

ALMA MATER STUDIORUM – UNIVERSITA' DI BOLOGNA  
SEDE DI CESENA  
FACOLTA' DI SCIENZE MATEMATICHE, FISICHE E NATURALI  
CORSO DI LAUREA IN SCIENZE DELL'INFORMAZIONE

# **FILTRI NON ISOTROPICI PER LA SEGMENTAZIONE DI OGGETTI IN MAMMOGRAFIA DIGITALE**

Relazione finale in  
Biofisica delle Reti Neurali e loro applicazioni

Relatore  
Prof. Renato Campanini

Presentata da  
Luca Bolognesi

Co-relatore  
Dott. Matteo Roffilli

Sessione II  
Anno Accademico 2003-2004



*Il tumore al seno si colloca al primo posto nel mondo per grado di mortalità fra le patologie tumorali che colpiscono la popolazione femminile. Si stima che ogni anno vengano diagnosticati un milione di nuovi casi, con un tasso di mortalità di gran lunga superiore alle trecento mila vittime.*

*I metodi di diagnosi più diffusi sono la palpazione e l'osservazione della lastra mammografica da parte di un medico specializzato.*

*Tuttavia quest'ultima metodologia è molto complessa a causa della fortissima somiglianza delle lesioni tumorali con il tessuto ospitante.*

*Di conseguenza l'affidabilità di questi metodi non è molto elevata, infatti fino al 10% dei casi non vengono diagnosticati se non in seguito a diverse sedute e con il carcinoma già in fase avanzata.*

*Tuttavia, la diagnosi in una fase precoce della patologia, può ridurre sensibilmente la mortalità del tumore.*

*Negli ultimi anni, ricercatori informatici e fisici di tutto il mondo si sono impegnati per fornire uno strumento di supporto ai medici per il riconoscimento delle lesioni tumorali.*

*In particolare, un gruppo di ricerca dell'Università degli Studi di Bologna, che coinvolge ricercatori del Corso di Laurea in Scienze dell'Informazione di Cesena e del Dipartimento di Fisica, sta sviluppando un sistema CAD (Computer Aided Detection) per il riconoscimento automatizzato del carcinoma mammario.*

*Questa tesi vuole essere un contributo alla realizzazione del progetto appena citato, attraverso lo studio di metodologie che migliorino le tecniche esistenti, permettendo di aumentare il numero di lesioni rivelate.*

*Dal momento che le lesioni sono caratterizzate da forme e dimensioni note, il loro riconoscimento da parte del sistema CAD è strettamente legato ad una precisa identificazione del loro contorno.*

*Lo scopo della tesi è appunto quello di studiare algoritmi di segmentazione per il miglioramento dei contorni delle lesioni.*



# Indice

<b>1</b>	<b>INTRODUZIONE .....</b>	<b>1</b>
1.1	IL TUMORE AL SENO .....	1
1.2	DIAGNOSI .....	3
1.2.1	Mammografia .....	4
1.2.2	CAD .....	5
<b>2</b>	<b>RICERCA DELLE REGIONI DI INTERESSE .....</b>	<b>7</b>
2.1	PREMESSE .....	7
2.2	PRE-DETECTION .....	9
2.3	SEGMENTAZIONE AVANZATA .....	11
2.3.1	Implementazione basata su thinning .....	12
<b>3</b>	<b>RAFFINAMENTO DELLE REGIONI .....</b>	<b>15</b>
3.1	PREMESSE .....	15
3.2	FILTRI CLASSICI .....	16
3.2.1	Active contour snake .....	16
3.2.2	Region growing .....	19
3.3	FILTRI ANISOTROPICI .....	22
3.3.1	Kuwahara .....	22
3.3.2	Grady .....	24
<b>4</b>	<b>GRADY - VISUALIZZAZIONE BIOLOGICA .....</b>	<b>29</b>
4.1	SISTEMI DI VISUALIZZAZIONE BIOLOGICI .....	29
4.2	IMAGE PROCESSING BASATA SUI GRAFI .....	30
4.3	ALGORITMO IN DETTAGLIO .....	32

4.3.1 Importazione di un'immagine in un grafo.....	32
4.3.2 Definizione dei nodi.....	33
4.3.2.1 Descrizione delle strutture dati .....	34
4.3.2.2 Traslazione del centro del grafo nella fovea.....	36
4.3.2.3 Filtraggio dei pixel interni al grafo traslato .....	38
4.3.2.4 Assegnamento dei valori dei nodi.....	39
4.3.3 Definizione dei pesi .....	40
4.3.3.1 Calcolo della distanza euclidea tra due nodi del grafo.....	41
4.3.3.2 Calcolo della distanza geometrica tra due nodi del grafo.....	42
4.3.4 Segmentazione.....	42
4.3.4.1 Algoritmo tradizionale di partizionamento di un grafo.....	43
4.3.4.2 Algoritmo di partizionamento di un grafo per la segmentazione di un'immagine.....	47
<b>5 APPLICAZIONE DI FILTRI ANISOTROPICI E RISULTATI.....</b>	<b>51</b>
5.1 TOOLBOX IN MATLAB™.....	51
5.2 RISULTATI NUMERICI .....	55
5.2.1 segmentazione avanzata .....	57
5.2.2 Kuwahara .....	58
5.2.3 Region growing e snake .....	59
5.2.3.1 Dimensionamento del box .....	61
5.2.3.2 Espansione del box .....	63
5.2.3.3 Fusione di regioni adiacenti.....	63
5.2.3.4 Test di similarità .....	64
5.2.4 Grady.....	66
5.3 RISULTATI VISUALI .....	69
<b>6 CONCLUSIONI E SVILUPPI FUTURI .....</b>	<b>75</b>
<b>7 TABELLE – PARAMETRI DI SEGMENTAZIONE.....</b>	<b>77</b>

# **Capitolo 1**

## **Introduzione**

### **1.1 Il tumore al seno**

Il carcinoma mammario è attualmente la forma tumorale più diffusa fra le donne nel mondo e si colloca al secondo posto in assoluto come tasso di mortalità femminile, seguito solamente dalle malattie cardiovascolari.

Ogni anno vengono diagnosticati un milione di nuovi casi e le vittime superano le trecento mila unità. Si stima che nel corso della sua vita una donna abbia il 12% di probabilità di soffrire di questo disturbo.

Secondo gli studiosi sono diversi i fattori che possono influire sull'aumento del rischio di sviluppo di un carcinoma mammario: l'ereditarietà, il numero dei figli e l'età del primo parto (il rischio sembra essere minore quanti più sono i figli e quanto prima si è partorito), una menopausa tardiva, l'obesità, il fumo, l'esposizione prolungata alle radiazioni elettromagnetiche, etc. Il fattore con maggiore incidenza risulta l'età, infatti raramente il tumore al seno compare nelle donne sotto i 30 anni. La percentuale di donne colpite aumenta rapidamente nel periodo della menopausa e continua a crescere con l'avanzare dell'età. Se la probabilità di malattia per una donna con meno di quaranta anni è del 4-5%, negli anni immediatamente successivi il rischio sale al 25%.

Il tumore nasce come patologia locale, limitata alla mammella, con dimensioni, in genere, inferiori a 10 mm. Col tempo questo si espande, con la possibilità di contagio di tessuti vitali limitrofi come i polmoni.

Nella mammografia le lesioni tumorali risultano, in genere, come zone molto chiare con caratteristiche particolari, che le fanno distinguere dal normale tessuto del seno (parenchimale). I due tipi più diffusi di patologia sono le microcalcificazioni e le masse tumorali, con conformazioni talmente differenti da richiedere un trattamento differenziato. In questo lavoro ci si soffermerà solo sulle masse, tralasciando gli altri tipi di lesione. E' assolutamente difficoltoso fare una classificazione precisa di queste, a causa della loro grandissima variabilità.

Possono infatti avere:

- una dimensione fra i 3 e i 40 mm;
- diverse densità ottiche, in base al grado di radiopacità;
- bordi più o meno definiti e più o meno regolari.

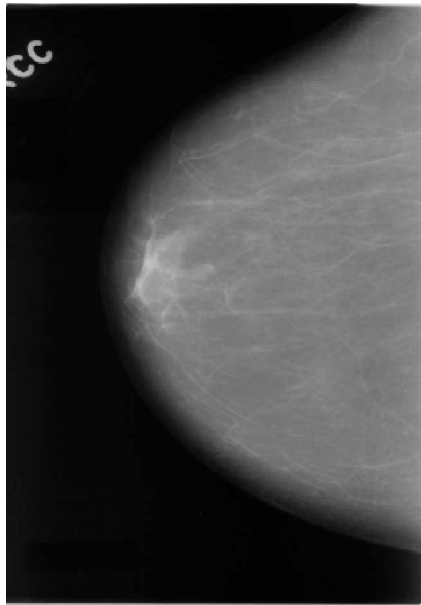


Fig. 1.1: Mammella grassa.

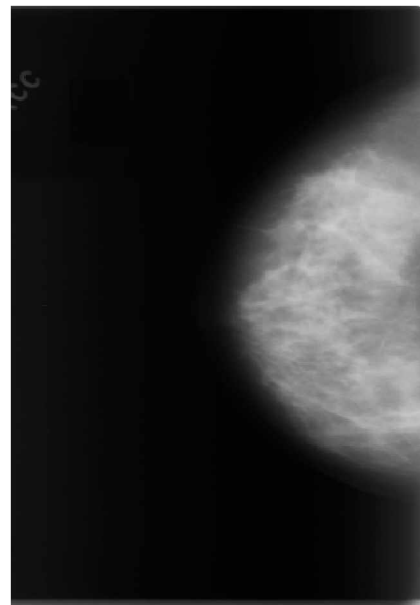


Fig. 1.2: Mammella densa.



La loro identificazione è condizionata anche dal tipo di tessuto nel quale sono poste. Una massa densa in un tessuto grasso sarà, in genere, facilmente visibile anche ad occhio nudo, in quanto si presenta come una macchia molto luminosa su un contorno scuro. Viceversa sarà difficilmente individuabile una lesione in un tessuto denso (Fig. 1.1 e 1.2).

Nonostante la variabilità sopraindicata, è possibile fare una sommaria classificazione sulla base di parametri morfologici, quali forma e tipo di bordo.

In particolare questi sono utili anche per avere informazioni sulla natura stessa della patologia: è stato riscontrato come la morfologia della lesione sia legata in un qualche modo al suo grado di malignità.

Ad esempio masse spicolate con nucleo centrale radiopaco (quindi molto luminoso nella mammografia) sono considerate la manifestazione più tipica di lesioni maligne. Le spicole rappresentano la reazione fibrosa dell'organismo ospite alla formazione del tumore.

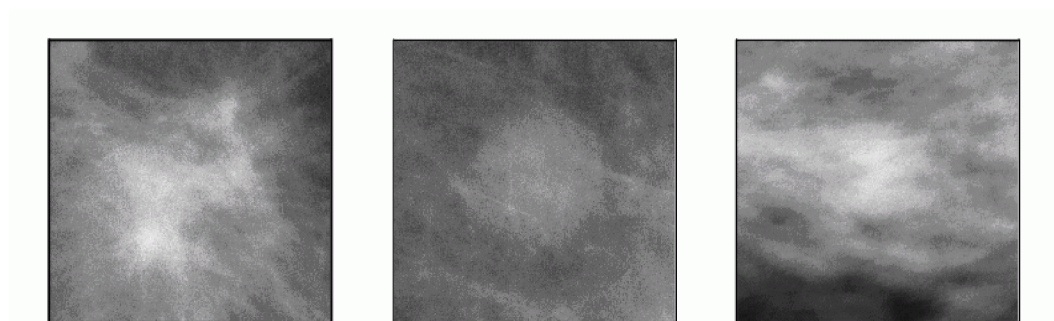


Fig. 1.3: Masse tumorali.

## 1.2 Diagnosi

Una massa palpabile è generalmente il primo segno del cancro al seno. Benché molte masse palpabili siano benigne, quando si nota qualcosa di anomalo è opportuno chiedere una consulenza medica. Altri segni preoccupanti sono i cambiamenti dell'aspetto del seno: ispessimenti, gonfiore, increspature, irritazione della pelle, alterazione, ritrazione, dolore, fragilità del capezzolo o presenza di secrezione.

Allo stato attuale le tecniche di rilevazione sono essenzialmente tre:

- Palpazione;
- Ecografia;
- Mammografia;

Nei prossimi paragrafi è brevemente descritta l'ultima metodologia.

### **1.2.1 Mammografia**

La tecnica di rilevazione del carcinoma mammario attualmente più utilizzato è l'analisi della lastra mammografica, da parte di un radiologo. Purtroppo l'affidabilità del metodo non è molto elevata: fino al 30% dei casi non vengono diagnosticati se non in seguito a diverse sedute e con il carcinoma già in fase avanzato.

Le cause vanno cercate nella notevole difficoltà della sua individuazione ad occhio nudo, dovuto alla frequente somiglianza con il tessuto ospitante. Ciò accade soprattutto nella fase embrionale dello sviluppo della patologia, in quanto caratterizzata da dimensioni molto ridotte. Ma è proprio la diagnosi precoce che fornisce una possibilità abbastanza elevata di guarigione, garantendo anche una buona possibilità di intervento sul carcinoma con tecniche non invasive. Si capisce allora l'importanza della diffusione di una politica di prevenzione. Negli ultimi anni sono andate diffondendosi tecniche di analisi basate sulla diagnosi, da parte di più radiologi, dello stesso paziente, e recentemente, anche sul consiglio di sistemi di rivelazione automatici (Computer Aided Detection - CAD).

La difficoltà di trattamento degli oggetti ricercati fanno di questo un problema affatto semplice.

### 1.2.2 CAD

Data l'importanza di una diagnosi precoce, sono affiancati al radiologo meccanismi che lo possano in qualche modo aiutare ad abbassare le possibilità di errore.

All'inizio degli anni 70 è stato introdotto l'uso del computer nella mammografia, al fine di ottenere un effettivo miglioramento dell'immagine: aumento del contrasto, utilizzo di filtri di vario tipo, etc. In seguito sono state sviluppate tecniche di analisi nelle quali venivano impiegati due radiologi (blind readers): entrambi facevano la loro diagnosi indipendentemente e se ne discutevano poi i risultati. Il successo del metodo (diagnosi corretta nell'85% dei casi) ha portato ad una sua evoluzione: la sostituzione di uno dei due radiologi con un sistema di rilevamento automatico detto appunto CAD [3] [4].

E' importante sottolineare che la sentenza del CAD non è da intendersi esaustiva, ma solo indicativa al radiologo delle regioni sospette.

Rispetto alle tecniche classiche i vantaggi di un sistema CAD sono chiaramente innumerevoli. In primo luogo la possibilità di modificare il mammogramma in seguito al prelievo delle informazioni in forma digitale. Questo permette di applicare fasi di image processing, quali filtraggi e aumenti del contrasto e luminosità, per migliorare l'immagine, in maniera assolutamente automatica.

Un altro beneficio apportato è che, idealmente, non ci sono vincoli alla risoluzione spaziale dell'immagine, per cui in generale si ha una qualità diagnostica nettamente migliore. Tuttavia le tecniche di elaborazione delle lastre mammografiche richiedono un notevole costo computazionale, sia a causa dell'alta risoluzione delle immagini trattate, che per la complessità degli algoritmi utilizzati. Per questo motivo si impiegano calcolatori multiprocessore molto potenti e tecniche di parallelizzazione avanzata.

L'efficienza di un sistema CAD viene valutato secondo i seguenti parametri:

- Percentuale di veri positivi (TP - True Positive) individuati;
- Percentuale di falsi positivi (FP - False Positive);
- Tempo di elaborazione;

Un vero positivo indica una regione rilevata dal sistema CAD che effettivamente risulta essere una massa tumorale.

Un falso positivo è invece relativo ad una regione segnalata dal sistema CAD ma che in realtà non è un carcinoma. Con un numero di falsi positivi troppo alto (maggiore di 2 o 3 per lastra) il sistema sarebbe inutile: il radiologo infatti non ne troverebbe vantaggio in quanto dovrebbe discriminare fra questi segnali.

L'obiettivo del sistema è quello di limitare il più possibile i falsi positivi e fare in modo che vengano rilevate tutte le regioni maligne.

In generale un sistema CAD è composto da due fasi fondamentali. La prima, detta detection, ha lo scopo di determinare le zone dell'immagine, che per le loro caratteristiche potrebbero ospitare una lesione, dette ROI - Region of Interest. La seconda è quella di classificazione, nella quale il sistema è in grado di decidere se ognuna di queste zone è o meno una massa tumorale ed eventualmente se è benigna o maligna. In questa tesi verrà analizzata solamente la prima fase.

## **Capitolo 2**

### **Ricerca delle regioni di interesse**

#### **2.1 Premesse**

Ricerca delle regioni di interesse (ROI - Region Of Interest) all'interno di un'immagine consiste nella selezione di zone favorevoli alla presenza degli oggetti della ricerca, nel nostro caso specifico le masse tumorali. Come già sottolineato nel capitolo precedente, una lesione tumorale si presenta come una macchia luminosa, posta generalmente all'interno di uno sfondo più scuro. Ricercare regioni con queste caratteristiche corrisponde quindi a ricercare quelle regioni costituite da pixel con un elevato valore di intensità. Questa operazione è piuttosto complessa soprattutto nel caso di immagini relative a mammelle dense, nelle quali anche il tessuto sano è molto luminoso.

Il modulo del sistema CAD che esegue questa ricerca è suddiviso in due sottomoduli, dove il secondo esegue un affinamento dell'output del primo:

- Pre-detection;
- Segmentazione avanzata;

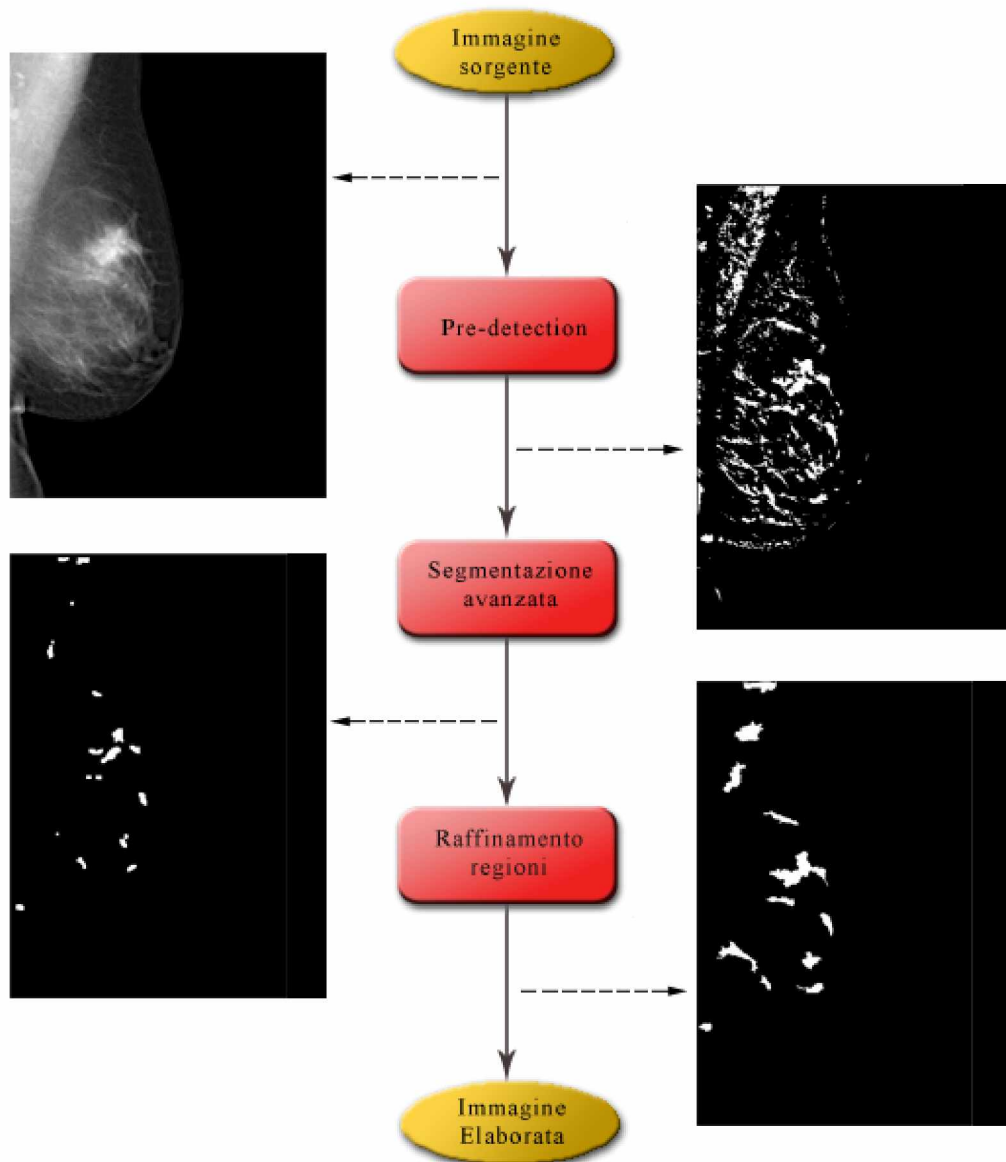


Fig. 2.1: Successione delle fasi del CAD.

In figura 2.1 è mostrato un esempio che illustra come un'immagine mammografica venga elaborata e modificata durante le fasi della ricerca delle regioni di interesse: si vuole evidenziare come, da una complessa immagine in scala di grigi, si passi ad una maschera binaria

estremamente più semplice, che contiene le aree nelle quali è più probabile sia presente una lesione.

## 2.2 Pre-detection

Le immagini mammografiche non sono interamente occupate dalla mammella, dunque esistono alcune aree che possono essere escluse a priori dalla ricerca delle regioni di interesse.

L'output del modulo di pre-detection è dato da una immagine binaria (chiamata maschera) dove sono indicate le regioni di interesse, nelle quali è possibile l'esistenza di una lesione tumorale. Grazie a questa prima fase, quella successiva di scanning delle maschere non verrà più eseguita su tutta l'area del seno, ma solo su queste zone. I benefici portati dall'utilizzo di tale tecnica sono principalmente due:

- Diminuzione del tempo di calcolo dovuto alla minore area di applicazione dei processi successivi;
- Migliore definizione della classe dei negativi (utile per il classificatore);

Una prima fase di segmentazione ha proprio lo scopo di eliminare l'area complementare alla mammella, che per ovvie ragioni, non può contenere masse tumorali. In particolare possono essere presenti oggetti, come le etichette, che non sono di nessun interesse, ma che per la loro alta luminosità verrebbero comunque selezionati dal modulo di pre-detection, provocando cattivi input al classificatore.

