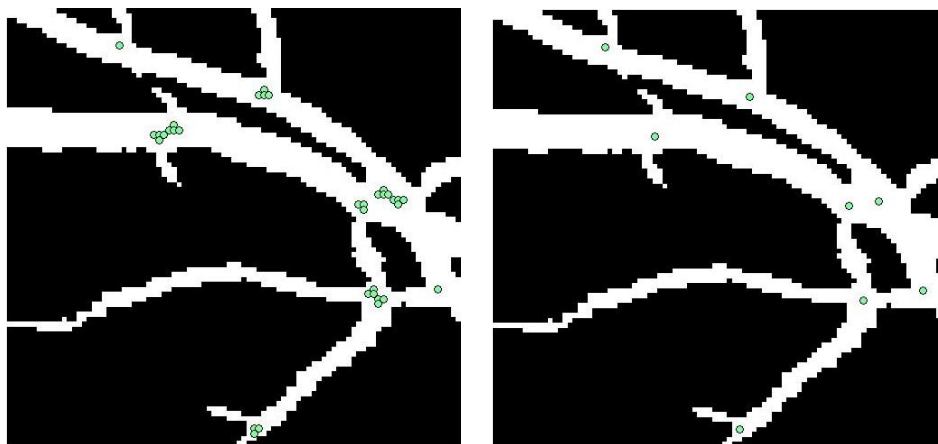


Figura 3.4 Substituição dos grupos de pontos de bifurcação adjacentes pelo seu centróide.

Os autores ainda incluem mais duas fases no processo de detecção: eliminam os pontos de bifurcação que dão origem a um vaso curto, e consideram que, quando num mesmo vaso se encontram dois pontos de bifurcação separados por distâncias pequenas, o ponto de bifurcação passa a ser o ponto médio do segmento definido pelos pontos de bifurcação iniciais. No entanto, no nosso caso, como não vamos comparar os pontos de bifurcação de uma imagem com os da outra, e o que nos interessa é identificar pontos de cruzamento porque são o ponto central de estruturas características, não incluímos estas duas etapas no nosso algoritmo. Com efeito, o custo computacional desta fase de simplificação é elevado, pois requer a medição das distâncias que separam os pontos, não sendo justificável na nossa aplicação: o próprio algoritmo, nas suas fases posteriores, faz a escolha dos pontos de bifurcação que reúnem as características suficientes para ser usados no alinhamento.

Podemos ver na figura 3.5 um exemplo dos pontos detectados numa das imagens do conjunto. Verifica-se que efectivamente os pontos de bifurcação e cruzamento são correctamente detectados, e que estes encontram-se espalhados em toda a área da imagem como era desejado. Uma vez concluída esta etapa de pré-processamento da

imagem de referência, passamos a descrever as três fases que compõem o algoritmo de alinhamento.

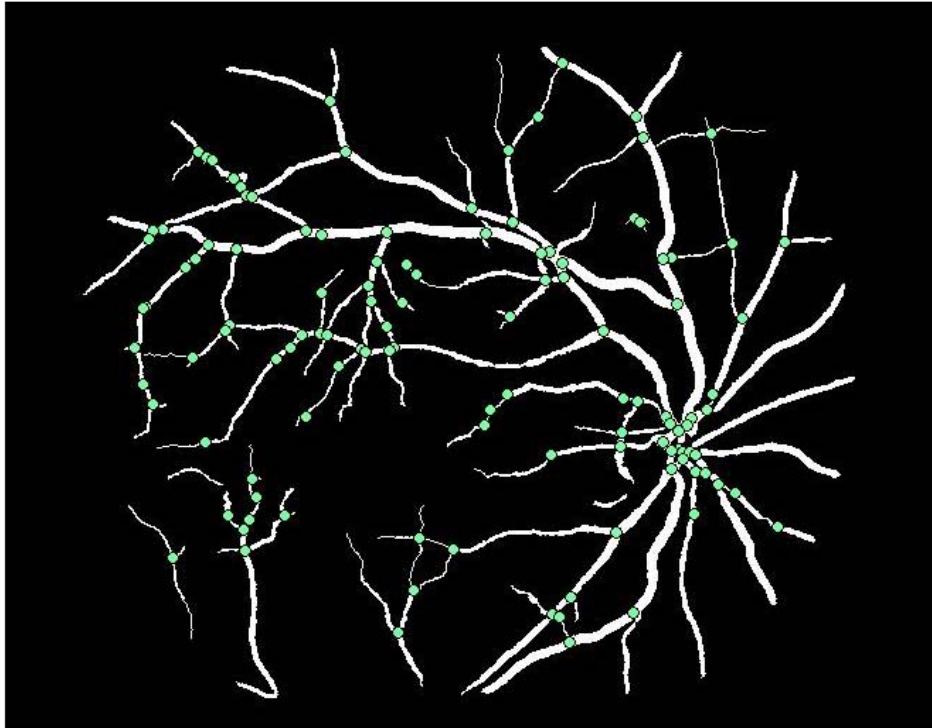


Figura 3.5 Pontos de bifurcação detectados numa das imagens do conjunto.

3.3.2 FASE 1: Translação

A partir das imagens binárias das redes vasculares das duas imagens a alinhar, vamos determinar nesta etapa um vector de translação para reduzir de forma significativa o deslocamento de translação inicial entre as imagens. Sendo I a imagem da rede vascular de referência e J a que será transformada, o processo a seguir é o apresentado no esquema da figura 3.6.

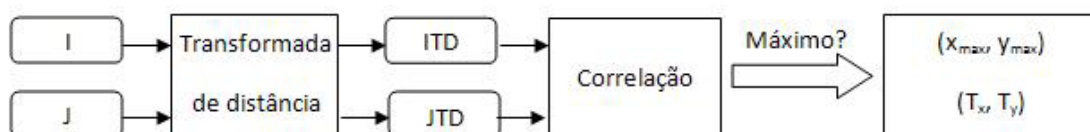


Figura 3.6 Esquema do algoritmo desenvolvido para a compensação da translação.

É calculada a transformada de distância de cada uma das imagens, dando origem às novas imagens *ITD* e *JTD* (figura 3.7). Obtemos assim, a partir de duas imagens binárias, duas imagens em escala de cinzentos que contêm informação sobre a distância dos pontos da rede vascular ao fundo da imagem. Seguidamente realizamos a correlação entre as duas e localizamos o seu máximo absoluto: o vector que separa o máximo da correlação do centro da imagem será portanto uma aproximação ao deslocamento existente entre *ITD* e *JTD*, e também entre *I* e *J* (figuras 3.8).

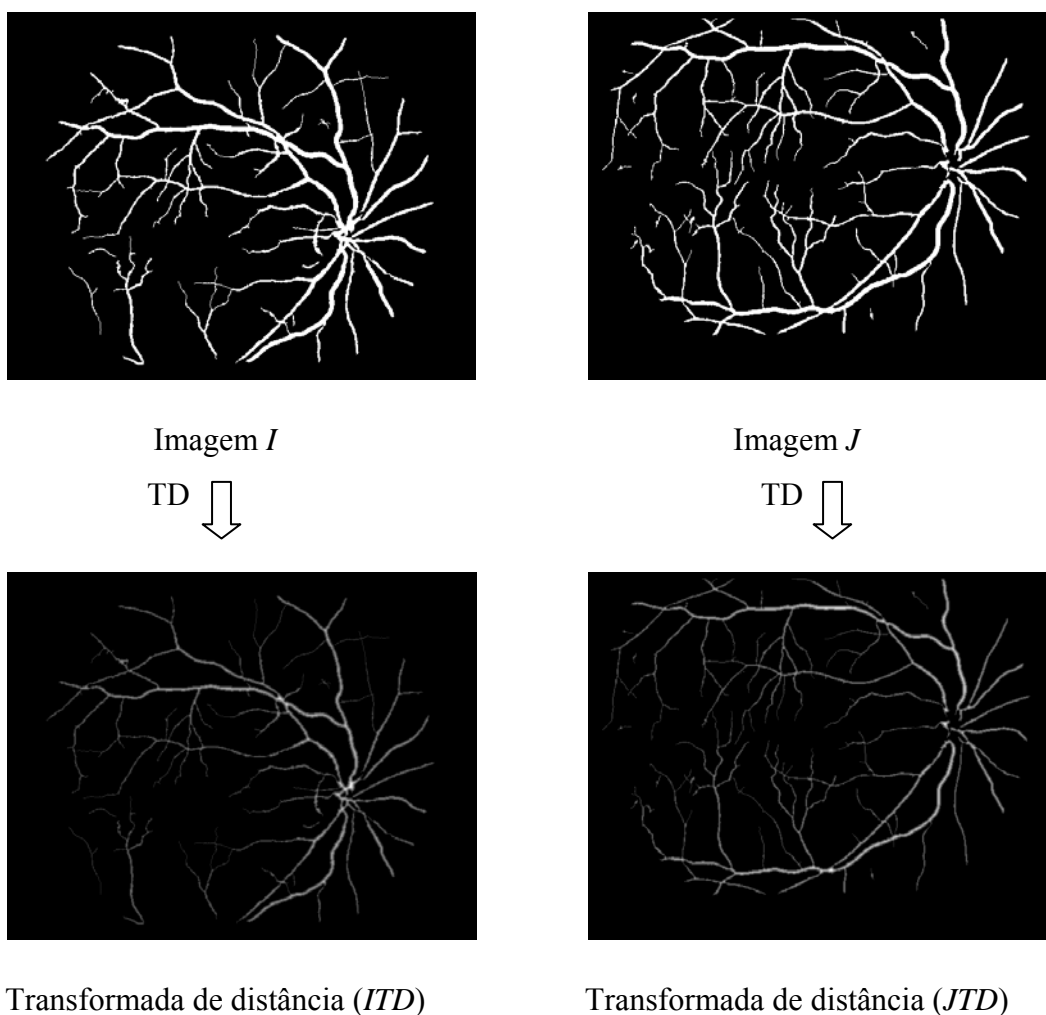


Figura 3.7 Transformada de distância das imagens a alinhar.

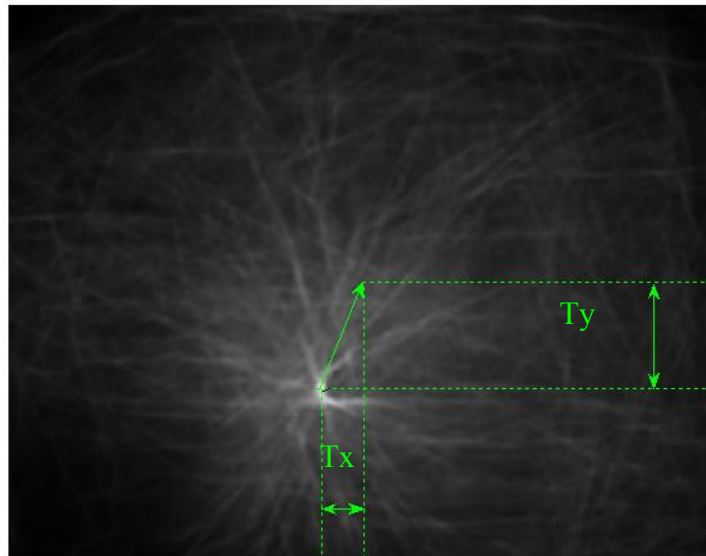


Figura 3.8 Correlação entre *ITD* e *JTD*: o máximo da correlação fornece as dimensões do vector de translação.

A transformada de distância cria imagens nas quais os pixels que pertencem à rede vascular têm pesos proporcionais à sua distância ao fundo da imagem, de forma que os pixels de maior valor serão os pixels centrais dos vasos mais largos. Sendo assim, ao calcularmos a correlação entre as duas transformadas de distância *ITD* e *JTD* para determinar o deslocamento entre as imagens, os pixels dos vasos mais largos condicionam o resultado dando maior garantia do sucesso desta operação. Naturalmente, o melhor alinhamento é conseguido na região com maior concentração de vasos, isto é, o disco óptico.

Podemos ver nas figuras a seguir dois exemplos de sobreposição entre a imagem de referência inicial *I* e a imagem *J* após ter-lhe sido aplicada a translação calculada (*Jtrans*). No primeiro caso (figura 3.9) vê-se claramente como há partes das imagens que ficam bem alinhadas só com esta etapa, mas se existirem factores de escala e rotação que não foram ainda compensados, as partes mais afastadas da região do disco óptico permanecem ainda sem alinhamento. Por outro lado, no segundo exemplo (figura 3.10), vemos como existem também pares de imagens que parecem estar já alinhadas após esta operação, o que acontece se as deformações correspondentes a uma eventual rotação a alteração de escala foram mínimas.

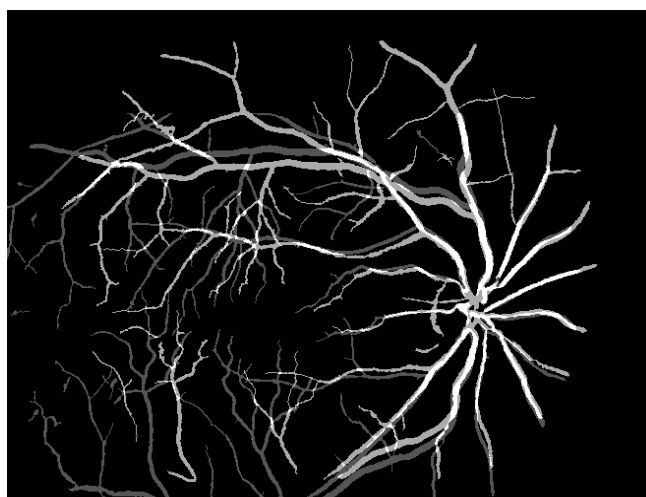
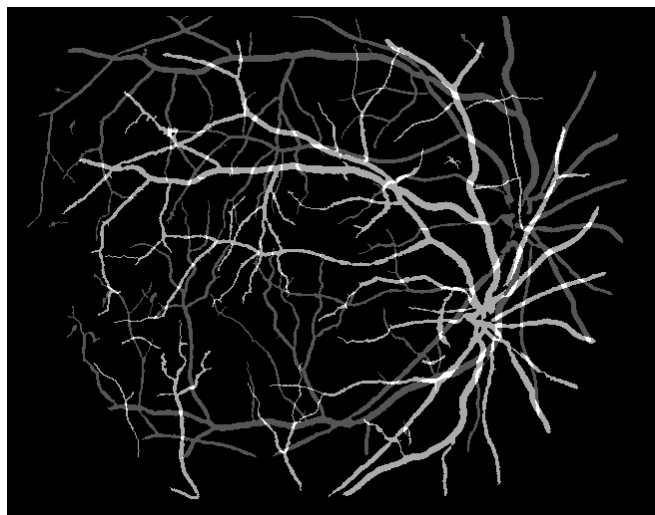


Figura 3.9 Sobreposição inicial (acima) e sobreposição depois da compensação da translação (abaixo).

No entanto, nos dois tipos de casos atinge-se o objectivo pretendido com esta etapa: a compensação global da translação permite agora limitar a área de pesquisa nas operações de correlação cruzada que vão ser realizadas nas sucessivas etapas do algoritmo para a determinação das áreas correspondentes.

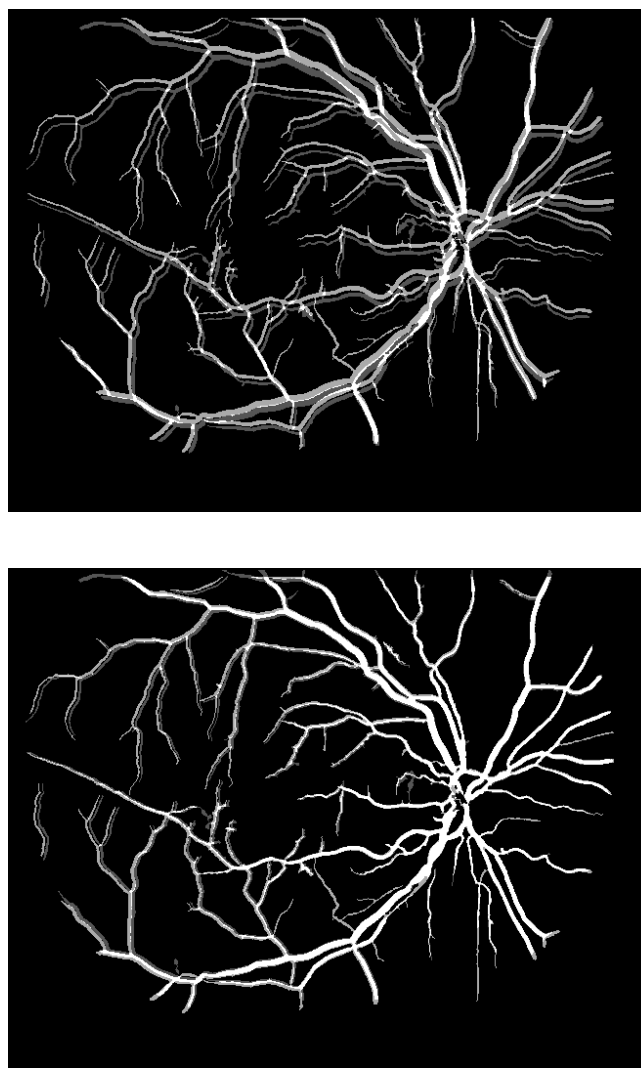


Figura 3.10 Sobreposição inicial (acima) e sobreposição depois da compensação da translação (abaixo).

3.3.3 FASE 2: Transformação afim

Uma vez realizada a compensação da translação observámos, como já foi referido na secção anterior, que em todas as imagens existe uma grande sobreposição na zona do disco óptico. No entanto, podem existir zonas nas quais ainda não se conseguiu o alinhamento, nomeadamente na periferia das imagens, devido aos efeitos da escala e da rotação. Portanto, para garantir que conseguiríamos identificar uma dada estrutura da imagem I em J , independentemente da sua localização, precisaríamos de uma área de pesquisa extensa. É necessário ainda compensar globalmente a escala e a rotação para que o tamanho da área de pesquisa possa ser reduzido, mantendo a garantia de sucesso.

Optámos por compensar simultaneamente as duas deformações, definindo uma transformação afim global, usando um número reduzido de pontos. O algoritmo usado nesta fase é esquematizado na figura 3.11.

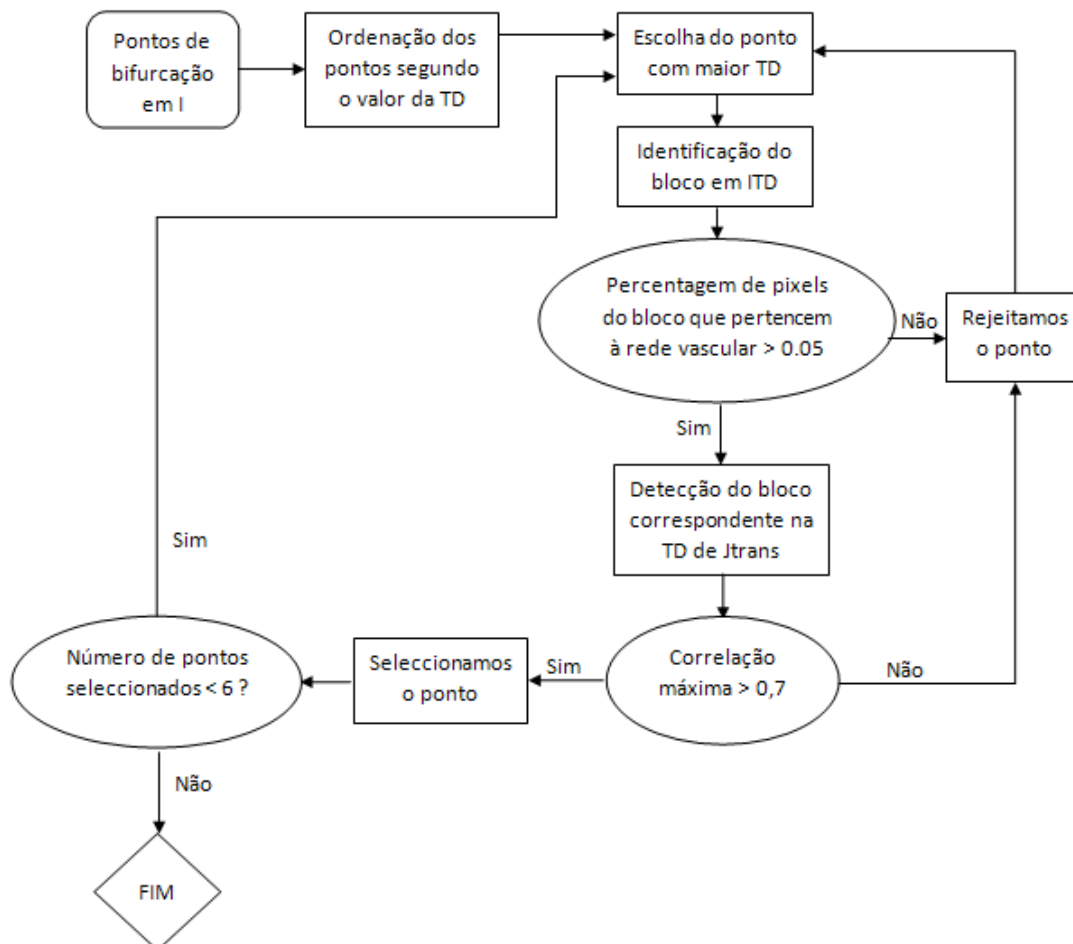


Figura 3.11 Esquema da segunda fase.

