

UNIVERSIDADE FEDERAL DO ABC
ESPECIALIZAÇÃO EM TECNOLOGIAS E SISTEMAS DE
INFORMAÇÃO

RAFAEL KERNCHEN TINOCO

ANÁLISE GEOMÉTRICA DE TUMORES HEPÁTICOS
Foco em análise pós-segmentação

Santo André
2024

RAFAEL KERNCHEN TINOCO

ANÁLISE GEOMÉTRICA DE TUMORES HEPÁTICOS
Foco em análise pós-segmentação

Monografia apresentada ao curso de pós-graduação em Especialização em Tecnologias e Sistemas de Informação da Universidade Federal do ABC como requisito parcial para conclusão do curso.

Orientador: Prof. Dr. Mario Gazziro.

Santo André, SP

2024

Resumo

A segmentação manual ainda permanece sendo um processo demorado e suscetível a vieses de interpretação. Diante dessa limitação, abordagens automáticas são essenciais para otimizar tanto o planejamento cirúrgico quanto a avaliação dos tratamentos. O objetivo deste trabalho é realizar uma análise geométrica detalhada de tumores hepáticos, após o processo de segmentação, utilizando dados tridimensionais derivados de imagens médicas. Para realizar a análise das imagens (obtidas através da base de dados), foi necessário desenvolver um fluxo de processamento que permitisse converter as imagens segmentadas em representações tridimensionais, permitindo a aplicação de análises geométricas e numéricas. Os resultados obtidos ao longo da análise geométrica de tumores do fígado revelaram informações importantes para a compreensão da estrutura do tumor. A análise geométrica, ao explorar características como volume, área de superfície, irregularidade da superfície e curvatura, ofereceu uma perspectiva quantitativa sobre a estrutura dos tumores e fígados segmentados, complementando as informações fornecidas por métodos de segmentação manuais ou automatizados.

Palavras-chave: análise geométrica; segmentação de imagens médicas; câncer hepático; tumores internos.

Abstract

Manual segmentation remains a time-consuming process and is prone to interpretive biases. In light of this limitation, automatic approaches are essential to optimize both surgical planning and treatment evaluation. The aim of this study is to conduct a detailed geometric analysis of liver tumors after the segmentation process, using three-dimensional data derived from medical images. To perform the analysis of the images (obtained from a database), it was necessary to develop a processing workflow that allowed the conversion of segmented images into three-dimensional representations, enabling the application of geometric and numerical analyses. The results obtained from the geometric analysis of liver tumors revealed important information for understanding the tumor structure. By exploring characteristics such as volume, surface area, surface irregularity, and curvature, the geometric analysis provided a quantitative perspective on the structure of segmented tumors and livers, complementing the information provided by manual or automated segmentation methods.

Keywords: geometric analysis; medical image segmentation; liver cancer; internal tumors.

Sumário

1. Introdução.....	5
1.1. Contextualização.....	5
1.2. Objetivo do Trabalho.....	6
1.3. Justificativa.....	7
2. Revisão de Literatura.....	8
2.1. Segmentação de Imagens médicas.....	8
2.2. Preparação das Imagens.....	9
3.1. Descrição dos Dados.....	10
3.2. Processamento das Imagens.....	12
3.2.1. Etapas do processamento das imagens.....	12
3.2.1.1. Leitura das fatias segmentadas.....	13
3.2.1.2. Geração de modelo 3D.....	15
3.2.1.3. Suavização do modelo.....	17
3.2.1.4. Mesclar imagens.....	18
3.2.1.5. Análise.....	19
3.3. Ferramentas e Algoritmos Utilizados.....	22
4. Resultados.....	24
4.1. Informações Gerais dos Modelos 3D.....	24
4.2. Características de Curvatura.....	27
5. Discussão.....	31
5.1. Interpretação dos Resultados.....	31
5.2. Limitações do Estudo.....	32
6. Referências.....	32
7. Apêndice.....	35

1. Introdução

1.1. Contextualização

O câncer de fígado é uma das principais causas de mortalidade por câncer no mundo, com alta taxa de letalidade (OH; JUN, 2023). O diagnóstico e o planejamento para a segmentação dos tumores hepáticos dependem cada vez mais de métodos avançados de análise de imagens, principalmente por tomografia computadorizada (CT Scan) e imagem de ressonância magnética (MRI). Com a introdução de técnicas de aprendizado profundo, como as Redes Neurais Convolucionais (CNN), a precisão na segmentação de órgãos e tumores foi significativamente aprimorada (Brosch e Tam, 2013).

Apesar disso, a segmentação manual ainda permanece sendo um processo demorado e suscetível a vieses de interpretação. Diante dessa limitação, abordagens automáticas são essenciais para otimizar tanto o planejamento cirúrgico quanto a avaliação dos tratamentos (Yan et al., 2017). Este trabalho propõe uma abordagem diferente, não focando no desenvolvimento de modelos de segmentação, mas sim na análise geométrica pós-segmentação dos tumores hepáticos. Ao utilizar arquivos rotulados para gerar representações tridimensionais do fígado e dos tumores, busca-se explorar características como o volume, a forma e a localização dos tumores em relação ao órgão (Brosch e Tam, 2013).

Essa análise geométrica fornece uma perspectiva distinta e complementar a estudos que se concentram apenas na segmentação automatizada por redes U-Net (arquitetura de CNN projetada para segmentação de imagens), proporcionando uma análise sobre como essas propriedades podem influenciar o prognóstico e auxiliar na tomada de decisões clínicas, especialmente em relação à operabilidade dos tumores (Yan et al., 2017).

1.2. Objetivo do Trabalho

O objetivo deste trabalho é realizar uma análise geométrica detalhada de tumores hepáticos, após o processo de segmentação, utilizando dados tridimensionais derivados de imagens médicas. Embora as técnicas de segmentação baseadas em aprendizado de máquina, como redes neurais convolucionais, tenham mostrado eficácia na identificação de tumores, o foco desta pesquisa está na análise das formas geométricas resultantes. Pretende-se identificar padrões e características geométricas, como volume, área de superfície e irregularidade, que possam fornecer informações relevantes para o prognóstico, planejamento cirúrgico e previsões de resposta ao tratamento, especialmente em relação à operabilidade dos tumores internos.

1.3. Justificativa

A análise geométrica de tumores hepáticos, após a segmentação de imagens médicas, é fundamental para melhorar a compreensão das características dos tumores e sua relação com o fígado, especialmente no contexto do câncer hepático. A segmentação de imagens por si só, embora seja uma ferramenta poderosa para identificar a presença de tumores, não oferece informações suficientes sobre a estrutura detalhada das massas tumorais. A estrutura de um tumor, incluindo características como volume, área de superfície, esfericidade e irregularidade, pode fornecer descobertas importantes sobre o comportamento do câncer, suas chances de resposta a tratamentos e a viabilidade cirúrgica para remoção.