Il passo successivo consiste in una segmentazione più raffinata all'interno della parte rappresentante la mammella, basandosi sull'analisi della distribuzione dell'intensità. In altre parole vengono eliminate quelle zone di tessuto aventi frequenze spettrali basse, nelle quali vi è una alta probabilità di non trovare lesioni.

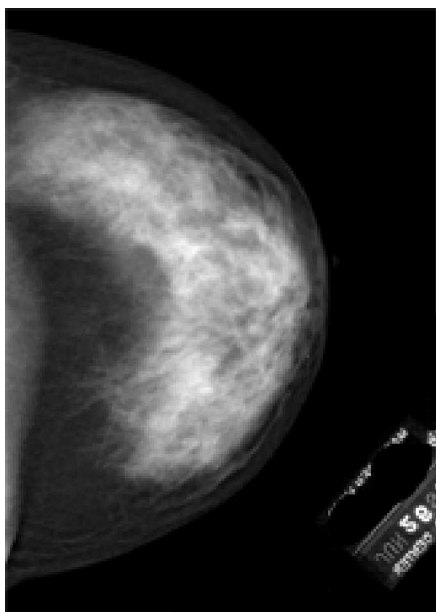


Fig. 2.2: Immagine originale.

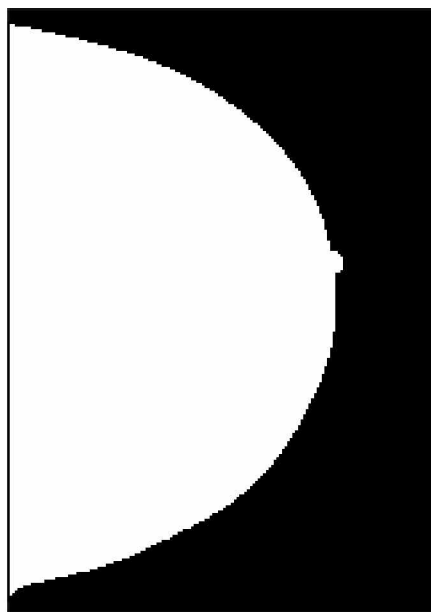


Fig. 2.3: Immagine segmentata.

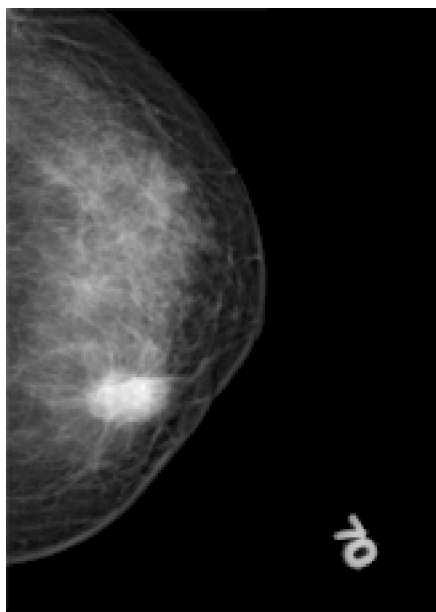


Fig. 2.4: Immagine in input al modulo di pre-detection.

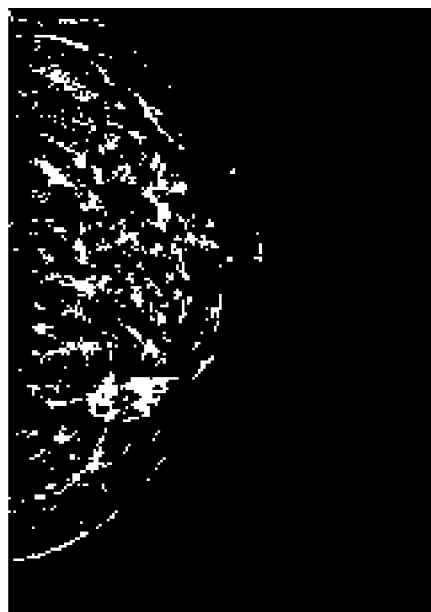


Fig. 2.5: Immagine in output al modulo di pre-detection.



L'intero processo di pre-detection consta delle seguenti fasi:

- Riduzione di scala;
- Filtro Passa Alto;
- Sogliatura (Threshold);
- Applicazione Operatori Morfologici;
- Aumento della scala alle dimensioni originali;

Il ridimensionamento attraverso filtro gaussiano attenua il rumore dell'immagine e consente un aumento della velocità di esecuzione delle fasi successive. Il filtro passa alto (high boost filter) separa il tessuto grasso (background) da quello ghiandolare (foreground) enfatizzando le frequenze spettrali alte e attenuando quelle basse. La sogliatura genera una immagine binaria di segmentazione interna alla mammella, nella quale le zone mantenute sono solo quelle di interesse (ROI). In seguito vengono eliminate le regioni molto piccole che non possono essere lesioni e sistemati i bordi attraverso threshold differenziato (infatti i bordi sono solitamente troppo densi di regioni). Infine vengono ripristinate le dimensioni originali dell'immagine [6] [7] [8].

## 2.3 Segmentazione avanzata

Il modulo di pre-detection presentato nel paragrafo precedente, riduce in modo drastico l'area di ricerca, tuttavia, questa può essere ancora fortemente diminuita applicando opportunamente alcune modifiche morfologiche all'immagine restituita dal modulo di pre-detection.

Fino a questo momento, si sono prese in considerazione solamente quelle aree che soddisfano determinati requisiti di luminosità, dipendenti dalla densità dell'area in questione. Un altro importante aspetto da valutare è la forma dell'oggetto: le lesioni tumorali di interesse sono infatti caratterizzati da una forma ovoidale e da dimensioni che vanno dai 3 ai 40 mm. Per questo motivo possono essere eliminati dall'area di ricerca tutti quegli

oggetti di dimensioni superiori o inferiori a quelle prestabilite e quelli la cui forma non è ovoidale bensì filiforme, che di solito sono vasi sanguigni.

### **2.3.1 Implementazione basata su thinning**

L'implementazione del modulo di segmentazione avanzata è basata sull'operatore di thinning [12] che è utilizzato per ridurre l'area in foreground dell'immagine mammografica fino ad ottenere uno scheletro degli oggetti presenti in essa, preservandone la forma e la connettività. Più precisamente questo modulo prevede il seguente flusso di operatori morfologici, applicati in cascata:

- dilatazione;
- erosione;
- thinning;
- apertura;
- ricostruzione;

Tutti gli operatori citati si basano su un processo di convoluzione fra un'immagine binaria ed un elemento strutturante, chiamato anche maschera o kernel. Generalmente questo è un quadrato avente lati di un numero dispari di pixel (3x3, 5x5, ...), e del quale si definisce origine quel pixel corrispondente al centro del quadrato (Fig. 2.6). L'immagine di input e la maschera sono combinati usando un insieme di operatori di base quali intersezione, unione, differenza e complemento, usati in modo da produrre l'effetto desiderato (erosione, dilatazione, ricerca dei bordi, etc.). La maschera è traslata sopra l'immagine confrontando i valori dei pixel della maschera con quelli dell'immagine sottostante; se sono soddisfatte certe condizioni, diverse a seconda dell'operatore, allora il pixel origine è posto ad un valore predefinito (0 o 1 nel caso di immagini binarie).

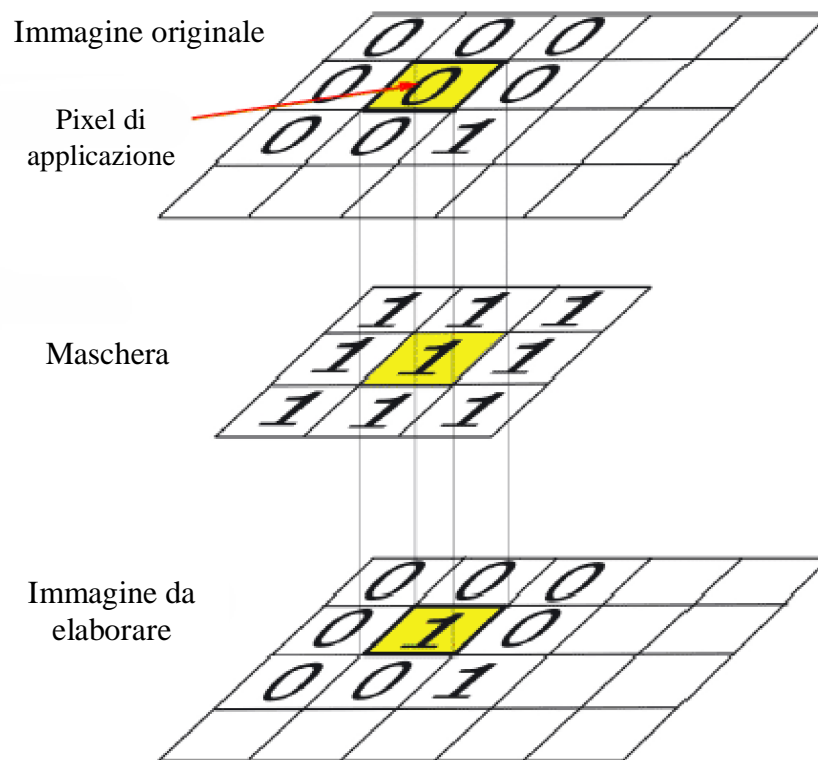


Fig. 2.6: Operazione di dilatazione con elemento strutturante quadrato di dimensione 3x3.

In seguito alla dilatazione gli oggetti molto vicini tra loro sono uniti in un unico oggetto.

L'erosione ripristina le dimensioni originali degli oggetti ma mantenendo uniti quelli molto vicini. Il processo di dilatazione ed erosione è stato inserito per ovviare al problema della eccessiva frammentazione di alcune lesioni.

L'operatore di thinning costituisce il fulcro del modulo di segmentazione avanzata, in quanto consente di determinare la forma base degli oggetti: questi sono opportunamente assottigliati in modo da ricavarne lo scheletro. Successivamente l'apertura morfologica elimina dall'immagine tutti gli oggetti filiformi e tutte le masse più piccole di una certa soglia, mantenendo

solo quelli ovoidali e quelli di dimensioni tali da potere essere classificati come possibili lesioni tumorali.

Infine quelli rimasti sono ricostruiti fino a ripristinare la forma che possedevano dopo il processo di erosione. A questo punto l'immagine è costituita dai soli oggetti dalla forma e dalle dimensioni tali da potere essere classificate come lesioni.

Nel capitolo 5 saranno illustrati i test per la scelta dei parametri da utilizzare per i vari operatori.

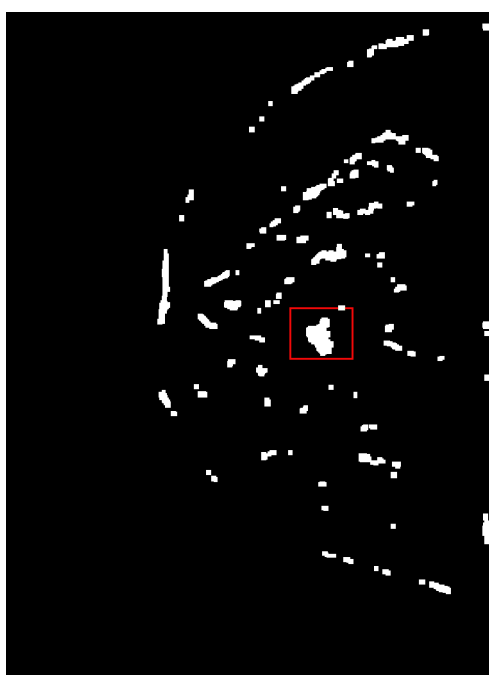


Fig. 2.7: Immagine in input al modulo di pre-detection. Nel quadrato la lesione tumorale.

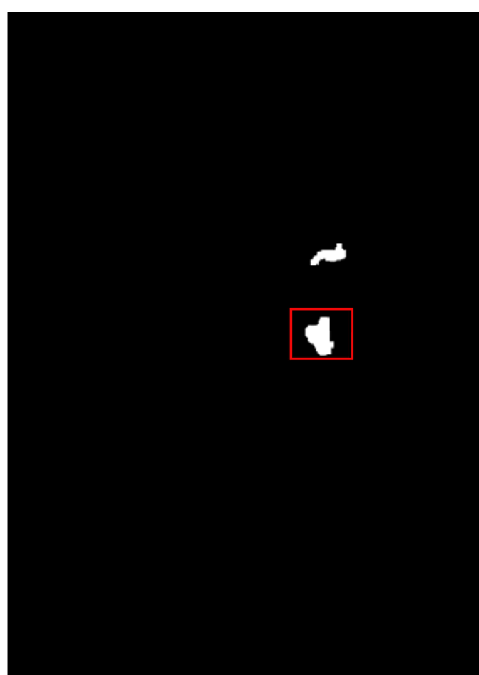


Fig. 2.8: Immagine in output al modulo di pre-detection. Nel quadrato la lesione tumorale.

## **Capitolo 3**

### **Raffinamento delle regioni**

#### **3.1 Premesse**

I moduli di pre-detection e segmentazione avanzata consentono di diminuire fortemente il campo di ricerca delle masse, restituendo un'immagine binaria contenente solo quegli oggetti del mammogramma che soddisfano i requisiti di luminosità, forma e dimensione stabiliti.

Al fine di fornire un corretto input al modulo di classificazione dei segnali risulta ora indispensabile modellare gli oggetti rimasti, attraverso fasi di raffinamento, in modo che la loro forma si avvicini il più possibile a quella reale (Fig. 3.1).

Considerato che le mammografie digitali sono molto complesse e molto differenti le une dalle altre, si sono studiate diverse soluzioni basate sull'utilizzo di tecniche classiche, come active contour snake e region growing, e di tecniche più evolute ed innovative di tipo non isotropico come Kuwahara e Grady.

In questo capitolo verrà fatta una panoramica sulle tecniche appena menzionate cercando di spiegare in modo relativamente semplice il loro funzionamento e mostrando gli effetti che essi producono su una mammografia digitale.

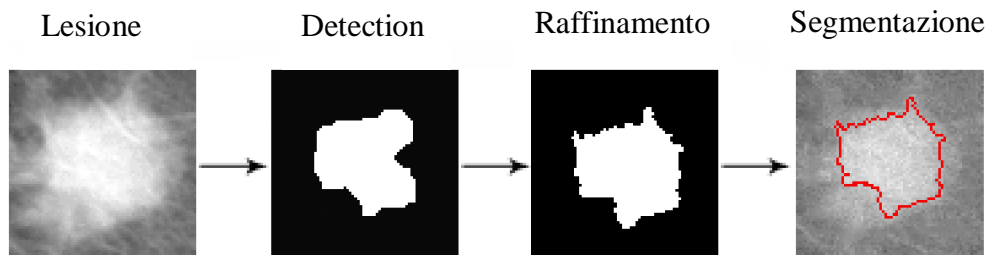


Fig. 3.1: Le fasi del raffinamento delle regioni di interesse.

Nei capitoli successivi verrà invece illustrata in modo preciso e dettagliato la soluzione scelta tra quelle possibili, evidenziando le motivazioni che hanno portato a tale decisione. Riassumendo, le tecniche sperimentate per realizzare il raffinamento delle regioni di interesse sono:

- Filtri classici:
  - Active contour snake;
  - Region growing;
- Filtri anisotropici (o non-isotropici):
  - Kuwahara;
  - Grady;

## 3.2 Filtri classici

### 3.2.1 Active contour snake

Dall'osservazione degli oggetti restituiti dal modulo di segmentazione avanzata si è osservato che alcuni di questi erano caratterizzati da una forma fortemente irregolare e concava (a ferro di cavallo). Il classificatore non avrebbe mai identificato questi oggetti come lesioni tumorali, nonostante alcuni di essi lo fossero realmente. Si è così pensato di risolvere il problema applicando l'algoritmo di active contour snake [11].

Gli snake, o contorni attivi, sono curve definite all'interno di un'immagine, che possono muoversi sotto l'influenza di forze esterne, che dipendono dalle curve stesse, e forze interne, calcolate in relazione all'immagine. Queste sono definite in modo tale che la curva si conformi alla periferia dell'oggetto, o ad altre caratteristiche desiderate dell'immagine. Inizialmente la curva è abbastanza grande da contenere al suo interno l'oggetto in questione. In seguito questa viene progressivamente ristretta finché non si 'appoggia' sulla periferia della regione, con la precisione desiderata.

Uno snake tradizionale è una curva  $x(s) = [x(s), y(s)]$   $s \in [0,1]$  che si muove attraverso il dominio spaziale di un'immagine per minimizzare la seguente funzione di energia:

$$E = \int_0^1 \frac{1}{2} (\alpha |x'(s)|^2 + \beta |x''(s)|^2) + E_{ext}(x(s)) ds$$

Dove  $\alpha$  e  $\beta$  sono dei pesi che controllano rispettivamente la tensione e la rigidità delle curve, e  $x'(s)$ ,  $x''(s)$  sono la derivata prima e seconda di  $x(s)$  rispetto ad  $s$ . La funzione di energia esterna  $E_{ext}$  dipende dall'immagine e più precisamente è così definita: se l'immagine è a scala di grigi allora

$$E_{ext}(x, y) = -|\nabla I(x, y)|^2$$

$$E_{ext}(x, y) = -|\nabla(G_\sigma(x, y) * I(x, y))|^2$$

Dove  $I(x, y)$  è il valore di intensità dell'immagine nel punto  $(x, y)$ ,  $G_\sigma(x, y)$  è la funzione gaussiana bidimensionale con deviazione standard  $\sigma$  e  $\nabla$  è l'operatore di gradiente. Se invece l'immagine è binaria (in bianco e nero), allora la funzione esterna è così definita:

$$E_{ext}(x, y) = I(x, y)$$

$$E_{ext}(x, y) = G_\sigma(x, y) * I(x, y)$$

Al crescere di  $\sigma$  la periferia dell'oggetto diventa sfumata.

Uno snake che minimizza  $E$  deve soddisfare la seguente equazione:

$$\alpha x''(s) - \beta x(s)'''' - \nabla E_{ext} = 0$$

che può essere vista come la funzione di bilanciamento delle forze  $F_{int} + F_{ext} = 0$  dove  $F_{int} = \alpha x''(s) - \beta x(s)''''$  e  $F_{ext} = -\nabla E_{ext}$ .

Per trovare una soluzione della condizione di bilanciamento si tratta la curva dello snake  $x$  come una funzione del tempo  $t$ , così come  $s$ . Allora la derivata parziale di  $x$  rispetto a  $t$  vale:

$$x_t(s, t) = \alpha x''(s) - \beta x(s)'''' - \nabla E_{ext}$$

Quando il termine  $x_t(s, t)$  si stabilizza, diventa uguale a 0, così si è anche soddisfatta la condizione di equilibrio.

Esistono naturalmente molte varianti a questo approccio base, che dipendono dagli effetti che si vogliono ottenere sull'immagine sorgente.

Il principale difetto di questa tecnica è che il risultato dipende fortemente dalla distanza della curva iniziale dalla regione da segmentare: in particolare minore è la distanza e migliore sarà la segmentazione.

Nelle figure 3.3 e 3.4 è mostrato il flusso di lavoro dell'active contour snake e i risultati che esso produce su lesioni tumorali del seno.

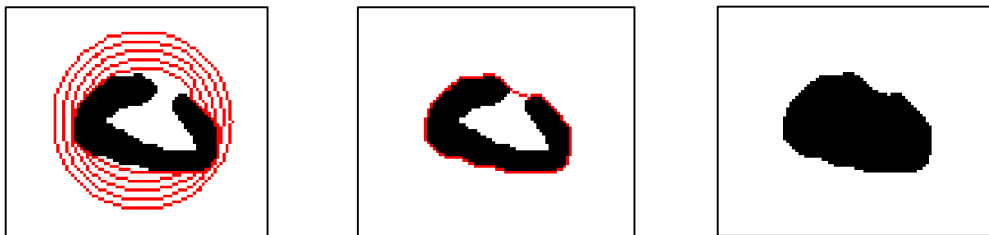


Fig. 3.3: Flusso di lavoro dell'active contour snake.



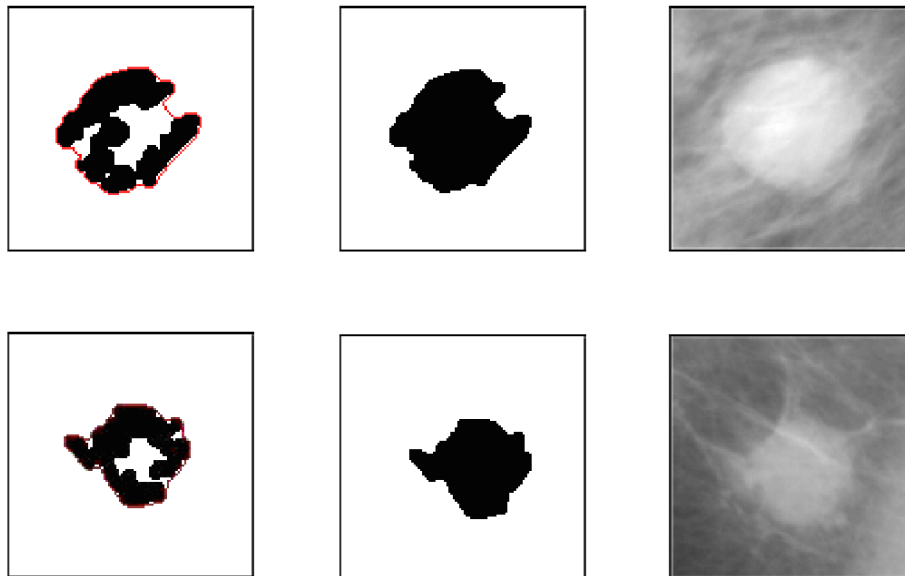


Fig. 3.4: Lesioni tumorali prima e dopo l'active contour snake.

### 3.2.2 Region growing

L'algoritmo di region growing [16] segmenta un'immagine, suddividendola in regioni costituite da pixel simili tra loro. Il criterio di similarità dipende da quali sono le caratteristiche che si intende studiare, come ad esempio l'intensità, la varianza, il colore, etc. Nel caso in questione la caratteristica di interesse è l'intensità della regione, dal momento che si vogliono evidenziare regioni luminose che potrebbero essere lesioni tumorali.