Para definir a transformação afim bastariam três pares de pontos correspondentes; no entanto optámos pela utilização de seis pares na definição da transformação afim que melhor se ajusta às seis correspondências. Desta forma obtemos um algoritmo mais robusto, pois um erro num dos seis pares permite ainda encontrar uma transformação afim aproximada.

Os pontos mais adequados para o estabelecimento das seis correspondências são aqueles que têm maior transformada de distância, ou seja, aqueles que se encontram nos vasos de maior largura. Como os vasos mais grossos são quase sempre detectados no processo de segmentação da rede vascular, temos assim maior garantia de que existem nas duas imagens, dando origem a correspondências correctas.

Portanto, uma vez detectados os pontos de bifurcação da imagem I , e sua ordenação segundo o valor da sua transformada de distância, devemos encontrar os respectivos pontos correspondentes na imagem de transformada de distância de $Jtrans$. Como já foi referido, os pontos são apenas detectados na imagem I , de forma que não existe um subconjunto de candidatos a pontos correspondentes de $Jtrans$. Usaremos a correlação normalizada como medida de similaridade para identificar em $Jtrans$ o conjunto de pontos correspondentes.

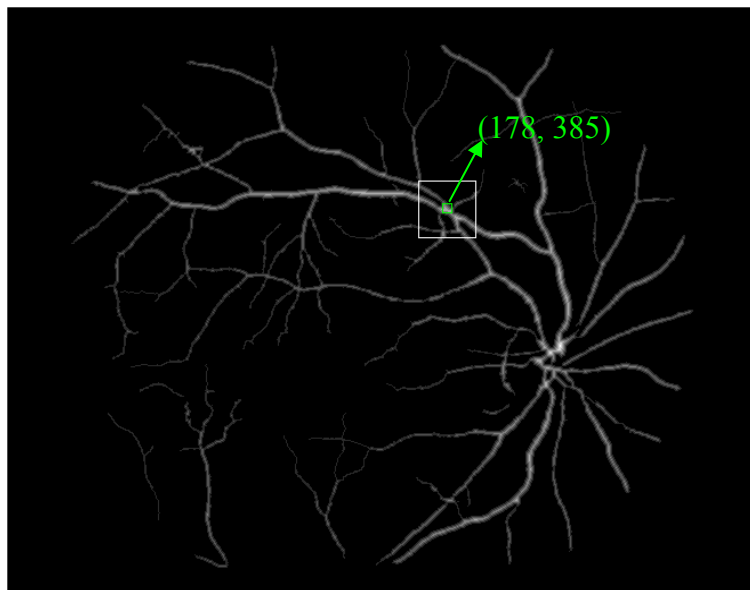


Figura 3.12 Determinação do bloco $b1$ na imagem I à volta do ponto p_1 .

Para esse efeito definimos em I um bloco ($b1$) à volta do ponto de bifurcação de I com maior transformada de distância (p_1), como podemos ver na figura 3.12. Sabemos que p_1 é um ponto a grande distância do fundo da imagem, situado na bifurcação de dois ou mais vasos e que contém em princípio uma estrutura única na imagem. Para verificar que efectivamente o bloco $b1$ determinado contém uma estrutura significativa, define-se o parâmetro inf_bloco : este parâmetro é a percentagem de pixels do bloco que pertencem à rede vascular, e que pode ser entendido como uma medida da quantidade de informação que possui o bloco. Unicamente serão processados os blocos cujo parâmetro inf_bloco seja superior ao limiar $inf_bloco_{mínima}$.

Seguidamente, caso se verifique que o bloco cumpre o requisito previamente exposto, procuramos essa estrutura em J . Aproveitando o facto de sabermos que a compensação prévia da translação fornece alguma garantia de proximidade entre a área seleccionada em I e a área correspondente em $Jtrans$, definimos um bloco de pesquisa

em *Jtrans* (bloco b2) com centro de coordenadas p_1 e de tamanho superior ao tamanho de b1 (figura 3.13).

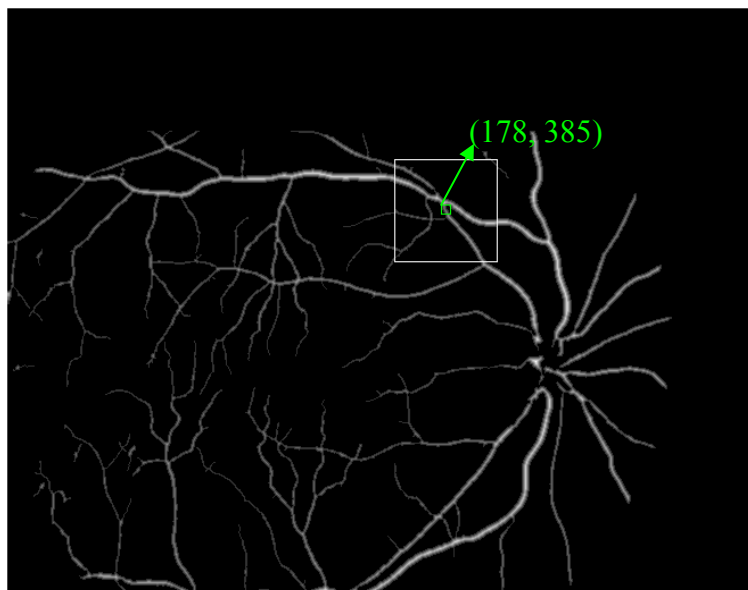


Figura 3.13 Determinação do bloco b2 em *Jtrans*.

A correlação normalizada entre os blocos b1 e b2 é calculada, e o seu máximo (C_{max}) define a posição do bloco b1 dentro de b2 que maximiza o alinhamento. Esta posição relativa, ou seja, a translação local entre o centro do bloco e o ponto máximo da correlação permite determinar as coordenadas absolutas do ponto p_j , ponto correspondente de p_1 na imagem *Jtrans*.

Observamos na figura 3.14 os blocos b1 e b2, assim como o resultado da sua correlação e a sobreposição final atingida. Na figura 3.15 mostra-se o vector de translação local que separa o centro do bloco b2 do ponto de máxima correlação entre os blocos, através do qual se determinam as coordenadas do par de pontos correspondentes.



Figura 3.14 (Da esquerda a direita) Bloco b1; bloco b2; resultado da correlação; sobreposição final após a compensação da translação local.

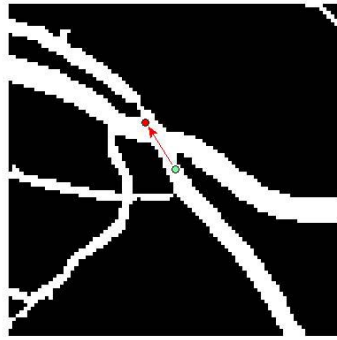


Figura 3.15 Vector de translação que separa o centro do bloco b_2 (ponto verde) do ponto de máxima correlação (ponto vermelho).

Poderá acontecer que o valor de C_{max} da correlação dos blocos seja muito pequeno, não garantindo que se trata de uma correspondência correcta. Para evitar que essa correspondência seja tida em conta, rejeitamos os pares de pontos associados a blocos cuja correlação não ultrapasse um determinado limiar (C_{limiar}). Existe ainda o risco do algoritmo escolher os seis pontos necessários para esta fase muito próximos entre si, tornando-se necessária uma medida de distância entre os pontos de I usados ($d_{rejeição}$): de cada vez que encontramos uma correspondência válida para o ponto p_i , eliminamos da listagem de pontos ordenada segundo os valores da transformada de distância, todos os pontos de bifurcação situados a uma distância de p_i menor que $d_{rejeição}$. Este processo é repetido, respeitando a ordenação inicial dos pontos inicial, até obtermos seis correspondências válidas para as duas imagens.

Na figura 3.16 mostram-se os seis blocos usados na determinação das seis correspondências entre as imagens I e J_{trans} usadas como exemplo.

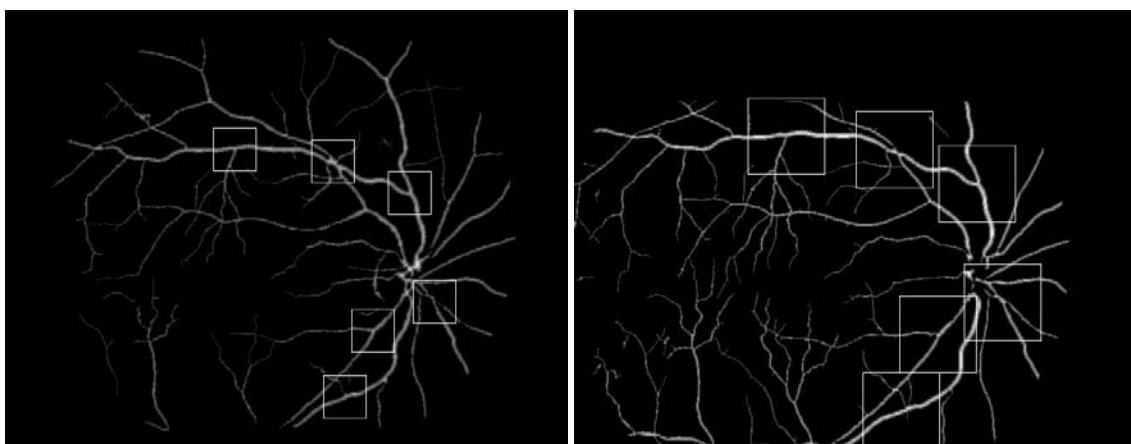


Figura 3.16 Blocos definidos em I e em J_{trans} para a determinação da transformação afim.

Finalmente, mediante um processo de minimização do erro médio quadrático (anexo B), encontramos os parâmetros da transformação afim que se ajusta aos seis pares de pontos correspondentes determinados.

Na figura 3.17 mostra-se a imagem de sobreposição após a primeira fase e a sobreposição depois da aplicação da transformação afim obtida nesta segunda fase (*Jafim*). A equação 4.1 apresenta o resultado obtido para as imagens da figura 3.17.

$$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,1028 & 0,0000 \\ 0,0006 & 1,0887 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} -130,2011 \\ -5,0059 \end{pmatrix} \quad (4.1)$$

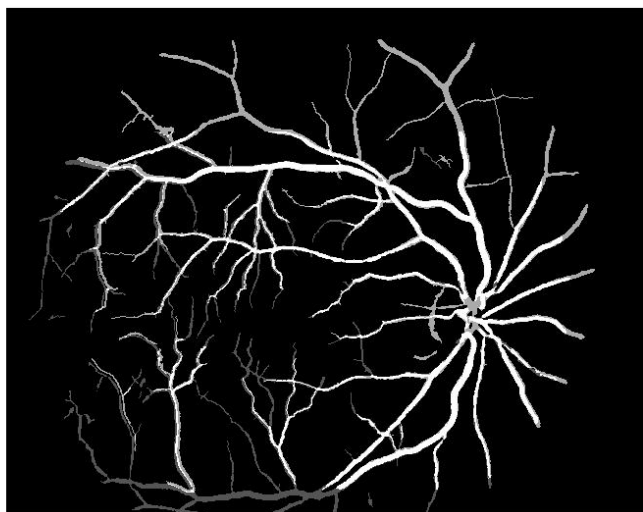
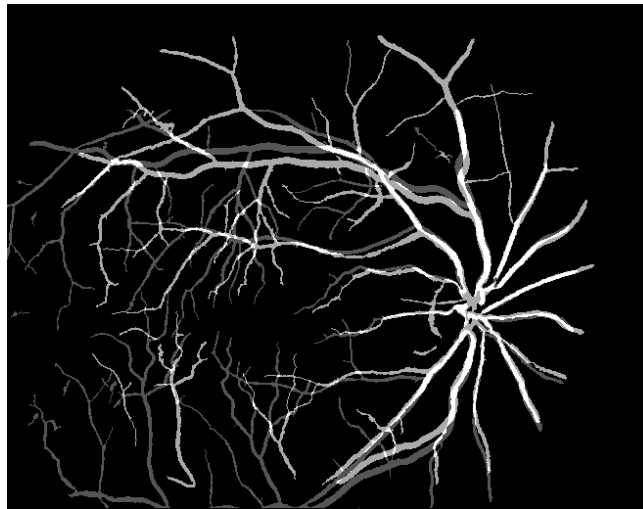


Figura 3.17 Sobreposição das imagens *I* e *Jtrans* (acima) e sobreposição das imagens *I* e *Jafim* (abaixo).

Os parâmetros usados nesta fase foram determinados experimentalmente, sendo os valores obtidos aqueles que se apresentam na tabela 3.2. O tamanho do bloco b1 deve ser suficientemente grande para poder incluir uma estrutura bem definida e única, mas ao mesmo tempo suficientemente pequeno para permitir obter valores altos de correlação apesar das deformações geométricas que separam as imagens e que esta possa ser usada como medida de semelhança. Quanto ao tamanho do bloco b2, obviamente superior a b1, limita a excursão que o bloco b1 pode realizar para ser encontrado o bloco mais semelhante em J : um tamanho muito pequeno reduziria a excursão de forma que só as partes da imagem já alinhadas com a translação inicial dariam origem a correspondências válidas, e uma excursão muito grande aumentaria o tempo de processamento podendo ainda estabelecer-se correspondências erradas, identificando estruturas semelhantes, afastadas da pretendida. Em ambos os casos, quer para b1 quer para b2, escolheu-se um número ímpar para o tamanho dos blocos, dado que o seu centro será a referência na definição dos pontos correspondentes, e um bloco com dimensão par possui o seu centro na fronteira entre pixels e dificultaria a determinação de coordenadas.

A alteração de qualquer um destes parâmetros implica necessariamente que os outros sejam revistos também para atingir a aproximação desejada com a transformação afim calculada.

Tabela 3.2 Parâmetros do algoritmo (fase 2).

Parâmetro	Valor
Tamanho bloco b1	51x51 pixels
Tamanho bloco b2	91x91 pixels
Inf_bloco	5%
C_{limiar}	0,7
N_pontos	6
$d_{rejeição}$	60 pixels

3.3.4 FASE 3: Transformação final

Após a execução das duas primeiras fases já podemos afirmar que as coordenadas dos pontos da rede vascular da imagem I são muito próximas das coordenadas dos pontos correspondentes em $Jafim$, em qualquer parte da imagem. Esta característica permite refinar o resultado obtido na fase 2, calculando as translações locais para todos os pontos de bifurcação da imagem I , usando posteriormente estas informações para determinar a transformação final.

O algoritmo usado nesta fase, descrito na figura 3.18, é muito semelhante ao anterior, diferindo apenas no número de pontos processados e nos parâmetros usados no algoritmo. Desta vez vamos usar todos os pontos de bifurcação detectados em I para calcular a transformação geométrica, e não apenas um número reduzido de pontos, associados a elevados valores da transformada de distância. Como consequência desta alteração, é necessário modificar também os parâmetros definidos no algoritmo, pois alguns deixam de ser úteis e outros tomam valores diferentes dos anteriormente expostos na fase 2.

Os valores dos parâmetros usados nesta fase do algoritmo apresentam-se na tabela 3.3. Os blocos em I ($b1$) continuam a ser do mesmo tamanho, dado que existem os mesmos compromissos apontados na secção anterior. No entanto, o bloco $b2$ tem um tamanho um pouco inferior: já existe um alinhamento aproximado para todas as partes da imagem o que permite que a excursão do bloco possa ser menor, reduzindo assim os tempos de processamento.

Tabela 3.3 Parâmetros do algoritmo (fase 3).

Parâmetro	Valor
Tamanho bloco $b1$	51x51 pixels
Tamanho bloco $b2$	71x71 pixels
Inf_bloco	10%
C_{limiar}	0,6

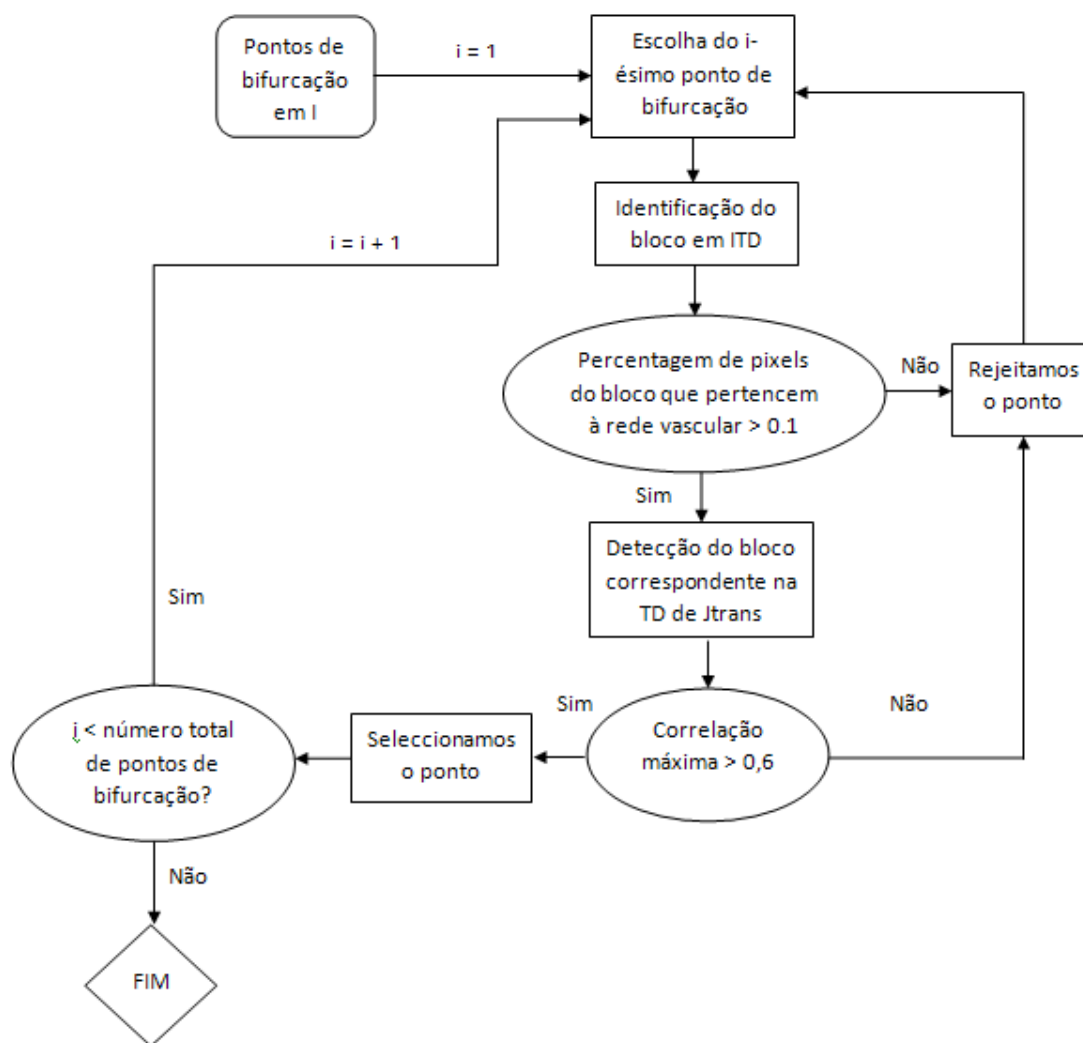


Figura 3.18 Esquema da fase 3 do algoritmo.

Nesta terceira fase reduz-se a exigência em termos de correlação (C_{limiar}): as diferentes imagens binárias da rede vascular de um mesmo doente diferem principalmente nos vasos mais finos que também serão tidos em conta nesta etapa. Por isso, dado que alguns vasos existem apenas numa das duas imagens binárias, é necessário introduzir uma certa flexibilidade nos valores obtidos para a correlação normalizada; caso contrário, as zonas da periferia com vasos pequenos apenas ficariam alinhadas se tivessem exactamente os mesmos vasos, o que nem sempre pode ser garantido. Nestas circunstâncias, o valor do parâmetro inf_bloco aumenta ligeiramente nesta fase do algoritmo, por um lado para compensar essa maior tolerância em termos de correlação, mas também devido à presença de vasos mais finos que definem estruturas de menor tamanho que poderiam induzir a erro com maior facilidade.