Além disso, a análise geométrica pode ajudar a padronizar e comparar as características dos tumores em diferentes pacientes, o que é essencial para um planejamento cirúrgico mais preciso e personalizado. Com as crescentes taxas de mortalidade associadas ao câncer hepático (OH; JUN, 2023), torna-se cada vez mais relevante desenvolver ferramentas que possam auxiliar na tomada de decisões clínicas e melhorar os desfechos dos pacientes. Assim, o trabalho se justifica pela necessidade de desenvolver métodos complementares à segmentação, que forneçam uma análise mais profunda e quantificável das características tumorais, visando apoiar o diagnóstico, o prognóstico e o planejamento de tratamentos.

2. Revisão de Literatura

2.1. Segmentação de Imagens médicas

A segmentação de imagens médicas é um passo essencial para a análise e diagnóstico de diversas condições, especialmente no caso de tumores hepáticos. Nos últimos anos, o uso de aprendizado profundo para esse propósito tem se tornado cada vez mais prevalente, graças à sua eficácia em identificar e delinear estruturas complexas.

De acordo com Brosch e Tam (2013), o aprendizado profundo, especialmente as Redes Neurais Convolucionais (CNNs), tem mostrado grande eficiência na segmentação de órgãos e tumores. Sua pesquisa sobre a segmentação de imagens de ressonância magnética cerebral demonstra como o uso de CNNs melhora a precisão ao identificar estruturas de interesse, reduzindo a necessidade de intervenção manual.

2.2. Preparação das Imagens

A preparação das imagens é uma etapa crítica para garantir a eficiência e precisão dos modelos de segmentação. Zhu et al. (2019) destacam a importância da ampliação de dados para melhorar o desempenho dos algoritmos de aprendizado profundo. Aumentar os dados permite que os modelos aprendam com mais variações de imagem, evitando o overfitting e tornando os modelos mais robustos. Técnicas como rotação, translação e variação de contraste são amplamente utilizadas para aumentar a diversidade dos conjuntos de dados.

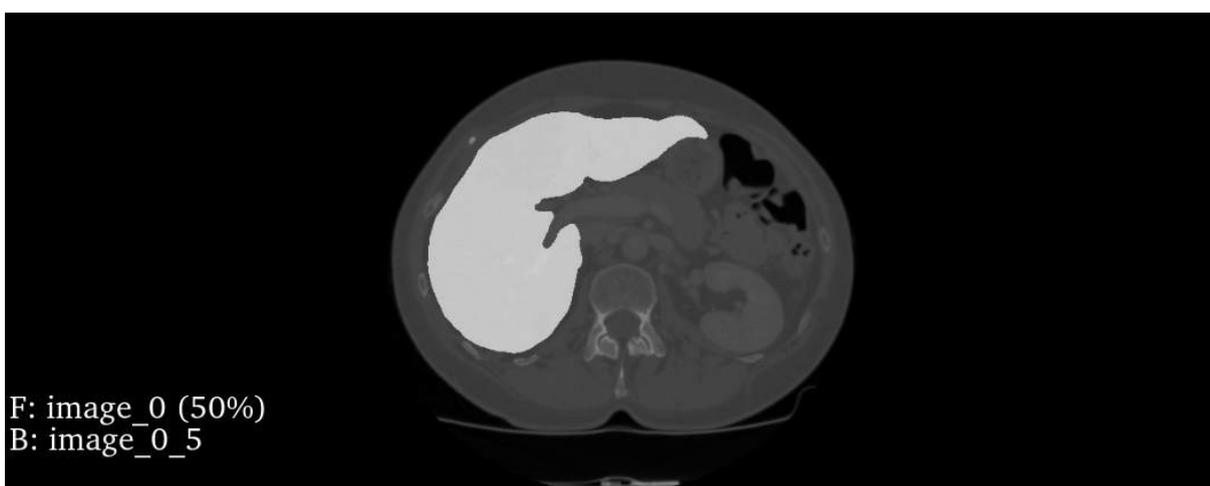
Foi proposta uma arquitetura aprimorada da U-Net, chamada U-Net++, que visa melhorar a segmentação por meio de uma preparação mais eficaz das imagens. Essa abordagem usa uma rede de níveis aninhados, permitindo que os modelos capturem melhor as estruturas em várias escalas, o que é crucial para segmentar corretamente pequenos tumores em meio a grandes volumes de dados. (Zhou et al., 2018).

3. Metodologia

3.1. Descrição dos Dados

Para a realização desta análise, foi utilizada a base de dados pública de imagens médicas 3D-IRCADb-01, disponibilizada pelo Instituto IRCAD, localizado na França. Esta base é amplamente reconhecida e referenciada em diversos artigos científicos por seu valor na pesquisa sobre segmentação de órgãos e tumores hepáticos, sendo uma ferramenta fundamental no estudo de imagens médicas.

Figura 1 - Visualização de uma fatia segmentada.



A base de dados é composta por tomografias computadorizadas (CT scans) tridimensionais de 20 pacientes, sendo 10 homens e 10 mulheres. Em 75% dos casos, esses pacientes apresentam tumores hepáticos.

Os arquivos da base de dados estão no formato DICOM (Digital Imaging and Communications in Medicine), um padrão amplamente utilizado para o armazenamento e compartilhamento de imagens médicas, como raios-X, tomografias e ressonâncias magnéticas. Esse formato permite que as imagens sejam armazenadas junto com informações relevantes sobre o paciente e o exame, como o nome, a data de nascimento, data do exame e parâmetros técnicos da imagem, facilitando a integração entre diferentes sistemas e equipamentos médicos.

Dessa forma, médicos e hospitais podem compartilhar dados de maneira eficiente e segura. A base de dados utilizada neste trabalho foi anonimizada pelo fornecedor, garantindo que não contenha informações de identificação dos pacientes.

A tabela a seguir apresenta a descrição das 20 imagens e os detalhes fornecidos em conjunto com a base de dados.