Il processo di region growing comincia partendo da un pixel iniziale (chiamato seed pixel o seme), al quale ne vengono via via aggiunti di nuovi. Una volta scelto il seme, si prendono in considerazione i suoi adiacenti (usando la topologia 4-connessa o 8-connessa). Questi sono aggiunti alla regione se superano il test di similarità col seme. La sequenza descritta viene ripetuta anche su tutti i nuovi pixel appena aggiunti, ed il processo termina quando nessun altro può essere inglobato, ossia quando non ci sono più pixel adiacenti alla regione che superano il test di similarità (Fig. 3.5).

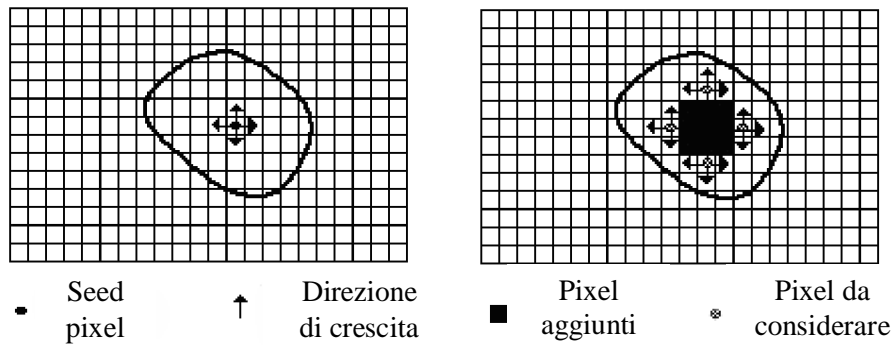


Fig. 3.5: Situazione al primo passo di Region Growing e dopo poche iterazioni.

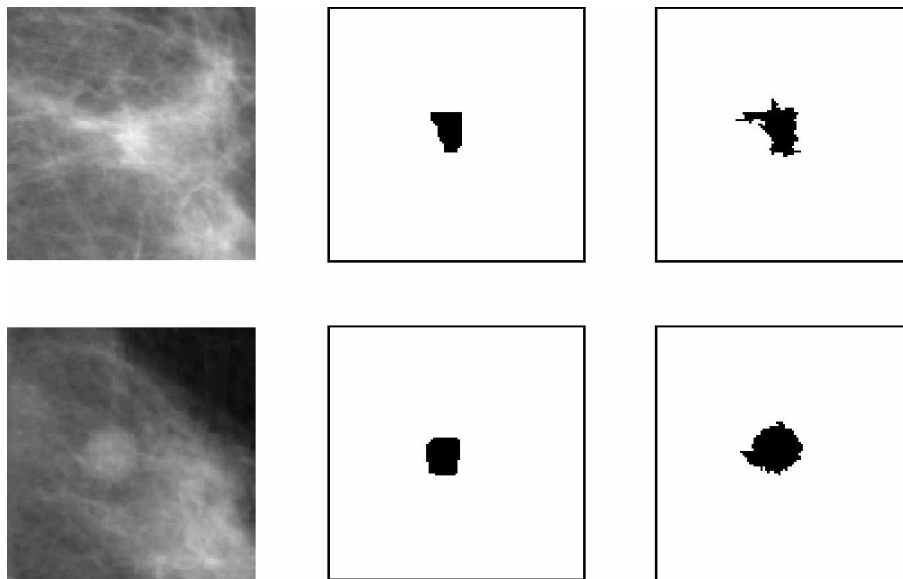


Fig. 3.6: Esempio di buona espansione del region growing.  
Mammografia digitale a sinistra; segmentazione avanzata nel centro;  
region growing a destra.

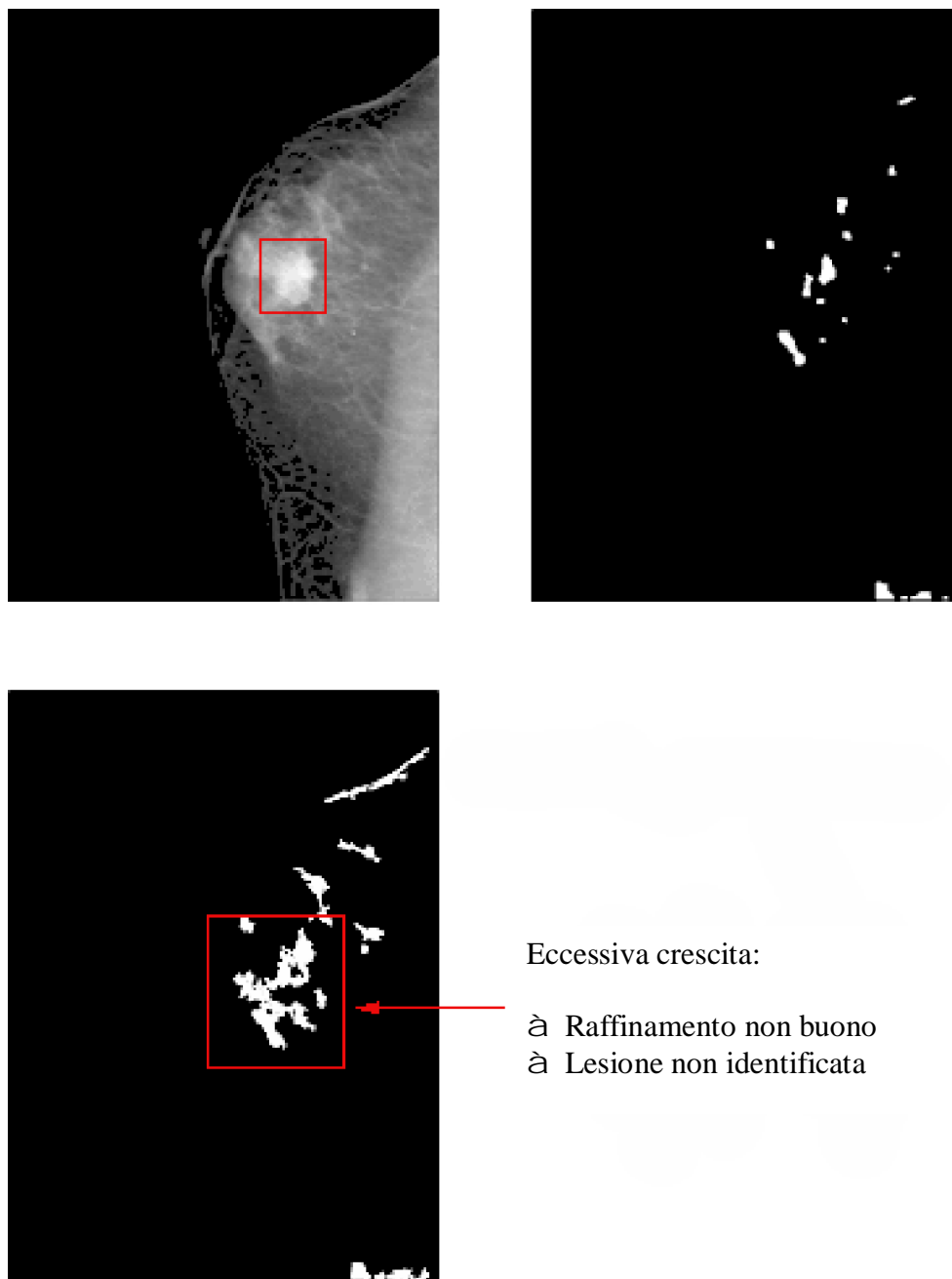


Fig. 3.7: Esempio di eccessiva espansione del region growing.  
Mammografia digitale in alto a sinistra; segmentazione avanzata in alto a  
destra; region growing in basso a sinistra.

Il difetto principale di questa tecnica è che regioni con basso contrasto tendono a crescere nel background diventando così molto grandi, anche se le dimensioni originali sono ridotte: questo comporta una errata segmentazione della regione e dunque una errata classificazione delle lesioni tumorali (Fig. 3.7).

### 3.3 Filtri anisotropici

#### 3.3.1 Kuwahara

Kuwahara [13] è un filtro tradizionalmente utilizzato per la conservazione dei bordi di immagini contenenti regioni a valori di grigio costante. L'algoritmo divide una finestra quadrata di pixel in quattro regioni leggermente sovrapposte e di ognuna di esse calcola la media e la varianza dei valori di intensità. Il valore del pixel centrale della finestra viene sostituito con la media della regione che ha varianza minima (Fig. 3.8). L'operazione di media (filtro uniforme) riduce il rumore, mentre il calcolo della varianza è usato per selezionare la regione più omogenea.

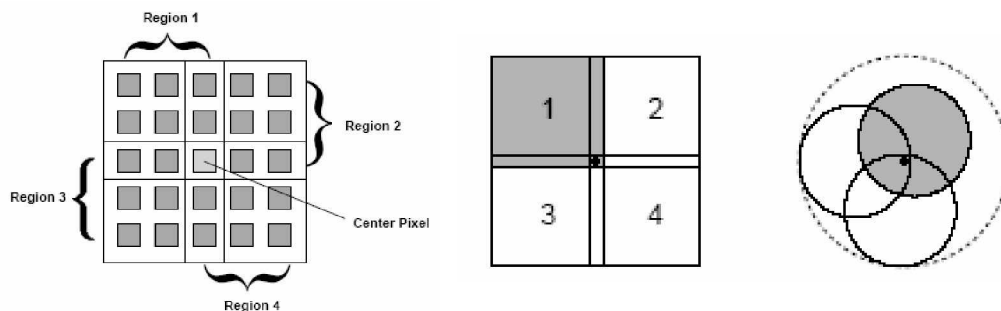


Fig. 3.8: Rappresentazione della finestra di lavoro di Kuwahara, quadrata o a cerchio.

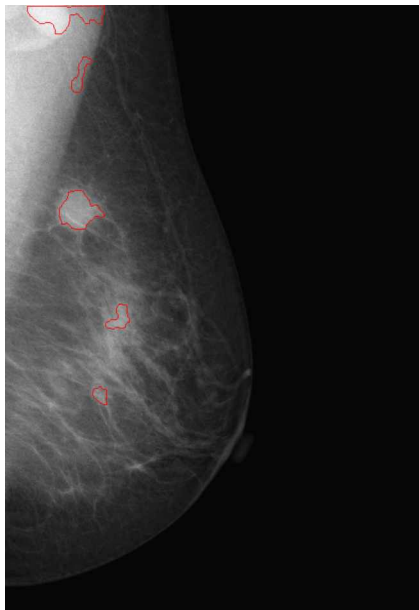


Fig. 3.10 (a): Segmentazione effettuata dalla piramide di Kuwahara.



Fig. 3.11 (b): Immagine in output alla piramide di Kuwahara.



Fig. 3.12 (c): Immagine in input al filtro di Kuwahara.

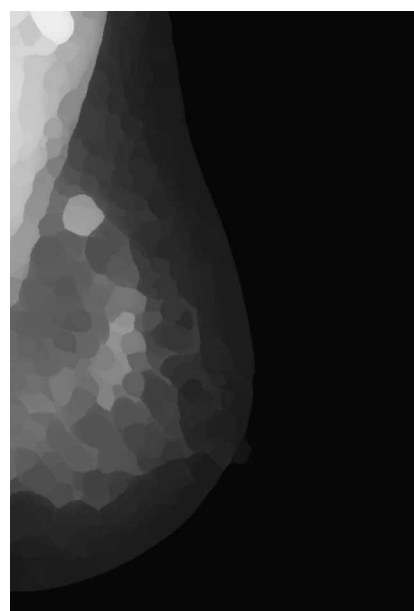


Fig. 3.13 (d): Immagine in output al filtro di Kuwahara.

Il concetto su cui si basa il filtro è che la varianza in una regione che contiene un bordo, è più grande della varianza in una finestra in un'area omogenea. Dunque la finestra con la più piccola varianza non dovrebbe contenere bordi.

Quella appena citata è un'implementazione basilare dell'algoritmo; ne esistono alcune più sofisticate e performanti come la *generalized Kuwahara* e la *generalized Kuwahara with orientation*, oppure versioni in cui il numero di regioni è portato a 8 e le forme delle finestre trasformate in pentagoni, esagoni, o cerchi.

L'applicazione semplice del filtro di Kuwahara alle immagini mammografiche, non fornisce una definizione apprezzabile delle forme, come si nota nelle figure 3.12 e 3.13; per questo motivo si è sperimentato un procedimento più avanzato a piramide: si eseguono diverse iterazioni di Kuwahara applicando progressivamente parametri più restrittivi e tenendo in considerazione solo le regioni contenenti gli oggetti di interesse (quelli estratti dai moduli di pre-detection e segmentazione avanzata).

### 3.3.2 Grady

La tecnica di segmentazione di Grady [1]-[2] si basa sul campionamento non lineare di un'immagine effettuato dal sistema visivo umano.

La caratteristica peculiare dei sistemi di visualizzazione biologici è che la risoluzione spaziale non è uniforme per tutta l'area osservata, bensì aumenta notevolmente in corrispondenza del punto di focalizzazione. Questo consente di avere un campo visivo molto ampio, ma la definizione delle forme è alta solamente nella regione di interesse, minimizzando le risorse neurali necessarie per l'elaborazione dei dati.

L'area della retina caratterizzata da un'alta risoluzione spaziale è chiamata *fovea* ed il processo di campionamento non uniforme basato sul sistema visivo umano è detto *foveatizzazione* (Fig. 3.14). La risoluzione diminuisce progressivamente allontanandosi dalla fovea, la quale si trova nella parte centrale della retina in un sistema visivo umano.

L'applicazione della tecnica di Grady alle immagini mammografiche consiste nell'eseguire il processo di foveatizzazione solamente nei punti corrispondenti alle regioni di interesse, identificate nella fase di detection. In questo modo l'immagine è costituita da campioni molto piccoli nelle aree di interesse (alta risoluzione), e campioni più grandi in tutte le altre aree (bassa risoluzione). In altre parole l'immagine risulta ben definita solamente in corrispondenza delle possibili lesioni tumorali, favorendo dunque il processo di segmentazione.

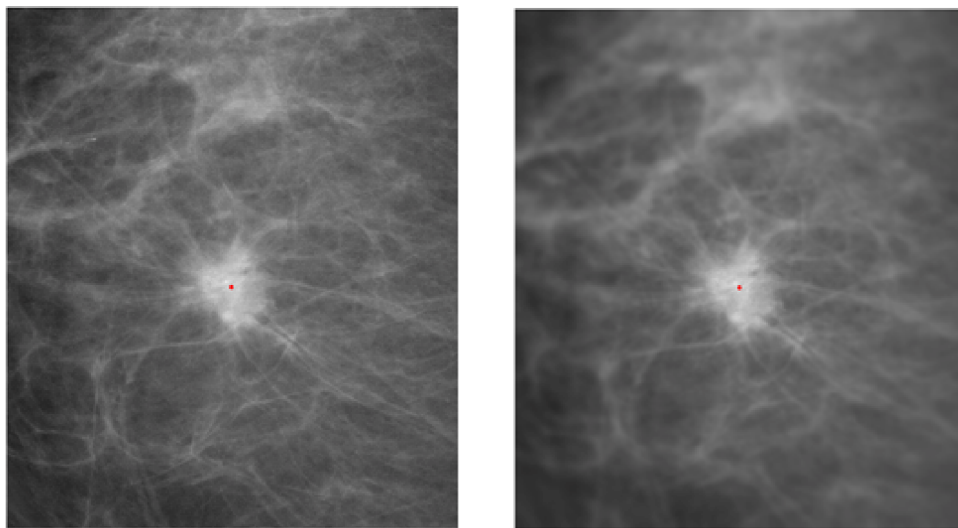


Fig. 3.14: Immagine prima e dopo il processo di foveatizzazione.  
Immagine a destra generata con Foveator 1.0 [10].

La topologia retinale umana è rappresentabile da strutture a grafo nelle quali ogni nodo mantiene le informazioni relative ad un singolo campione mentre la connessione fra nodi rappresenta l'adiacenza fra campioni (Fig. 3.15).

Il processo di campionamento equivale quindi all'importazione dell'immagine da elaborare sul grafo rappresentante la topologia retinale umana. Sull'immagine importata si applicano poi algoritmi di partizionamento dei grafi che realizzano la segmentazione della regione.

L'intero processo consiste dunque di due fasi principali:

1. Importazione dell'immagine sul grafo;
2. Segmentazione usando algoritmi di partizionamento dei grafi;

Sistemi di questo tipo sono estremamente interessanti nell'ambito della image processing. Essi consentono una forte riduzione dei dati da memorizzare, con conseguente aumento delle performance. Questo perché occorre mantenere solo le informazioni relative ai vari campioni, e non di ogni pixel, ed il numero di campioni è generalmente molto minore del numero di pixel. In particolare, nell'ambito del sistema CAD in questione, il processo di focalizzazione non lineare porta ad una migliore segmentazione delle lesioni, dal momento che diventano maggiormente distinguibili dal tessuto di background.



Fig. 3.15: Conversione della topografia retinale di una balena in un grafo.

Tuttavia la rappresentazione di un'immagine tramite strutture a grafo solleva un grosso problema. Gli algoritmi che vengono utilizzati nel caso di rappresentazioni cartesiane dell'immagine, non sono certamente funzionanti in sistemi di questo tipo. Per questo motivo tipiche operazioni di image processing come la ricerca delle componenti connesse, la convoluzione, il template matching o la traslazione, devono essere completamente ridefinite per il nuovo sistema. Inoltre la complessità dell'implementazione di



algoritmi su strutture a grafo è estremamente superiore della complessità dell'implementazione su strutture matriciali (cartesiane).

Si identificano quindi vantaggi e svantaggi:

Vantaggi:

- Riduzione della quantità di dati da memorizzare;
- Alta risoluzione solo in corrispondenza delle regioni di interesse;
- Migliore segmentazione;

Svantaggi:

- Complessità degli algoritmi;



## **Capitolo 4**

### **Grady - Visualizzazione biologica**

#### **4.1 Sistemi di visualizzazione biologici**

Il sistema visivo umano effettua un elegante compromesso fra gli obiettivi di massimizzazione del campo visivo e di minimizzazione delle risorse neurali: utilizza un grande campo di visibilità per mezzo di una retina con risoluzione spaziale variabile e, quando necessario, utilizza movimenti ad alta velocità dell'occhio per dirigere la regione di alta-risoluzione della retina (fovea) nei punti specifici nella scena visiva.

Il processo per il quale la risoluzione spaziale dell'immagine visualizzata varia in modo corrispondente alla risoluzione spaziale del sistema visivo umano, viene definito come foveatizzazione di un'immagine. Precisamente la risoluzione è massima nell'area corrispondente alla fovea (al centro della retina nell'uomo), e decresce uniformemente andando verso la periferia.

Molte specie di non primati possiedono un'architettura di visualizzazione anche più singolare di quella umana. Alcune specie di uccelli, ad esempio, possiedono multiple fovea, e gli elefanti hanno una rappresentazione ingrandita della zona del loro tronco per migliorare la coordinazione dei movimenti.

Le notevoli differenze che esistono nei sistemi di campionamento delle varie specie, fa pensare che le modalità di campionamento

dipendano anche da fattori esterni, come l'ambiente nel quale si vive. Osservando le linee di isodensità dei ganglioni retinali di alcuni animali, alcuni ricercatori hanno infatti capito che le linee orizzontali sono utili in quelle specie (come il coniglio) che vivono in ambienti visuali aperti (non occlusivi). Di conseguenza esiste un adattamento dell'architettura di visualizzazione all'ambiente esterno. Tale caratteristica è di notevole interesse per i ricercatori nel campo della computer vision.

## 4.2 Image processing basata sui grafi

La topologia retinale umana è rappresentata da strutture a grafo nelle quali ogni nodo mantiene le informazioni relative ad un singolo campione mentre la connessione fra nodi rappresenta l'adiacenza fra campioni. Per potere comprendere gli algoritmi che si basano su strutture a grafo è necessario innanzitutto conoscere i grafi e le principali proprietà definite su di essi.

Un grafo è una coppia  $G=(V,E)$ , con vertici (nodi)  $v \in V$  e lati  $e \in E, E \subseteq V \times V$ . Un lato,  $e$ , che copre due vertici,  $v_i$  e  $v_j$ , è indicato con  $e_{ij}$ . Inoltre sia  $n=|V|$  e  $m=|E|$ , dove  $|\cdot|$  indica la cardinalità (numero di elementi dell'insieme). Un grafo pesato possiede un valore (tipicamente reale non negativo) per ogni lato, chiamato peso. Il peso di un lato  $e_{ij}$  è indicato con  $w(e_{ij})$  oppure semplicemente  $w_{ij}$ . Un grafo non pesato può essere rappresentato anche tramite un grafo pesato dove  $w_{ij} = 1$  per ogni  $e_{ij}$  appartenente ad  $E$ .

La rappresentazione di un'immagine in un grafo, prevede un nodo per ogni pixel o gruppi di pixel, un lato fra ogni coppia di pixel  $i$  e  $j$  adiacenti (utilizzando la topologia 4-connessa o 8-connessa), ed un peso  $w_{ij}$  per ogni lato, che misura il grado di similarità tra i due pixel  $i$  e  $j$ .

Molti ricercatori hanno associato anche altri livelli di caratteristiche ad ogni nodo, in relazione al tipo di processo che doveva essere effettuato sull'immagine.

Di seguito si elencano alcuni importanti concetti riguardanti la teoria dei grafi, che risulteranno molto utili per comprendere i paragrafi successivi.

Si definisce grado  $d_i$  di un vertice  $v_i$  come:

$$d_i = \sum_{e_{ij}} w_{ij} \quad \forall e_{ij} \in E$$

con  $i$  fissato.

Si definisce matrice  $m \times n$  di incidenza lato-nodo la matrice:

$$A_{e_{ij}v_k} = \begin{cases} +1 & \text{se } i = k \\ -1 & \text{se } j = k \\ 0 & \text{altrimenti} \end{cases}$$

per ogni vertice  $v_k$  e lato  $e_{ij}$ , dove ad  $e_{ij}$  è stato arbitrariamente assegnato un verso. La notazione  $A_{e_{ij}v_k}$  è usata per indicare che le righe di  $A$  sono riferite ai lati  $e_{ij}$  mentre le colonne sono riferite ai nodi  $v_k$ .