O objectivo desta terceira fase é encontrar a transformação geométrica que afine os resultados obtidos após as fases anteriores. Inicialmente foram avaliados os três tipos de transformações geométricas mais usados para o alinhamento das imagens da retina (afim, projectiva e quadrática). Os resultados obtidos serão comparados no capítulo 4 com o intuito de encontrar o modelo de transformação que fornece um erro de alinhamento menor. Para obter os valores dos parâmetros que definem cada uma das transformações usa-se a minimização do erro médio quadrático referida também na fase 2 e explicada em detalhe no anexo B.

Na figura 3.19 apresenta-se o resultado desta última fase para o mesmo par de imagens mostrado anteriormente, comparando a sobreposição das imagens após a segunda fase com a sobreposição final. As equações obtidas para as transformações usadas nesta última fase, aplicadas sobre a imagem *Jafim*, estão indicados na tabela 3.4

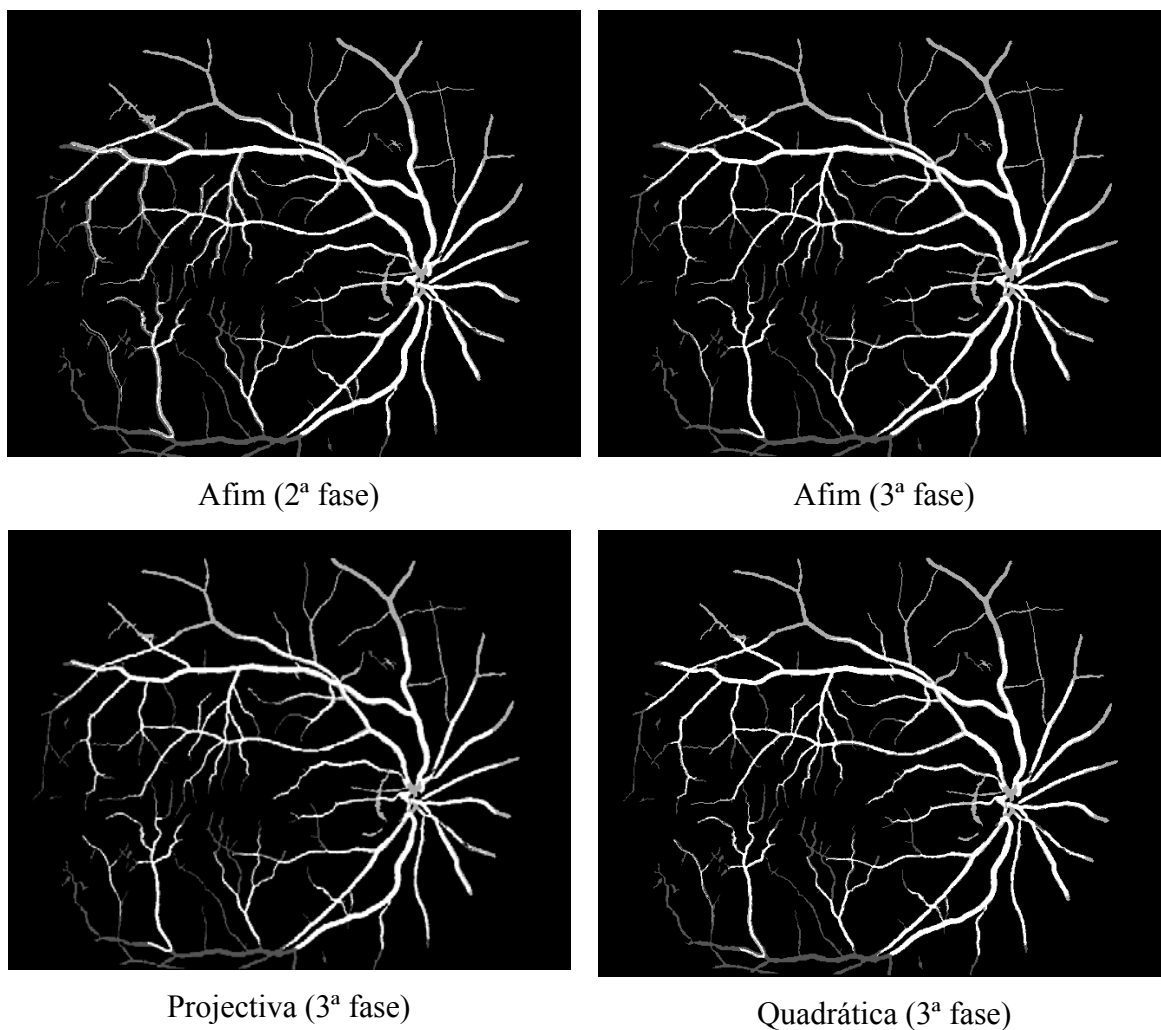


Figura 3.19 Sobreposição das redes vascular após a segunda e a terceira fase do algoritmo.

Uma vez obtida a transformação final que melhora o resultado obtido nas fases anteriores é preciso combinar as três transformações parciais para conhecer as equações da transformação global que permite o alinhamento pretendido a partir das imagens iniciais I e J . Os resultados finais, tanto para as transformações como para as imagens obtidas, são apresentados no capítulo 4, onde serão analisados pormenorizadamente usando diferentes medidas de erro.

Tabela 3.4 Equações das transformações obtidas na fase 3.

Afim	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,00 & -2,83E-3 \\ 3,24E-3 & 1,01 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 1,50 \\ -4,22 \end{pmatrix}$
Projectiva	$\begin{pmatrix} u \\ v \\ w \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,00 & 3,07E-3 & 0,75 \\ -1,67E-3 & 1,02 & -5,02 \\ -1,50E-5 & 2,27E-5 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ 1 \end{pmatrix}, \quad \begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} u/w \\ v/w \end{pmatrix}$
Quadrática	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0,97 & -0,03 & 5,97E-5 & -2,55E-5 & 5,38E-5 & 8,26 \\ 0,02 & 1,03 & -3,50E-5 & 5,76E-6 & -4,09E-5 & -9,72 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ x^2 \\ xy \\ y^2 \\ 1 \end{pmatrix}$

Capítulo 4 Resultados

Neste capítulo apresentam-se os resultados obtidos com o algoritmo exposto no capítulo anterior, usando os grupos de imagens incluídos no Anexo A. Seguidamente avaliaremos qualitativa e quantitativamente esses resultados, assim como as diferentes fases do algoritmo desenvolvido.

A inspeção visual dos resultados é muito usada nesta área, dado que a avaliação quantitativa é difícil de realizar devido à própria natureza do problema do alinhamento: a partir de duas imagens determina-se um modelo de transformação e calculam-se os valores dos parâmetros que compõem o modelo definido. Não existe portanto uma medida de erro que avalie simultaneamente a adequação do modelo e a exactidão dos valores dos parâmetros, de forma que se tornam necessárias técnicas manuais para fazer avaliações globais, ao mesmo tempo que se avaliam os algoritmos em cada uma das suas diferentes fases.

Uma vez apresentados os resultados, vamos inicialmente proceder à sua avaliação visual, para seguidamente analisar as diferentes medidas de erro adequadas para o problema. Será a partir dessas medidas quantitativas que determinaremos as características em falta do método exposto: qual o tipo de transformada de distância que

deverá ser usado e qual a transformação geométrica mais adequada para maximizar a exactidão deste algoritmo.

4.1 Apresentação dos resultados

Uma vez testado o método para os grupos de imagens previamente apresentados, obtemos, na terceira fase do algoritmo, três transformações para cada um dos pares: as transformações afim, projectiva e quadrática. Podemos ver na tabela 4.1 as equações das transformações obtidas em cada uma das fases para um dos pares de imagens testados, e na tabela 4.2 as três transformações finais, resultado da composição das diferentes etapas.

Tabela 4.1 Equações das transformações obtidas em cada fase do algoritmo.

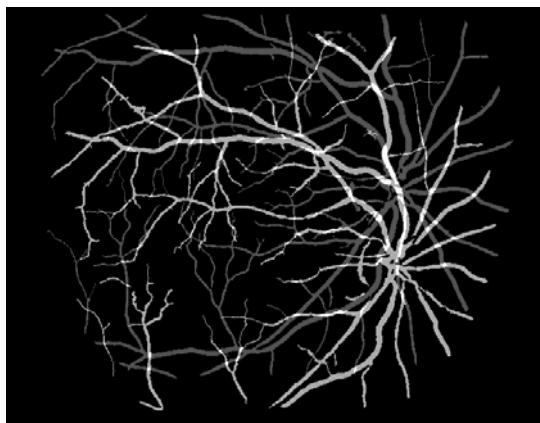
		Transformação em cada fase
Fase 1	Translação	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 95 \\ -2 \end{pmatrix}$
Fase 2	Afim	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,10 & -7,67E-5 \\ 3,99E-3 & 1,09 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} -126,72 \\ -43,96 \end{pmatrix}$
Fase 3	Afim	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,00 & -4,77E-3 \\ -6,30E-4 & 1,00 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 1,50 \\ -1,90 \end{pmatrix}$
	Projectiva	$\begin{pmatrix} u \\ v \\ w \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,00 & -5,70E-3 & 1,45 \\ 9,07E-4 & 1,00 & -1,98 \\ 4,69E-6 & -3,30E-6 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ 1 \end{pmatrix}, \quad \begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} u/w \\ v/w \end{pmatrix}$
	Quadrática	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,08 & -0,02 & 4,30E-5 & -6,81E-6 & 3,39E-5 & -117,45 \\ 3,12E-3 & 1,10 & 1,35E-5 & -2,90E-5 & 2,53E-6 & -47,31 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ x^2 \\ xy \\ y^2 \\ 1 \end{pmatrix}$

Paralelamente, a figura 4.1 mostra o resultado da sobreposição das redes vasculares após a aplicação de cada uma das transformações apresentadas. Como se trata de imagens binárias, a reconstrução das imagens resultado é feita usando a interpolação para o vizinho mais próximo: os pixels da nova imagem criada, a imagem transformada, tomam o valor do pixel da imagem original mais próximo das suas coordenadas transformadas.

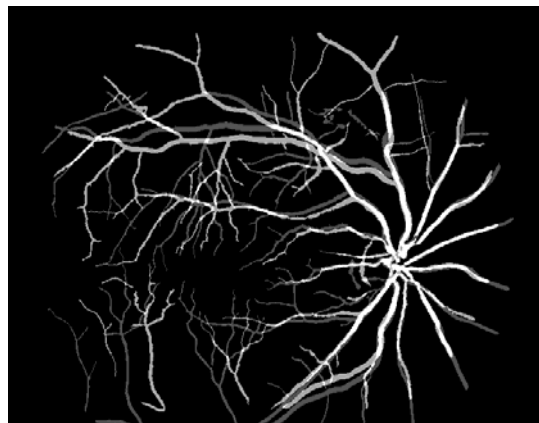
Outros exemplos das transformações obtidas com outros pares de imagens, assim como a sobreposição final das redes vasculares encontram-se no Anexo C.

Tabela 4.2 Transformações finais, resultado da composição das diferentes etapas.

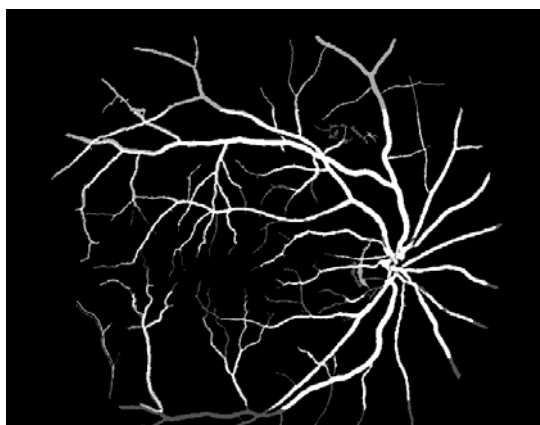
	Transformações finais
Afim	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,11 & -5,34E-3 \\ 3,31E-3 & 1,10 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} -125,07 \\ -46,02 \end{pmatrix}$
Projectiva	$\begin{pmatrix} u \\ v \\ w \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,11 & -5,95E-3 & -125,12 \\ 4,79E-3 & 1,10 & -46,12 \\ 4,69E-6 & -3,30E-6 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ 1 \end{pmatrix}, \quad \begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} u/w \\ v/w \end{pmatrix}$
Quadrática	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,09 & -0,03 & -6,96E-6 & 4,29E-5 & 3,39E-5 & -123,61 \\ 0,01 & 1,10 & -2,94E-5 & 1,35E-5 & 2,53E-6 & -47,69 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ x^2 \\ xy \\ y^2 \\ 1 \end{pmatrix}$



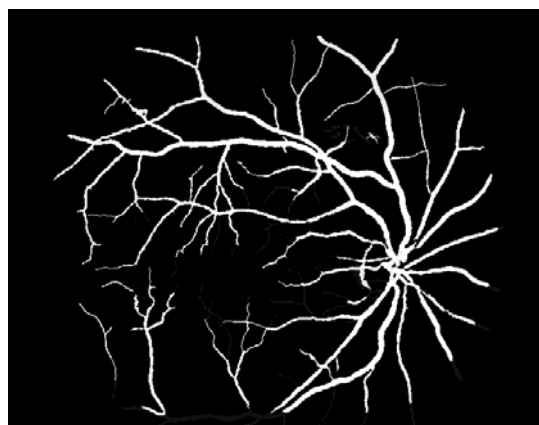
Sobreposição inicial



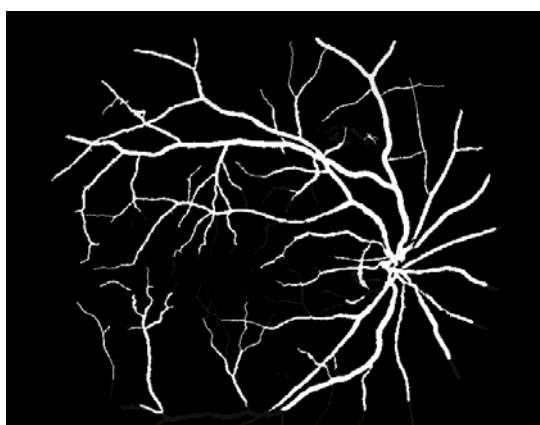
Sobreposição após a fase 1



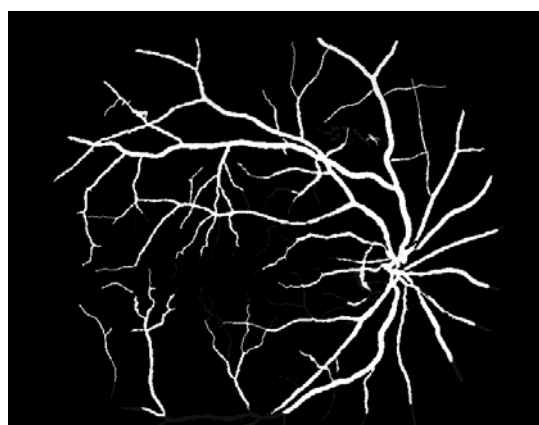
Sobreposição após a fase 2



Sobreposição após a fase 3: transformação afim



Sobreposição após a fase 3: transformação projectiva



Sobreposição após a fase 3: transformação quadrática

Figura 4.1 Sobreposição das imagens em cada uma das fases do algoritmo.

4.2 Avaliação por análise visual

Dada a complexidade na determinação dos erros num processo de alinhamento de imagens, recorre-se muitas vezes à análise visual dos resultados. Mesmo não sendo suficiente como método de avaliação de um algoritmo, é necessária e representa uma ferramenta muito útil para rejeitar algoritmos erróneos.

Em capítulos anteriores foram usadas imagens da rede vascular da retina para mostrar a sobreposição após as transformações aplicadas às imagens. No entanto, o que se pretende não é alinhar imagens da rede vascular, mas sim alinhar as retinografias e angiografias originais usando as redes vasculares. Por isso, nesta secção vão analisar-se as imagens resultado obtidas a partir das transformações aplicadas às imagens originais. Para esse feito, as retinografias serão convertidas para uma representação monocromática.

Para construir as referidas imagens a partir das equações das transformações já não podemos recorrer à aproximação para o vizinho mais próximo como foi feito com as imagens binárias da rede vascular, mas precisamos de um método de interpolação de intensidades. Podemos optar quer pela interpolação bilinear, que combina os valores dos quatro pixels mais próximos, quer pela interpolação bicúbica, que usa dezasseis pixels para calcular a nova intensidade. Mesmo que a interpolação bicúbica dê origem a transições de intensidade mais suaves, combinando informação sobre um maior número de pixels, a interpolação bilinear fornece um bom resultado para este tipo de imagens e a sua complexidade computacional é muito menor. Por isso, na reconstrução das imagens, usaremos o método de interpolação bilinear.

Com este tipo de imagens é mais difícil apreciar a qualidade do alinhamento observando as duas imagens sobrepostas, e por isso existem outras formas de avaliar visualmente os resultados do alinhamento. Alguns autores [37] usam o modelo de “xadrez”: constrói-se um tabuleiro de xadrez do mesmo tamanho das imagens, no qual as casas pretas são preenchidas com a parte correspondente de uma das imagens e as brancas com a parte correspondente da outra imagem. Desta forma aparecem intercalados os blocos das duas imagens originais, oferecendo a possibilidade de avaliar

a continuidade dos vasos. Na figura 4.2 podemos ver um exemplo deste tipo de representação.

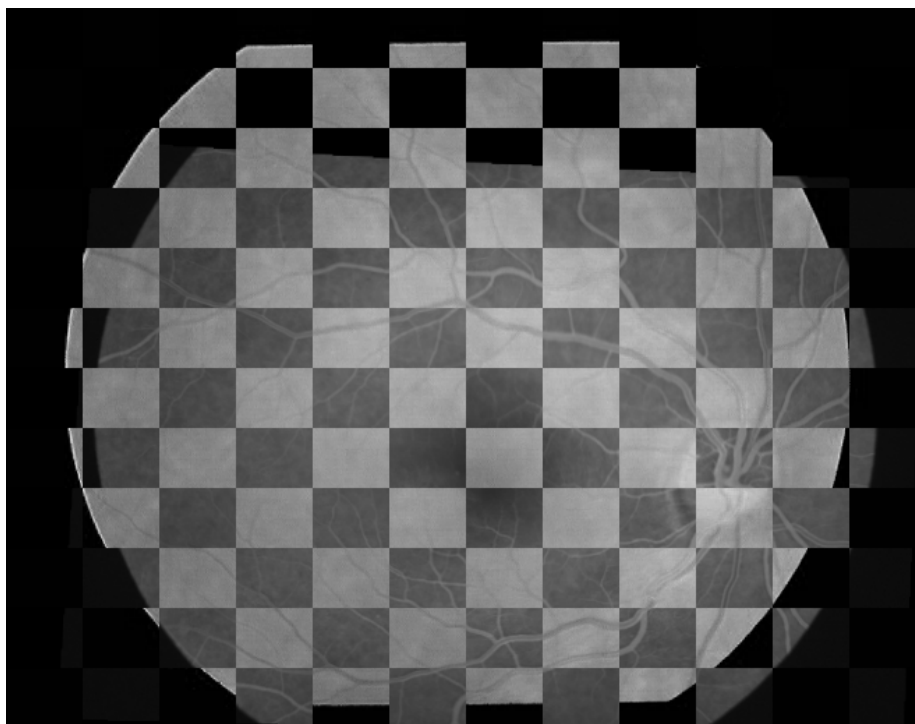


Figura 4.2 Imagens originais (acima) e representação do resultado pelo método “xadrez” (abaixo).

Existe também um outro tipo de composição que permite a avaliação visual usando as imagens originais: criamos uma imagem que contem a totalidade de uma das

imagens originais e sobreposmos a linha central dos vasos da outra imagem [10] (figura 4.3).

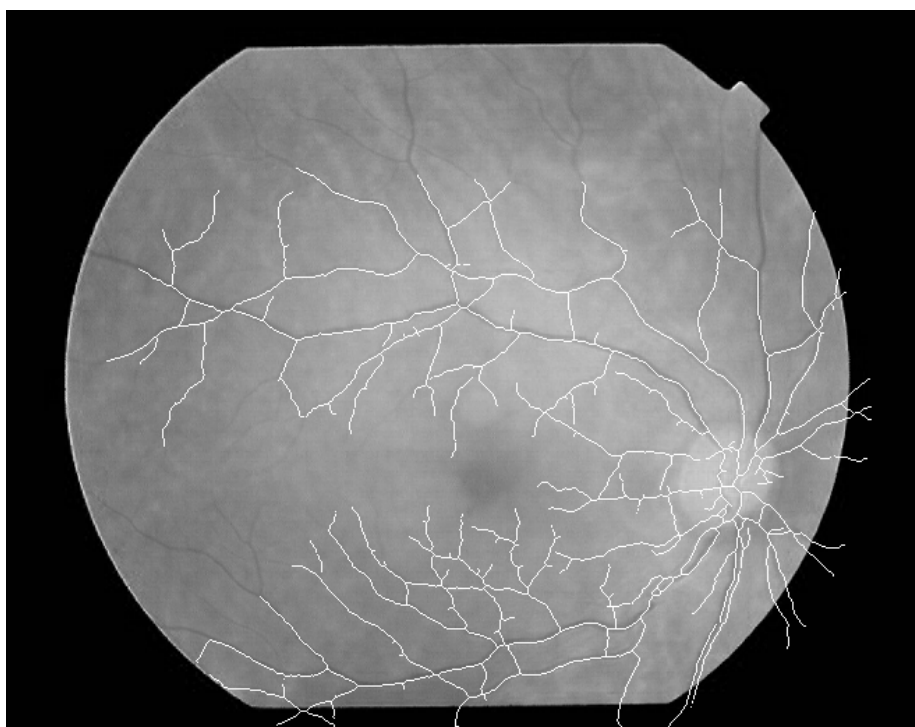


Figura 4.3 Representação dos resultados com sobreposição da linha central dos vasos, usando as imagens originais apresentadas na figura 4.2.