Tabela 1 - Detalhamento da base de dados

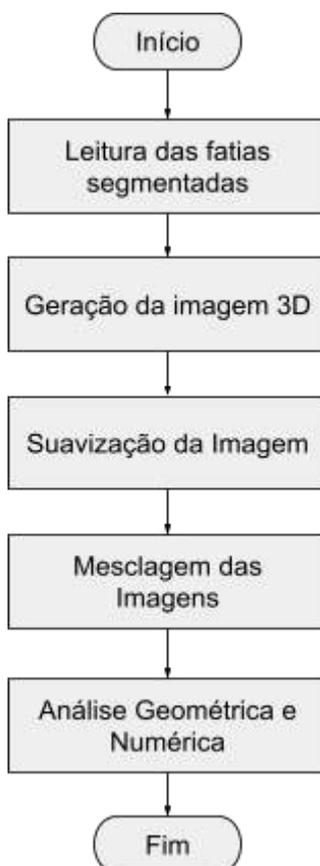
Paciente	Tamanho da Imagem (pixels)	Tamanho do Fígado (cm)	Quantidade de Tumores
1	(512x512x129)	(18,3x15,1x14,1)	7
2	(512x512x172)	(20,1x16,9x15,7)	1
3	(512x512x200)	(16,7x14,9x15,2)	1
4	(512x512x091)	(16,9x12,0x17,2)	7
5	(512x512x139)	(19,8x18,6x19,1)	0
6	(512x512x135)	(18,8x14,3x20,2)	20
7	(512x512x151)	(24,9x15,2x16,6)	0
8	(512x512x124)	(23,5x17,1x12,5)	3
9	(512x512x111)	(20,6x17,0x18,1)	1
10	(512x512x122)	(18,4x15,5x14,8)	8
11	(512x512x132)	(19,1x14,4x16,2)	0
12	(512x512x260)	(19,3x17,7x11,0)	1
13	(512x512x122)	(20,0x12,9x18,1)	20
14	(512x512x113)	(22,4x15,4x13,4)	0
15	(512x512x125)	(18,8x17,7x14,7)	2
16	(512x512x155)	(20,2x17,7x20,2)	1
17	(512x512x119)	(19,8x17,4x18,9)	2
18	(512x512x074)	(22,5x15,1x18,6)	1
19	(512x512x124)	(19,5x16,5x14,2)	46
20	(512x512x225)	(20,0x16,6x16,8)	0

3.2. Processamento das Imagens

Para realizar a análise das imagens (obtidas através da base de dados), foi necessário desenvolver um fluxo de processamento que permitisse converter as imagens segmentadas em representações tridimensionais, permitindo a aplicação de análises geométricas e numéricas.

3.2.1. Etapas do processamento das imagens

Figura 2 - Fluxo do processamento das imagens



3.2.1.1. Leitura das fatias segmentadas

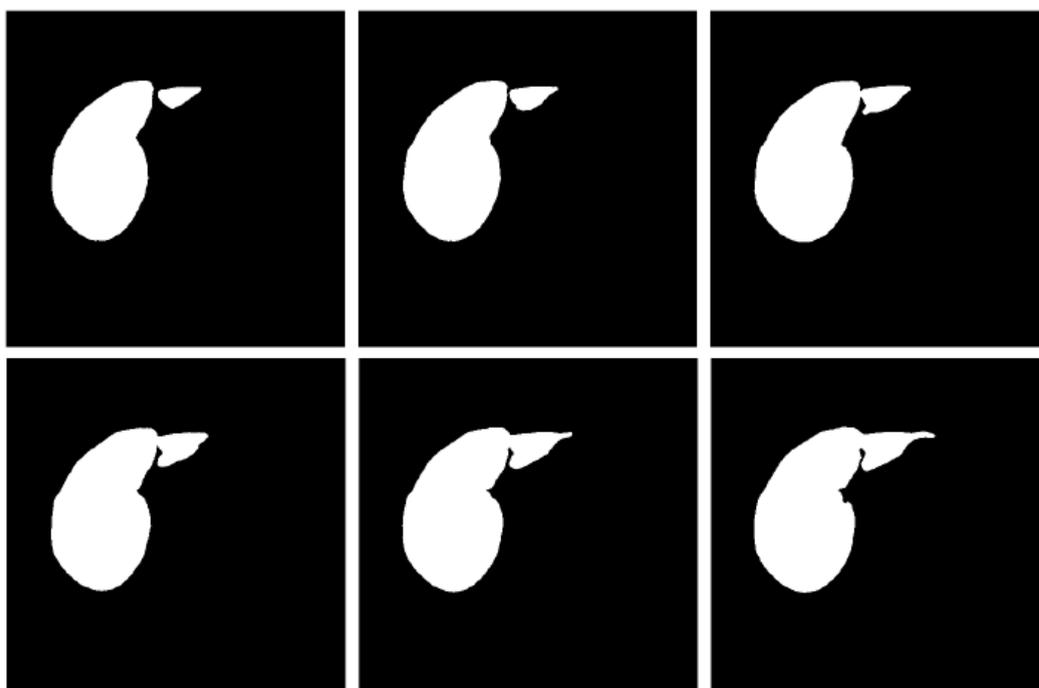
As fatias segmentadas podem ser geradas por métodos automáticos, como ferramentas de machine learning, ou por médicos radiologistas. Elas representam os limites da região de interesse, como, por exemplo, um órgão ou uma área com probabilidade de conter um tumor.

Para exemplificar o processo, foi utilizado como base as fatias segmentadas do fígado do paciente 1, conforme a imagem 1.

As fatias do fígado para o paciente 1 está digitalizada em formato DICOM, possuindo 129 arquivos, numerados de 0 a 128, onde cada arquivo corresponde a uma fatia. Abaixo a exibição gráfica das fatias

Leitura da imagem em formato DICOM do fígado do paciente, sendo 129 arquivos correspondendo a fatias de imagens, numeradas de 0 a 128. Exibição gráfica das 6 fatias centrais que correspondem ao fígado segmentado.

Figura 3 - Imagens centrais das fatias do rótulo do fígado do paciente 1



Foi desenvolvido um extrator de Tags do arquivo DICOM, para entendimento da estrutura e dimensionalidade da imagem, tendo como resultado a seguinte saída para o processamento de 1 fatia.

Tabela 2 - Detalhamento da fatia do arquivo DICOM

Tag	Descrição	Valor
0008 0060	Modalidade	CT
0018 0050	Espessura do Corte	1.6000000238418579
0018 0088	Intervalo entre Cortes	1.6000000238418579
0028 0004	Fotometria	MONOCHROME2
0028 0010	Número de Linhas	512
0028 0011	Número de Colunas	512
0028 0030	Espaçamento do Pixel	0.569999992847443\0.569999992847443
0028 0100	Bits Alocados	8

Detalhamento referente as tags capturadas:

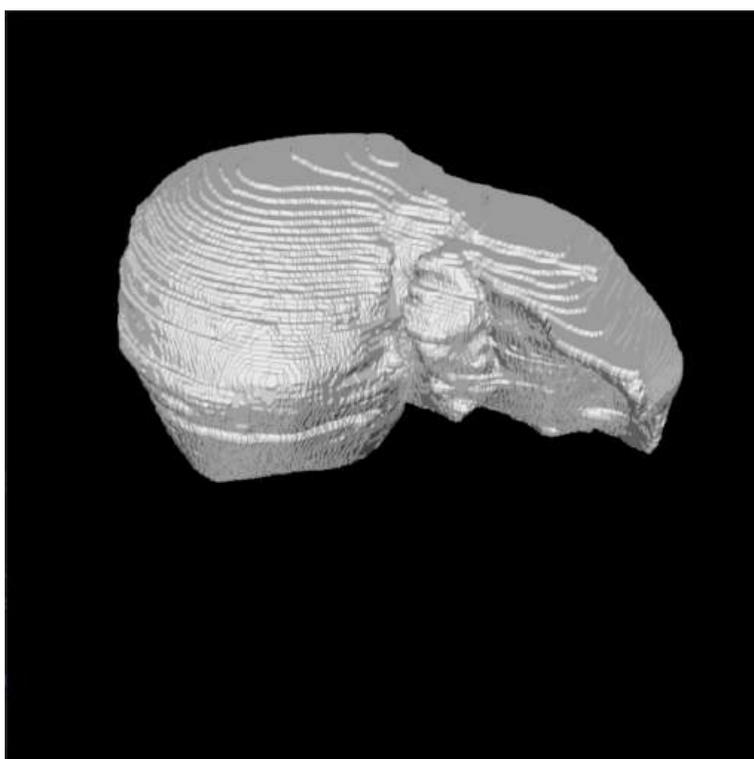
- 0008|0060 - Modalidade: Indica o tipo de exame que foi realizado. No caso, "CT" significa "Tomografia Computadorizada".
- 0018|0050 – Espessura do Corte: Indica espessura de cada "fatia" ou corte capturado durante a tomografia, em milímetros.
- 0018|0088 – Intervalo entre Cortes: Refere-se à distância entre as fatias em milímetros.
- 0028|0004 – Fotometria: Descreve como as cores são representadas na imagem.
- 0028|0010 e 0028|0011 - Número de Linhas e Colunas, respectivamente: Indicação em pixel do tamanho da imagem.
- 0028|0030 – Espaçamento do Pixel: Define a distância entre os pixels em milímetros.
- 0028|0100 – Bits Alocados: Indica quantos bits são usados para armazenar cada pixel.

3.2.1.2. Geração de modelo 3D

Para gerar o modelo tridimensional a partir de imagens segmentadas, foi necessário compor as várias camadas de rótulos utilizando como base informações da Espessura do Corte e o Espaçamento do Pixel obtido através das Tags do arquivo DICOM.

Cada fatia 2D é tratada como uma camada dentro de um espaço tridimensional. A sequência dessas camadas ao longo de um eixo gera uma matriz volumétrica em 3D. Na Imagem 2, é possível perceber a composição dessas camadas, evidenciada pelas irregularidades presentes na superfície.

Figura 4 - Representação 3D sem tratamento.

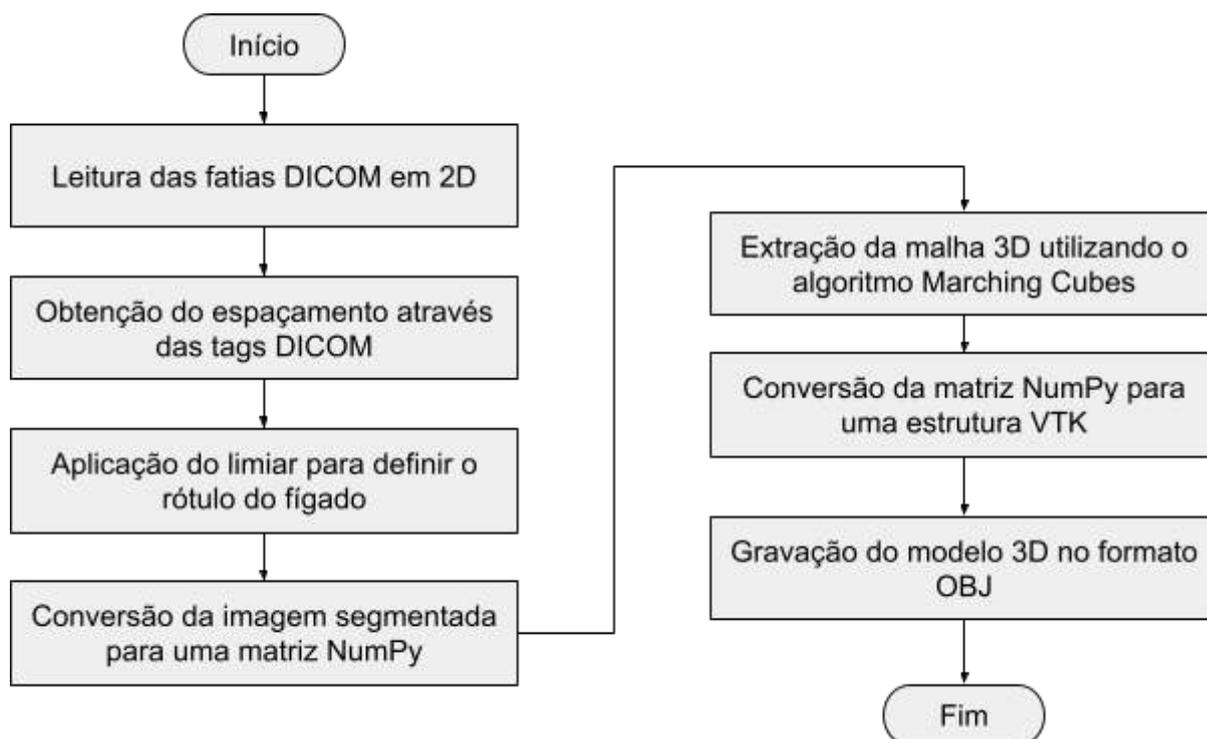


Para a geração do modelo 3D, foi desenvolvido um programa em Python que faz uso de diversas bibliotecas especializadas em processamento de imagens e visualização 3D, como SimpleITK, NumPy, scikit-image (skimage) e VTK. O programa foi projetado para processar fatias de imagens médicas no formato

DICOM e convertê-las em um modelo tridimensional no formato OBJ, que é amplamente utilizado para modelagem 3D.

Estrutura de execução do programa:

Figura 5 - Conversão de rótulos em modelo 3D.



3.2.1.3. Suavização do modelo

Após a reconstrução da superfície em 3D, o modelo poderá conter irregularidades devido a composição das camadas, que pode variar conforme a resolução do equipamento, quantidade de camadas, espaçamento entre as camadas e outras características. Para aprimorar a geometria da forma, foram aplicadas técnicas de suavização e ajuste da malha 3D, como por exemplo, suavização da superfície e interpolação (OOSTENDORP, et al., 1988).

Figura 6 - Representação 3D após correções e refinamentos.