Data una matrice  $A$  di dimensione  $m \times n$ , si definisce trasposta  $A^T$  di  $A$  quella matrice  $n \times m$  tale che il suo elemento di riga  $i$  e colonna  $j$  corrisponde all'elemento di riga  $j$  e colonna  $i$  della matrice  $A$ , per ogni  $i$  e  $j$ .

L'operatore di Laplace è definito come  $L = A^T A$ . La sua generalizzazione (Laplace-Beltrami) è invece definito come  $L = A^T C A$ , dove  $C$  è la matrice contenente i prodotti interni pesati dei valori dei lati. Più semplicemente l'operatore di Laplace può essere derivato direttamente da  $V$  ed  $E$ :

$$L_{v_i v_j} = \begin{cases} d_i & \text{se } i = j \\ -w_{ij} & \text{se } e_{ij} \in E \\ 0 & \text{altrimenti} \end{cases}$$

Dove  $d_i$  è il grado del vertice  $v_i$ .

### 4.3 Algoritmo in dettaglio

Il flusso di lavoro che consente la segmentazione di una immagine secondo la tecnica di Grady [1-2] prevede le seguenti operazioni in cascata:

1. Importazione dell'immagine in un grafo;
  - a. Definizione dei nodi
  - b. Definizione dei pesi dei lati;
2. Segmentazione.

#### 4.3.1 Importazione di un'immagine in un grafo

Per importazione si intende il processo di trasferimento dell'immagine dalla rappresentazione cartesiana alla topologia retinale desiderata, rappresentata tramite un grafo. Nel nostro caso si è scelta la topologia retinale del macaco in quanto si avvicina fortemente a quella umana: un'area centrale ad alta risoluzione spaziale, con risoluzione decrescente spostandosi verso la periferia (Fig. 4.1).

Solitamente il grafo contiene molti meno nodi rispetto ai pixel reali dell'immagine, consentendo una notevole riduzione del contenuto informativo, ma mantenendo un'alta definizione della regione di interesse. L'approccio impiegato è quello di trattare il problema di importazione come un problema di ricampionamento calcolando determinati filtri da applicare al neighborhood di ogni pixel nell'immagine originale in modo da assegnare un valore ad ogni nodo.

Per simulare correttamente il sistema visivo umano occorre anche potere specificare il punto da fissare, il quale determina l'area da campionare con maggiore risoluzione. Questa caratteristica del sistema è molto importante perché, nel caso si dovesse importare un'immagine di grandi dimensioni, permette di mettere a fuoco solamente l'area (o le aree) di interesse.

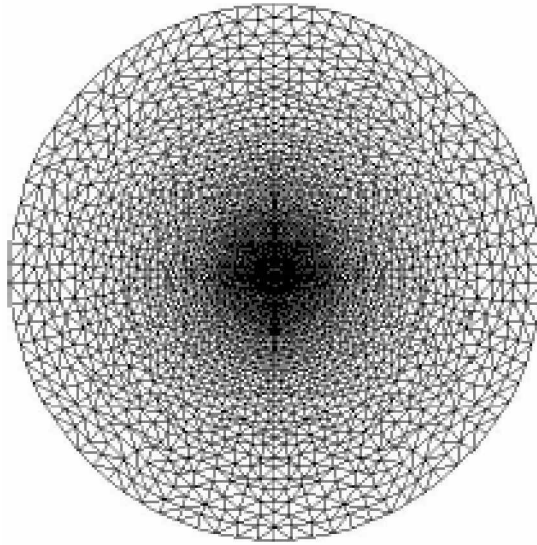


Fig. 4.1: Topologia retinale del macaco.

#### 4.3.2 Definizione dei nodi

L'importazione di un'immagine in un grafo comporta l'inizializzazione dei valori dei nodi e dei pesi dei lati del grafo in maniera opportuna. Nel caso dell'assegnamento dei valori ai nodi la strategia utilizzata è piuttosto complessa.

I filtri della media pesata ellittica di Heckbert (Fig. 4.2) sono ellissi calcolati per ogni campione, ed i pesi per ogni punto nell'ellisse sono dati dalla funzione Gaussiana ellittica. In altre parole i valori assegnati ad ogni punto ricampionato dell'immagine sono la somma pesata dei valori dell'immagine nei punti originali che giacciono all'interno dell'area dell'ellisse.

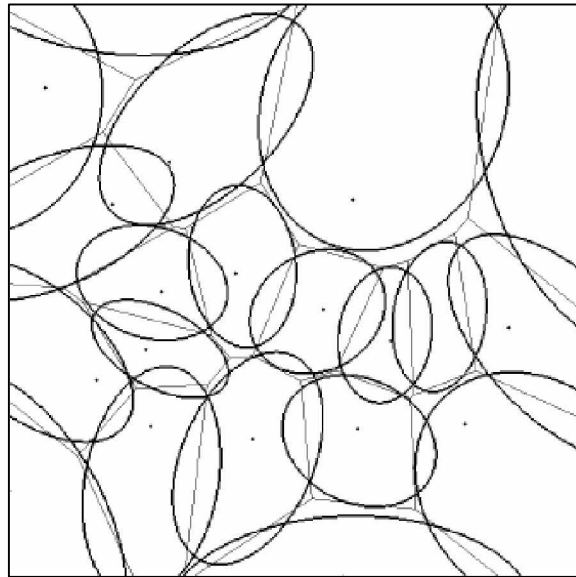


Fig. 4.2: Ellissi costruiti su una piccola porzione di grafo.  
I punti rappresentano i nodi.

#### 4.3.2.1 Descrizione delle strutture dati

Il processo di importazione realizzato nel toolbox MATLAB™ [1], utilizza alcune importanti strutture dati (Fig. 4.3) che si chiamano:

- *breakpoints*;
- *pntMap*;
- *filtWeights*.

La struttura *breakpoints* contiene una lista, ordinata in modo crescente, di indici alle strutture *pntMap* e *filtWeights* che indicano l'inizio e la fine di un blocco di pixel o pesi corrispondenti ad ogni nuovo nodo del grafo. Il numero di elementi contenuti in *breakpoints* equivale perciò al numero di nodi del grafo.

La struttura *pntMap* contiene le coordinate  $x$  e  $y$  per i nodi del grafo corrispondenti a quei pixel che giacciono dentro l'ellisse di Heckbert. I valori in esso contenuti vanno da -129 a +129.



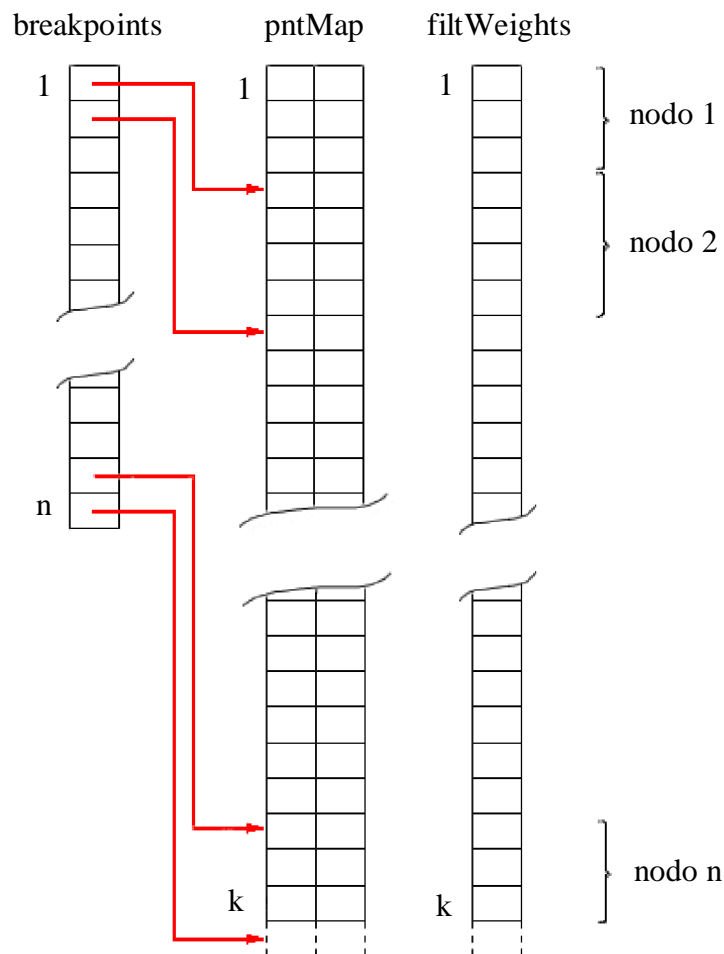


Fig. 4.3: Strutture utilizzate per l'importazione di un'immagine su un grafo.

Infine la struttura *filtWeights* contiene la lista dei pesi da applicare ad ogni pixel di *pntMap*. I pesi sono valori reali compresi tra 0 e 1. Si supponga, ad esempio, che i valori contenuti in *filtWeights* siano  $f_1, f_2, \dots, f_k$ . Allora il valore  $f_1$  è il filtro pesato per il punto  $(r_1, c_1)$  di *pntMap*; il valore  $f_2$  è il filtro pesato per il punto  $(r_2, c_2)$  di *pntMap*, e così via.

Le strutture *pntMap* e *filtWeights* contengono lo stesso numero di elementi, che è molto maggiore del numero di nodi del grafo perché tipicamente ogni nodo contiene più di un pixel.

#### 4.3.2.2 Traslazione del centro del grafo nella fovea

A questo punto è possibile spiegare dettagliatamente il processo di importazione di un'immagine in un grafo:

si supponga che  $I$  sia l'immagine, che  $w$  ed  $h$  siano rispettivamente la sua larghezza e la sua altezza e che l'importazione debba essere centrata sul punto  $(x_f, y_f)$  (Fig. 4.4 e 4.5). Si supponga inoltre che  $k$  sia il numero di elementi presenti in  $pntMap$  e  $filtWeights$  e che  $n$  sia il numero di elementi di  $breakpoints$ , e quindi anche il numero di nodi del grafo.

Gli indici a tutte le strutture vettoriali e matriciali cominciano da 1 (non da 0) fino ad arrivare alla dimensione massima della struttura.

Tutti i punti di  $pntMap$  sono traslati in modo che l'origine (0,0), corrisponda con il centro della regione di interesse (fovea). Se la fovea non è specificata, allora si utilizza di default il centro dell'immagine  $I$ .

La traslazione da effettuare (Fig. 4.6) è la seguente:

$$pntMap = \begin{bmatrix} X & Y \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x_1 & y_1 \\ x_2 & y_2 \\ x_3 & y_3 \\ \backslash & \backslash \\ x_k & y_k \end{bmatrix} \quad A = \begin{bmatrix} X + x_f & Y + y_f \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x_1 + x_f & y_1 + y_f \\ x_2 + x_f & y_2 + y_f \\ x_3 + x_f & y_3 + y_f \\ \backslash & \backslash \\ x_k + x_f & y_k + y_f \end{bmatrix}$$

Tutti i punti di  $A$  che, in seguito alla traslazione, sono stati mappati al di fuori dell'immagine  $I$ , assumono il valore  $t = w \times h + 1$ .

Questo equivale alla condizione seguente:

$$\begin{aligned} A &= \begin{bmatrix} X & Y \end{bmatrix} \\ t &= w \times h + 1 \\ \text{Se } x \in X \text{ e } x < 0 \text{ oppure } x > w - 1 &\Rightarrow x = t \\ \text{Se } y \in Y \text{ e } y < 0 \text{ oppure } y > h - 1 &\Rightarrow y = t \end{aligned}$$

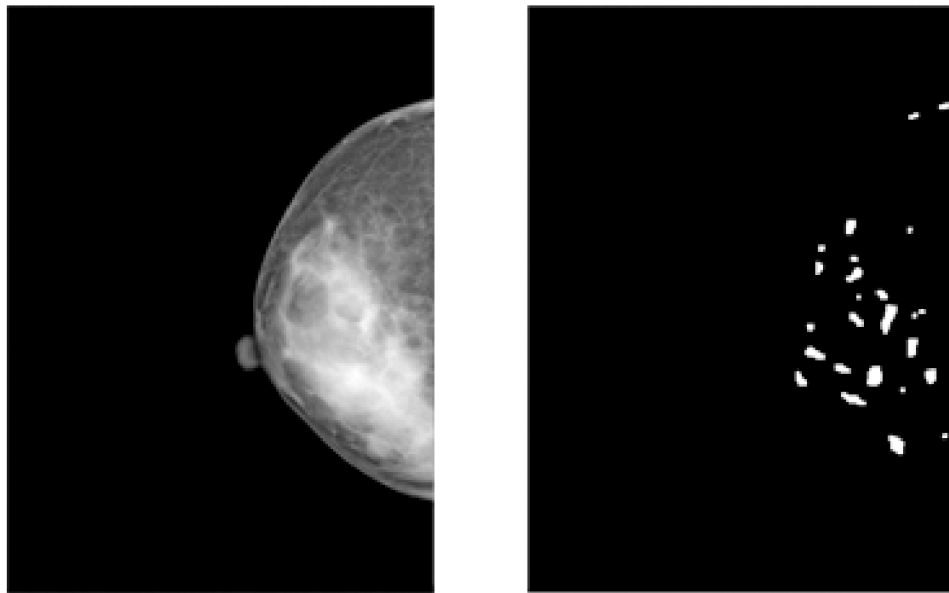


Fig. 4.4: Mammografia digitale da importare sul grafo del macaco (sinistra); segmentazione avanzata (a destra).

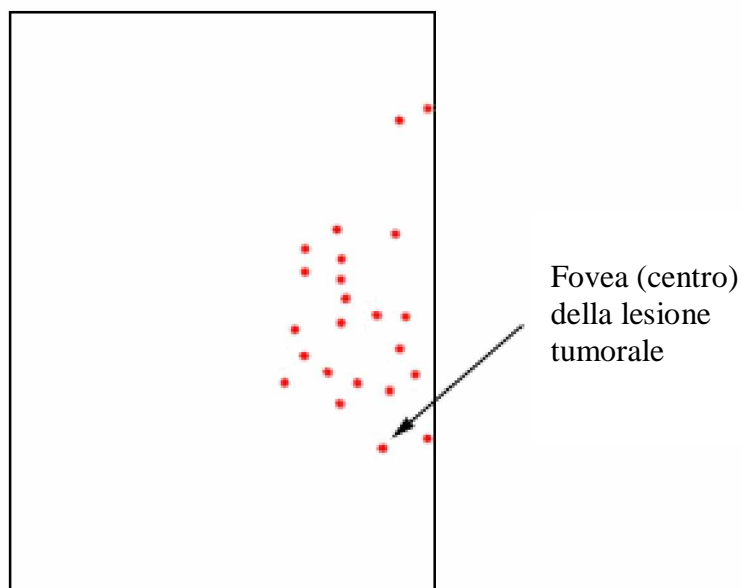


Fig. 4.5: Fovea (centri) delle regioni di interesse.

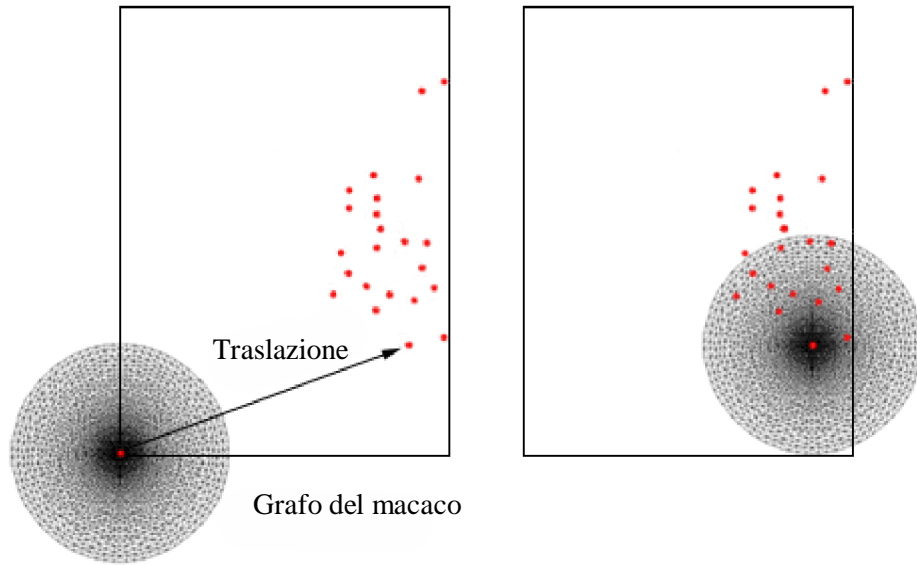


Fig. 4.6: Posizione iniziale del grafo del macaco rispetto all'immagine da importare (a sinistra); grafo traslato sulla fovea della lesione tumorale (a destra).

#### 4.3.2.3 Filtraggio dei pixel interni al grafo traslato

Si considerano tutti i pixel  $(x, y)$ , dell'immagine  $I$ , che sono indicati da  $A$ , e si filtrano moltiplicandoli con i pesi inseriti in *filtWeights*.

$$\begin{aligned}
 A &= [X \quad Y] \\
 t &= w \times h + 1 \\
 B(i) &= \begin{cases} I(x_i, y_i) \times \text{filtWeights}(i) & \text{se } x_i \neq t \text{ \& } y_i \neq t \\ 0 & \text{altrimenti} \end{cases} \\
 \forall i &= 1 \setminus k
 \end{aligned}$$

dove  $B$  è un vettore con  $k$  righe.

#### 4.3.2.4 Assegnamento dei valori dei nodi

Ora è possibile assegnare un valore ad ognuno degli  $n$  nodi del grafo.

Si supponga che i valori contenuti in *breakpoints* siano  $bp_1, bp_2, \dots, bp_n$ . Il valore assegnato al nodo 1 del grafo è pari alla somma di tutti quei valori di  $B$  che vanno dall'indice 1 all'indice  $bp_1 - 1$ ; Il valore assegnato al nodo  $h$  del grafo è pari alla somma di tutti quei valori di  $B$  che vanno dall'indice  $bp_{h-1}$  all'indice  $bp_h - 1$ . Questo assegnamento può essere calcolato tramite i seguenti due passaggi.

Si esegue la somma cumulativa di  $B$ : l' $i$ -esimo valore del vettore risultante  $C$  è la somma di tutti i valori di  $B$  con indice compreso tra 1 e  $i$ . Questo equivale ad eseguire:

$$B = \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \\ \vdots \\ b_k \end{bmatrix} \quad C = \begin{bmatrix} b_1 \\ b_1 + b_2 \\ b_1 + b_2 + b_3 \\ \vdots \\ b_1 + b_2 + \dots + b_k \end{bmatrix}$$

Si costruisce il vettore risultante *vals* nel seguente modo: il primo valore inserito in *vals* è  $E(1)$ , mentre il valore  $i$ -esimo di *vals* è dato da  $E(i) - E(i-1)$ .

Questo vettore contiene dunque i valori dei nodi del grafo nel quale viene importata l'immagine sorgente.

$$breakpoints = BP = \begin{bmatrix} bp_1 \\ bp_2 \\ bp_3 \\ \vdots \\ bp_n \end{bmatrix} \quad C = \begin{bmatrix} c_1 \\ c_2 \\ c_3 \\ \vdots \\ e_n \end{bmatrix} \quad vals = \begin{bmatrix} c_{bp_1} \\ c_{bp_2} - c_{bp_1} \\ c_{bp_3} - c_{bp_2} \\ \vdots \\ c_{bp_n} - c_{bp_{n-1}} \end{bmatrix}$$

A questo punto il vettore *vals* contiene i valori di tutti i nodi del grafo, in particolare, il valore del nodo *h*-esimo è memorizzato nella *h*-esima riga di *vals*.

### 4.3.3 Definizione dei pesi

Fino a questo punto sono stati calcolati solamente i valori contenuti dai nodi del grafo, per cui ora occorre definire anche i pesi di ogni lato del grafo. Per l'esecuzione di questo importante compito sono necessarie tre strutture dati che si chiamano:

- *vals*;
- *edges*;
- *points*.

La struttura *vals* è il vettore costruito nella fase di importazione dell'immagine, contenente i valori di ogni nodo del grafo (vedi paragrafo 4.2.1.1). La struttura *edges* contiene la lista dei lati del grafo, rappresentati come coppie di indici *ij* che sono rispettivamente l'indice al nodo di partenza e l'indice al nodo di arrivo che il lato collega. Naturalmente il massimo valore che può essere inserito in questa matrice è *n*, dove *n* è il numero di nodi del grafo. Infine la struttura *points* contiene le coordinate dei nodi del grafo ed è costituita da *n* righe. Si supponga che il numero di lati del grafo sia *q*.

Si indica con  $w_{ij}$  il peso per il lato che va dal vertice *i* al vertice *j*, ed il suo valore è dato da:

$$w_{ij} = e^t + q$$

$$t = -\left| \beta_1 \times a_{ij} + \beta_2 \times b_{ij} \right|$$

dove  $w_{ij}$  è il peso per il lato che collega i vertici  $i$  e  $j$ ;  $a_{ij}$  è il valore della distanza euclidea tra il vertice  $i$  ed il vertice  $j$ ;  $b_{ij}$  è il valore della distanza geometrica tra il vertice  $i$  ed il vertice  $j$ . I parametri  $\beta_1$  e  $\beta_2$  sono dei pesi per i valori delle distanze euclidee e geometriche. Infine il parametro opzionale  $q$  è utilizzato per assicurare la stabilità numerica ed assume il valore del minimo peso ammissibile (il valore di default è  $10^{-5}$ ).

#### 4.3.3.1 Calcolo della distanza euclidea tra due nodi del grafo

In particolare la distanza euclidea  $d$  tra il nodo  $i$  ed il nodo  $j$  è definita come:

$$d_e = |v_i - v_j|$$

dove  $v_h$  indica il valore del nodo  $h$ .

Si costruisce la matrice  $A$ , che contiene il valore della distanza euclidea per ogni coppia di nodi  $(i, j)$  presente nella matrice  $edges$ , nel seguente modo:

$$edges = E = \begin{bmatrix} I & J \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} i_1 & j_1 \\ i_2 & j_2 \\ i_3 & j_3 \\ \vdots & \vdots \\ i_q & j_q \end{bmatrix} \quad vals = V = \begin{bmatrix} v_1 \\ v_2 \\ v_3 \\ \vdots \\ v_n \end{bmatrix} \quad A = \begin{bmatrix} |v_{i_1} - v_{j_1}| \\ |v_{i_2} - v_{j_2}| \\ |v_{i_3} - v_{j_3}| \\ \vdots \\ |v_{i_q} - v_{j_q}| \end{bmatrix}$$

### 4.3.3.2 Calcolo della distanza geometrica tra due nodi del grafo

La distanza geometrica  $d$  tra il nodo  $i$  ed il nodo  $j$  è definita come:

$$d_g = \sqrt{(x_i - x_j)^2 + (y_i - y_j)^2}$$

Dove  $x_h$  e  $y_h$  sono rispettivamente ascissa e ordinata del nodo  $h$ .