Ambas as formas de análise visual permitem ter uma noção da qualidade do alinhamento atingido, mas é necessária também uma avaliação quantitativa para determinar a qualidade do algoritmo desenvolvido. Nas secções seguintes apresentam-se as diferentes formas de avaliação quantitativa dos resultados feitas sobre o método proposto.

4.3 Avaliação das correspondências

Nesta secção vamos analisar o erro quadrático médio na determinação das correspondências. Essa avaliação poderia ser feita quer na segunda fase, após a compensação da translação, quer na terceira, após a transformação afim inicial. Como o número de correspondências usado é maior na terceira fase, será nesse ponto onde avaliaremos quantitativamente a exactidão do método desenvolvido no estabelecimento

de correspondências. Para esse efeito vamos comparar correspondências definidas manualmente sobre as imagens da transformada de distância das redes vasculares com as correspondências determinadas automaticamente com o algoritmo nas mesmas imagens.

Até este ponto foi referida sempre a transformada de distância euclidiana; ou seja a distância em linha recta entre dois pixels. No entanto existem outras definições de distância: a *chessboard*, onde cada pixel tem 8 vizinhos à distância 1, e a *cityblock*, baseada em vizinhança 4. Na tabela 4.3 mostra-se o método de determinação de distância para cada uma delas, aplicado no exemplo da figura 4.4.

Tabela 4.3 Definições de distância.

Distâncias	
Euclidiana	$\sqrt{(x_1 - x_2)^2 + (y_1 - y_2)^2}$
Chessboard	$\max(x_1 - x_2 , y_1 - y_2)$
Cityblock	$ x_1 - x_2 + y_1 - y_2 $

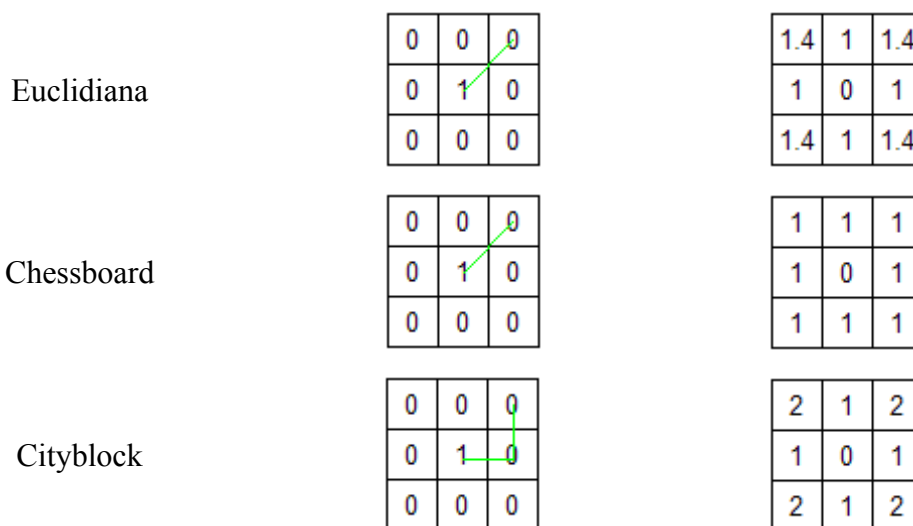


Figura 4.4 Cálculo de distâncias.

Vamos usar nesta fase de avaliação estas três definições no cálculo da transformada de distância e determinar qual delas minimiza o erro quadrático médio entre as correspondências manuais e as automáticas. Para esse efeito, extraímos do

algoritmo as correspondências automáticas detectadas e seguidamente, para os pontos de bifurcação da imagem I para os quais foi encontrada uma correspondência válida, identificamos manualmente os pontos correspondentes na imagem J_{afim} . Sendo $(x_{automático}, y_{automático})$ as coordenadas dos pontos de bifurcação em J_{afim} determinados automaticamente pelo algoritmo e (x_{manual}, y_{manual}) as coordenadas dos pontos determinados manualmente em J_{afim} , calculamos o erro (REQM) como a raiz da média do quadrado das distâncias entre os pontos detectados automaticamente e as correspondências estabelecidas de forma manual (equação 4.1).

$$REQM = \sqrt{\frac{1}{npontos} \sum_{i=1}^{npontos} (x_{manual} - x_{automático})^2 + (y_{manual} - y_{automático})^2} \quad (4.1)$$

Para cada um dos cinco grupos de imagens, calculámos este erro para dois pares de imagens: um deles formado por duas angiografias (monomodal) e um outro formado por uma angiografia e uma retinografia (multimodal). Podemos ver na tabela 4.4 os erros obtidos em cada uma das análises e na tabela 4.5 as médias do erro obtido nos 10 casos, e as médias em função do tipo de imagens usadas.

Tabela 4.4 Erro (em pixels) na determinação das correspondências.

		Euclidiana	Chessboard	Cityblock
Grupo 1	Multimodal	0,8864	1,0925	0,9520
	Monomodal	0,6956	0,9495	0,7575
Grupo 2	Multimodal	0,9285	0,9504	1,1142
	Monomodal	0,7545	0,9129	1,1421
Grupo 3	Multimodal	0,9469	1,1106	1,0000
	Monomodal	0,7171	0,8402	0,7746
Grupo 4	Multimodal	1,2089	1,2166	1,1266
	Monomodal	0,8076	0,9354	1,0911
Grupo 5	Multimodal	1,2628	1,3202	1,5067
	Monomodal	0,8898	1,1225	0,9798

Tabela 4.5 Valor médio do erro (em pixels) na determinação das correspondências.

	Euclidiana	Chessboard	Cityblock
Média total	0,8612	1,1129	1,1316
Média monomodal	0,6022	0,9152	0,9257
Média multimodal	1,1201	1,3106	1,3374

A distância euclidiana é a que fornece, em média, um erro menor revelando-se a melhor opção em 9 dos 10 casos analisados. Torna-se portanto a métrica de distância escolhida para o método proposto por ser aquela que consegue identificar os pontos correspondentes com maior exactidão. Podemos observar também como o erro é significativamente maior, para qualquer uma das métricas de distância, quando se usam imagens de diferentes modalidades.

4.4 Avaliação das transformações

Na secção anterior concluímos que o estabelecimento de correspondências tem associado um erro que é minimizado usando a imagem de transformada de distância baseada na métrica euclidiana. Consideramos portanto que as correspondências determinadas automaticamente com o algoritmo desenvolvido são correctas, e devemos analisar agora, quantitativamente, um outro aspecto: a adequação do modelo de transformação (afim, projectiva ou quadrática) ao problema do alinhamento das imagens da retina que usamos neste trabalho.

Para determinar as equações de cada uma das três transformações finais foi usado um método de optimização que fornece os valores dos parâmetros que minimizam o erro quadrático médio determinado para o conjunto de pares de pontos correspondentes. Com o intuito de avaliar os três tipos de transformações, vamos portanto determinar o erro quadrático médio (ECM), como a média do quadrado das distâncias que separam a transformação dos pontos detectados na imagem I dos seus pontos correspondentes em J , de acordo com a equação (4.2),

$$ECM = \frac{1}{n} \sum_{\forall i} |q_i - T(p_i)|^2 \quad (4.2)$$

onde p_i são os pontos de bifurcação detectados na imagem I , T a transformação geométrica aplicada e q_i os pontos correspondentes detectados automaticamente.

Vemos na tabela 4.6 a média dos resultados obtidos para a raiz do erro quadrático médio; o erro para cada caso de alinhamento pode ser consultado no anexo E. A transformação quadrática fornece um erro menor do que as outras transformações:

de facto, em todos os casos testados, é a transformação que fornece o erro quadrático médio mínimo. Conclui-se, portanto, que o método desenvolvido atinge um erro menor usando a transformada de distância euclidiana e a transformação geométrica quadrática na terceira fase do algoritmo. Podemos ver também que no caso dos alinhamentos monomodais o erro é significativamente menor do que nos multimodais para todas as transformações consideradas, se bem que em ambos casos se trata de um erro aceitável.

Tabela 4.6 Média do erro associado a cada tipo de transformação (em pixels).

	Afim	Projectiva	Quadrática
Média monomodal	0,8248	0,7825	0,6062
Média multimodal	1,1663	1,1017	0,9167
Média ponderada	0,9956	0,9421	0,7614

4.5 Avaliação usando a sobreposição da linha central dos vasos

Alguns autores usam nos seus trabalhos a sobreposição da linha central dos vasos das duas redes vasculares como medida de erro do alinhamento[9]. Neste caso não se avalia a qualidade das correspondências, nem a adequação do modelo, apenas a qualidade do alinhamento final.

Idealmente bastaria verificar se cada um dos pontos da linha central dos vasos de uma das duas imagens (I) é coincidente com um ponto na linha central dos vasos da outra imagem (J). No entanto trata-se de uma técnica um pouco limitada, dado que normalmente as duas imagens não contêm a mesma informação, os mesmos vasos, e porque as características dos algoritmos de identificação da rede vascular e o seu adelgaçamento fazem com que a linha central dos vasos nas duas imagens possa não ser coincidente.

Por estes motivos, habitualmente o que se faz é encontrar as linhas centrais dos vasos nas duas imagens, e seguidamente, a partir da imagem que possui menos informação, isto é, a imagem com menos pixels na rede vascular, calcula-se a percentagem de sobreposição (S) da forma seguinte: para cada pixel da imagem com menos informação, define-se uma janela 3x3 centrada no referido pixel; se essa janela inclui algum pixel da rede vascular da outra imagem, considera-se que existe

sobreposição nesse ponto. Finalmente, a percentagem de sobreposição é calculada como:

$$S = \frac{\text{n}^\circ \text{ de casos em que existe sobreposição}}{\text{n}^\circ \text{ de pixels da linha central da rede menor}} \quad (4.3)$$

No caso ideal, duas imagens alinhadas deviam apresentar uma sobreposição do 100%. Mas pelos motivos anteriormente referidos, dado que existem estruturas que aparecem apenas numa das imagens, é praticamente impossível atingir esse valor. Torna-se portanto complicado avaliar a qualidade do alinhamento apenas com esta medida de erro. Porém, neste caso, como se trata de um algoritmo hierárquico, é muito útil para mostrar a progressão da sobreposição ao longo das diferentes fases do método. Podemos ver na tabela 4.7 a sobreposição atingida em cada fase, em média, observando o seu aumento progressivo. No anexo F apresenta-se a tabela de resultados completa.

Tabela 4.7 Média da percentagem de sobreposição em cada fase do algoritmo.

	Inicial	Translação	Afim (fase 2)	Afim (fase 3)	Projectiva	Quadrática
Média	18,07%	46,68%	70,89%	81,00%	81,29%	83,07%

Como não se trata de uma medida de erro absoluta, é preciso encontrar uma outra forma de avaliar globalmente os resultados e deveremos recorrer, mais uma vez, à comparação entre os resultados automáticos e os determinados mediante marcação manual de pontos correspondentes.

4.6 Avaliação global

Para realizar a avaliação global do erro do alinhamento para a transformação quadrática determinada pelo processo descrito no capítulo 3, vamos calcular o erro quadrático médio global do alinhamento usando, para esse efeito, as imagens originais de intensidade. Identificámos manualmente, em I e em J , cerca de 20 pares de pontos correspondentes, distribuídos por toda a imagem para não se concentrarem numa única zona e, portanto, enviesarem o resultado final obtido para o erro a calcular. Uma vez conhecidas as coordenadas dos pares de pontos correspondentes, deve verificar-se que

ao aplicarmos a transformação quadrática fornecida pelo método proposto aos pontos de I , obtemos os pontos identificados manualmente em J .

O erro quadrático médio do alinhamento é calculado como a média dos quadrados das diferenças entre os pontos de I transformados e os pontos de J determinados de forma manual. Podemos ver na tabela 4.8, o valor da raiz do erro quadrático médio obtido para os casos avaliados, já referidos na secção 4.3, e na tabela 4.9 a média em função da modalidade das imagens alinhadas.

Tabela 4.8 Raiz do erro quadrático médio global (em pixels).

		Raiz do erro quadrático médio
Grupo 1	Multimodal	1,4036
	Monomodal	0,7975
Grupo 2	Multimodal	1,3713
	Monomodal	0,5008
Grupo 3	Multimodal	0,9840
	Monomodal	0,9481
Grupo 4	Multimodal	1,2828
	Monomodal	0,6583
Grupo 5	Multimodal	0,8833
	Monomodal	0,9277

Tabela 4.9 Média da raiz do erro quadrático médio (em pixels).

	Raiz do erro quadrático médio
Média total	0,9757
Média monomodal	0,7665
Média multimodal	1,1303

Chanwimaluang *et al.* [19] calcularam também o erro entre os pontos transformados e os pontos originais, atingindo um erro de 1,92 pixels usando a transformação quadrática para alinhar imagens de 1024x1024 pixels. Outros autores calculam o erro médio das linhas centrais dos vasos, isto é, a distância entre cada pixel da rede vascular de uma imagem e o pixel mais próximo na outra, fornecendo taxas de erro de 0,83 pixels em imagens de 1024x1024pixels [33], ou de 0,64 em imagens do mesmo tamanho [20] ambos usando também a transformação quadrática.

O valor médio de este erro confirma a qualidade do alinhamento fornecido pelo método proposto, dado que é da mesma ordem que outras taxas de erro atingidas em outros trabalhos recentes. Mais uma vez observamos como o erro nos alinhamentos

multimodais é superior ao erro nos casos monomodais, mas que em ambos os casos é aceitável e valida portanto o algoritmo desenvolvido.

4.7 Tempo de execução

Dentro da própria avaliação dos resultados é necessário também analisar o tempo de execução do algoritmo, pois existe um compromisso entre ambos: mesmo que um método fornecesse resultados de óptima qualidade, não teria utilidade se o tempo investido para cada alinhamento fosse muito grande.

Mediu-se portanto o tempo de execução do método proposto para todos os pares de imagens disponíveis, desde a leitura inicial das imagens binárias da rede vascular da retina até a obtenção dos parâmetros da transformação quadrática final. Este tempo é variável de um caso para outro pois a quantidade de pontos de bifurcação detectados e a quantidade de blocos finalmente processados condicionam o número de operações necessárias para atingir o alinhamento. Na figura 4.5 podemos ver as estatísticas dos resultados obtidos. Os dados completos podem ser consultados no anexo G.

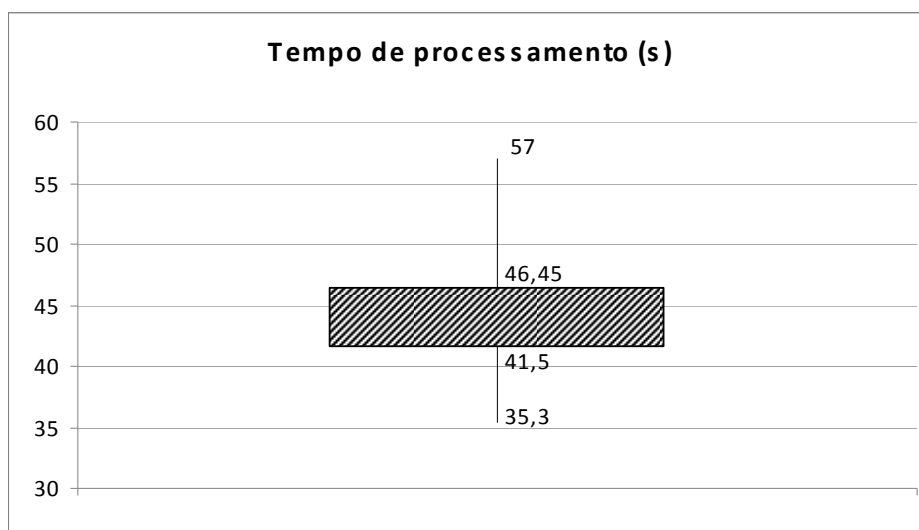


Figura 4.5 Gráfico estatístico do tempo de processamento.

Observamos que o algoritmo é executado sempre em tempos inferiores a um minuto, concretamente com uma média de 44,2 segundos, usando um computador Toshiba Intel® Centrino com processador Pentium® M 740 (1,73 GHz).

É complicado comparar os tempos de processamento de diferentes métodos, dado que dependem de vários factores, como, por exemplo, o processador usado, o software, o tamanho e resolução das imagens e a sua sobreposição inicial. No entanto, alguns autores fornecem informação detalhada nesse aspecto, como por exemplo Chanwimaluang *et al.* [19]. Desenvolveram um algoritmo em Matlab 6.5, processando imagens de 600x900 pixels com área comum reduzida, usando um processador de 2,8 GHz, cujo tempo médio de processamento era de 20s aproximadamente. Não podendo estabelecer uma comparação directa, podemos dizer apenas que dado o processador e as imagens usadas, com elevada área comum no nosso caso e, portanto, com mais quantidade de informação a processar, trata-se de um tempo de processamento razoável, da mesma ordem que o tempo do exemplo fornecido.

Capítulo 5 Conclusões

O método desenvolvido para o alinhamento de imagens da retina, baseado na transformada de distância da sua estrutura vascular, apresentou resultados satisfatórios como comprovámos no capítulo anterior. A avaliação visual foi positiva e os erros quantitativos calculados mostram que se trata de um algoritmo fiável, com tempos de execução razoáveis.

O método proposto, embora seja baseado na determinação de pontos característicos, inclui um procedimento de estabelecimento de correspondências baseado na correlação de áreas restritas da imagem, combinando as vantagens dos dois tipos básicos de métodos globais referidos no capítulo 2 e minorando os inconvenientes que os dois tipos de abordagem apresentam. Ao compararmos este método com aqueles baseados em área verifica-se que, neste caso, não é necessário recorrer a técnicas de optimização global, que consomem muito tempo e podem fornecer como solução mínimos locais, além de que se conseguem evitar as zonas sem informação que geralmente dificultam o alinhamento.

Da mesma forma superam-se também os inconvenientes dos métodos baseados na detecção de pontos característicos: só precisamos de identificar os pontos de bifurcação numa das imagens e os possíveis erros cometidos na sua detecção serão

seguidamente compensados nas fases posteriores do algoritmo. No entanto, a vantagem principal relativamente aos métodos de características convencionais advém do processo de estabelecimento de correspondências utilizado. Normalmente, os métodos de características consideram inicialmente que qualquer ponto de controlo detectado numa das imagens pode ser correspondente a qualquer ponto detectado na outra, partindo assim de um espaço de correspondências inicial muito grande, que se traduz num elevado custo computacional. No método proposto, encontramos, mediante o critério de semelhança da correlação, uma, e só uma, correspondência para cada ponto, caso seja possível, reduzindo assim a quantidade de dados a processar.

Os resultados obtidos mostram uma clara diferença entre o alinhamento de imagens monomodais e multimodais. Embora as imagens monomodais apresentem um erro significativamente menor, tanto na avaliação das correspondências, como na avaliação das transformações, as imagens resultado obtidas para os casos multimodais, assim como os erros associados, são satisfatórios.

A avaliação dos métodos de alinhamento de imagens é uma tarefa complexa que não se reflecte unicamente na quantificação de um erro: é necessário avaliar diferentes aspectos do método separadamente, como o estabelecimento de correspondências ou a adequação do modelo geométrico proposto. Portanto, é apenas com a combinação de várias medidas de erro que se conseguem avaliar os resultados. Torna-se difícil também comparar o método proposto com outros já publicados, pois os estudos nem sempre referem pormenorizadamente os processos usados para calcular os erros apresentados. Neste trabalho dá-se especial atenção a esse aspecto, detalhando a forma como os erros são medidos, com o intuito de fornecer, não só um novo método, mas também as informações necessárias para poder ser comparado com outras técnicas.

Este algoritmo permite o alinhamento das imagens da retina usando a sua estrutura vascular, tornando possível a posterior fusão ou comparação da informação de diferentes exames médicos. Pode assim contribuir para a definição de um sistema auxiliar de diagnóstico que pode permitir a detecção precoce de algumas doenças oculares cada vez mais frequentes na população, nomeadamente a retinopatia diabética, que necessitam de métodos de rastreio específicos, sensíveis e eficientes.