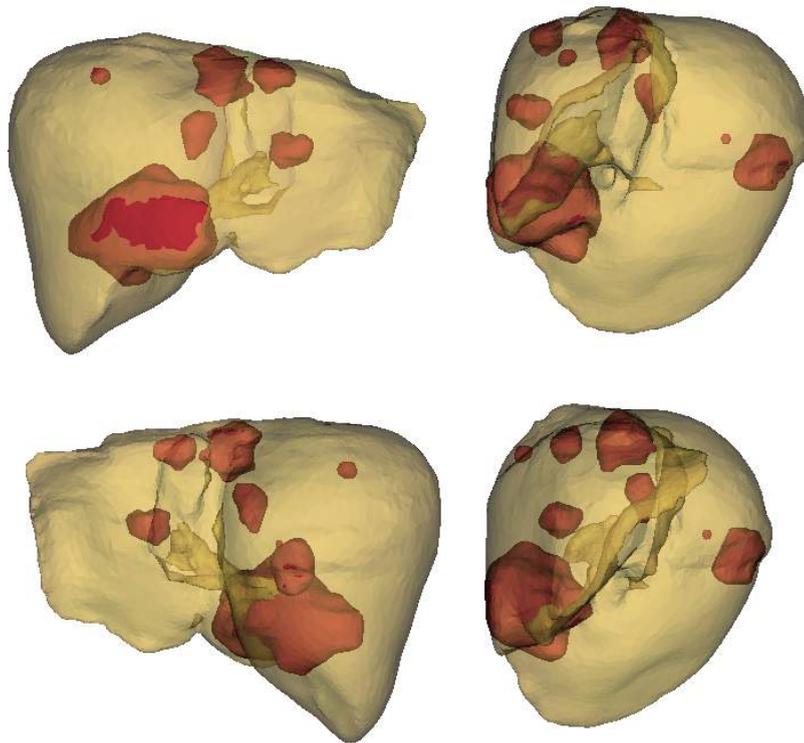


3.2.1.4. Mesclar imagens

A base de dados 3D-IRCADb-01 fornece, separadamente, a segmentação do fígado e dos tumores hepáticos. Com base nesses dados, foram gerados modelos 3D que integram os tumores ao fígado, proporcionando uma comparação entre modelos com e sem tumores.

Utilizando a ferramenta 3D Slicer, foi possível integrar os tumores (em vermelho) ao fígado (em amarelo) e ajustar a transparência, permitindo a visualização dos tumores internos.

Figura 7 - Representação 3D do fígado com os tumores integrados.



Foi desenvolvido um programa em Python para geração do modelo 3D integrando o fígado, tumores e cistos fornecidos na base de dados.

3.2.1.5. Análise

Tabela 3 - Quantidade de Modelos analisados

Tipo de Modelo	Quantidade
Fígados com Tumores	15
Fígados sem Tumores	20
Tumores Segmentados	24
Cistos	3

As seguintes características foram extraídas dos modelos:

- **Volume** (Unidade de medida em mm³)

O volume refere-se ao modelo tridimensional ocupado pelo tumor ou fígado, Esta é uma métrica fundamental para estimar a progressão da doença, avaliar a agressividade do tumor e determinar viabilidade cirúrgica. A volumetria dos tumores hepáticos é um parâmetro essencial para o planejamento cirúrgico e a avaliação da resposta ao tratamento (Llovet, 2003).
- **Área da Superfície** (Unidade de medida em mm²)

A área de superfície é a medida da extensão total da superfície do tumor ou fígado. Esta métrica pode fornecer informações sobre a complexidade da morfologia do tumor. Tumores com áreas maiores em relação ao volume, tendem a ser mais irregulares e potencialmente mais agressivos (Goyal , 2012).
- **Caixa Envoltória** (Unidade de medida em mm)

A caixa envoltória é a menor caixa retangular que contém todo o modelo 3D. Esta métrica ajuda a compreender a extensão espacial máxima do tumor e do fígado, facilitando a localização de tumores em relação à anatomia do órgão (Toriwaki, 2009).

- **Curvatura Média e Gaussiana**

Curvaturas descrevem a variação da superfície do modelo, onde a curvatura média é a média das curvaturas principais, e a curvatura gaussiana é o produto dessas curvaturas. A curvatura revela detalhes sobre a topologia do tumor, identificando regiões de maior convexidade ou concavidade, o que pode indicar agressividade. Tumores com curvaturas elevadas são mais difíceis de remover cirurgicamente (Koenderink, 1990).

- **Irregularidade da Superfície**

A irregularidade é a relação entre a área da superfície e uma área suavizada, medindo o quão “rugosa” é a superfície. Tumores com maior irregularidade podem indicar um padrão de crescimento mais invasivo e agressivo (Leroy, 2004).

- **Densidade da Malha**

A densidade da malha é a relação entre o número de vértices e a área da superfície do modelo. Ela pode ser utilizada para avaliação da precisão do modelo 3D e a qualidade da segmentação (Wang, 2017).

- **Razão Área/Volume**

Relação entre a área da superfície e o volume do modelo. Tumores com elevada razão de área para volume tendem a ter uma forma mais irregular e invasiva, o que pode ser um indicador de malignidade (Fleming, 2000).

- **Distância Radial Média** (Unidade de medida em mm)

Distância média entre os vértices da superfície do modelo e o centroide. Essa métrica reflete a distribuição dos vértices ao redor do centro do tumor, sendo útil para entender a simetria do tumor (Mantel, 2019).

- **Volume do Convex Hull** (Unidade de medida em mm³)

O volume do Convex Hull é o volume da menor forma convexa que envolve completamente o modelo 3D. Comparar o volume do tumor com o volume do Convex Hull pode indicar o grau de irregularidade do tumor (Barber, 1996).

- **Excentricidade**

A excentricidade é uma medida que compara a maior dimensão do objeto com a sua extensão total. Tumores com alta excentricidade podem ser mais invasivos ou difíceis de ressecar cirurgicamente (Shattuck, 2009).

3.3. Ferramentas e Algoritmos Utilizados

- **Linguagem de Programação Python:** Esta linguagem foi escolhida por ser uma linguagem robusta e por oferecer muitas bibliotecas para trabalhar com imagens e modelos 3D. Sua simplicidade e eficiência a tornam ideal para criar processos de análise de imagens médicas de maneira rápida.

Bibliotecas Python Utilizadas:

- **SimpleITK**

A biblioteca SimpleITK é amplamente utilizada no processamento de imagens médicas, permitindo a manipulação de volumes DICOM e a realização de operações como segmentação, filtragem e transformação de imagens. Neste trabalho, SimpleITK foi usada para a leitura e processamento de imagens DICOM, sendo fundamental para lidar com os dados volumétricos e realizar o pré-processamento das imagens antes da geração dos modelos 3D.