Si costruisce la matrice  $B$ , che contiene il valore della distanza geometrica per ogni coppia di nodi  $(i, j)$  presente nella matrice *edges*.

Si opera nel seguente modo:

$$points = \begin{bmatrix} X & Y \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x_1 & y_1 \\ x_2 & y_2 \\ x_3 & y_3 \\ \backslash & \backslash \\ x_k & y_k \end{bmatrix} \quad B = \begin{bmatrix} \sqrt{(x_{i_1} - x_{j_1})^2 + (y_{i_1} - y_{j_1})^2} \\ \sqrt{(x_{i_2} - x_{j_2})^2 + (y_{i_2} - y_{j_2})^2} \\ \sqrt{(x_{i_3} - x_{j_3})^2 + (y_{i_3} - y_{j_3})^2} \\ \backslash \\ \sqrt{(x_{i_n} - x_{j_n})^2 + (y_{i_n} - y_{j_n})^2} \end{bmatrix}$$

I valori delle distanze euclidee e geometriche sono normalizzati (compresi tra 0 e 1).

### 4.3.4 Segmentazione

Il problema della segmentazione di oggetti in un'immagine rappresentata con il modello dei grafi corrisponde al problema del partizionamento di un grafo. Partizionare un grafo significa scegliere sottoinsiemi di vertici in modo tale che questi insiemi condividano alcune proprietà e soddisfino alcuni requisiti.

La tecnica di Grady si basa su una modifica dell'algoritmo di partizionamento isoperimetrico.



#### 4.3.4.1 Algoritmo tradizionale di partizionamento di un grafo

La versione tradizionale di questo algoritmo mira a trovare la forma con il minimo perimetro in una area fissata, usando come riferimento il concetto di costante isoperimetrica.

Si definisce costante isoperimetrica  $h_g$  il minimo rapporto tra il perimetro di una regione  $S$  ed il suo volume:

$$h_G = \min_S \frac{|p_S|}{vol_S}$$

Dove  $S$  è la regione di ricerca ( $S \subseteq V$  con  $V$  insieme dei vertici);  $vol_S$  è il volume della regione  $S$  (nella pratica si considera  $vol_S = |S|$ );  $|p_S|$  è il perimetro della regione  $S$ , ed  $h_g$  è il minimo rapporto su tutte le possibili regioni  $S$ .

Si definisce il perimetro di  $S$  come:

$$p_S = \left\{ e_{ij} \mid i \in S, j \in \bar{S} \right\}$$

$$|p_S| = \sum_{e_{ij} \in p_S} w(e_{ij})$$

Quindi si è completamente definita la costante isoperimetrica.

Ora è possibile definire il concetto di tasso isoperimetrico  $h(s)$  come il rapporto tra il perimetro ed il volume di un certo insieme di nodi  $S$ .

Gli insiemi isoperimetrici sono invece tutti quegli insiemi di nodi  $S$  e  $\bar{S}$  per i quali  $h(s) = h_g$ .

Sono definite buone partizioni quelle con un basso tasso isoperimetrico, mentre le partizioni ottime consistono nell'insieme isoperimetrico stesso, infatti è quello corrispondente al minimo rapporto tra perimetro e volume

delle regioni. L'obiettivo è quindi quello di minimizzare  $|p_s|$  per valori costanti di  $volS$ .

Si supponga di volere partizionare un grafo cercando di trovare tutti i lati che rappresentano un collo di bottiglia, che separano un certo nodo di riferimento  $v_g$  da tutti gli altri nodi, ed impostare le partizioni come quelle nell'altra parte del lato del collo di bottiglia.

Definiamo un *path vector* come un vettore  $m \times 1$  (dove  $m$  è il numero di lati del grafo) che contiene valori +1, -1 (a seconda dell'orientamento del lato che è definito in modo arbitrario).

Definiamo inoltre un *usage vector* come un vettore  $m \times 1$  che contiene per ogni lato, il numero di volte che questo appare nel percorso da un particolare nodo al nodo di riferimento (nodo base).

L'algoritmo utilizzato per trovare i lati che rappresentano colli di bottiglia in un grafo ed estrapolare da queste informazioni una partizione del grafo è il seguente:

1. Si sceglie un punto base  $v_g$ ;
2. Per ogni altro nodo si trovano tutti i percorsi da questo nodo al nodo base;
3. Per ognuno di questi percorsi si costruisce il corrispondente *path vector*;
4. Si somma l'insieme dei *path vector* per formare un *usage vector* per un certo nodo e si normalizza per il numero di percorsi (per consentire un confronto con gli altri nodi che potrebbero avere un numero differente di percorsi);
5. Si sommano gli *usage vector* per tutti i nodi base per determinare un *global usage vector*;
6. Si tratta il *global usage vector* come un insieme di "cadute di potenziale" per tutti i lati e si trova la soluzione dei minimi quadrati per i potenziali.

La somma per righe dei valori della matrice di incidenza lato-nodo, restituisce sempre come risultato zero, dal momento che ogni lato ha un singolo nodo iniziale ed un singolo nodo finale. Questo significa che lo spazio delle colonne di  $A$  non è completamente significativo, quindi è ammissibile rimuovere una colonna di  $A$  formando la matrice di incidenza ridotta  $A_0$ .

Per ogni nodo non base  $v_i$ , si trova l'insieme di tutti i percorsi  $T_i$ , da questo nodo alla base.

Formalmente un *path vector*  $t_i$  è così definito:

$$t_k = \begin{cases} \pm 1 & \text{se } e_{ij} \text{ è nel percorso alla base} \\ 0 & \text{altrimenti} \end{cases}$$

Per  $s_i$  numero di percorsi dal nodo  $v_i$  alla base,  $T_i = \{t_1, t_2, \dots, t_{s_i}\}$

La definizione formale di *usage vector*,  $u$ , e *global usage vector*,  $p$ , è la seguente:

$$u_i = \frac{1}{s_i} \sum_{t \in T_i} t \quad p = \sum_i u_i$$

Per risolvere la soluzione dei minimi quadrati dei potenziali  $x$  date le *cadute di potenziale* di  $p$ , si risolve l'equazione:

$$A_0 x = p$$

Ora si possono moltiplicare entrambi i lati della matrice  $A_0^T$  per ottenere:

$$A_0^T A_0 x = A_0^T p \rightarrow A_0^T A_0 x = \sum_i A_0^T u_i \rightarrow A_0^T A_0 x = \frac{1}{s_i} \sum_i \sum_{t \in T_i} A_0^T t$$

Tuttavia, dal momento che  $t$  è un percorso dal nodo  $v_i$  alla base, il risultato di  $A_0^T t$  è un vettore  $q$  con valori:

$$q_k = \begin{cases} 1 & \text{se } k = i \\ 0 & \text{altrimenti} \end{cases}$$

Un modo per interpretare questo risultato è di considerare la matrice  $A^T$  come la divergenza discreta. La divergenza di un percorso da un nodo  $v_i$  alla base, mantiene una sorgente (il nodo  $v_i$ ) ed una fine (il nodo  $v_g$ ), ma la fine è oscurata perché si sta usando la matrice di incidenza ridotta. Si può vedere che:

$$\begin{aligned} A_0^T A_0 x &= \frac{1}{s_i} \sum_i \sum_{t \in T_i} A_0^T t \rightarrow A_0^T A_0 x = \frac{1}{s_i} \sum_i \sum_{t \in T_i} q \rightarrow \\ A_0^T A_0 x &= \frac{1}{s_i} \sum_i s_i q \rightarrow A_0^T A_0 x = r_0 \end{aligned}$$

Dove  $r_0$  indica il vettore ridotto composta da tutti 1.

A questo punto si dimostra che:

$$A_0^T A_0 = L_0$$

Se è utilizzato un grafo pesato, la caduta di potenziale su ogni lato, è inversamente proporzionale al suo peso (ossia piccoli pesi comportano grandi cadute di potenziale). In altre parole si costruisce la matrice diagonale  $m \times m$ ,  $C$ , che ha i pesi dei lati sulla diagonale. A questo punto si riscrive l'equazione:

$$\begin{aligned} A_0 x &= p \\ CA_0 x &= p \end{aligned}$$

Ora, dal momento che  $A_0^T CA_0 = L_0$  per pesi arbitrari, allora il risultato dell'equazione  $A_0^T A_0 x = r_0$  è

$$L_0 x_0 = r_0$$

Dunque per ricavare le partizioni del grafo occorre risolvere il sistema di equazioni  $L_0 x_0 = r_0$  e ricavare  $x_0$ .

Dove  $r_0$  è il vettore costituito da tutti e soli simboli 1 al quale è stata eliminata l'entrata corrispondente al nodo base  $v_g$ ;  $L_0$  è l'operatore di Laplace al quale è stata eliminata l'entrata corrispondente al nodo base  $v_g$ . La conversione di una soluzione  $x$  del sistema in una partizione, può essere effettuata utilizzando una soglia. Un valore di taglio  $\alpha$  è un valore tale che:

$$S = \{v_i \mid x_i \leq \alpha\}$$

$$\bar{S} = \{v_i \mid x_i > \alpha\}$$

Dove  $S$  e  $\bar{S}$  sono le due partizioni riferite al taglio.

Solitamente il valore di taglio  $\alpha$  viene scelto in modo che le partizioni risultanti abbiano il più basso tasso isoperimetrico (radio cut).

#### 4.3.4.2 Algoritmo di partizionamento di un grafo per la segmentazione di un'immagine

L'algoritmo di partizionamento di un grafo appena presentato deve essere modificato in modo da adattarlo al problema della segmentazione di un'immagine (ricordando che l'immagine da segmentare è stata importata su un grafo).

La nozione di volume vista precedentemente ( $vol_S = |S|$ ) non conduce a risultati soddisfacenti nella pratica, per cui è stata sostituita da quella seguente, che utilizza la nozione di grado di un vertice:

$$vol_S = \sum_i d_i \quad \forall v_i \in S$$

Questa definizione è più appropriata nella segmentazione di immagini perché una regione costituita da nodi con intensità uniforme sarà più probabilmente un singolo oggetto, piuttosto di una regione con varie intensità che contengono lo stesso numero di nodi (Fig. 4.7).

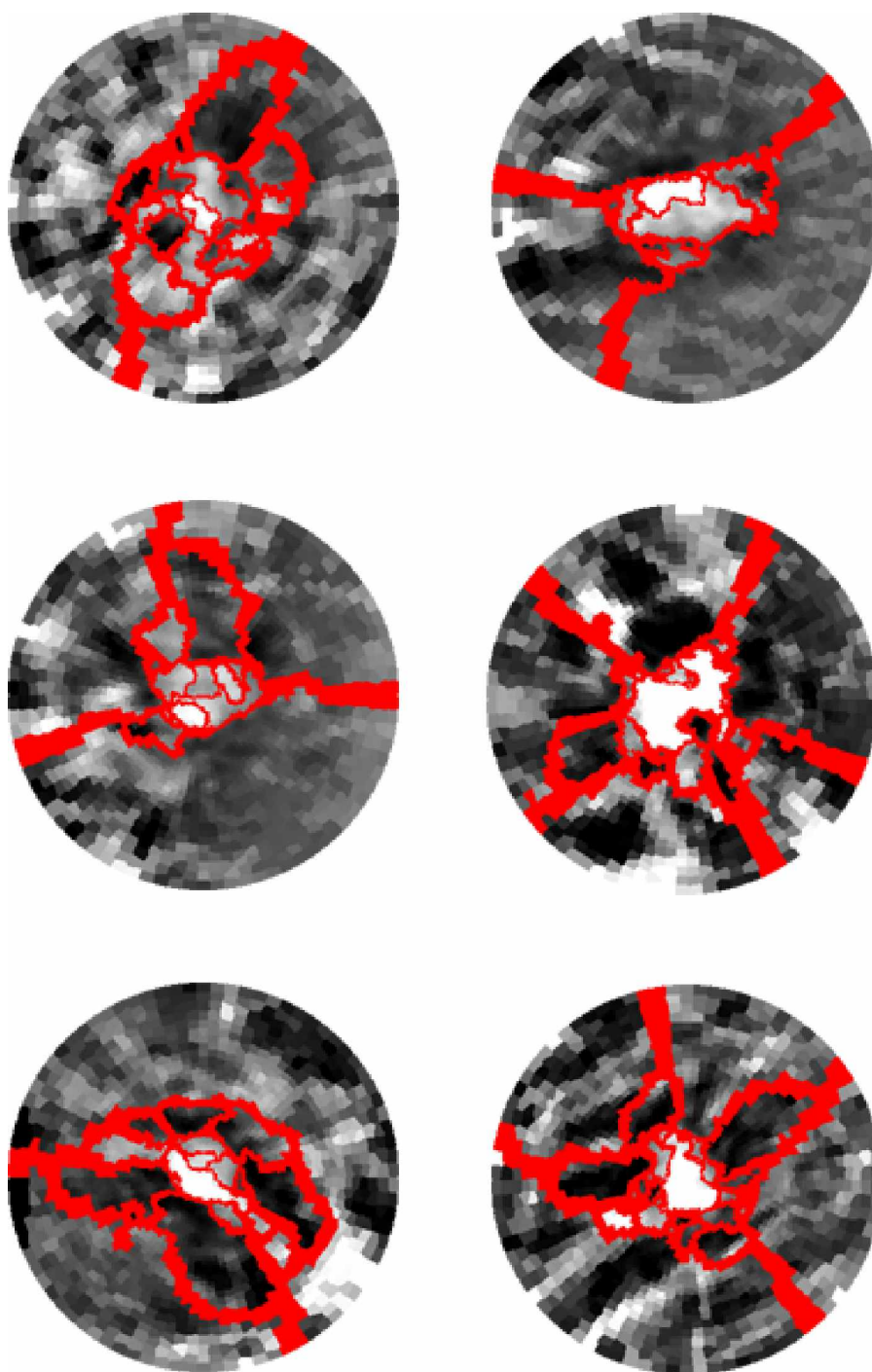


Fig. 4.7: Segmentazione di alcune lesioni tumorali effettuata mediante la tecnica di Grady (previo aggiustamento del contrasto nelle mammografie).

In altre parole un algoritmo che mira a minimizzare il tasso isoperimetrico sarà indirizzato verso il partizionamento di regioni con intensità uniforme piuttosto che in regioni che includono semplicemente un grande numero di nodi. Utilizzando questa nozione di volume, varia anche la definizione di tasso isoperimetrico per un vettore indicatore  $x$ . Essa diventa:

$$h(x) = \frac{x^T L x}{x^T d}$$

La nuova equazione da risolvere per determinare le partizioni è:

$$L_0 x_0 = d_0$$

Dove  $d_0$  è il vettore dei gradi  $d$  con l'entrata corrispondente a  $d_g$  rimossa e;

$L_0$  è l'operatore di Laplace con l'entrata corrispondente a  $d_g$  rimossa.

In modo da generare una segmentazione suddivisa in più di due parti, l'algoritmo deve essere ricorsivamente applicato ad ogni partizione separatamente, generando sottopartizioni e stoppando la ricorsione se il tasso isoperimetrico del taglio supera una certa soglia.

Si definisce tale soglia  $h(x)$  come *stop parameter* osservando che deve essere un valore compreso tra 0 e 1. In particolare valori bassi di  $h(x)$  corrispondono a partizioni buone, viceversa valori alti portano a partizioni di bassa qualità.

Altra considerazione importante da fare è che i valori dell'immagine devono essere codificati nel grafo come pesi dei lati. Questo concetto è stato già illustrato nei paragrafi precedenti.

L'applicazione dell'algoritmo isoperimetrico per il partizionamento dei dati di un grafo applicato alla segmentazione di immagini può essere sintetizzato nel seguente modo:

1. Si trovano i pesi per tutti i lati;
2. Si costruiscono la matrice  $L$  ed il vettore  $d$ ;

3. Si sceglie come nodo base  $v_g$  il nodo con grado più alto e si determina  $L_0$  e  $d_0$  eliminando da  $L$  e  $d$  la riga/colonna corrispondente a  $v_g$  ;
4. Si risolve il sistema di equazioni  $L_0 x_0 = d_0$  ricavando  $x_0$  ;
5. Si esegue una sogliatura al vettore dei potenziali  $x$  usando il valore che da partizioni corrispondenti al tasso isoperimetrico più basso (radio cut).
6. Si continua la ricorsione su ogni segmento finché il tasso isoperimetrico della sottopartizione è maggiore dello stop parameter.



## **Capitolo 5**

### **Applicazione di filtri anisotropici e risultati**

#### **5.1 Toolbox in MATLAB™**

In questo capitolo si mostrano in maniera dettagliata e analitica le soluzioni adottate per il raffinamento delle regioni restituite dal modulo di segmentazione avanzata descritto nel paragrafo 2.5. Si desidera quindi modellarle in modo che la loro forma si avvicini il più possibile a quella reale (Fig. 3.1). Questa fase mira al raggiungimento di una migliore distinzione tra la classe dei segnali positivi (le lesioni) e dei segnali negativi (il tessuto sano), allo scopo di migliorare la classificazione delle lesioni tumorali.

Per risolvere il problema appena menzionato sono stati studiati tre approcci estremamente differenti tra loro, basati sugli algoritmi presentati nel capitolo 3. In particolare la prima soluzione si concentra sull'algoritmo di Kuwahara, la seconda su region growing e active contour snake, e la terza sulla tecnica di Grady (Fig. 5.1).

Dal momento che l'implementazione di queste soluzioni è piuttosto complessa, è necessario impiegare un linguaggio di programmazione ad alto livello in modo da consentire una diminuzione dei tempi di progetto. In questo caso si è scelto di realizzare un toolbox, chiamato

*Advanced Segmentation Toolbox*, utilizzando l'ambiente di sviluppo *MATLAB*<sup>TM</sup> [9], per le seguenti ragioni:

- Alto livello di programmazione;
- Disponibilità di un potente toolbox di image processing;
- Gestione avanzata delle matrici.

Il vasto insieme di strumenti disponibili e l'alto livello di programmazione facilitano enormemente la prototipizzazione di nuovi algoritmi, garantendo quindi maggiore rapidità di implementazione. Inoltre *MATLAB*<sup>TM</sup> è nato principalmente come programma per la gestione delle matrici, che è proprio la tipica struttura di memorizzazione delle immagini; per questo motivo molte operazioni di image processing sono semplificate ed ottimizzate.

Tuttavia l'utilizzo di *MATLAB*<sup>TM</sup> comporta anche qualche svantaggio:

- Scarsa velocità di esecuzione;
- Richiesta di molta memoria RAM;
- Software proprietario;

La velocità computazionale può essere molto bassa in certi tipi di operazioni, soprattutto a causa del fatto che il linguaggio è interpretato e non compilato. Questo difetto è particolarmente evidente nel caso di elaborazioni complesse su matrici molto grandi, come quelle che memorizzano un'immagine mammografica (solitamente di 2016 colonne e 2816 righe).

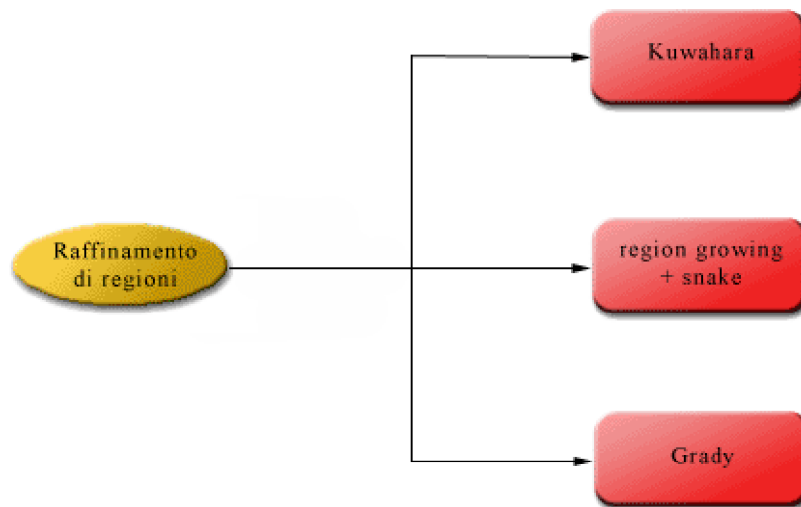


Fig.5.1: Soluzioni sperimentate per il raffinamento delle regioni.

*Advanced Segmentation Toolbox* è stato progettato per implementare e testare il modulo di segmentazione avanzata, ed il modulo di raffinamento delle regioni. La fase di pre-detection invece non è stata implementata in quanto già abbondantemente studiata nel lavoro [6].

Nella directory radice del toolbox sono collocati i file principali:

- *advSegTest*: test dell'algoritmo di segmentazione avanzata;
- *gradyTest*: test del raffinamento basato sulla tecnica di grady;
- *growSnakeTest*: test del raffinamento basato sugli algoritmi di region growing e active contour snake (usati in sequenza);
- *kuwaharaTest*: test del raffinamento basato sull'algoritmo di Kuwahara;
- *setParameters*: contiene tutti i parametri utilizzati dai test appena citati;

L'algoritmo di Kuwahara è implementato nel toolbox *DIPimage* [10], per cui l'esecuzione di *kuwaharaTest* richiede l'installazione di questo toolbox.

L'utilizzo di *Advanced Segmentation Toolbox* necessita l'aggiornamento dei percorsi di ricerca di MATLAB™. Se, ad esempio è salvato nella directory *C:\Advanced\_Segmentation\_Toolbox\*, allora nella shell di MATLAB™ occorre eseguire quanto segue:

```
addpath 'C:\Advanced Segmentation Toolbox'  
addpath 'C:\Advanced Segmentation Toolbox\Advanced Segmentation'  
addpath 'C:\Advanced Segmentation Toolbox\Anisotropic Segmentation'  
addpath 'C:\Advanced Segmentation Toolbox\Image Enhancement'  
addpath 'C:\Advanced Segmentation Toolbox\Kuwahara'  
addpath 'C:\Advanced Segmentation Toolbox\Region Growing'  
addpath 'C:\Advanced Segmentation Toolbox\Snake'  
addpath 'C:\Advanced Segmentation Toolbox\Utility'
```

Nelle sottodirectory di *Advanced Segmentation Toolbox* sono collocati tutti i file utilizzati dai vari test, organizzati in base al compito che essi svolgono.