Bibliografia

- [1]. L. G. Brown, *A survey of image registration techniques*. ACM Computing Surveys. 24: p. 326-376, 1992
- [2]. L. Chmielewski and D. Kozinska, *Image Registration*. Conf. Computer Pattern Recognition Systems KOSYR 2003: p. 163-168, 2001
- [3]. J. Maintz and M.A. Viergever, *A survey of medical image registration*. Medical Image Analysis. 2: p. 1-36, 1998
- [4]. J. Salvi, C. Matabosch, D. Fofi, and J. Forest, *A review of recent image registration methods with accuracy evaluation*. Image and Vision Computing. 25: p. 578-596, 2007
- [5]. P. A. van den Elsen, E.J. D.Pol, and M.A. Viergever, *Medical image matching: A review with classification*. IEEE Eng. Med. Biol. 12: p. 26-39, 1993
- [6]. B. Zitová and J. Flusser, *Image registration methods: A survey*. Image and Vision Computing. 21: p. 977-1000, 2003
- [7]. E. H. Zhang, Y. Zhang, and T.X. Zhang, *Automatic retinal image registration based on blood vessels feature point*. IEEE Proceedings of the First International Conference on Machine Learning and Cybernetics: p. 2010-2015, 2002
- [8]. F. Zana and J.C. Klein, *A registration algorithm of eye fundus images using vessels detection and hough transform*. IEEE Transactions on Medical Imaging. 18(5): p. 419-428, 1999
- [9]. F. Laliberté, L. Gagnon, and Y. Sheng, *Registration and fusion of retinal images - an evaluation study*. IEEE Transactions on Medical Imaging. 22(5): p. 661-673, 2003
- [10]. G. K. Matsopoulos, P. A. Asvestas, N. Mouravliansky, and K. Delibasis, *Multimodal registration of retinal images using self organizing maps*. IEEE Transactions on Medical Imaging. 23(12): p. 1557-1563, 2004
- [11]. P. A. Asvestas, G.K. Matsopoulos, K. Delibasis, and N. Mouravliansky, *Registration of retinal angiograms using self organizing maps*. Proceedings of the 28th IEEE EMBS Annual International Conference: p. 4722-4725, 2006
- [12]. A. M. Mendonça, A. Campilho, and J.M.R. Nunes, *A new similarity criterion for retinal image registration*. Proc. IEEE Int. Conf. Image Processing ICIP-94: p. 696-700, 1994

- [13]. F. Zana and J.C. Klein, *A registration algorithm of eye fundus images using a bayesian hough transform*. IEEE Image Processing and its Applications, Conference Publication. 465: p. 479-483, 1999
- [14]. F. Laliberté, L. Gagnon, and Y. Sheng, *Registration and fusion of retinal images - a comparative study*. IEEE Proceedings of the International Conference on Pattern Recognition: p. 715-718, 2002
- [15]. C. L. Tsai, C. V. Stewart, B. Roysam, and H.L. Tanenbaum, *Covariance-driven retinal image registration initialized from small sets of landmark correspondences*. IEEE Int. Symp. Biomedical Imaging: p. 333-336, 2002
- [16]. C. Heneghan, P. Maguire, N. Ryan, and P.d. Chazal, *Retinal image registration using control points*. IEEE Int. Symp. Biomedical Imaging: p. 349-352, 2002
- [17]. W. E. Hart and M.H. Goldbaum, *Registering retinal images using automatically selected control point pairs*. Proc. IEEE Int. Conf. Image Processing. 3: p. 576-581, 1994
- [18]. B. Fang and Y.Y. Yang, *Elastic registration for retinal images based on reconstructed vascular trees*. 2006
- [19]. T. Chanwimaluang, G. Fan, and S.R. Fransen, *Hybrid retinal image registration*. IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine. 1(1): p. 129-142, 2006
- [20]. C. V. Stewart, C. L. Tsai, and B. Roysam, *The dual-bootstrap iterative closest point algorithm with application to retinal image registration*. IEEE Transactions on Medical Imaging. 22(11): p. 1379-1394, 2003
- [21]. N. Mouravliansky, G. K. Matsopoulos, K. Delibasis, and K.S. Nikita, *Automatic retinal registration using global optimization techniques*. Proceedings of the 20th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society. 20(2): p. 567-570, 1998
- [22]. G. K. Matsopoulos, N. Mouravliansky, K. Delibasis, and K.S. Nikita, *Automatic retinal image registration scheme using global optimization techniques*. IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine. 3(1): p. 47-60, 1999
- [23]. N. Ritter, R. Owens, J. Cooper, R. H. Eikelboom, and P.P.v. Saarloos, *Registration of stereo and temporal imgs of the retina*. IEEE Transactions on Medical Imaging. 18(5): p. 404-418, 1999
- [24]. T. Chanwimaluang, G. Fan, and S.R. Fransen, *Correction to hybrid retinal image registration*. IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine. 11(1): p. 110, 2007

- [25]. X. Guo, W. Hsu, M. L. Lee, and T.Y. Wong, *A tree machine approach for the temporal registration of retinal images*. Proceedings of the 18th IEEE International Conference on Tools with Artificial Intelligence, 2006
- [26]. T. E. Choe and I. Cohen, *Registration of multimodal fluorescein images sequence of the retina*. Proceedings of the 10th IEEE International Conference on Computer Vision, 2005
- [27]. B. Fang, W. Hsu, and M.L. Lee, *Techniques for temporal registration of retinal images*. IEEE International Conference on Image Processing, 2004
- [28]. P. Jasiobedzki, *Registration of retinal images using adaptive adjacency graphs*. Proc. 6th Annu. Symp. Computer-based Medical Systems: p. 40-45, 1993
- [29]. L. Kubecka, J. Jan, R. Kolar, and R. Jirik, *Elastic registration for auto-fluorescence image averaging*. Proceedings of the 28th IEEE EMBS Annual International Conference: p. 1948-1951, 2006
- [30]. R. Bernardes, P. Baptista, J. Cunha-Vaz, and J. Dias, *Multimodal Functional and Morphological Nonrigid Image Registration*. IEEE International Conference on Image Processing. 1: p. 1133-6, 2005
- [31]. C. V. Stewart, C. L. Tsai, and A. Perera, *A view-based approach to registration: theory and application to vascular image registration*. Information Processing in Medical Imaging, 2003
- [32]. M. Skokan, A. Skoupy, and J. Jan, *Registration of multimodal images of retina*. Proc. IEEE Conf. Eng. Med. Biol. 2: p. 1094-1096, 2002
- [33]. A. Can, C.V. Stewart, B. Roysam, and H.L. Tanenbaum, *A feature-based, robust, hierarchical algorithm for registering pairs of images of the curved human retina*. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence. 24(3): p. 347-364, 2002
- [34]. R. Brancatro, U. Introiini, L. Pierro, M. Setaccioli, M. Forti, G. Bolognesi, and G. Tremolada, *Optical coherence tomography (oct) in retinal angiomatous proliferation (rap)*. European Journal of Ophthalmology. 12(6): p. 467-472, 2002
- [35]. R. P. Woods, *Spatial Transformation Models*, in *Handbook of Medical Imaging*. p. 465-490, 2000
- [36]. A. M. Mendonça and A. Campilho, *Segmentation of Retinal Blood Vessels by Combining the Detection of Centerlines and Morphological Reconstruction*. IEEE Transactions on Medical Imaging. 25(9): p. 1200-1213, 2006

- [37]. L. Kubecka and J. Jan, *Registration of bimodal retinal images - improving modifications*. Proceedings of the 26th Annual International Conference of the IEEE EMBS: p. 1695-1698, 2004
- [38]. W. K. Pratt, *Geometrical image modification*, in *Digital Image Processing*, 3rd edition, 2001

Anexos

ANEXO A: IMAGENS**GRUPO 1:**



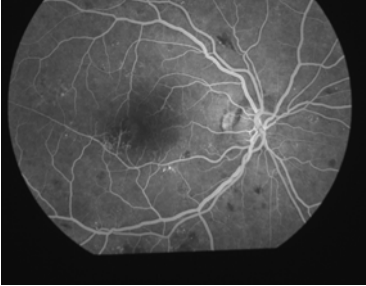
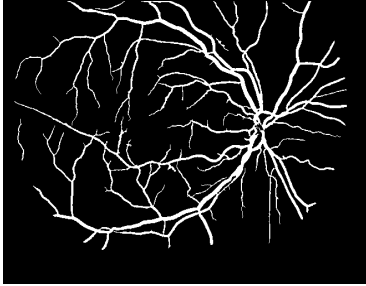
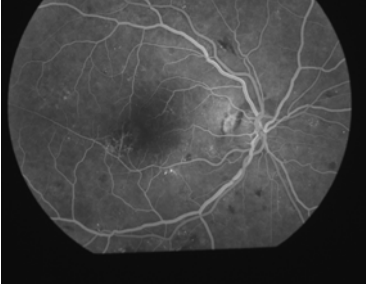
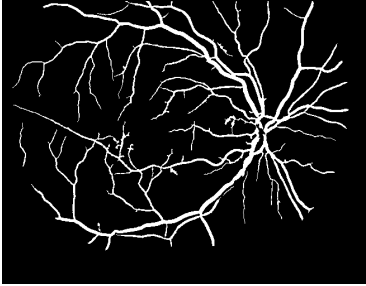
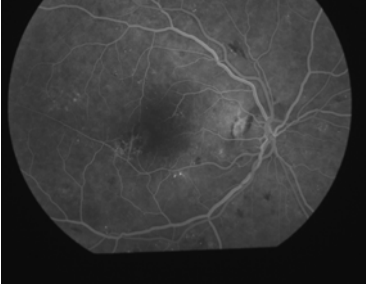

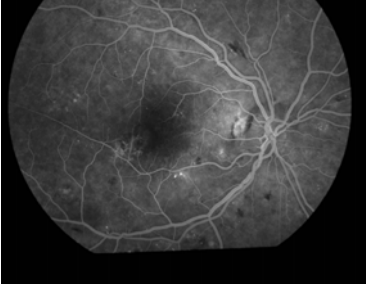
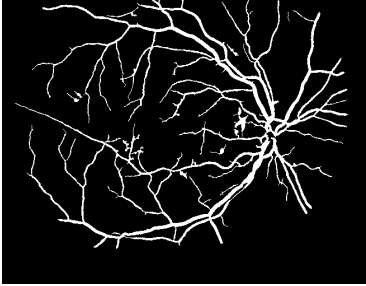
Imagens Originais	Rede vascular binária
	
	
	
	
	

Figura A. 1 Imagens do grupo 1.

GRUPO 2:


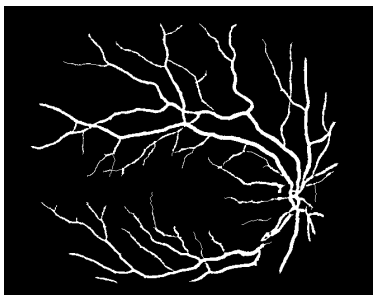
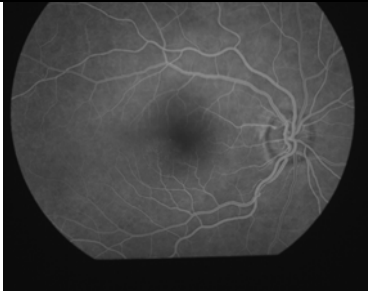
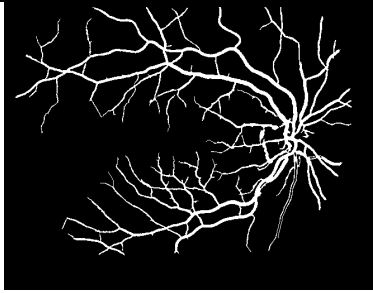
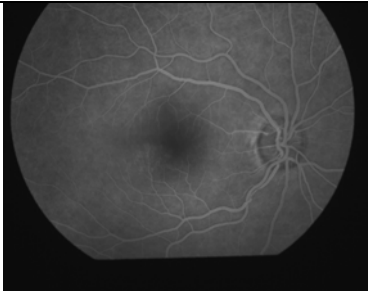
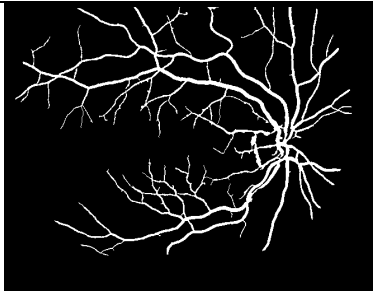
Imagens Originais	Rede vascular binária
	
	
	

Figura A. 2 Imagens do grupo 2.

GRUPO 3:



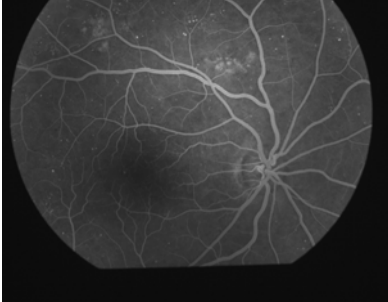
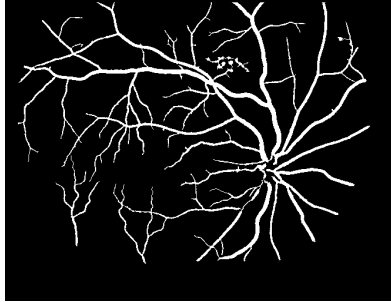
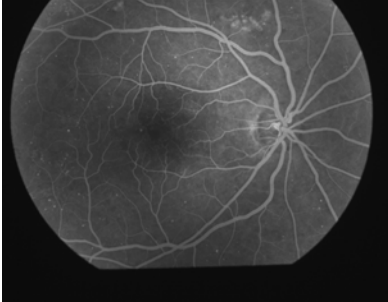
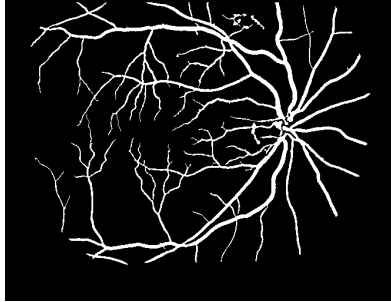
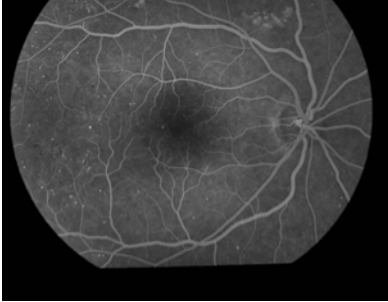
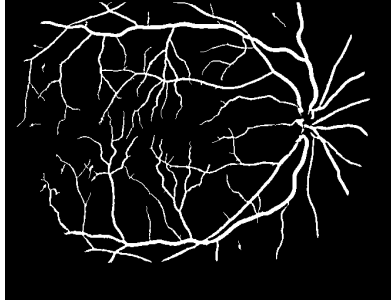
Imagens Originais	Rede vascular binária
	
	
	
	

Figura A. 3 Imagens do grupo 3.

GRUPO 4:



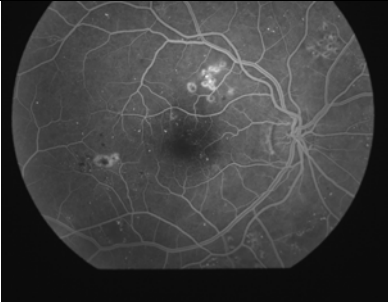

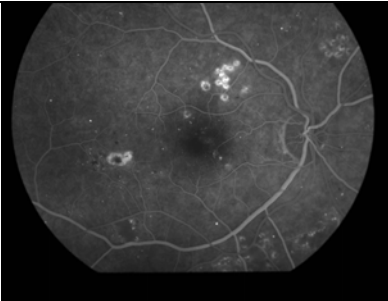
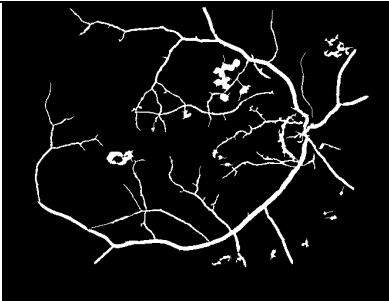
Imagens Originais	Rede vascular binária
	
	
	

Figura A. 4 Imagens do grupo 4.

GRUPO 5:


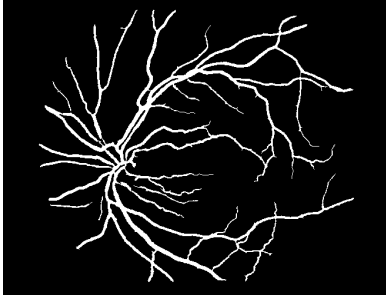
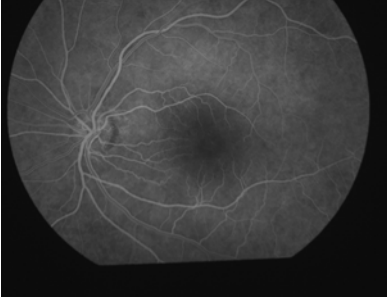
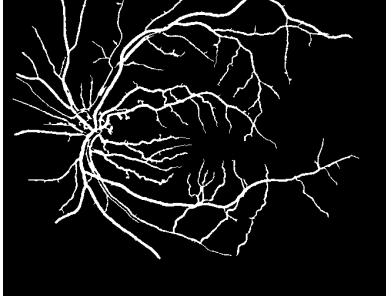
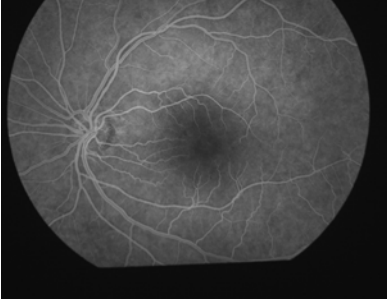
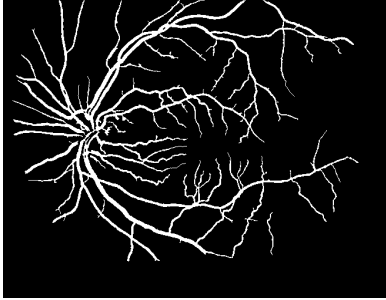
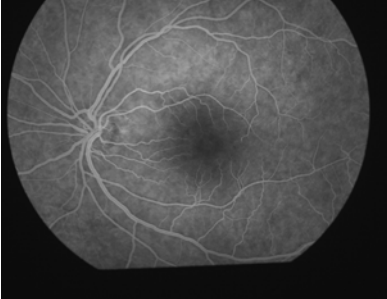
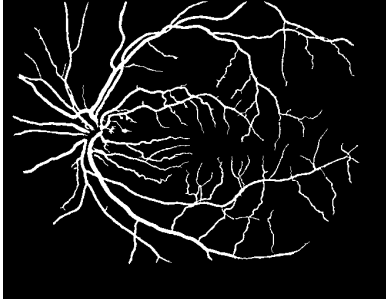
Imagens Originais	Rede vascular binária
	
	
	
	

Figura A. 5 Imagens do grupo 5.

ANEXO B: MINIMIZAÇÃO DO ERRO QUADRÁTICO MÉDIO PARA A OBTENÇÃO DOS PARÂMETROS

Neste anexo descreve-se o processo de minimização do erro quadrático médio utilizado para obter os valores dos parâmetros das transformações geométricas a partir das correspondências previamente estabelecidas entre os pontos das imagens I e J . Este método de otimização encontra-se descrito em [38].