- **NumPy**

A biblioteca NumPy fornece suporte para a manipulação eficiente de arrays e matrizes multidimensionais, essenciais para processar os dados volumétricos em formato de matriz, como as imagens médicas em 3D. No contexto deste trabalho, NumPy foi utilizada para manipular os dados das imagens DICOM após a conversão para matrizes, facilitando operações matemáticas e análises dos atributos geométricos dos modelos.

- **scikit-image** (skimage)

A biblioteca scikit-image oferece ferramentas avançadas para o processamento de imagens. Neste trabalho, ela foi usada para a reconstrução 3D através do algoritmo Marching Cubes, que gera uma malha tridimensional a partir dos dados segmentados.

- **VTK** (Visualization Toolkit)

O VTK é uma biblioteca poderosa para visualização científica e processamento gráfico 3D. Neste trabalho, foi utilizado para a manipulação e exportação de malhas 3D, além de salvar os modelos 3D no formato OBJ, permitindo a análise e visualização em outros programas.

- **3D Slicer**

Esta é uma ferramenta de software gratuito e de código aberto utilizada para visualizar, analisar e processar dados de imagens médicas. Neste trabalho, foi utilizado para visualizar os modelos 3D gerados, permitindo uma visualização detalhada das formas segmentadas de fígados e tumores, além de ajustar a transparência e mesclar os modelos de fígado e tumores para análises visuais.

- **MeshLab**

O MeshLab é um software de código aberto utilizado para o processamento e edição de malhas 3D. Neste trabalho, ele foi utilizado para a limpeza e correção das malhas 3D, eliminando artefatos e corrigindo possíveis defeitos nas malhas geradas durante o processo de reconstrução.

- **Geomagic**

O Geomagic é uma ferramenta usada para inspeção, análise e modificação de modelos 3D. Neste trabalho, foi utilizado para refinar e suavizar as superfícies dos modelos 3D.

4. Resultados

4.1. Informações Gerais dos Modelos 3D

Para esta tabela foram considerados os atributos de Volume e Área de Superfície de fígados sem tumor(es):

Tabela 4 - Volume e área de superfície do fígado

Paciente	Fígado com Tumor		Fígado sem Tumor	
	Volume (mm ³)	Área de Superfície (mm ²)	Volume (mm ³)	Área de Superfície (mm ²)
1	1.477.213	83.436	1.585.628	101.802
2	1.601.649	89.494	1.615.218	92.761
3	1.155.636	71.558	1.162.492	73.665
4	1.233.083	83.791	1.239.927	87.267
5	2.057.901	112.836	-	-
6	1.770.263	99.324	2.182.217	166.974
7	1.411.682	101.668	-	-
8	1.596.484	106.193	1.606.366	109.853
9	1.905.616	110.707	1.969.061	120.998
10	1.607.882	87.245	1.620.296	92.329
11	1.388.752	81.828	-	-
12	1.529.719	103.694	1.689.888	119.840
13	1.465.749	92.551	1.549.692	118.888
14	1.338.525	90.700	-	-
15	1.348.059	80.351	1.349.558	81.129
16	2.099.034	108.585	2.104.617	110.190
17	1.838.052	109.375	1.998.577	129.585
18	1.663.970	103.957	1.670.039	105.996
19	1.137.071	75.060	1.197.796	98.550
20	1.761.045	98.408	-	-

Tabela 5 - Volume e área de superfície do fígado - Estatística

Medida Estatística	Fígado sem Tumor		Fígado com Tumor	
	Volume (mm³)	Área de Superfície (mm²)	Volume (mm³)	Área de Superfície (mm²)
Mínimo	1.137.071	71.558	1.162.492	73.665
Máximo	2.099.034	112.836	2.182.217	166.974
Média	1.569.369	94.538	1.636.091	107.322
Desvio Padrão	268.837	12.282	308.881	22.080

Tabela 6 - Volume e área de superfície dos tumores

Paciente	Volume (mm³)	Área de Superfície (mm²)
1	9.764	2.466
1	2.578	965
1	2.381	954
1	82.606	10.523
1	3.545	1.211
1	7.151	1.936
1	349	248
2	13.569	3.267
3	6.856	2.108
4	6.844	3.476
6	411.954	67.650
8	5.268	1.572
8	4.099	1.681
8	514	407
9	58.510	8.730
10	12.414	5.084
12	160.169	16.146
13	83.943	26.336
15	1.499	778
16	5.583	1.606
17	83.854	10.149
17	76.670	10.062
18	6.070	2.039
19	59.261	21.806

Tabela 7 - Volume e área de superfície dos tumores - Estatística

Medida Estatística	Volume (mm ³)	Área de Superfície (mm ²)
Mínimo	349	248
Máximo	411.954	67.650
Média	46.060	8.383
Desvio Padrão	86.332	14.127

4.2. Características de Curvatura

Tabela 8: Características de Curvatura do fígado

Paciente	Presença de Tumor	Curvatura Média	Curvatura Gaussiana	Variância da Curvatura	Assimetria da Curvatura	Curtose da Curvatura
1	Não	0,236	11,980	23,735	21,709	491,176
1	Sim	0,196	6,543	12,954	29,374	902,361
2	Não	0,022	0,035	0,120	35,278	2.132,215
2	Sim	0,047	0,030	0,118	-29,494	1.658,210
3	Não	0,019	0,004	0,017	-1,632	20,480
3	Sim	0,044	0,007	0,024	-0,191	10,730
4	Não	-1,198	240,009	493,587	-18,889	364,901
4	Sim	-0,548	127,760	263,030	-25,965	690,623
5	Não	-0,008	0,001	0,011	-5,715	103,479
6	Não	0,001	-0,001	0,011	-3,322	29,476
6	Sim	0,054	0,005	0,033	-11,755	544,662
7	Não	0,019	0,000	0,005	-0,597	9,608
8	Não	0,024	0,003	0,028	-1,823	48,405
8	Sim	0,148	3,167	6,347	42,659	1.916,987
9	Não	-0,017	5,160	9,637	0,822	561,601
9	Sim	0,072	5,177	9,676	8,370	561,759
10	Não	0,002	0,003	0,015	-5,031	131,477
10	Sim	0,123	0,034	0,065	2,056	20,245
11	Não	-0,054	1,676	4,321	-32,487	1.080,538
12	Não	0,218	13,137	21,886	21,713	479,109
12	Sim	0,157	7,888	13,190	27,923	797,147
13	Não	-0,001	0,007	0,024	-3,057	27,620
13	Sim	0,123	0,027	0,066	1,463	13,732
14	Não	0,020	0,001	0,012	-0,180	12,610
15	Não	0,024	0,003	0,010	-0,406	11,300
15	Sim	0,066	0,016	0,032	2,490	14,107
16	Não	0,006	0,002	0,010	-3,377	48,022
16	Sim	0,039	0,006	0,017	0,137	19,505
17	Não	-0,016	0,002	0,021	-6,020	73,187
17	Sim	0,010	0,000	0,019	-4,671	63,233
18	Não	-0,109	2,540	5,425	-28,054	957,875
18	Sim	-0,041	1,798	3,859	-33,110	1.341,926
19	Não	0,010	0,205	0,400	-30,293	974,864
19	Sim	0,137	0,165	0,326	-21,755	885,412
20	Não	0,053	2,266	4,347	36,804	1.416,084