La strategia di lavoro è la medesima per tutti i test sopra elencati: si leggono le immagini da utilizzare da una directory di input predefinita, quindi si elaborano opportunamente i risultati, i quali sono salvati in una directory di output predefinita.

Per ogni immagine mammografica che si intende studiare, devono essere collocate tre immagini nella directory di input (fornite dal modulo di pre-detection):

- L'immagine sorgente in scala di grigi (mammografia digitale originale);
- L'immagine binaria finale restituita dal modulo di pre-detection (per *advSegTest*) oppure quella restituita da *advSegTest* (per *gradyTest*, *growSnakeTest* e *kuwaharaTest*);
- L'immagine in scala di grigi restituita dal modulo di pre-detection dopo l'esecuzione del filtro passa alto;

La directory di input deve contenere, inoltre, un file chiamato *list.txt* che memorizza la lista delle mammografie digitali presenti in questa directory. I test processano tutte le immagini il cui nome è scritto all'interno di questo file. Il metodo appena menzionato consente di includere o escludere un'immagine dall'elaborazione, semplicemente inserendo o meno il suo nome nel file *list.txt*. Succede infatti di frequente che si desidera elaborare solo una parte delle immagini presenti nella directory di input, e non tutte. Inoltre, anche tutti i nomi commentati all'interno di questo file, ossia preceduti dal carattere %, non sono considerati dai test. Tutti i parametri relativi alle directory di input/output, alle estensioni dei file e quelli utilizzati da ogni singolo test, possono essere impostati all'interno del file *setParameters*. I principali sono i seguenti:

- *workPath*: percorso assoluto contenente il toolbox;
- *imgsPath*: percorso assoluto contenente le immagini di input ed il file *list.txt*;
- *testPath*: percorso assoluto nel quale verranno salvati tutti i risultati dei test (suddivisi in cartelle diverse);
- *srcExt*: estensione dell'immagine sorgente (mammografia digitale);
- *detExt*: estensione dell'immagine binaria finale restituita dal modulo di pre-detection o da *advSegTest*;
- *highExt*: estensione dell'immagine elaborata dal filtro passa alto dal modulo di pre-detection;

## 5.2 Risultati numerici

Attraverso il toolbox *Advanced Segmentation Toolbox* sono stati effettuati tutti i test per la ricerca della migliore combinazione di parametri che soddisfi gli obiettivi preposti. Le mammografie digitali utilizzate per eseguire i test sono suddivise in tre insiemi, dalle caratteristiche riassunte nella tabella A.1.

Per ognuno di essi è specificato:

- Numero di immagini;
- Numero di lesioni (TP);
- Numero totale di oggetti prima dell'elaborazione;
- Numero medio di oggetti per immagine prima dell'elaborazione;

La tabella A.2 riassume la sequenza di operazioni eseguita per ogni test. In ogni riga sono inseriti tutti i parametri per una certa operazione, ed ognuna di queste è contraddistinta da uno specifico colore, per semplificarne la lettura. I parametri utilizzati sono i seguenti:

- Dimensione della maschera per la convoluzione;
- Tipo di maschera (quadrata o circolare);
- Numero di cicli di esecuzione;

Le tabelle A.3, A.4, e A.5 contengono rispettivamente i risultati numerici dei test descritti in A.2 per il primo, secondo e terzo insieme di immagini. In particolare esse riassumono:

- Numero totale oggetti dopo l'elaborazione;
- Numero medio di oggetti dopo l'elaborazione;
- Riduzione media (espressa in percentuale);

Se  $n_i$  è il numero di pixel posti a uno nell'immagine binaria prima dell'elaborazione e  $n_f$  quello dell'immagine dopo l'elaborazione, allora la riduzione,  $r$ , è calcolata come segue:

$$r = (n_i - n_f) / n_i$$

La riduzione media per un certo insieme di immagini,  $I$ , è la media delle riduzioni calcolate per ogni immagine appartenente ad  $I$ .

### 5.2.1 segmentazione avanzata

La sequenza di operatori morfologici eseguita nella fase di segmentazione avanzata, introdotta nel paragrafo 2.3, deve soddisfare alcuni importanti requisiti:

- Evitare che lesioni tumorali siano perse;
- Minimizzare il numero delle regioni di ricerca;

Minimizzare le regioni di ricerca significa eliminare, dall'immagine restituita dalla fase di pre-detection, tutte quelle regioni che, per le loro caratteristiche di forma ed intensità, non possono essere lesioni tumorali. Si desidera, dunque, limitare il più possibile il numero di negativi, cercando contemporaneamente di mantenere inalterato il numero di lesioni tumorali. Nella tabella A.2 è illustrata la sequenza di operatori utilizzata per ogni test, ed in A.3, A.4 e A.5 i risultati relativi ai vari test, eseguiti al fine di ricavare la sequenza migliore.

Tutte le immagini sono ridimensionate di un fattore di scala 4, prima dell'elaborazione, in modo da diminuire il costo computazionale.

Per la successiva fase di raffinamento si è scelta la sequenza indicata nel test 9 di tabella A.2. Questo perché consente di non perdere nessuna lesione tumorale ed il numero medio di oggetti per immagine dopo l'elaborazione è relativamente basso (47,5 rispetto agli 839,3 iniziali per il primo insieme). Esso prevede:

- Apertura (maschera quadrata 5x5, 1 ciclo);
- Dilatazione (maschera quadrata 5x5, 1 ciclo);
- Thinning (maschera quadrata 3x3, 4 ciclo);
- Apertura (maschera quadrata 3x3, 1 ciclo);

### 5.2.2 Kuwahara

Nel paragrafo 3.3.1 si è introdotto l'algoritmo di Kuwahara, spiegando che utilizza una finestra di pixel divisa in quattro regioni leggermente sovrapposte. Si è inoltre posto l'accento sul fatto che la forma di tale finestra non deve necessariamente essere quadrata, bensì può essere ellissoidale, esagonale o altro ancora.

Ne consegue che i parametri sui quali si è andati ad agire, al fine di trovare la segmentazione migliore, sono la dimensione e la forma delle finestre.

Dopo un'attenta analisi si è notato che le finestre ellissoidali sono le più idonee alla soluzione del problema affrontato.

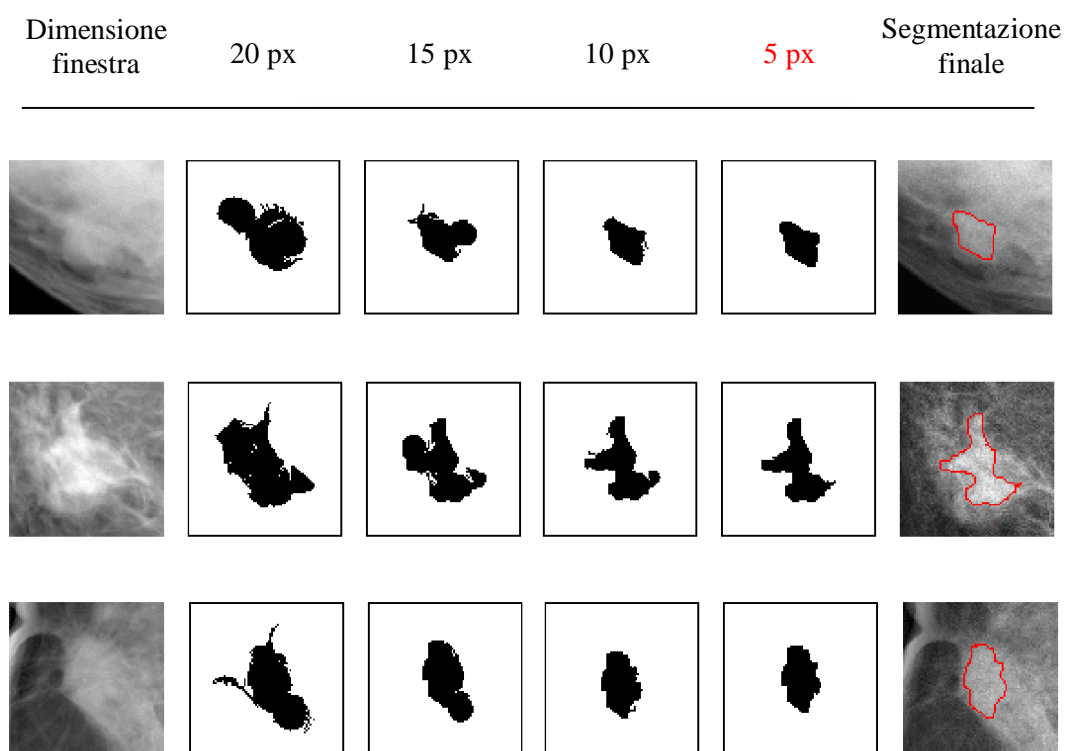


Fig. 5.2: Raffinamento basato su Kuwahara utilizzando una finestra di dimensione 20, 15, 10 e 5 pixel.



Per quanto riguarda le loro dimensioni sono stati utilizzati i seguenti valori:

- Test 1: 20 pixel;
- Test 2: 15 pixel;
- Test 3: 10 pixel;
- Test 4: 5 pixel;

Come si può osservare anche dalle immagini risultanti dai test (Fig. 5.2), la migliore segmentazione è quella fornita da una finestra di dimensione 5 pixel.

### 5.2.3 Region growing e snake

L'algoritmo di region growing, presentato nel paragrafo 3.2, aggiunge un nuovo pixel alla regione corrente se esso supera il test di similarità col seed pixel, ossia se i due valori di intensità non si discostano più di una certa soglia (region growing classico).

La segmentazione fornita dall'algoritmo migliora, se nel test di similarità si considera la media delle intensità dei pixel appartenenti alla regione, e non solo l'intensità del seed pixel.

Il principale difetto di questo procedimento consiste nel fatto che solo la regione è tenuta in considerazione, e non anche il background nel quale essa è collocata: ciò comporta una forte crescita in quelle aree caratterizzate da una certa uniformità del tessuto.

Quindi il region growing applicato a lesioni tumorali residenti su un tessuto denso, quindi luminoso, tendono a crescere in modo eccessivo, con conseguente errata segmentazione.

Lo stesso problema si verifica nel caso di regioni poco luminose inserite in un tessuto grasso (con bassa luminosità).

Il metodo adottato per la risoluzione del problema è di tenere conto anche di caratteristiche del tessuto ospitante subito intorno alla regione segmentata (region growing avanzato). Si consente una elevata possibilità di crescita solo a quelle regioni inserite in un background con luminosità

sufficientemente bassa. Ciò significa che la crescita delle lesioni tumorali inserite in un tessuto denso sarà piccola (Fig. 5.3).

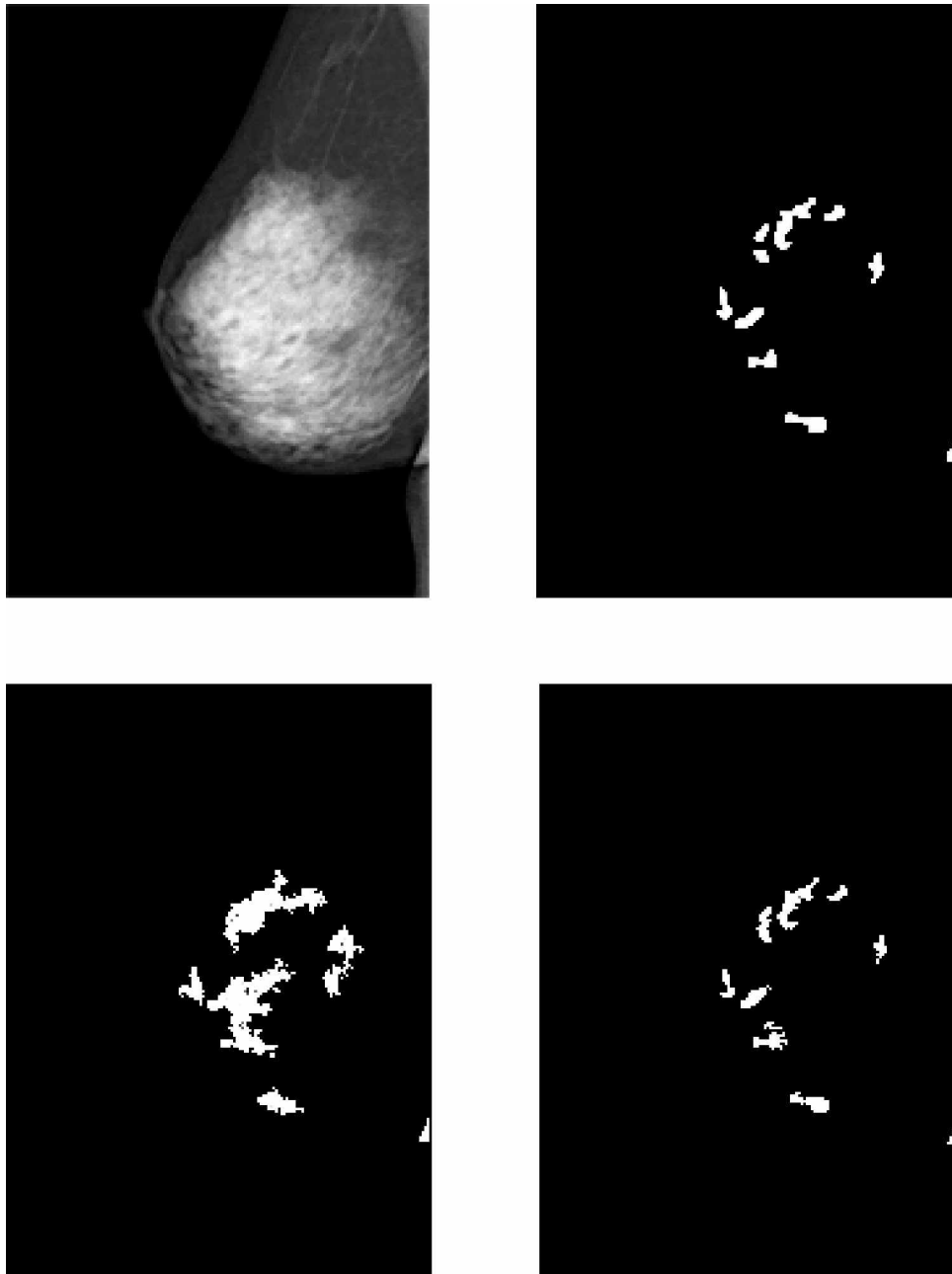


Fig. 5.3: Differenza tra region growing classico (in basso a sinistra) e avanzato (in basso a destra) applicato al risultato della segmentazione avanzata (in alto a destra) di una mammella densa (in alto a sinistra).

Per ogni componente connessa presente nell'immagine restituita dal modulo di segmentazione avanzata, si costruisce un rettangolo (*box*) sufficientemente grande da contenere tutta la regione.

Si definisce regione esterna, quella porzione di immagine interna al box ma complementare alla regione corrente. Vedi figura 5.4.

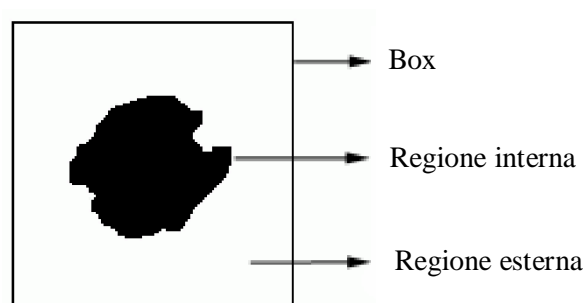


Fig. 5.4. Regione interna, regione esterna e box.

L'introduzione del concetto di box, inteso come contenitore di regione, solleva alcune problematiche:

- Dimensionamento del box;
- Espansione del box;
- Fusione di regioni adiacenti.

### 5.2.3.1 Dimensionamento del box

Il corretto dimensionamento del box è fondamentale, in quanto esso determina la quantità di background da tenere in considerazione.

Nelle figure 5.5 (c) e 5.5 (d) si mostrano due possibili box con differenti dimensioni per la stessa lesione tumorale: utilizzando quello piccolo della figura 5.5 (c), la regione esterna è piuttosto luminosa e quindi il background sembra denso (nonostante non lo sia); per questo motivo la crescita del region growing è ridotta e la lesione risulta mal segmentata (Fig. 5.5 (e)).

Viceversa, utilizzando un box con dimensione opportuna (Fig. 5.5 (c)), si ha una rappresentazione corretta del background, che appare notevolmente più

scuro della lesione tumorale; dunque è consentita una maggiore crescita della regione, e la lesione risulta ben segmentata (Fig. 5.5 (f)).

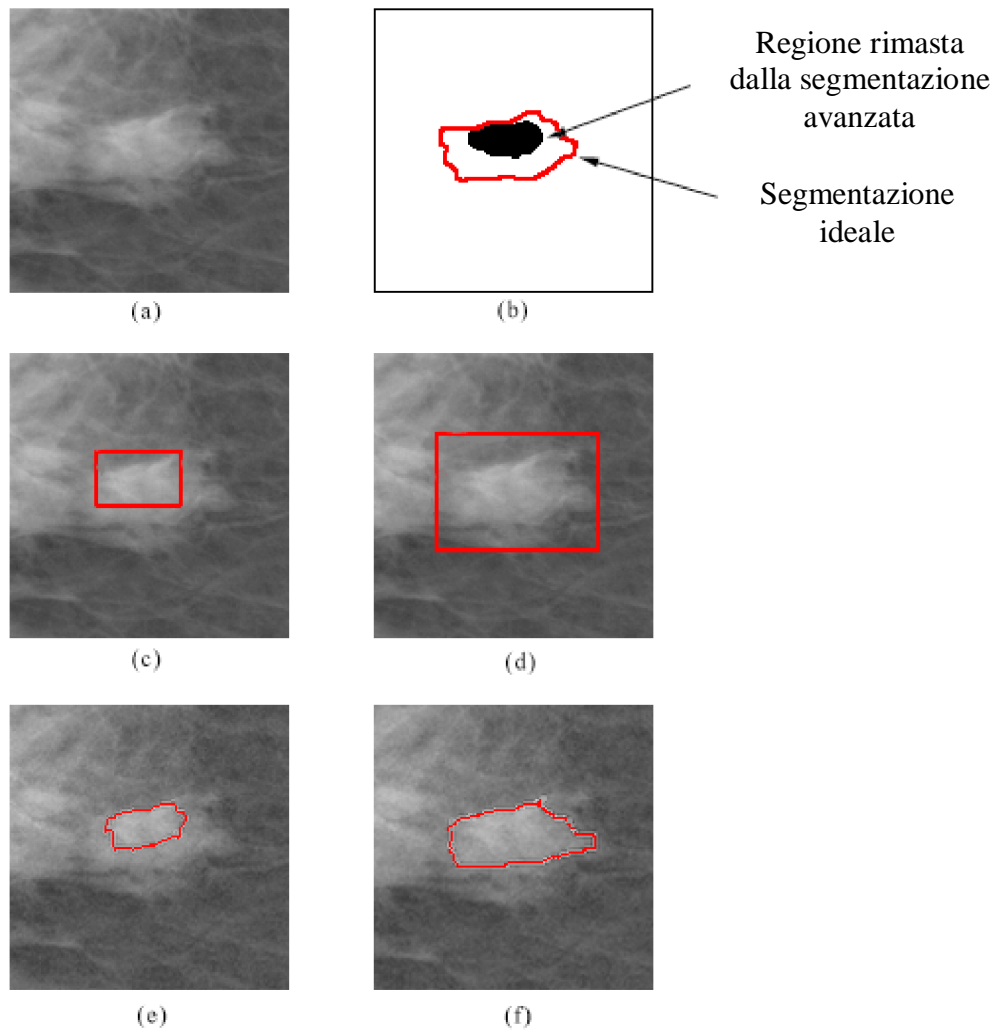


Fig. 5.5: (a) Confronto tra la segmentazione (e) (f) della lesione tumorale (a) usando un box esterno troppo piccolo (c), oppure un box opportunamente dimensionato (d).

### 5.2.3.2 Espansione del box

La crescita di una regione può fare in modo che il suo box non sia più sufficientemente grande da contenerla interamente: per consentire un corretto confronto tra l'intensità media della regione interna e quella della regione esterna, è dunque necessario aggiornare la dimensione del box (processo di espansione).

Esso viene espanso solamente nella direzione nella quale la regione interna interseca il suo contorno, come illustrato nella figura 5.6.

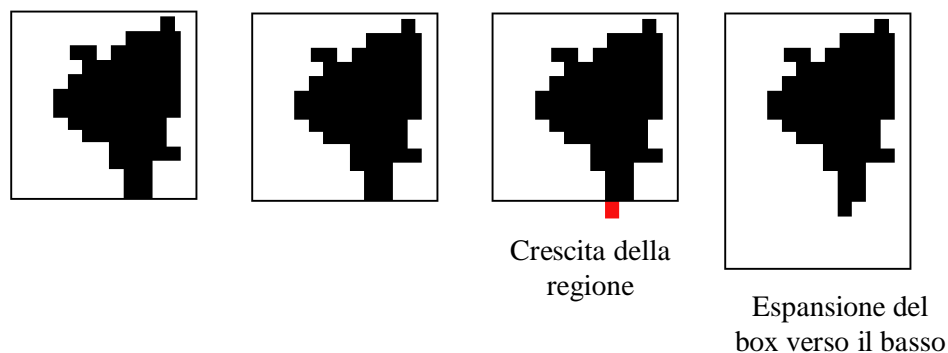


Fig. 5.6: Esempio di espansione del box verso il basso.

### 5.2.3.3 Fusione di regioni adiacenti

Il processo di crescita delle regioni può inoltre provocare la fusione tra due o più regioni (Fig. 5.7). Una volta unite, possono essere trattate comunque come entità separate (ognuna con un proprio box ed una propria intensità media), oppure come un'unica entità (ciò comporta l'aggiornamento del box e della intensità media).

Dall'osservazione dei risultati dell'algoritmo si è notato che la presenza della fusione delle regioni adiacenti consente, in alcuni casi, una migliore segmentazione (come mostrato in figura 5.8), mentre in altri, provoca l'immediata interruzione della crescita per quella regione a causa del forte aumento della sua area.