Seja (u, v) um ponto da imagem I e (x, y) um ponto da imagem J . Pretendemos encontrar uma transformação quadrática que transforme os pontos de $J (x, y)$ em pontos de $I (u, v)$ (equação B.1).

$$\begin{bmatrix} u \\ v \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} a_0 & a_1 & a_2 & a_3 & a_4 & a_5 \\ b_0 & b_1 & b_2 & b_3 & b_4 & b_5 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1 \\ x \\ y \\ x^2 \\ xy \\ y^2 \end{bmatrix} \quad (\text{B.1})$$

Após o processo de estabelecimento de correspondências, temos um subconjunto de M pontos de bifurcação de I , de coordenadas (u_m, v_m) , para os quais existe uma correspondência válida. Definimos os vectores u e v , que incluem as coordenadas dos referidos pontos.

$$u^T = [u_1, u_2, \dots, u_M] \quad (\text{B.2})$$

$$v^T = [v_1, v_2, \dots, v_M] \quad (\text{B.3})$$

Analogamente criamos os vectores a e b , que contêm os parâmetros da transformação que pretendemos determinar.

$$a^T = [a_0, a_1, \dots, a_5] \quad (\text{B.4})$$

$$b^T = [b_0, b_1, \dots, b_5] \quad (\text{B.5})$$

Nestas condições, o erro quadrático médio pode ser expresso como:

$$E = (u - Aa)^T (u - Aa) + (v - Ab)^T (v - Ab) \quad (\text{B.6})$$

sendo A a matriz que é construída a partir das coordenadas dos pontos correspondentes (x_m, y_m) detectados na imagem J .

$$A = \begin{bmatrix} 1 & x_1 & y_1 & x_1^2 & x_1 y_1 & y_1^2 \\ 1 & x_2 & y_2 & x_2^2 & x_2 y_2 & y_2^2 \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ 1 & x_M & y_M & x_M^2 & x_M y_M & y_M^2 \end{bmatrix} \quad (\text{B.7})$$

Partindo de (B.6) obtém-se que o erro quadrático é mínimo quando se verifica que:

$$a = A^{-1}u \quad (\text{B.8})$$

$$b = A^{-1}v \quad (\text{B.9})$$

Dado que A não é uma matriz quadrada e, portanto, não é invertível, nas equações (B.8) e (B.9) A^- , designada matriz pseudo-inversa, é calculada como:

$$A^- = \text{inv}(A' * A) * A' \quad (\text{B.10})$$

Para o caso da transformação afim usa-se também este processo de optimização, assumindo a matriz A a forma a seguir indicada.

$$A = \begin{bmatrix} 1 & x_1 & y_1 \\ 1 & y_2 & y_2 \\ \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot \\ 1 & x_M & y_M \end{bmatrix} \quad (\text{B.11})$$

No caso da transformação projectiva, as coordenadas x e y não são independentes, tornando-se necessário reescrever o sistema matricial anterior como:

$$b = A^- * B \quad (\text{B.12})$$

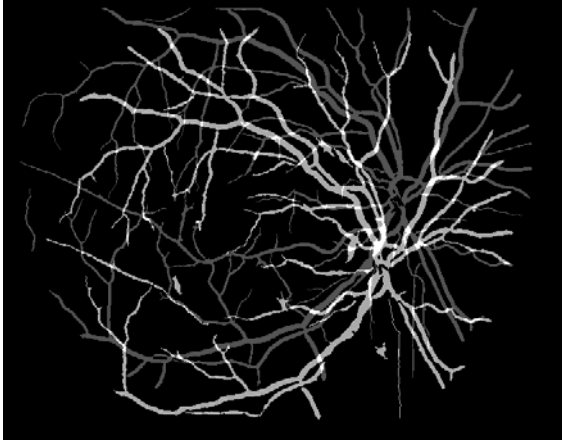
onde A^- é a matriz pseudo-inversa de A obtida como indicado em (B.10) e A e B assumem as formas a seguir:

$$A = \begin{bmatrix} x_1 & y_1 & 1 & 0 & 0 & 0 & -x_1 u_1 & -y_1 v_1 \\ 0 & 0 & 0 & x_1 & y_1 & 1 & -x_1 v_1 & -y_1 u_1 \\ x_2 & y_2 & 1 & 0 & 0 & 0 & -x_2 u_2 & -y_2 v_2 \\ 0 & 0 & 0 & x_2 & y_2 & 1 & -x_2 v_2 & -y_2 u_2 \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ x_M & y_M & 1 & 0 & 0 & 0 & -x_M u_M & -y_M v_M \\ 0 & 0 & 0 & x_M & y_M & 1 & -x_M v_M & -y_M u_M \end{bmatrix} \quad (\text{B.13})$$

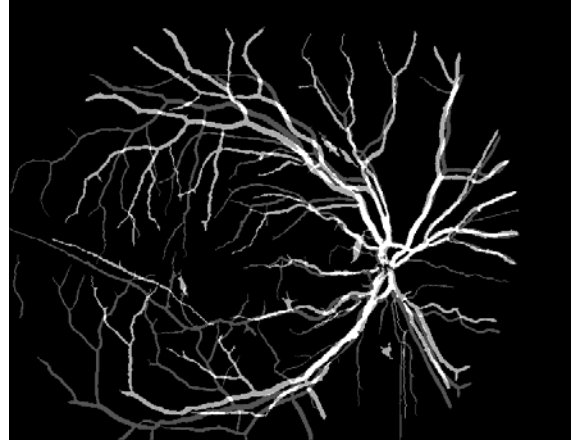
$$B = \begin{bmatrix} u_1 \\ v_1 \\ u_2 \\ v_2 \\ \cdot \\ \cdot \\ \cdot \\ \cdot \\ u_M \\ v_M \end{bmatrix} \quad (\text{B.14})$$

ANEXO C: TRANSFORMAÇÕES E SOBREPOSIÇÃO DE REDES VASCULARES

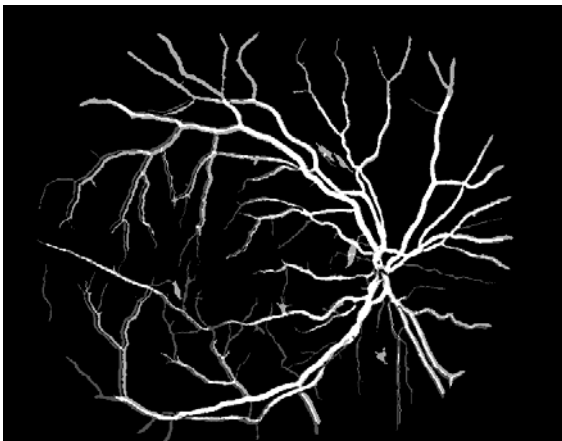
Alinhamento multimodal (grupo 1):



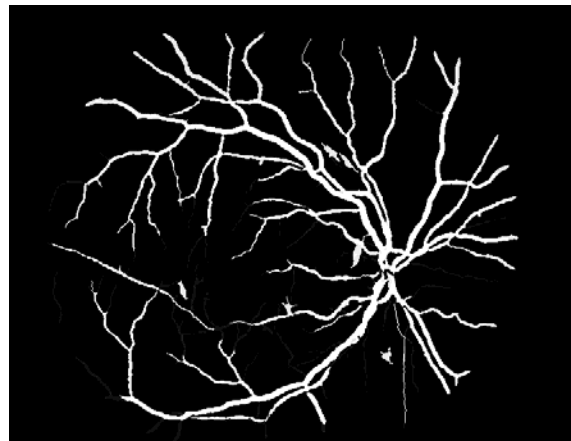
Sobreposição inicial



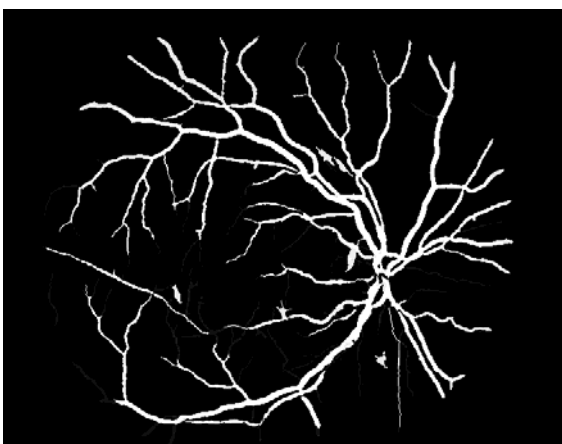
Sobreposição após a fase 1



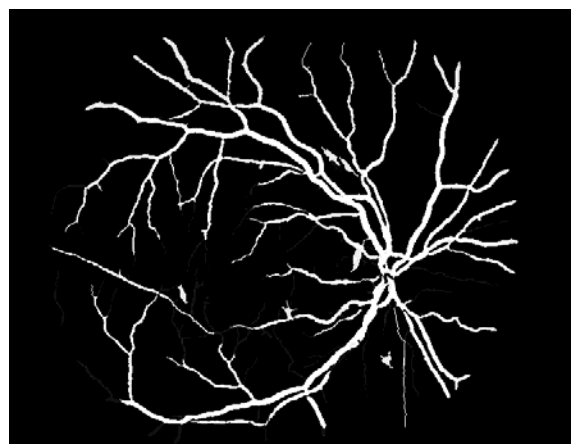
Sobreposição após a fase 2



Sobreposição após a fase 3: Transformação afim



Sobreposição após a fase 3:
Transformação projectiva



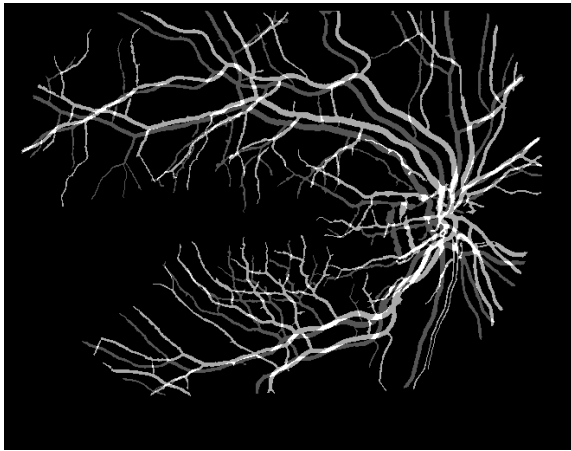
Sobreposição após a fase 3:
Transformação quadrática

Figura C. 1 Exemplo de alinhamento multimodal do grupo 1.

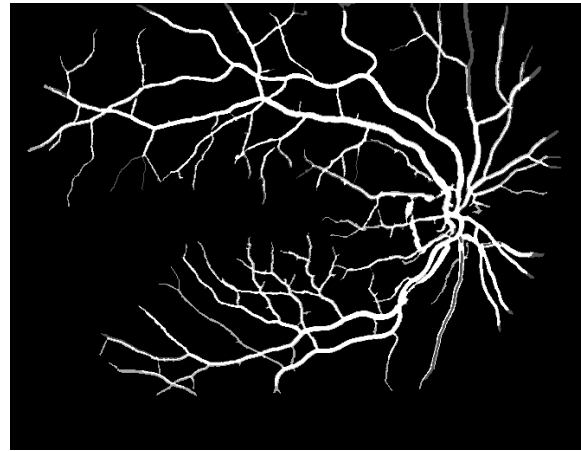
Transformações

Tabela C. 1 Transformações obtidas para o exemplo de alinhamento multimodal do grupo 1.

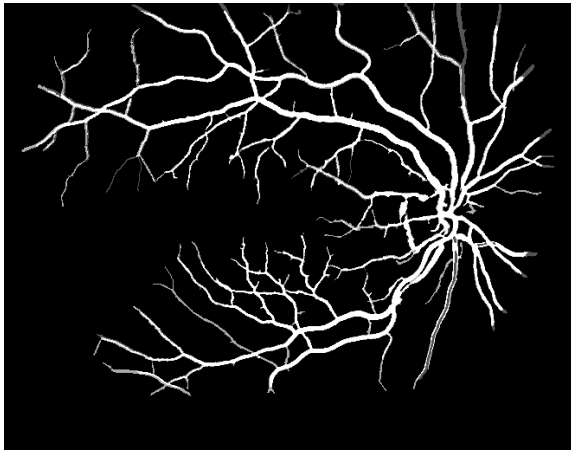
Fase 1	Translação	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 78 \\ -21 \end{pmatrix}$
Fase 2	Afim	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,11 & 0,01 \\ -0,02 & 1,10 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} -166,89 \\ -18,51 \end{pmatrix}$
Fase 3	Afim	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,01 & 7,35E-3 \\ -3,21E-3 & 1,01 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} -5,38 \\ -4,53 \end{pmatrix}$
	Projectiva	$\begin{pmatrix} u \\ v \\ w \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,01 & 1,38E-2 & -6,69 \\ -5,76E-3 & 1,02 & -6,12 \\ -9,00E-6 & -2,20E-5 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ 1 \end{pmatrix}, \quad \begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} u/w \\ v/w \end{pmatrix}$
	Quadrática	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,00 & 3,77E-4 & 2,25E-5 & -1,74E-5 & 1,91E-5 & -3,57 \\ 1,43E-3 & 1,03 & -7,18E-6 & -5,71E-7 & -2,75E-5 & -7,89 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ x^2 \\ xy \\ y^2 \\ 1 \end{pmatrix}$
Transformações compostas	Afim	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,12 & 0,02 \\ -0,02 & 1,11 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} -122,92 \\ -23,39 \end{pmatrix}$
	Projectiva	$\begin{pmatrix} u \\ v \\ w \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,12 & 0,03 & -124,39 \\ -0,02 & 1,12 & -25,10 \\ -9,00E-6 & 2,20E-5 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ 1 \end{pmatrix}, \quad \begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} u/w \\ v/w \end{pmatrix}$
	Quadrática	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,10 & 0,02 & 2,80E-5 & -2,12E-5 & 2,27E-5 & -120,25 \\ -0,02 & 1,13 & -8,81E-6 & 1,97E-7 & -3,31E-5 & -27,21 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ x^2 \\ xy \\ y^2 \\ 1 \end{pmatrix}$

Alinhamento monomodal (grupo 2):

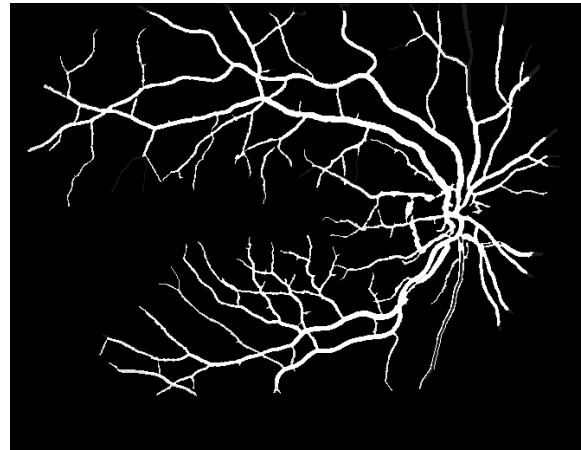
Sobreposição inicial



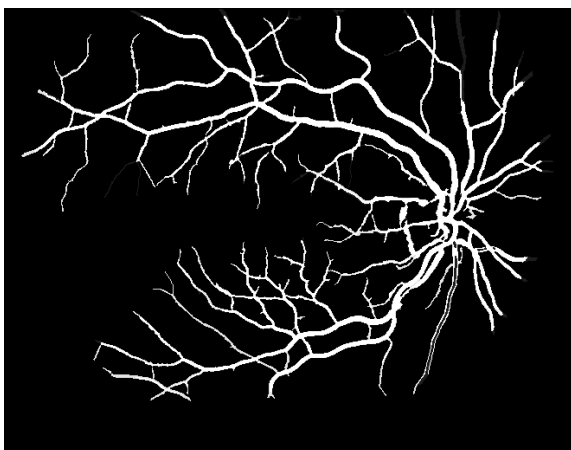
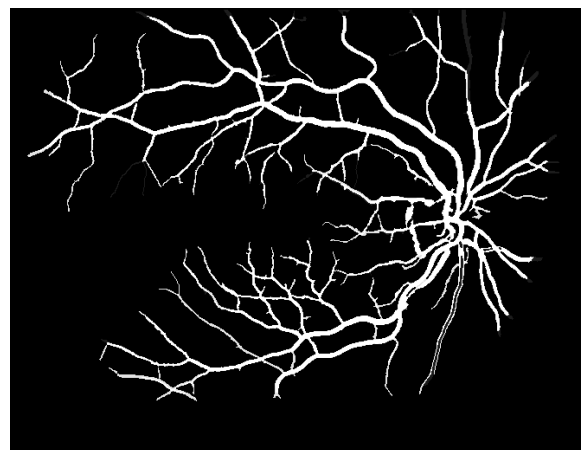
Sobreposição após a fase 1



Sobreposição após a fase 2



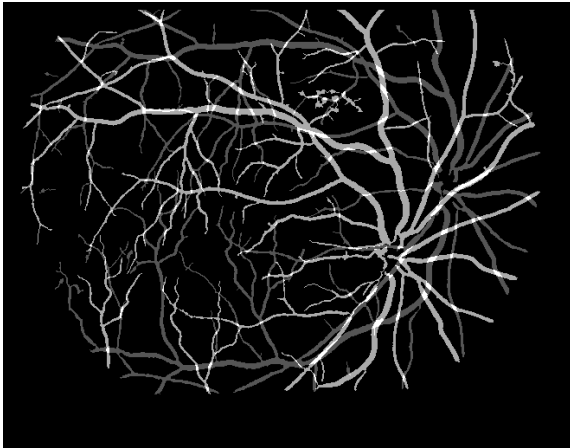
Sobreposição após a fase 3: Transformação afim

Sobreposição após a fase 3:
Transformação projectivaSobreposição após a fase 3:
Transformação quadrática**Figura C. 2 Exemplo de alinhamento monomodal do grupo 2.**

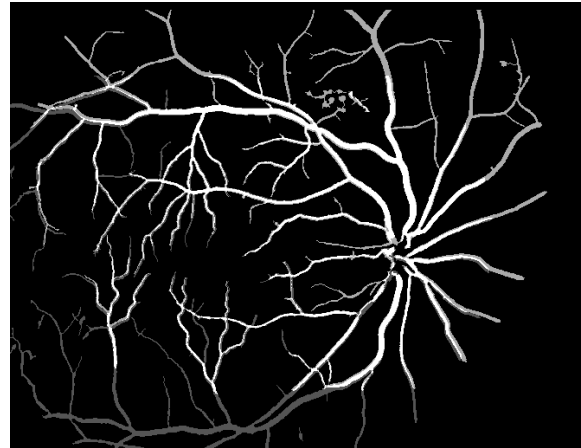
Transformações

Tabela C. 2 Transformações obtidas para o exemplo de alinhamento monomodal do grupo 2.

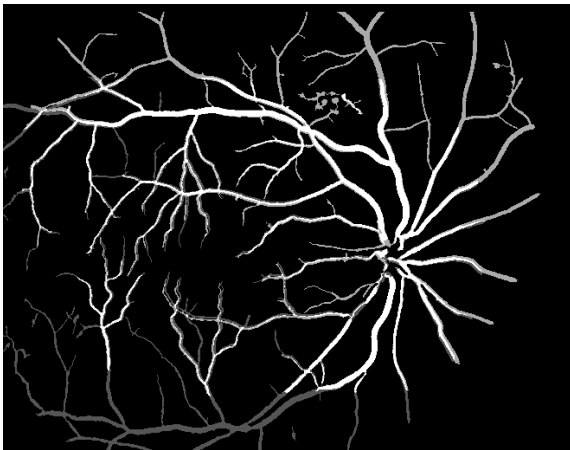
Fase 1	Translação	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} -9 \\ 15 \end{pmatrix}$
Fase 2	Afim	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,00 & 3,86E-3 \\ -1,35E-3 & 1,01 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 8,53 \\ -17,25 \end{pmatrix}$
Fase 3	Afim	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,00 & 1,20E-4 \\ 1,92E-3 & 1,00 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} -0,65 \\ 1,49 \end{pmatrix}$
	Projectiva	$\begin{pmatrix} u \\ v \\ w \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,00 & -4,28E-3 & 5,13E-3 \\ 4,78E-3 & 1,00 & 2,12 \\ 1,70E-5 & -1,80E-5 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ 1 \end{pmatrix}, \quad \begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} u/w \\ v/w \end{pmatrix}$
	Quadrática	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,02 & -5,73E-3 & -3,51E-5 & 7,85E-7 & -9,82E-6 & -2,71 \\ -2,62E-3 & 0,98 & 1,23E-5 & -1,14E-5 & 2,31E-5 & 3,35 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ x^2 \\ xy \\ y^2 \\ 1 \end{pmatrix}$
Transformações compostas	Afim	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,00 & 3,98E-3 \\ -3,28E-3 & 1,00 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 7,89 \\ -15,75 \end{pmatrix}$
	Projectiva	$\begin{pmatrix} u \\ v \\ w \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,00 & -6,10E-4 & 8,54 \\ 3,17E-3 & 0,99 & -15,12 \\ 1,70E-5 & -1,80E-5 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ 1 \end{pmatrix}, \quad \begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} u/w \\ v/w \end{pmatrix}$
	Quadrática	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0,91 & 0,06 & -3,20E-5 & -5,48E-6 & -2,42E-5 & 95,73 \\ -4,34E-3 & 0,99 & -1,13E-5 & 1,22E-5 & 2,33E-5 & 58,66 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ x^2 \\ xy \\ y^2 \\ 1 \end{pmatrix}$

Alinhamento monomodal (grupo 3):