Tabela 9: Características de Curvatura do fígado - Estatística

Medida Estatística	Presença de Tumor	Curvatura Média	Curvatura Gaussiana	Variância da Curvatura	Assimetria da Curvatura	Curtose da Curvatura
Mínimo	Não	-1,198	-0,002	0,005	-32,487	9,608
Mínimo	Sim	-0,548	0,000	0,017	-33,110	10,730
Média	Não	-0,037	13,851	28,181	-1,228	448,701
Média	Sim	0,042	10,175	20,650	-0,831	629,376
Máximo	Não	0,236	240,009	493,587	36,804	2.132,215
Máximo	Sim	0,196	127,760	263,030	42,659	1.916,987
Desvio Padrão	Não	0,277	52,021	106,992	18,387	570,973
Desvio Padrão	Sim	0,169	31,533	64,951	21,305	611,647

Tabela 10: Características de Curvatura dos tumores

Paciente	Tumor*	Curvatura Média	Curvatura Gaussiana	Variância da Curvatura	Assimetria da Curvatura	Curtose da Curvatura
1	1	0,139	0,023	0,030	2,204	9,345
1	2	0,155	0,025	0,018	1,781	6,005
1	3	0,174	0,031	0,023	1,668	4,225
1	4	0,052	0,003	0,007	0,271	2,689
1	5	0,146	0,022	0,020	1,822	7,323
1	6	0,112	0,012	0,010	1,244	4,668
1	7	0,260	0,064	0,030	1,290	4,049
2	1	0,130	0,017	0,058	0,612	3,251
3	1	0,141	0,018	0,038	0,554	0,768
4	1	0,224	0,060	0,070	2,767	24,351
6	1	0,075	0,007	0,041	-12,189	512,220
8	1	0,141	0,020	0,029	1,199	2,480
8	2	0,207	0,046	0,076	1,949	9,984
8	3	1,031	40,869	80,871	11,853	145,469
9	1	0,373	10,406	19,365	16,483	279,271
10	1	0,220	0,059	0,084	2,011	14,631
12	1	0,073	-0,044	0,216	3,544	39,171
13	1	0,172	0,034	0,074	1,602	12,276
15	1	0,237	0,067	0,083	1,294	3,482
16	1	0,128	0,018	0,025	1,521	5,673
17	1	0,057	0,004	0,008	0,982	2,912
17	2	0,063	0,005	0,015	0,732	3,857
18	1	0,120	0,017	0,062	0,086	0,112
19	1	0,255	0,075	0,064	4,617	37,527

* A base de dados não dispõe de segmentação de todos os tumores conforme descrito na tabela 1.

Tabela 11: Características de Curvatura dos tumores - Estatística

Medida Estatística	Curvatura Média	Curvatura Gaussiana	Variância da Curvatura	Assimetria da Curvatura	Curtose da Curvatura
Mínimo	0,052	-0,044	0,007	-12,189	0,112
Média	0,195	2,161	4,221	2,079	47,322
Máximo	1,031	40,869	80,871	16,483	512,220
Desvio Padrão	0,190	8,333	16,441	4,717	114,036

5. Discussão

5.1. Interpretação dos Resultados

Os resultados obtidos ao longo da análise geométrica de tumores do fígado revelaram informações importantes para a compreensão da estrutura do tumor. A análise geométrica, ao explorar características como volume, área de superfície, irregularidade da superfície e curvatura, ofereceu uma perspectiva quantitativa sobre a estrutura dos tumores e fígados segmentados, complementando as informações fornecidas por métodos de segmentação manuais ou automatizados.

Uma das observações mais claras foi a diferença significativa nas medidas entre fígados com e sem tumores. Por exemplo, o volume médio dos fígados sem tumores foi de $1.569.369 \text{ mm}^3$, enquanto o volume médio dos fígados com tumores foi de $1.636.091 \text{ mm}^3$. Embora essa diferença não seja extrema, ela sugere que os fígados com tumores tendem a ser um pouco maiores em termos de volume, apesar de os tumores hepáticos serem predominantemente internos.

No entanto, a média da área de superfície dos fígados com tumores foi de 107.322 mm^2 , enquanto nos fígados saudáveis foi de 94.538 mm^2 , o que indica que a presença de tumores tende a aumentar a complexidade e irregularidade da superfície do fígado.

5.2. Limitações do Estudo

O número de amostras disponíveis foi uma limitação. Apesar de a base de dados ser bem conhecida, o número de fígados com tumores analisados foi pequeno, o que pode limitar a aplicação dos resultados para um grupo maior de pacientes. Isso também restringiu a possibilidade de fazer análises mais detalhadas sobre as características geométricas dos tumores.

Para evitar o aumento da complexidade da análise, optou-se por não utilizar imagens de outras bases de dados. Cada base de dados possui características diferentes, como resolução das imagens, espaçamento entre pixels, e variações na captura, o que exigiria um processo de equalização entre os dados antes de poder realizar a análise geométrica. Esse processo de equalização incluiria a necessidade de ajustar a resolução das imagens, normalizar o espaçamento entre pixels e garantir a compatibilidade nos formatos de arquivo e nas informações associadas aos exames.

Além disso, seria necessário aplicar técnicas de pré-processamento para alinhar e padronizar os dados, o que poderia introduzir novos erros e incertezas na análise. Tais procedimentos não apenas demandam um maior esforço de desenvolvimento, mas também poderiam comprometer a consistência dos resultados. Ao limitar a análise a uma única base de dados com características homogêneas, foi possível garantir maior controle sobre as variáveis e focar na qualidade da análise geométrica pós-segmentação, evitando a introdução de potenciais distorções que pudessem prejudicar a interpretação dos resultados.

6. Referências

[1] OH, T., JUN, C. Advances in liver cancer diagnosis: The role of imaging and segmentation techniques. *Journal of Medical Imaging and Health Informatics*, 2023, 13(4), 475-490.

[2] BROSCH, T., TAM, R. Segmentation of medical images using deep learning techniques: A review. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2013, 32(2), 227-239.