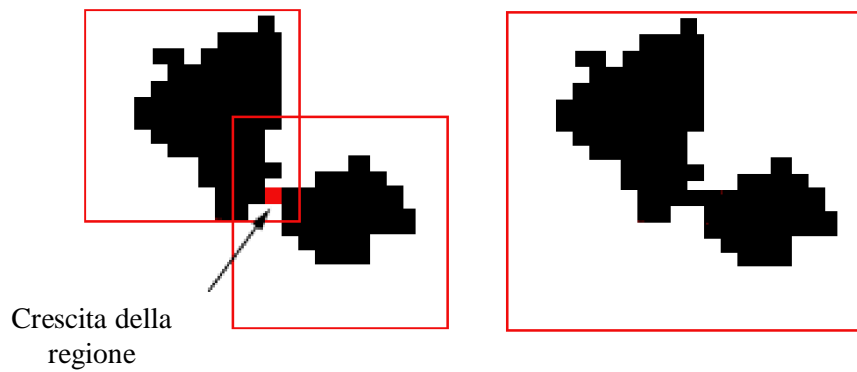


Fig. 5.7: Esempio di fusione tra due regioni diventate adiacenti.

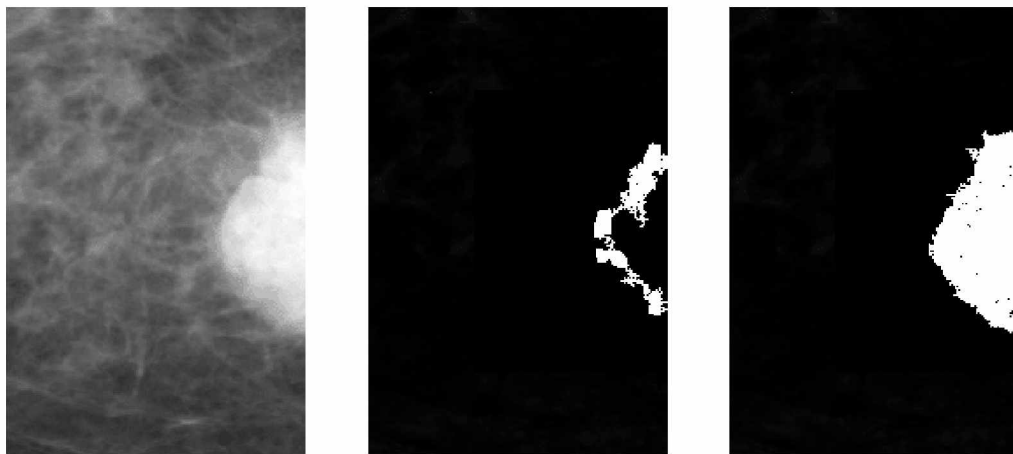


Fig. 5.8: Risultati dell'algoritmo di region growing sulla lesione tumorale (a sinistra) senza l'applicazione della fusione (nel centro), e con l'applicazione della fusione (a destra).

#### 5.2.3.4 Test di similarità

A questo punto resta da mostrare come si è determinato il test di similarità per l'aggiunta di un certo pixel ad una regione.

Si definisce  $p$  il pixel che l'algoritmo sta cercando di aggiungere alla regione interna  $R_i$ , mentre  $R_e$  è la corrispondente regione esterna.

Si definisce inoltre  $I(R_i)$  la media dei valori di intensità dei pixel appartenenti alla regione interna  $R_i$ ,  $I(R_e)$  quella della regione esterna  $R_e$  e  $I(p)$  il valore di intensità del pixel  $p$ .

Il pixel  $p$  viene aggiunto alla regione  $R_i$  se  $|I(R_i) - I(p)| < t$ , dove  $t$  è una soglia determinata dalla funzione  $f(I(R_e) - I(R_i))$  illustrata nella figura 5.9. Tale funzione è utilizzata per determinare il valore  $t$  al variare della differenza  $d$  di intensità tra regione esterna e interna ( $d = |I(R_i) - I(R_e)|$ ).

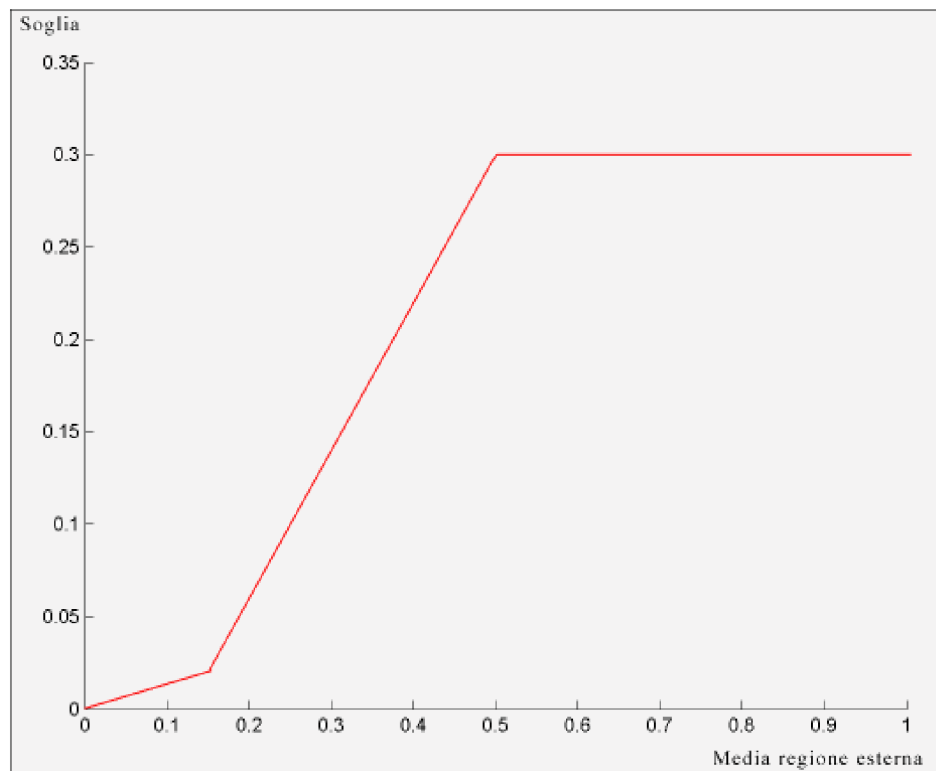


Fig. 5.9: Determinazione del valore di soglia per il test di similarità dell'algoritmo di region growing: la soglia è in funzione della differenza dell'intensità media della regione esterna ed interna.

Si osserva che il massimo valore che può essere assunto da  $d$  è 1, questo perché le immagini vengono normalizzate prima dell'elaborazione.

La funzione  $f$  è progettata per restituire un alto valore di soglia  $t$  per alti valori del parametro  $d$ , ossia nel caso di regioni luminose poste su un tessuto denso; al diminuire di  $d$ , diminuisce anche la soglia  $t$ .

La sua buona definizione incide decisamente sulla bontà della segmentazione eseguita con region growing.

Dall'osservazione delle immagini restituite dall'algoritmo di region growing avanzato, si è notato che alcune lesioni tumorali sono caratterizzate da una forma fortemente irregolare e concava (a ferro di cavallo), nonostante, nella mammografia digitale, avessero una forma essenzialmente ovoidale. Si è così pensato di risolvere il problema applicando l'algoritmo di active contour snake, descritto nel paragrafo 3.2, dopo aver eseguito il region growing.

Alcuni risultati sono presenti nelle figure 5.12, 5.13, 5.14 e 5.15.

#### **5.2.4 Grady**

La terza tecnica di raffinamento delle regioni, consiste nell'applicazione dell'algoritmo di Grady descritto nel capitolo 4. Dai primi risultati è apparso immediatamente come questa tecnica non fornisca una buona segmentazione nel caso di immagini con oggetti poco definiti e sfumati come quelli presenti in una mammografia digitale (Fig. 5.10 (a) e (c)).

Per questa ragione si è pensato di aumentarne opportunamente il contrasto prima che queste fossero elaborate dalla tecnica di Grady.

Il netto miglioramento si può notare nelle figure 5.10 (a) e (c).

Una volta effettuata la segmentazione occorre anche stabilire un metodo per selezionare solo le regioni di interesse ed eliminare tutte le altre.



Si è deciso di procedere nel seguente modo:

1. Si selezionano tutte le regioni la cui intensità media è superiore ad una certa soglia (Fig. 5.11 (a) e (b));
2. Si considerano solo le regioni che intersecano una maschera quadrata centrata nella fovea (Fig. 5.11 (c)).
3. Si eliminano tutte le altre regioni (Fig. 5.11 (d) ed (e)).

Alcuni risultati sono presenti nelle figure 5.12, 5.13 5.14 e 5.15.

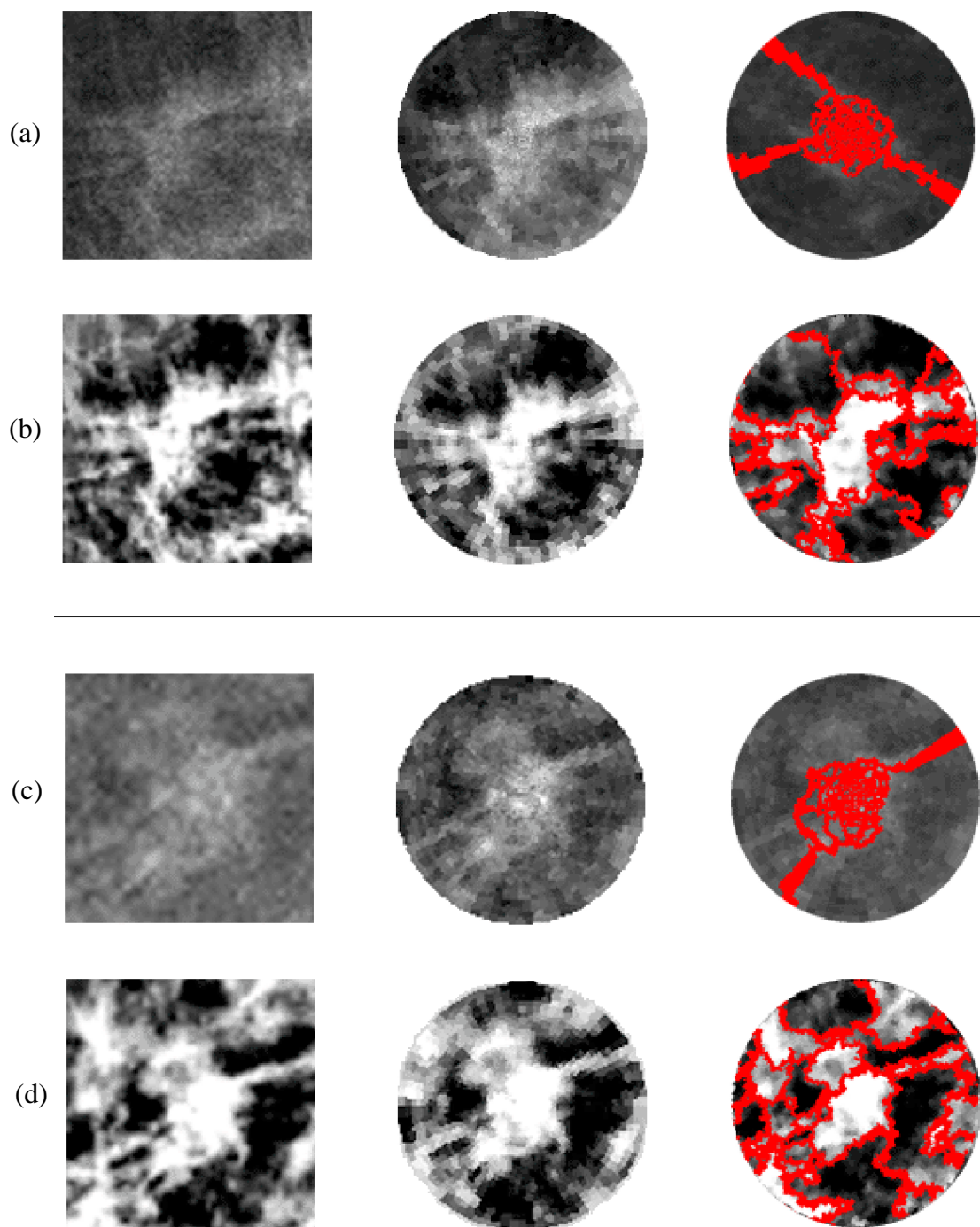


Fig. 5.10: Confronto tra la segmentazione di Grady senza aumento del contrasto (a) (c), e con aumento del contrasto (b) (d). A sinistra la mammografia digitale, al centro l'immagine importata sul grafo e a destra la segmentazione di Grady.

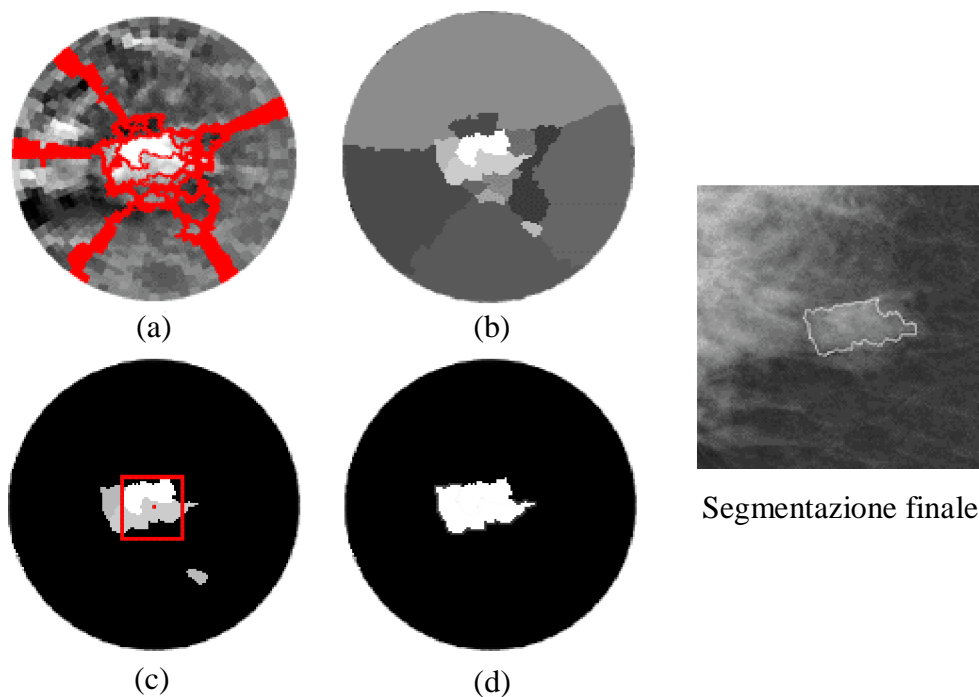


Fig 5.11: Selezione delle regioni mediamente più luminose segmentate tramite la tecnica di Grady.

### 5.3 Risultati visuali

Per verificare quale sia la soluzione migliore tra quelle proposte al problema del raffinamento, si sono confrontati i risultati ottenuti, soffermandosi in particolar modo su quelle lesioni tumorali ritenute particolarmente difficili da segmentare.

Nella figura 5.12 sono state raccolte alcune lesioni di dimensioni piccole, nelle figure 5.13 e 5.14 alcune medio-grandi, mentre nella 5.15 sono mostrati alcuni casi di segmentazione non corretta.

In generale, dalle immagini si nota che tutti e tre gli algoritmi testati forniscono una buona segmentazione nel caso di oggetti di piccole dimensioni, anche se posti su un tessuto particolarmente denso (Fig. 5.12); questo risultato è positivo dal momento che ci interessa soprattutto individuare masse al loro stadio iniziale.

Gli oggetti medio-grandi sono molto di frequente mal segmentati dagli algoritmi di Kuwahara e Grady; viceversa il region growing avanzato fornisce generalmente risultati migliori.

In molti casi si osserva che la tecnica di Grady è troppo imprecisa, e questo difetto è, in parte, dovuto all'aumento del contrasto eseguito inizialmente sulle mammografie digitali (vedi paragrafo 5.2.4). La segmentazione di Grady è buona per oggetti di piccole dimensioni collocati su un background poco luminoso, tuttavia, non di rado, degenera fornendo risultati inaccettabili (vedi figura 5.14 (d)).

Dunque, tra le soluzioni proposte quella che fornisce i risultati migliori è la tecnica che prevede in sequenza gli algoritmi di region growing e active contour snake, applicati sulle immagini restituite dalla fase di segmentazione avanzata: questa tecnica garantisce, infatti, una buona segmentazione sia per oggetti di piccole che di medie dimensioni.

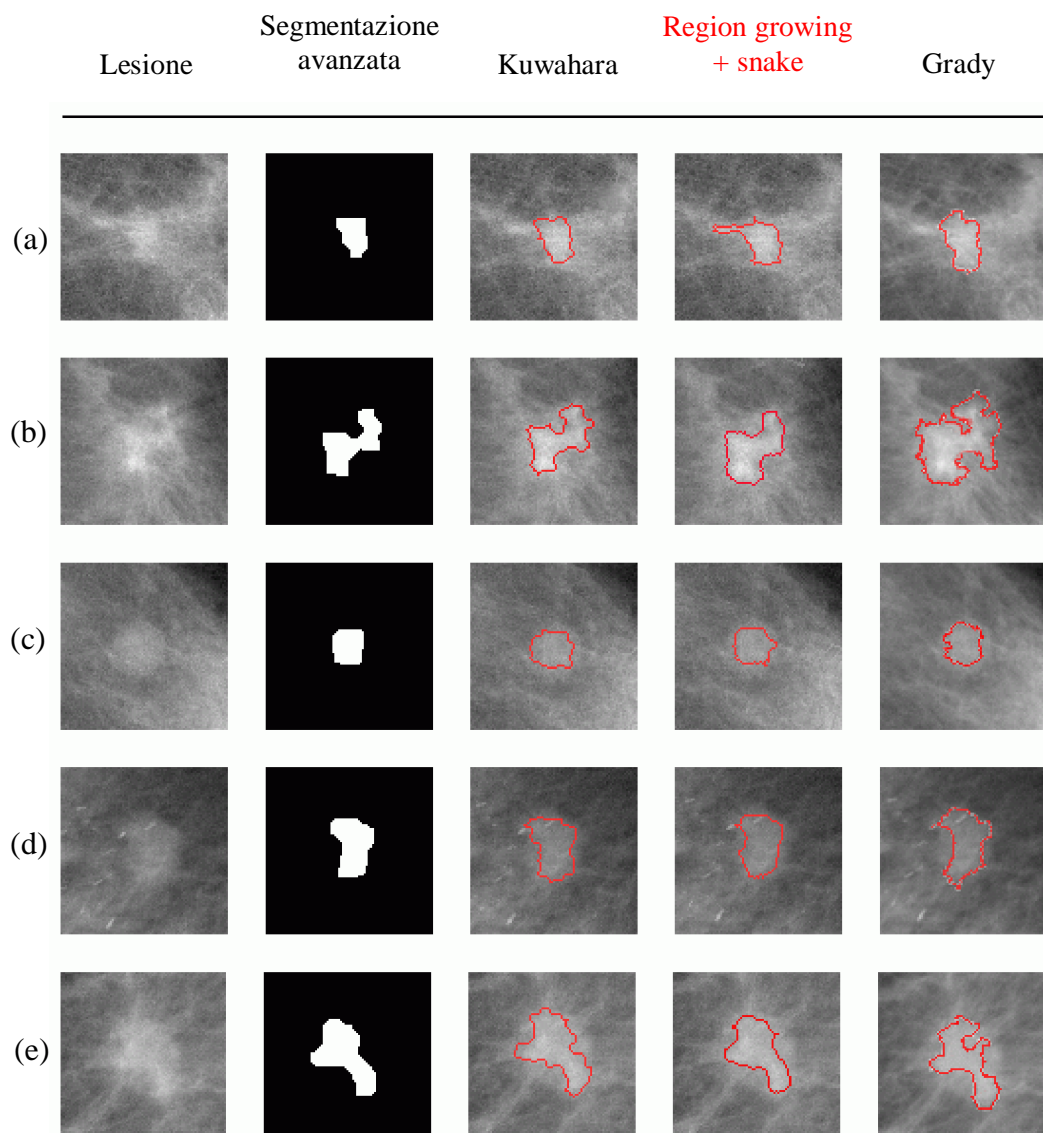


Fig. 5.12: Confronto del raffinamento di lesioni tumorali di piccole dimensioni basato sulla tecnica di Kuwahara, su region growing con snake, e su Grady.

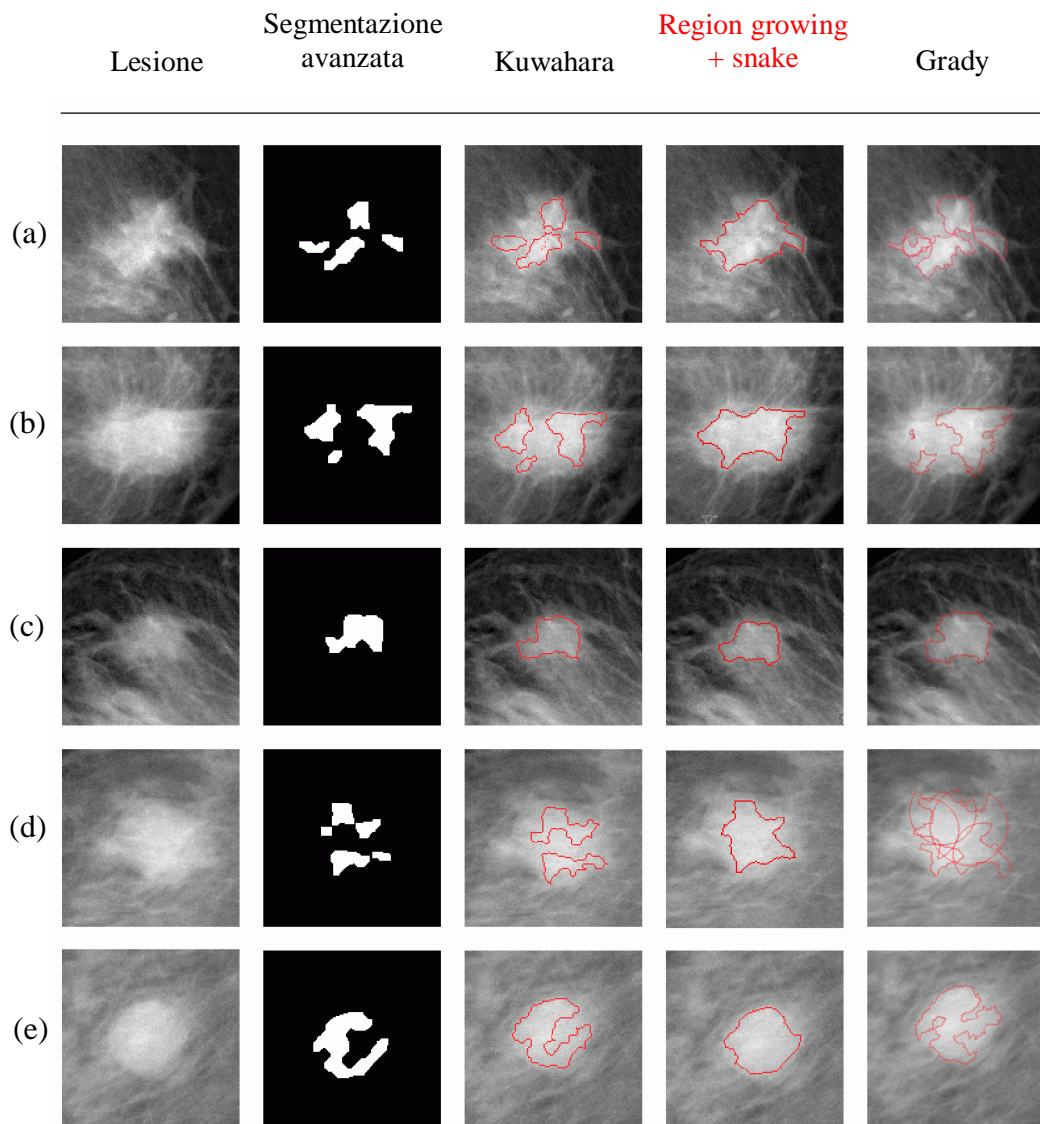


Fig. 5.13: Confronto del raffinamento di lesioni tumorali di medio- grandi dimensioni basato sulla tecnica di Kuwahara, su region growing con snake, e su Grady.