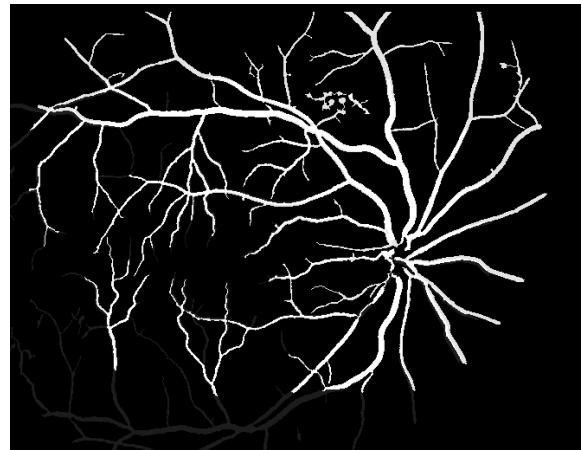
Sobreposição inicial



Sobreposição após a fase 1



Sobreposição após a fase 2



Sobreposição após a fase 3: Transformação afim

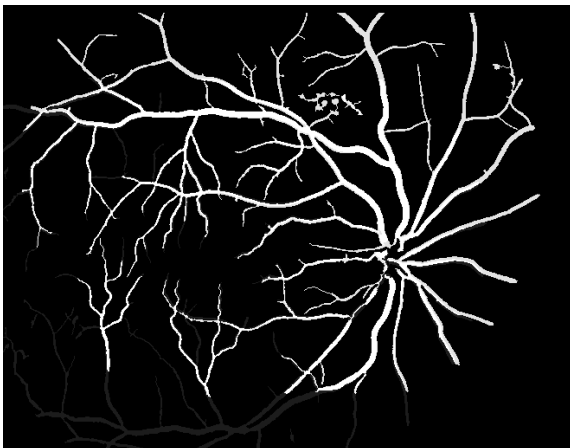
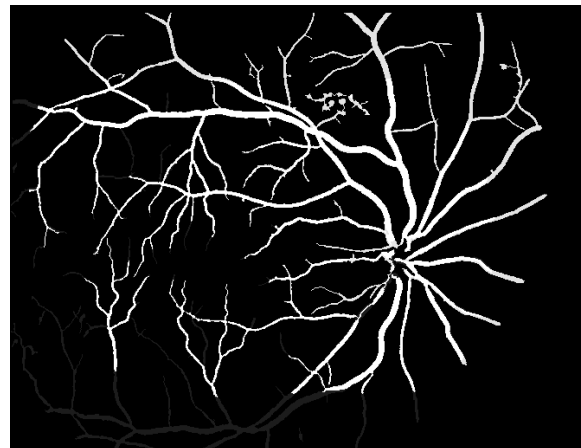
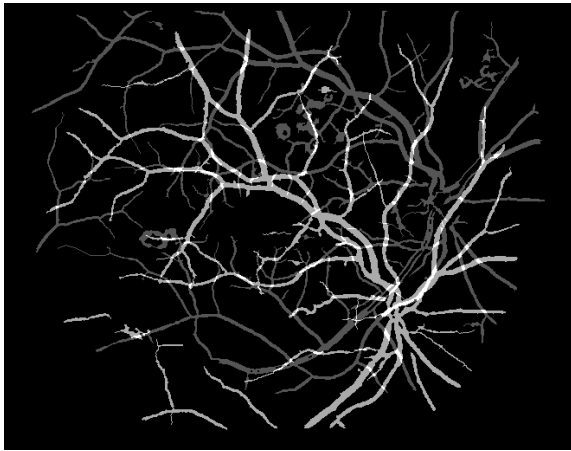
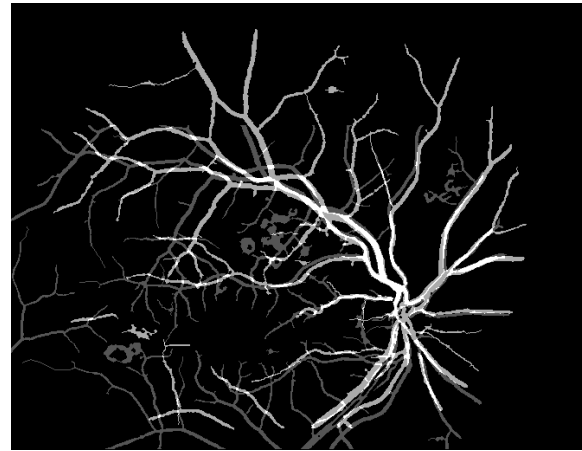
Sobreposição após a fase 3:
Transformação projectivaSobreposição após a fase 3:
Transformação quadrática**Figura C. 3 Exemplo de alinhamento monomodal do grupo 3.****Transformações**

Tabela C. 3 Transformações obtidas para o exemplo de alinhamento monomodal do grupo 3.

Fase 1	Translação	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 76 \\ -63 \end{pmatrix}$
Fase 2	Afim	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,01 & -6,85E-3 \\ -6,20E-4 & 1,00 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} -75,45 \\ 61,93 \end{pmatrix}$
Fase 3	Afim	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,00 & -3,90E-4 \\ 4,91E-3 & 1,00 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 0,80 \\ 0,16 \end{pmatrix}$
	Projectiva	$\begin{pmatrix} u \\ v \\ w \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,00 & 3,39E-3 & -0,13 \\ 4,04E-3 & 1,01 & -0,83 \\ -3,70E-6 & 1,80E-5 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ 1 \end{pmatrix}, \quad \begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} u/w \\ v/w \end{pmatrix}$
	Quadrática	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0,97 & -0,05 & 4,90E-5 & -8,53E-6 & 9,37E-5 & 8,97 \\ 0,03 & 1,03 & -5,48E-5 & 8,03E-8 & -5,26E-5 & -5,95 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ x^2 \\ xy \\ y^2 \\ 1 \end{pmatrix}$
Transformações compostas	Afim	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,01 & -7,22E-3 \\ 4,31E-3 & 1,00 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} -74,65 \\ 62,09 \end{pmatrix}$
	Projectiva	$\begin{pmatrix} u \\ v \\ w \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,01 & -4,79E-3 & -75,58 \\ 3,20E-3 & 1,01 & 61,10 \\ -3,70E-6 & 1,80E-5 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ 1 \end{pmatrix}, \quad \begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} u/w \\ v/w \end{pmatrix}$
	Quadrática	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0,97 & -0,05 & 4,99E-5 & -9,43E-6 & 9,43E-5 & -66,94 \\ 0,04 & 1,02 & -5,59E-5 & 9,04E-7 & -5,29E-5 & 54,63 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ x^2 \\ xy \\ y^2 \\ 1 \end{pmatrix}$

Alinhamento multimodal (grupo 4):

Sobreposição inicial



Sobreposição após a fase 1



Sobreposição após a fase 2

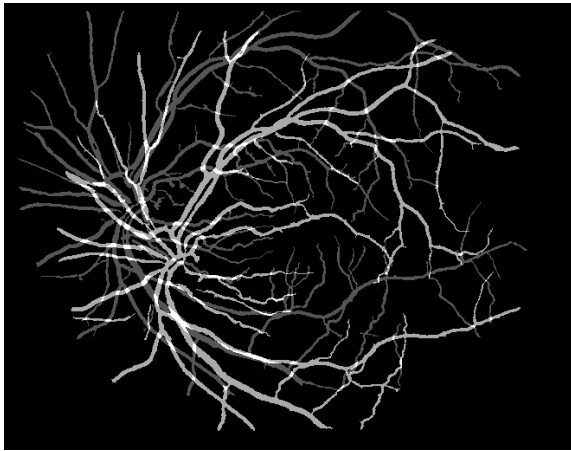


Sobreposição após a fase 3: Transformação afim

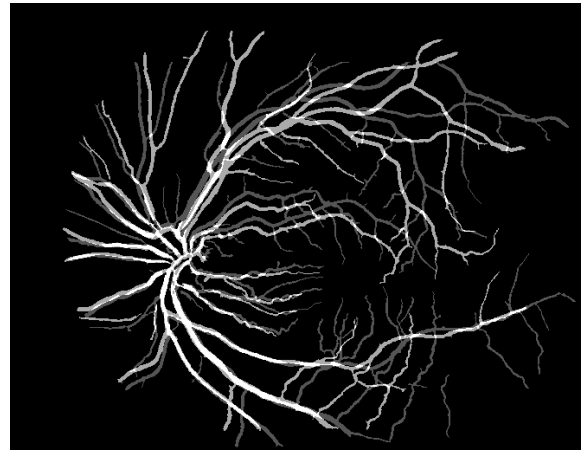
Sobreposição após a fase 3:
Transformação projectivaSobreposição após a fase 3:
Transformação quadrática**Figura C. 4 Exemplo de alinhamento multimodal do grupo 4.****Transformações**

Tabela C. 4 Transformações obtidas para o exemplo de alinhamento multimodal do grupo 4.

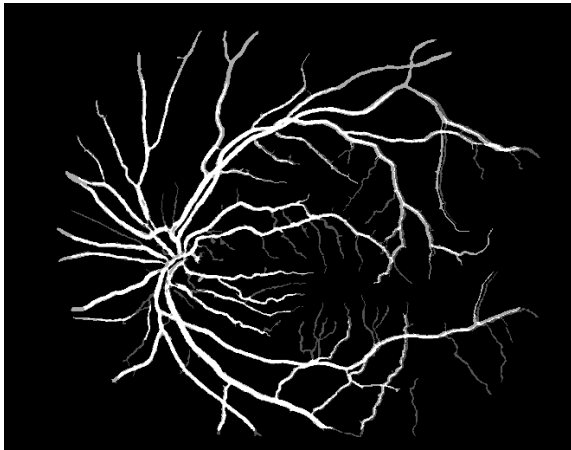
Fase 1	Translação	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 132 \\ -49 \end{pmatrix}$
Fase 2	Afim	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,11 & -9,31E-3 \\ 0,03 & 1,09 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} -161,92 \\ 1,15 \end{pmatrix}$
Fase 3	Afim	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,00 & -0,01 \\ -1,2E-3 & 1,01 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 4,74 \\ -2,52 \end{pmatrix}$
	Projectiva	$\begin{pmatrix} u \\ v \\ w \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0,99 & -0,01 & 5,75 \\ -6,33E-3 & 1,00 & -1,40 \\ -1,5E-5 & 1,9E-6 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ 1 \end{pmatrix}, \quad \begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} u/w \\ v/w \end{pmatrix}$
	Quadrática	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0,97 & -0,07 & 4,40E-5 & 1,31E-5 & 7,71E-5 & 16,61 \\ 0,02 & 1,03 & -4,10E-5 & 4,99E-6 & -3,55E-5 & -8,68 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ x^2 \\ xy \\ y^2 \\ 1 \end{pmatrix}$
Transformações compostas	Afim	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,11 & -0,02 \\ 0,02 & 1,10 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} -156,65 \\ -1,47 \end{pmatrix}$
	Projectiva	$\begin{pmatrix} u \\ v \\ w \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,10 & -0,02 & -155,54 \\ 0,02 & 1,09 & -0,23 \\ -1,5E-5 & 1,9E-6 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ 1 \end{pmatrix}, \quad \begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} u/w \\ v/w \end{pmatrix}$
	Quadrática	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,06 & -0,08 & 5,43E-5 & 1,91E-5 & 9,12E-5 & -139,23 \\ 0,06 & 1,18 & -5,02E-5 & 4,91E-6 & -4,21E-5 & -12,18 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ x^2 \\ xy \\ y^2 \\ 1 \end{pmatrix}$

Alinhamento multimodal (grupo 5):

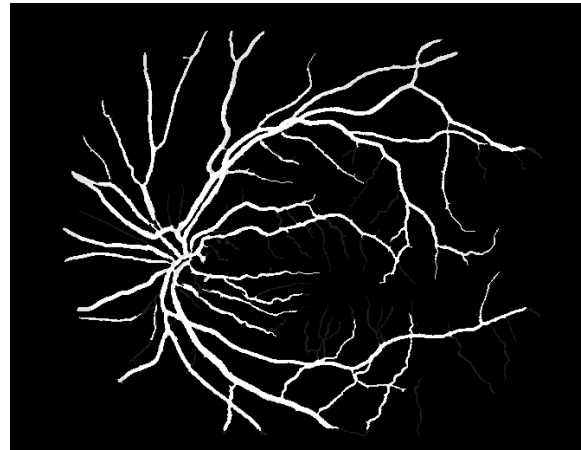
Sobreposição inicial



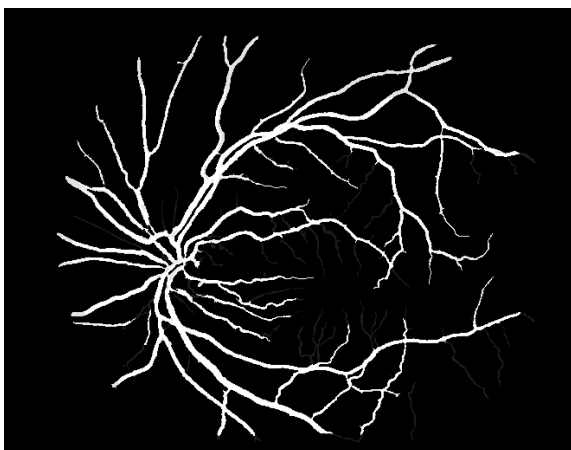
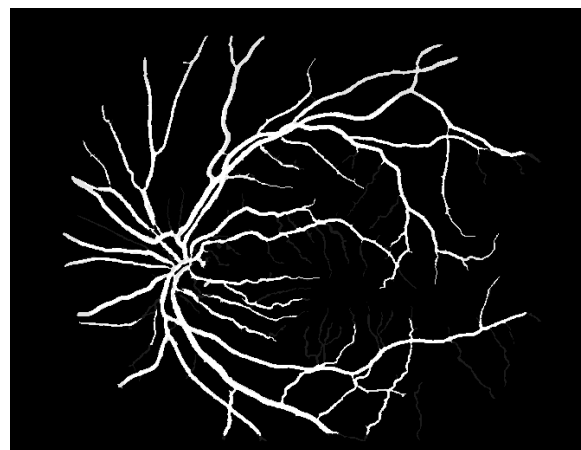
Sobreposição após a fase 1



Sobreposição após a fase 2



Sobreposição após a fase 3: Transformação afim

Sobreposição após a fase 3:
Transformação projectivaSobreposição após a fase 3:
Transformação quadrática**Figura C. 5 Exemplo de alinhamento multimodal do grupo 5.**

Transformações

Tabela C. 5 Transformações obtidas para o exemplo de alinhamento multimodal do grupo 5.

Fase 1	Translação	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 7 \\ -3 \end{pmatrix}$
Fase 2	Afim	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0,97 & 8,35E-3 \\ -7,34E-3 & 0,98 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} -2,22 \\ 7,37 \end{pmatrix}$
Fase 3	Afim	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1,00 & -1,76E-3 \\ 2,50E-4 & 1,00 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} -0,10 \\ -0,11 \end{pmatrix}$
	Projectiva	$\begin{pmatrix} u \\ v \\ w \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0,99 & -3,96E-3 & 1,00 \\ -2,86E-3 & 0,99 & 1,30 \\ -1,00E-5 & -9,40E-6 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ 1 \end{pmatrix}, \quad \begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} u/w \\ v/w \end{pmatrix}$
	Quadrática	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0,99 & -3,92E-3 & 1,71E-5 & 1,00E-5 & -5,93E-7 & 1,30 \\ 3,10E-3 & 0,99 & -9,40E-6 & 4,24E-6 & 8,33E-6 & 0,40 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ x^2 \\ xy \\ y^2 \\ 1 \end{pmatrix}$
Transformações compostas	Afim	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0,98 & 6,64E-3 \\ -7,12E-3 & 0,98 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} -2,32 \\ 7,26 \end{pmatrix}$
	Projectiva	$\begin{pmatrix} u \\ v \\ w \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0,97 & 4,45E-3 & -1,24 \\ -0,01 & 0,97 & 8,63 \\ -1,00E-5 & -9,40E-6 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ 1 \end{pmatrix}, \quad \begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} u/w \\ v/w \end{pmatrix}$
	Quadrática	$\begin{pmatrix} x' \\ y' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0,97 & 4,43E-3 & 1,61E-5 & 9,79E-6 & -4,82E-7 & -0,94 \\ -4,21E-3 & 0,97 & -8,94E-6 & 3,76E-6 & 7,97E-6 & 7,72 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x \\ y \\ x^2 \\ xy \\ y^2 \\ 1 \end{pmatrix}$

ANEXO D: RESULTADOS USANDO AS IMAGENS ORIGINAIS

Grupo 1:

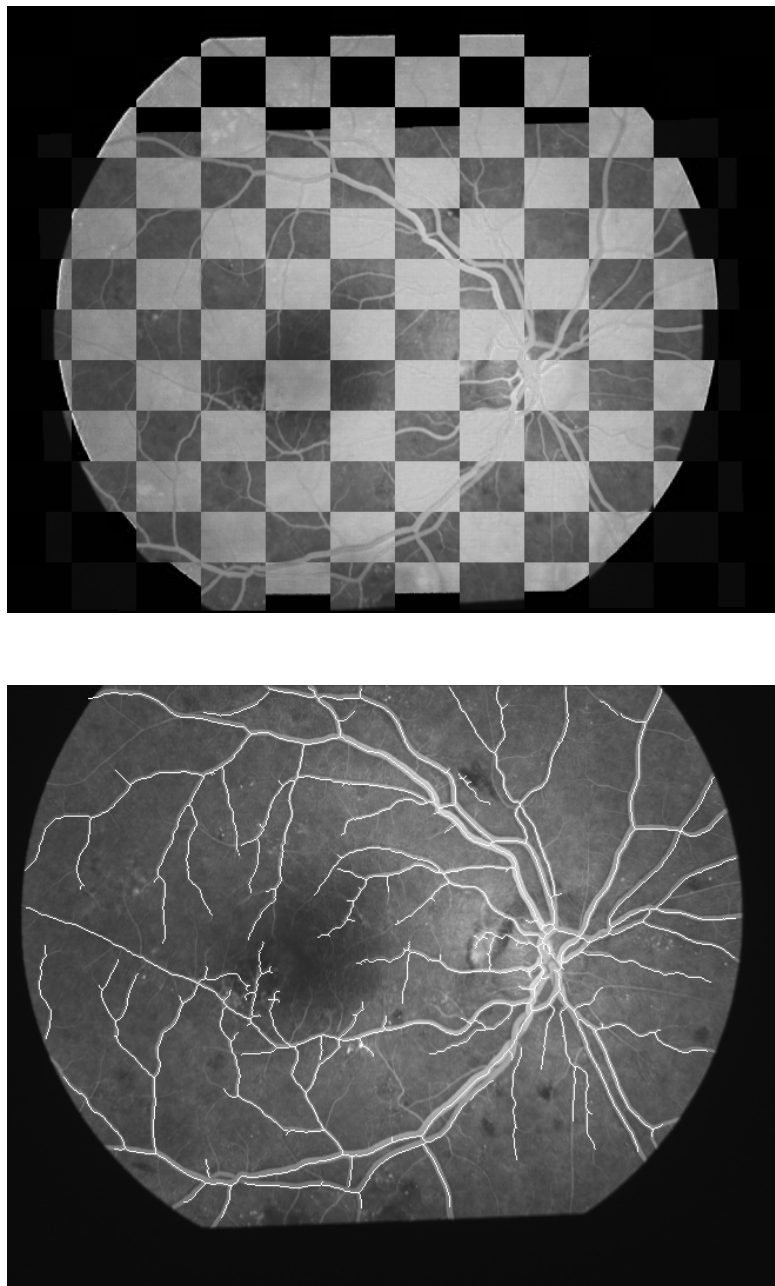


Figura D. 1 Resultados de um exemplo de alinhamento do grupo 1 multimodal (acima) e monomodal (abaixo).

Grupo 2:

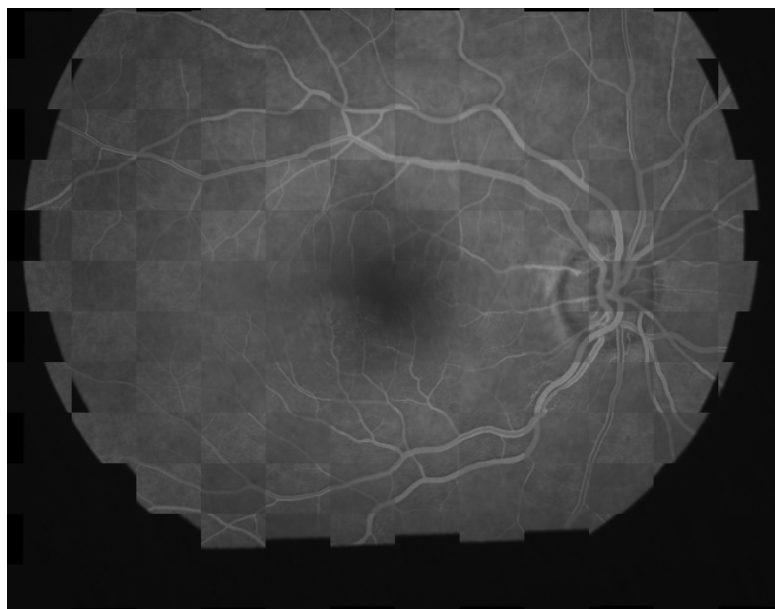


Figura D. 2 Resultados de um exemplo de alinhamento do grupo 2 multimodal (acima) e monomodal (abaixo).

Grupo 3:

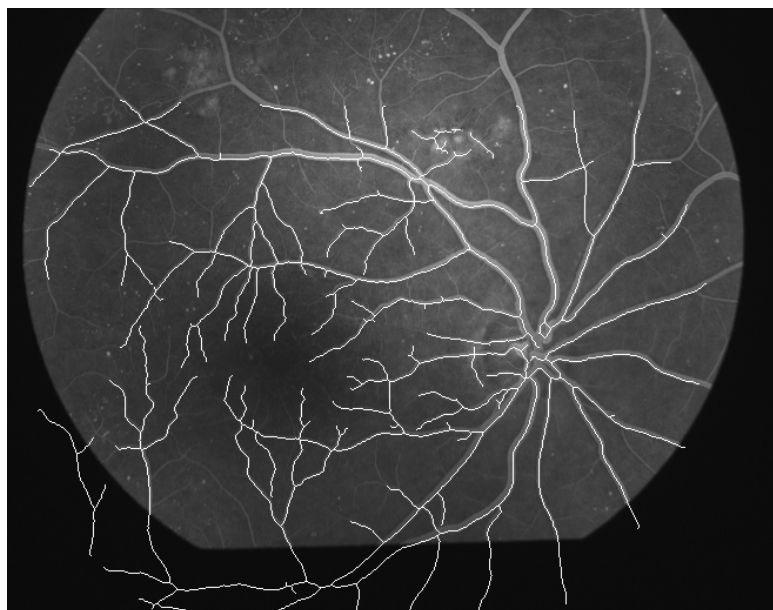
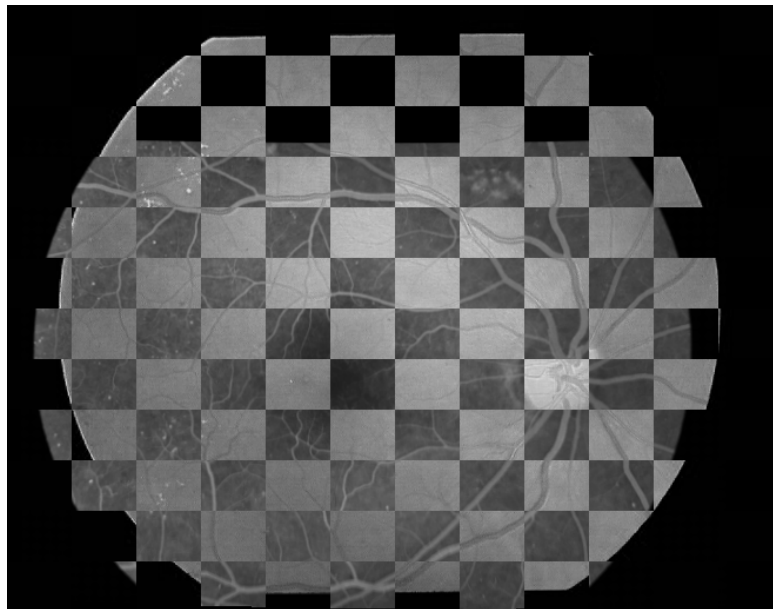


Figura D. 3 Resultados de um exemplo de alinhamento do grupo 3 multimodal (acima) e monomodal (abaixo).

Grupo 4:

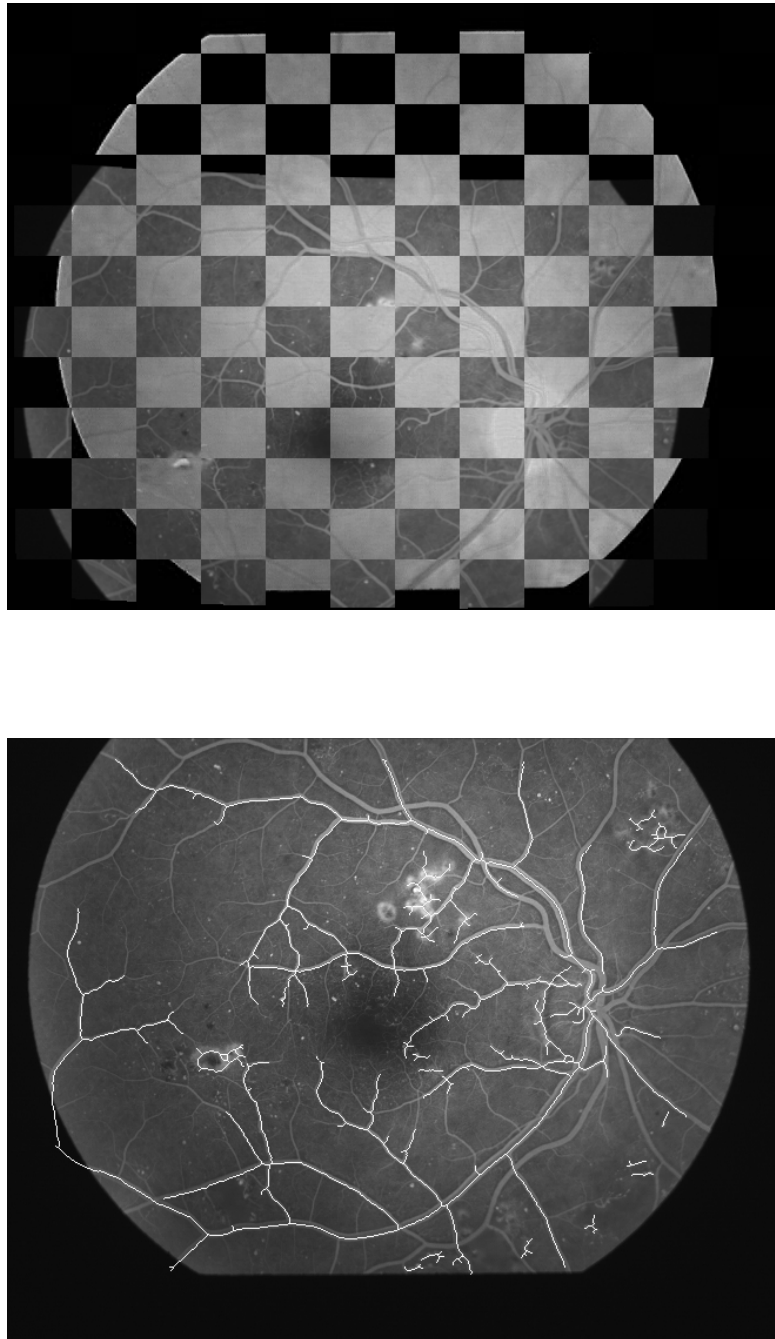


Figura D. 4 Resultados de um exemplo de alinhamento do grupo 4 multimodal (acima) e monomodal (abaixo).

Grupo 5:

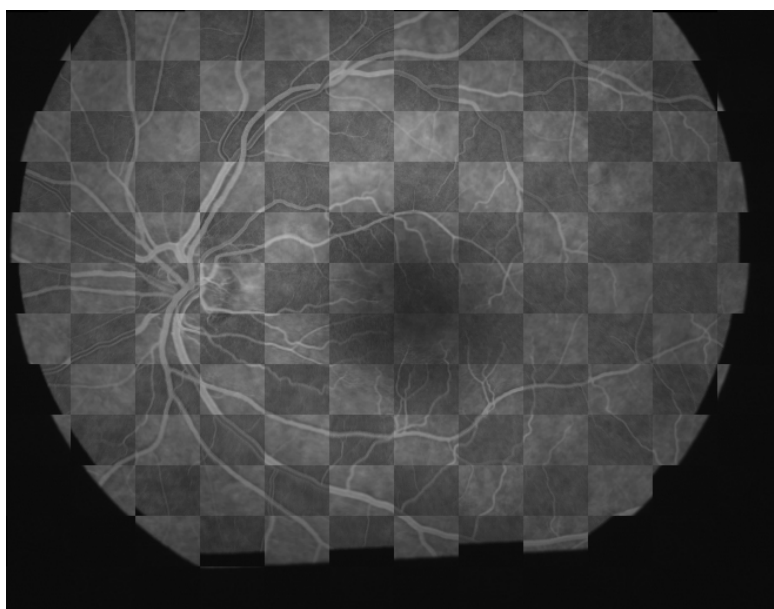
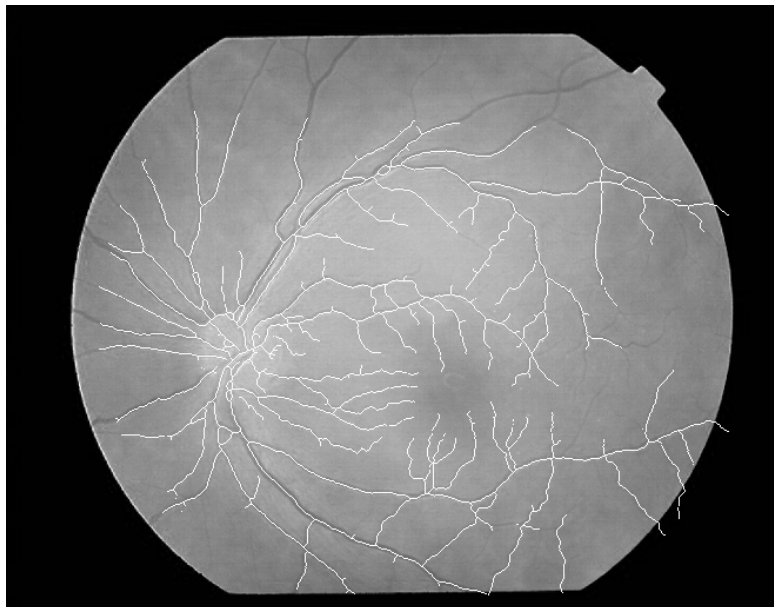


Figura D. 5 Resultados de um exemplo de alinhamento do grupo 5 multimodal (acima) e monomodal (abaixo).

ANEXO E: CÁLCULO DOS ERROS NA AVALIAÇÃO DAS TRANSFORMAÇÕES

Inicialmente, no algoritmo proposto, não se definiu o tipo de transformação geométrica final; foram calculados os valores dos parâmetros para as transformações afim, projectiva e quadrática, para posteriormente, na avaliação quantitativa do alinhamento, determinar para qual das três transformações se atingia um erro quadrático médio menor.

Na secção 4.4 é feita esta avaliação, fornecendo a média dos resultados para os alinhamentos monomodais e multimodais assim como a média global de todos os casos analisados. Neste anexo pretende-se ampliar essa informação através do gráfico da figura E.1, onde podemos observar a distribuição estatística da raiz do erro quadrático médio para as três transformações. A transformação afim e a transformação projectiva têm uma estatística semelhante, mas a transformação quadrática apresenta um erro muito menor, inferior a 1 em mais de 75% dos casos. Finalmente, na tabela E.1, apresentam-se os erros obtidos para cada um dos casos de alinhamento testados.

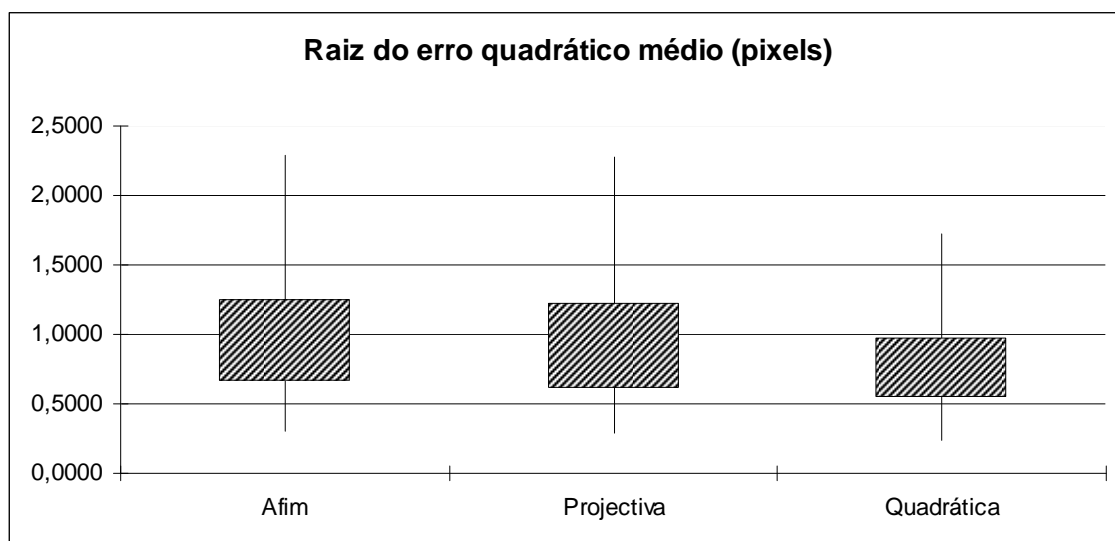


Figura E. 1 Gráfico da distribuição estatística da raiz do erro quadrático médio.

Tabela E. 1 Raiz do erro quadrático médio (em pixels) para cada tipo de transformação.

		Afim	Projectiva	Quadrática
Grupo 1	Multimodal	0,5782	0,5521	0,5395
		0,8051	0,7544	0,6723
		1,0514	0,8885	0,7430
		1,2640	1,0871	0,9929
		1,3693	1,3396	1,3099
		1,0035	0,9827	0,9647
	Monomodal	0,9825	0,8817	0,7699
		0,9764	0,9323	0,8003
		0,5009	0,4980	0,4593
		0,7982	0,7317	0,6020
		0,7912	0,7256	0,5860
		0,4973	0,4874	0,4683
		0,6936	0,6602	0,6039
		0,6831	0,6277	0,5591
		0,6601	0,6258	0,5204
		0,6352	0,5755	0,4886
		0,5424	0,5221	0,5045
		0,6582	0,6225	0,5274
Grupo 2	Multimodal	0,6294	0,5796	0,5466
		0,5782	0,5521	0,5395
		0,9318	0,8877	0,6776
	Monomodal	1,6945	1,5117	1,3720
		1,1218	1,0620	0,8441
		1,1319	0,9100	0,6504
Grupo 3	Multimodal	0,8040	0,6437	0,5741
		0,7358	0,5812	0,5097
		1,3325	1,2827	1,0062
		1,0528	1,0503	0,9353
		1,5003	1,4367	1,1329
		1,0956	1,0283	0,5772
	Monomodal	1,3530	1,3345	1,1991
		1,3280	1,3239	1,0462
		1,2437	1,2368	0,5682
		1,8433	1,8074	0,8053
		1,2229	1,2196	0,6135
		1,1373	1,0708	0,9148
Grupo 4	Multimodal	1,4496	1,4496	0,5731
		0,8006	0,7783	0,5727
		1,2845	1,2801	0,6176
	Monomodal	1,5855	1,5853	1,1940
		2,2894	2,2798	1,7195
		1,8966	1,8287	1,6847
Grupo 5	Multimodal	0,8525	0,7894	0,6246
		1,1533	1,0581	1,0063
		1,6507	1,5160	1,3038
		0,6044	0,5542	0,5093
		0,6278	0,5598	0,4928
		0,8312	0,7847	0,7623
	Monomodal	0,6530	0,6010	0,5652
		0,6613	0,6130	0,5837
		0,6627	0,6220	0,5941
		0,5655	0,5257	0,5123
		1,1496	1,1484	1,0699
		0,4450	0,4314	0,3874
		1,0571	1,0560	0,9987
		0,3036	0,2842	0,2428
Média		0,9956	0,9421	0,7614

ANEXO F: CÁLCULO DA PERCENTAGEM DE SOBREPOSIÇÃO

A tabela F.1 inclui a percentagem de sobreposição obtida, para cada par de imagens, em cada uma das fases do método proposto.

Tabela F. 1 Percentagem de sobreposição.

		Inicial	Translação	Afim (fase 2)	Afim (fase 3)	Projectiva	Quadrática
Grupo 1	Multimodal	0,1250	0,2189	0,5046	0,7907	0,7923	0,7996
		0,1154	0,2264	0,6182	0,8090	0,8104	0,8154
		0,1130	0,2039	0,4837	0,7475	0,7592	0,7632
		0,1242	0,2208	0,5595	0,7712	0,7770	0,7907
		0,1250	0,2189	0,5076	0,8849	0,8877	0,8964
		0,1154	0,2264	0,6313	0,8962	0,8956	0,8997
	Monomodal	0,1130	0,2039	0,4834	0,8067	0,8221	0,8310
		0,1242	0,2208	0,6762	0,8516	0,8650	0,8827
		0,1965	0,6509	0,8632	0,9613	0,9631	0,9647
		0,1511	0,5890	0,7971	0,9223	0,9277	0,9293
		0,1476	0,6180	0,8183	0,9072	0,9084	0,9158
		0,1965	0,6509	0,9522	0,9507	0,9513	0,9525
		0,1731	0,7511	0,9329	0,9469	0,9465	0,9507
		0,1758	0,8395	0,9170	0,9170	0,9206	0,9237
		0,1511	0,5890	0,9069	0,9002	0,9122	0,9184
		0,1731	0,7511	0,9341	0,9328	0,9437	0,9484
		0,9756	0,9756	0,9777	0,9803	0,9805	0,9799
		0,1476	0,6180	0,8893	0,8920	0,8969	0,9063
0,1758	0,8395	0,8823	0,9182	0,9194	0,9253		
0,9756	0,9756	0,9792	0,9767	0,9773	0,9772		
Grupo 2	Multimodal	0,1090	0,2171	0,5476	0,7183	0,7158	0,7408
		0,0994	0,2073	0,6464	0,7169	0,7303	0,7394
		0,1090	0,2171	0,4343	0,7838	0,7807	0,8077
		0,0994	0,2073	0,5743	0,7840	0,8074	0,8354
	Monomodal	0,1721	0,8692	0,8686	0,8901	0,8998	0,9005
		0,1721	0,8692	0,8692	0,8838	0,9005	0,9018
Grupo 3	Multimodal	0,1205	0,2514	0,7051	0,7521	0,7537	0,8004
		0,1107	0,2701	0,7200	0,7602	0,7613	0,7713
		0,1107	0,2384	0,6193	0,7107	0,7048	0,7186
		0,1205	0,2514	0,7696	0,8048	0,8085	0,8801
		0,1107	0,2701	0,7786	0,8302	0,8112	0,8428
	Monomodal	0,1107	0,2384	0,5372	0,7707	0,7777	0,8009
		0,1023	0,7241	0,6415	0,7188	0,7234	0,8090
		0,1244	0,5832	0,5436	0,5843	0,5888	0,6921
		0,1023	0,7241	0,6592	0,7231	0,7224	0,8070
		0,1239	0,8119	0,8119	0,8145	0,8129	0,8151
Grupo 4	Multimodal	0,1598	0,2310	0,5366	0,6093	0,6098	0,6766
		0,0929	0,1520	0,2955	0,4150	0,4038	0,4328
		0,1598	0,2310	0,5766	0,6421	0,6452	0,6843
	Monomodal	0,0929	0,1520	0,4110	0,4634	0,4602	0,5277
		0,1816	0,7353	0,8023	0,8019	0,8055	0,8244
		0,1816	0,7353	0,5590	0,7886	0,7726	0,7613
Grupo 5	Multimodal	0,1384	0,2397	0,3116	0,7003	0,6911	0,6706
		0,1403	0,2665	0,7353	0,8389	0,8417	0,8434
		0,1459	0,2491	0,7382	0,8319	0,8333	0,8319
		0,1384	0,2397	0,6284	0,8192	0,8301	0,8358
		0,1403	0,2665	0,8045	0,9283	0,9312	0,9265
		0,1459	0,2491	0,7279	0,9031	0,9026	0,9034
	Monomodal	0,2988	0,8225	0,9049	0,9049	0,9103	0,9107
		0,2406	0,4142	0,8054	0,8072	0,8177	0,8214
		0,2988	0,8225	0,9036	0,8954	0,8952	0,8976
		0,2920	0,4922	0,9020	0,9154	0,9153	0,9166
		0,2406	0,4142	0,7955	0,7887	0,7891	0,7975
		0,2920	0,4922	0,9009	0,9009	0,9008	0,9011
Média	0,1807	0,4668	0,7089	0,8100	0,8129	0,8307	

ANEXO G: TEMPO DE EXECUÇÃO

Na tabela G.1 apresenta-se o tempo de execução para todos os alinhamentos efectuados, que serviram como base para os cálculos apresentados no capítulo 4.

Tabela G. 1 Tempos de execução.

		Tempo (s)
Grupo 1	Multimodal	56,3
		42,2
		37,6
		42,5
		39,2
		39,2
		38,3
	43,6	
	Monomodal	45,9
		41,5
		46,3
		49,3
		40,3
		44,6
48		
44,5		
44,5		
57		
46,7		
42,3		
Grupo 2	Multimodal	46,3
		43,3
		41,8
		40,2
	Monomodal	43,5
46,4		
Grupo 3	Multimodal	46,1
		46,6
		48,4
		38,1
		41,5
	37,6	
	Monomodal	48,7
		44,9
		44,8
		44,1
43,8		
46,3		
Grupo 4	Multimodal	51
		35,5
		44,2
	38,6	
	Monomodal	36,4
49,2		
Grupo 5	Multimodal	44,3
		45
		44,1
		45,4
		40,8
	39,9	
	Monomodal	48,2
		47,5
		46,2
		46,8
43,6		
47,5		
Média		44,2