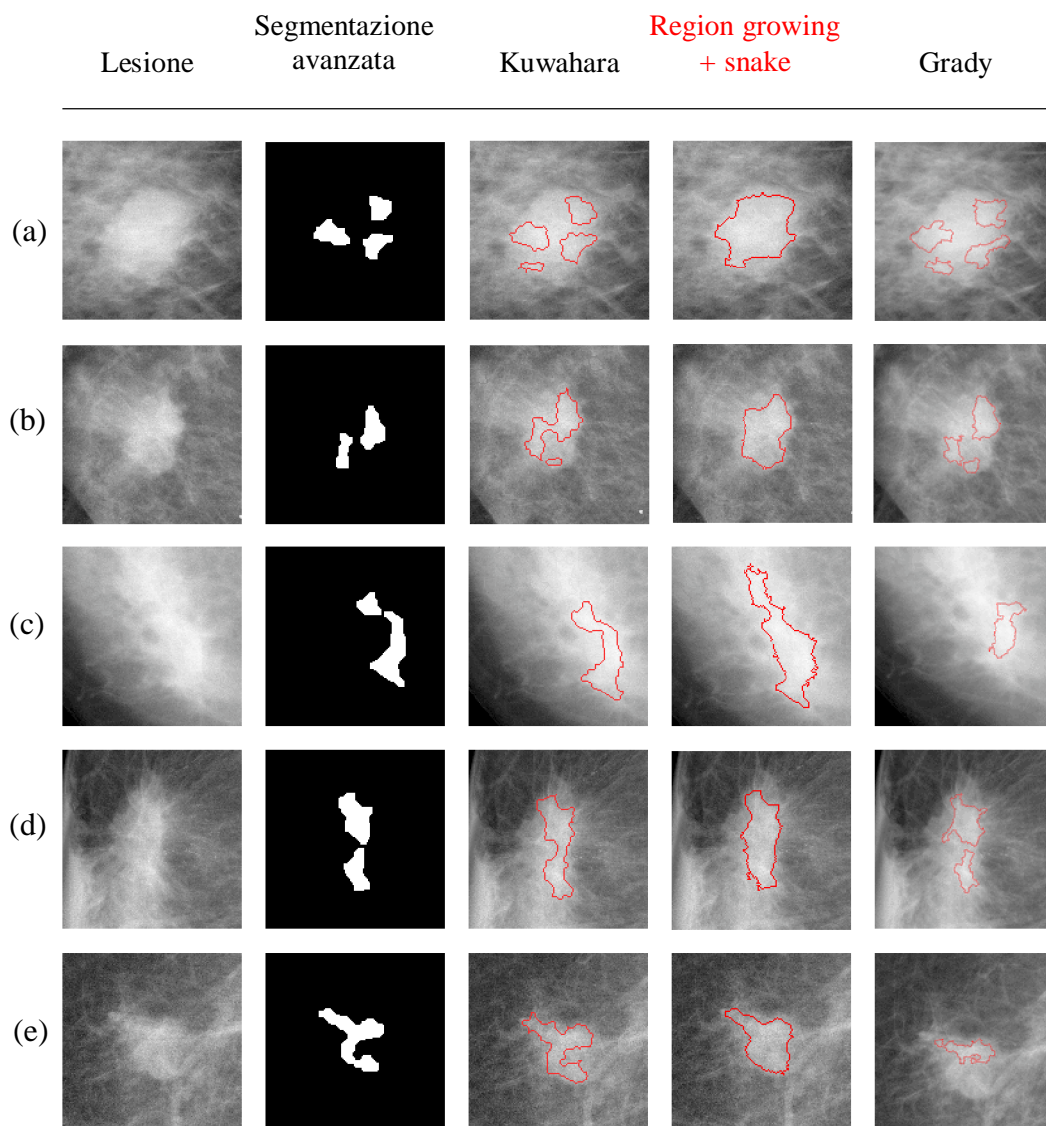


Fig. 5.14: Confronto del raffinamento di lesioni tumorali di medio-grandi dimensioni basato sulla tecnica di Kuwahara, su region growing con snake, e su Grady.

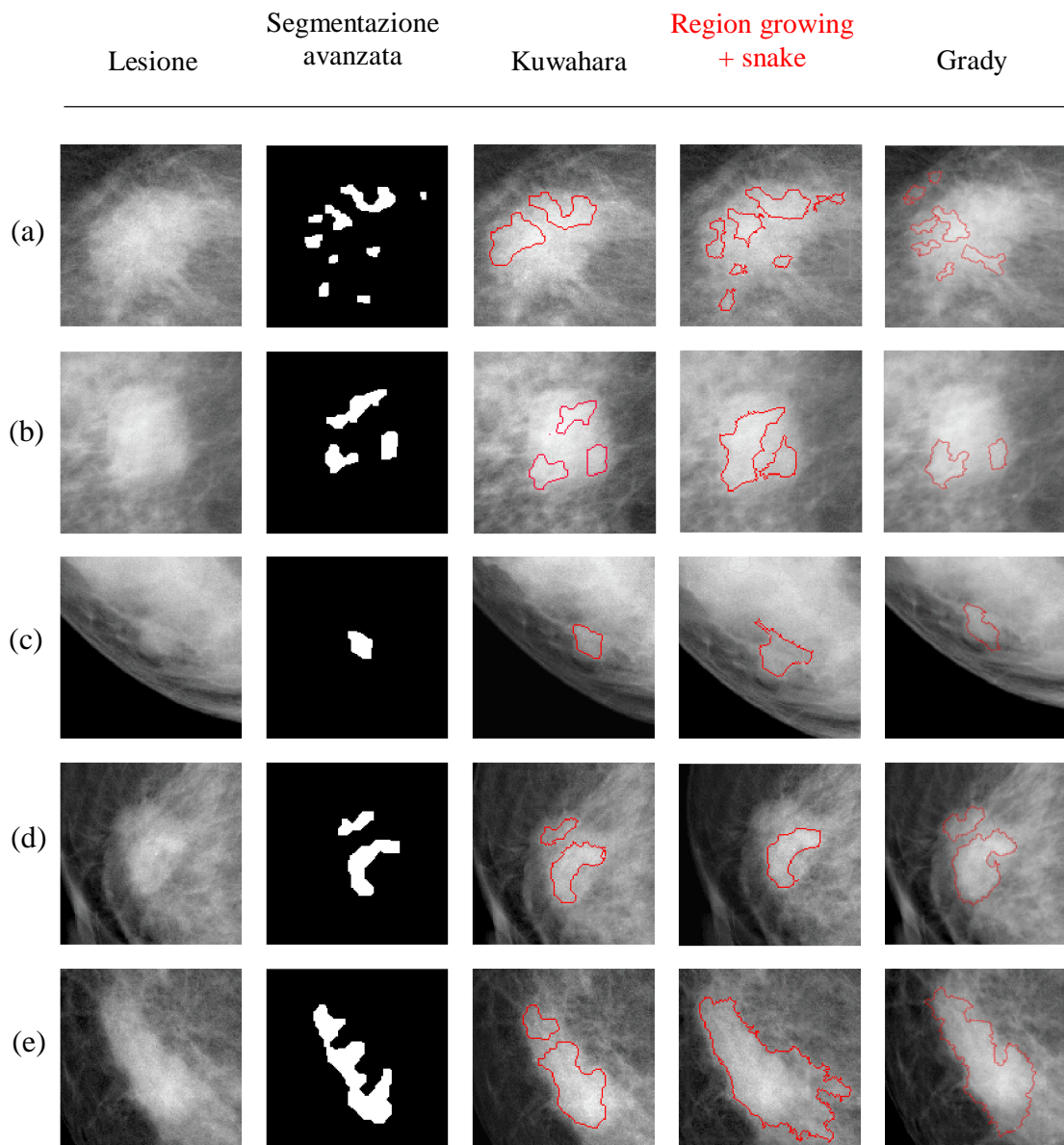


Fig. 5.15: Confronto del raffinamento di lesioni tumorali basato sulla tecnica di Kuwahara, su region growing con snake, e su Grady. In tutti questi casi la segmentazione non è buona.



## **Capitolo 6**

### **Conclusioni e sviluppi futuri**

La rivelazione di lesioni tumorali al seno è un compito alquanto complesso. I precedenti lavori in questo ambito hanno prodotto buoni risultati ed il loro miglioramento non è un obiettivo semplice da realizzare.

Tuttavia in seguito a questo studio si è riusciti a diminuire il numero di oggetti che il classificatore deve processare attraverso il modulo di segmentazione avanzata, senza perdere alcuna lesione tumorale.

Inoltre si è migliorata la segmentazione delle lesioni di dimensioni medio-grandi che, in principio, venivano completamente perse e quindi non riconosciute dal sistema.

La soluzione, però, non è ancora ottimale in quanto esistono notevoli difficoltà nel riconoscimento di carcinomi particolarmente espansi, soprattutto se questi sono collocati all'interno di mammelle dense.

Un'altra importante considerazione è la seguente: il modulo è molto dipendente alla geometrie e morfologie dell'immagine analizzata. I parametri sono stati ottimizzati per le tipologie di mammogrammi a disposizione. Dunque se queste cambiano in modo considerevole, tutti i parametri devono essere ricalibrati.

Uno sviluppo futuro è quello di verificare la robustezza del sistema e cercare una maggiore generalizzazione.



## Appendice A

### Tabelle – Parametri di segmentazione

<i>Set 1 (sperimentali positive)</i>	
<i>Numero di immagini</i>	89
<i>Numero di True Positive (TP)</i>	96
<i>Numero totale di oggetti prima dell'elaborazione</i>	74695
<i>Numero medio di oggetti per immagine prima dell'elaborazione</i>	839
<i>Set 2 (sperimentali negative)</i>	
<i>Numero di immagini</i>	172
<i>Numero di True Positive (TP)</i>	0
<i>Numero totale di oggetti prima dell'elaborazione</i>	104083
<i>Numero medio di oggetti per immagine prima dell'elaborazione</i>	605
<i>Set 3 (maggio 2004)</i>	
<i>Numero di immagini</i>	47
<i>Numero di True Positive (TP)</i>	58
<i>Numero totale di oggetti prima dell'elaborazione</i>	25248
<i>Numero medio di oggetti per immagine prima dell'elaborazione</i>	537

Tab. A.1: Caratteristiche degli insiemi di immagini sulle quali sono stati effettuati i test.

<i>Test</i>	<i>Op.</i>	<i>Dim masc.</i>	<i>Tipo masc.</i>	<i>Num. cicli</i>	<i>Test</i>	<i>Op.</i>	<i>Dim masc.</i>	<i>Tipo masc.</i>	<i>Num. cicli</i>
1	Open	5x5	Q	1	2	Open	5x5	C	1
	Dilate	5x5	Q	1		Dilate	5x5	C	1
	Thin	3x3	Q	4		Thin	3x3	Q	4
	Open	4x4	Q	1		Open	4x4	C	1
3	Open	5x5	C	1	4	Open	5x5	C	1
	Dilate	5x5	C	1		Dilate	5x5	C	1
	Thin	3x3	Q	4		Thin	3x3	Q	3
	Open	3x3	Q	1		Open	3x3	Q	1
5	Open	6x6	Q	1	6	Open	5x5	Q	1
	Dilate	4x4	Q	1		Dilate	3x3	Q	2
	Thin	3x3	Q	5		Thin	3x3	Q	4
	Open	3x3	Q	1		Open	5x5	Q	1
7	Open	5x5	C	1	8	Open	3x3	Q	1
	Dilate	3x3	C	2		Dilate	3x3	Q	2
	Thin	3x3	Q	4		Thin	3x3	Q	4
	Open	5x5	C	1		Open	5x5	Q	1
9	Open	5x5	Q	1	10	Dilate	3x3	Q	2
	Dilate	5x5	Q	1		Erode	3x3	Q	2
	Thin	3x3	Q	4		Thin	3x3	Q	4
	Open	3x3	Q	1		Open	2x2	C	1
11	Dilate	3x3	C	1	12	Dilate	3x3	C	1
	Erode	3x3	Q	1		Erode	3x3	Q	1
	Thin	3x3	Q	3		Thin	3x3	Q	3
	Open	5x5	Q	1		Open	5x5	C	1
13	Dilate	3x3	C	1	14	Open	3x3	C	1
	Erode	3x3	Q	1		Erode	3x3	Q	1
	Thin	3x3	Q	4		Thin	3x3	Q	4
	Erode	3x3	C	1		Open	5x5	Q	1
15	Open	3x3	C	1	16	Open	3x3	C	1
	Erode	3x3	Q	1		Erode	3x3	Q	1
	Thin	3x3	Q	3		Thin	3x3	Q	4
	Open	5x5	Q	1		Open	3x3	Q	1
17	Open	3x3	C	1	18	Open	5x5	C	1
	Erode	3x3	Q	1		Dilate	3x3	Q	2
	Thin	3x3	Q	3		Thin	3x3	Q	4
	Open	3x3	Q	1		Open	5x5	Q	1

Tab. A.2: Sequenza di operatori e parametri utilizzati per i test della segmentazione avanzata. *C* indica una maschera circolare, mentre *Q* una quadrata.

<i>SET 1</i>				
<i>Test</i>	<i>Lesioni perse</i>	<i>Numero totale oggetti dopo elaborazione</i>	<i>Numero medio di oggetti dopo elaborazione</i>	<i>Riduzione media %</i>
1	1	3379	38,0	80,2
2	2	1475	16,6	81,6
3	2	1480	16,6	80,7
4	2	1469	16,5	76,2
5	2	1786	20,1	92,2
6	2	2577	29,0	82,7
7	2	1455	16,3	80,8
8	1	3629	40,8	75,7
9	0	4228	47,5	78,4
10	1	2656	29,8	86,8
11	0	7708	86,6	85,8
12	1	2682	30,1	95,1
13	0	4589	51,6	91,7
14	22	269	3,0	99,7
15	10	514	5,78	99,3
16	9	693	7,79	99,2
17	5	1305	14,7	98,3
18	2	1640	18,427	88,9

Tab. A.3: Risultati dei test della segmentazione avanzata sul primo insieme di immagini (sperimentali positive).

<i>SET 2</i>				
<i>Test</i>	<i>Lesioni perse</i>	<i>Numero totale oggetti dopo elaborazione</i>	<i>Numero medio di oggetti dopo elaborazione</i>	<i>Riduzione media %</i>
1	0	6549	38,1	77,5
2	0	3113	18,1	79,1
3	0	3080	18,0	78,0
4	0	3063	17,9	72,5
5	0	3580	20,8	91,7
6	0	5209	30,3	80,3
7	0	3060	17,8	78,2
8	0	6940	40,3	71,7
9	0	7861	45,7	75,7
10	0	4767	277,5	86,6
11	0	12776	74,3	85,4
12	0	4961	28,9	95,4
13	0	8233	47,9	91,8
14	0	424	2,5	99,8
15	0	934	5,4	99,6
16	0	1302	7,6	99,4
17	0	2510	14,6	98,6
18	0	3410	19,9	87,9

Tab. A.4: Risultati dei test della segmentazione avanzata sul secondo insieme di immagini (sperimentali negative).

<i>SET 3</i>				
<i>Test</i>	<i>Lesioni perse</i>	<i>Numero totale oggetti dopo elaborazione</i>	<i>Numero medio di oggetti dopo elaborazione</i>	<i>Riduzione media %</i>
1	1	1659	35,3	76,4
2	4	841	17,9	77,2
3	4	826	17,6	76,2
4	2	816	17,4	70,5
5	4	973	20,7	90,8
6	2	1328	28,3	79,0
7	4	829	17,6	76,0
8	0	1747	37,2	70,1
9	1	1957	41,6	74,8
10	2	1206	25,6	85,5
11	0	3101	66,0	84,6
12	4	1326	28,2	94,8
13	2	1972	41,9	91,0
14	20	104	2,2	99,8
15	15	285	6,0	99,5
16	14	387	8,2	99,3
17	12	721	15,3	98,4
18	5	915	19,5	86,7

Tab. A.5: Risultati dei test della segmentazione avanzata sul terzo insieme di immagini (maggio 2004).





## Ringraziamenti

*In conclusione al lavoro è doveroso un grande ringraziamento alle persone che in un modo o nell'altro mi sono state sempre vicine.*

*In primo luogo al Prof. Campanini per la grande disponibilità dimostrata ad aiutarmi ad entrare in un mondo estremamente affascinante a me prima quasi sconosciuto.*

*Una menzione particolare al Dott. Roffilli per tutto l'aiuto pratico, per tutti i consigli utili e per la costante presenza nonostante i molti impegni.*

*Un grazie a tutti i miei compagni del gruppo di ricerca Twilight Team del Corso di Laurea, per i loro utili interventi e soprattutto per la loro simpatia. In particolare a Massimiliano Zanoni e Mattia Nori.*

*Alla mia famiglia ed i miei amici che mi hanno sempre accompagnato nel corso di questo viaggio.*



## Bibliografia

- [1] Leo Grady, Eric L. Schwartz.  
*The graph analysis toolbox: image processing on arbitrary graphs.*  
Boston University Graduate School of Arts and Sciences, 2004.
- [2] Leo Grady, Eric L. Schwartz.  
*Space-variant computer vision: a graph-theoretic approach.*  
Boston University Graduate School of Arts and Sciences, 2004.
- [3] R. Campanini, D. Dongiovanni, E. Iampieri, N. Lanconelli, M. Masotti, G. Palermo, A. Riccardi e M. Roffilli.  
*A novel featureless approach to mass detection in digital mammograms based on Support Vector Machines.*  
Physics in Medicine and Biology, volume 49, distribuzione 6, pagine 961 – 975.
- [4] A. Bazzani, A. Bevilacqua, D. Bollini, R. Campanini, D. Dongiovanni, E. Iampieri, N. Lanconelli, A. Riccardi, M. Roffilli, R. Tazzoli.  
*A novel approach to mass detection in digital mammography based on Support Vector Machines (SVM).*  
Proceedings of the 6th International Workshop on Digital Mammography, June 22-25 2002, Bremen Germany.

- 
- [5] R. Campanini, E. Angelini, D. Dongiovanni, E. Iampieri, N. Lanconelli, C. Mair-Noack, M. Masotti, G. Palermo, M. Roffilli, G. Saguatti, O. Schiaratura.  
*Preliminary results of a featureless CAD system on FFDM images.*  
7h International Workshop on Digital Mammography, June 18-21 2004, Durham, North Carolina, USA.
- [6] Massimiliano Zanoni.  
*Algoritmi avanzati per la rivelazione di masse tumorali in mammografia digitale.*  
*Corso di Laurea in Informatica, AA 2002/2003.*
- [7] R. Campanini, E. Angelini, E. Iampieri, N. Lanconelli, M. Masotti, M. Roffilli, O. Schiaratura, M. Zanoni.  
*A fast algorithm for intra-breast segmentation of digital mammograms for CAD systems.*  
7h International Workshop on Digital Mammography, June 18-21 2004, Durham, North Carolina, USA
- [8] A. Bevilacqua, M. Roffilli.  
*Robust denoising and moving shadows detection in traffic scenes.*  
IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, Dec 9-14,2001, Kauai Marriott, Hawaii.
- [9] Sito web: *The MathWorks - MATLAB and Simulink for Technical Computing.*  
*url: <http://www.mathworks.com>*
- [10] Sito web: *DIPimage A Scientific Image Processing Toolbox For MATLAB.*  
*url: <http://www.ph.tn.tudelft.nl/DIPlib/index.html>*
- [11] Chenyang Xu, Jerry L. Prince.  
*Snakes, Shapes, and Gradient Vector Flow.*  
Department of Electrical and Computer Engineering Baltimore.

- 
- [12] Louisa Lam, Seong-Whan Lee, Ching Y. Suen.  
*Thinning Methodologies – A Comprehensive Survey, 1992.*
- [13] Peter Bakker.  
*Image structure analysis for seismic interpretation, 2002.*
- [14] Peter Kovesi.  
Sito web: *MATLAB Functions for Computer Vision and Image Analysis.*  
url:  
<http://www.csse.uwa.edu.au/~pk/Research/MatlabFns/>  
School of Computer Science and Software Engineering.
- [15] Sito web: *Space Variant Imaging*  
url: <http://svi.cps.utexas.edu/index.htm>
- [16] Sito web: *Vision Systems.*  
url: [http://www.cs.cf.ac.uk/Dave/Vision\\_lecture/Vision\\_lecture\\_caller.html](http://www.cs.cf.ac.uk/Dave/Vision_lecture/Vision_lecture_caller.html).