[3] YAN, W., WANG, Y., XU, H., ZHAO, Y. Deep learning in liver cancer imaging: A comprehensive review. *Computers in Biology and Medicine*, 2017, 89, 335-345.

[4] ZHU, H., LIU, Q., FENG, J. Data augmentation for improving performance in medical image segmentation. *Medical Image Analysis*, 2019, 54, 193-202.

[5] ZHOU, Z., SIDDIQUEE, M.M.R., TAJBAKHSI, N., LIANG, J. UNet++: A nested U-Net architecture for medical image segmentation. *Medical Image Analysis*, 2018, 55, 11-21.

[6] LLOVET, J.M., BURROUGHS, A., BRUIX, J. Hepatocellular carcinoma. *The Lancet*, 2003, 362(9399), 1907-1917.

[7] GOYAL, L., et al. Multimodal analysis of surface irregularity in tumors. *Journal of Hepatology*, 2012, 56(1), 25-32.

[8] TORIWAKI, J., YAMASHITA, A. Computation of surface characteristics from voxel data in medical imaging. *Computers in Biology and Medicine*, 2009, 39(4), 302-309.

[9] KOENDERINK, J.J. *Solid Shape*. MIT Press, 1990.

[10] LEROY, P. Quantitative assessment of tumor surface irregularity and its clinical implications. *Journal of Oncology Research*, 2004, 23(3), 44-53.

[11] WANG, Y., GUO, G., LI, X. Mesh analysis for 3D medical image segmentation. *Medical Physics*, 2017, 44(6), 2119-2128.

[12] FLEMING, I.N., et al. Correlation of surface area to volume ratio with tumor aggressiveness. *British Journal of Radiology*, 2000, 73(866), 1105-1112.

[13] MANTEL, N. A geometric approach to understanding tumor morphology. *Journal of Applied Statistics*, 2019, 46(8), 1523-1535.

[14] BARBER, C.B., DOBKIN, D.P., and HUH-DAN, H.T. The convex hull algorithm for tumor segmentation. *ACM Transactions on Mathematical Software*, 1996, 22(4), 469-483.

[15] SHATTUCK, D.W., LEAHY, R.M. Surface curvature measures in tumor analysis. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2009, 28(4), 781-795.

7. Apêndice

```

==== Início - leitura_tags_dicom.py ====

# leitura_tags_dicom.py
# Leitura de tags DICOM

import SimpleITK as sitk

# Leitura do arquivo para extração das tags
arquivo = 'liver/image_0'

reader = sitk.ImageFileReader()
reader.SetFileName(arquivo)
reader.LoadPrivateTagsOn()
reader.ReadImageInformation()

# Definição das tags

# Detalhamento das tags disponível em: https://www.dicomlibrary.com/dicom/dicom-tags/
tags = {
    "0008|0060": "Modalidade",
    "0018|0050": "Espessura do Corte",
    "0018|0088": "Intervalo entre Cortes",
    "0028|0004": "Fotometria",
    "0028|0010": "Número de Linhas",
    "0028|0011": "Número de Colunas",
    "0028|0030": "Espaçamento do Pixel",
    "0028|0100": "Bits Alocados",
}

# Leitura das tags
for tag, descricao in tags.items():
    valor = reader.GetMetaData(tag)
    print(f"{descricao} ({tag}): {valor}")

==== Fim - leitura_tags_dicom.py ====
==== Início - gerar_modelo_3d.py ====

import SimpleITK as sitk
import numpy as np
from skimage import measure
import vtk

# Carregar as fatias da pasta que contém os arquivos DICOM
leitador = sitk.ImageSeriesReader()
figado_dicom = leitador.GetGDCMSeriesFileNames('liver')
leitador.SetFileNames(figado_dicom)
imagem_dicom = leitador.Execute()

# Obter o espaçamento dos eixos a partir das tags DICOM
espacamento = imagem_dicom.GetSpacing()

# Definição dos limites do figado (rótulo branco)
mascara_figado = sitk.BinaryThreshold(imagem_dicom, lowerThreshold=200, upperThreshold=255,
insideValue=1, outsideValue=0)
# Converter a imagem SimpleITK para uma matriz NumPy
mascara_figado_array = sitk.GetArrayFromImage(mascara_figado)
# Usar o algoritmo Marching Cubes para extrair a malha de superfície
vertices, faces, normais, valores = measure.marching_cubes(mascara_figado_array, level=0)
# Ajuste de vértices
vertices *= espacamento[::-1]

# Converter os arrays NumPy para estruturas VTK
pontos = vtk.vtkPoints()
for vertice in vertices:
    pontos.InsertNextPoint(vertice)

# Criar a malha

```

```

malha = vtk.vtkPolyData()
malha.SetPoints(pontos)

# Adicionar triângulos à malha
triangulos = vtk.vtkCellArray()
for face in faces:
    triangulo = vtk.vtkTriangle()
    for i in range(3):
        triangulo.GetPointIds().SetId(i, face[i])
    triangulos.InsertNextCell(triangulo)
malha.SetPolys(triangulos)

# Gravar a malha no formato OBJ usando a biblioteca VTK
modelo3d = vtk.vtkOBJWriter()
modelo3d.SetFileName('modelo_figado.obj')
modelo3d.SetInputData(malha)
modelo3d.Write()

===== Fim - gerar_modelo_3d.py =====

===== Início - mesclar_modelos_obj.py =====

import trimesh
import os

# Definição das pastas de entrada e saída
pasta_entrada = 'OBJ'
pasta_saida = 'OBJ'

arquivo_entrada_1 = '01-liver.obj'
arquivo_entrada_2 = '01-liverkyste.obj'
arquivo_entrada_3 = '01-livercyst.obj'
arquivo_entrada_4 = '01-livertumors.obj'
arquivo_entrada_5 = '01-livertumor03.obj'
arquivo_entrada_6 = '01-livertumor04.obj'
arquivo_entrada_7 = '01-livertumor05.obj'
arquivo_entrada_8 = '01-livertumor06.obj'
arquivo_entrada_9 = '01-livertumor07.obj'

arquivo_saida = '01-liver_w_tumor.obj'

# Carregar os objetos
mesh1 = trimesh.load(os.path.join(pasta_entrada, arquivo_entrada_1))
mesh2 = trimesh.load(os.path.join(pasta_entrada, arquivo_entrada_2))
mesh3 = trimesh.load(os.path.join(pasta_entrada, arquivo_entrada_3))
mesh4 = trimesh.load(os.path.join(pasta_entrada, arquivo_entrada_4))
mesh5 = trimesh.load(os.path.join(pasta_entrada, arquivo_entrada_5))
mesh6 = trimesh.load(os.path.join(pasta_entrada, arquivo_entrada_6))
mesh7 = trimesh.load(os.path.join(pasta_entrada, arquivo_entrada_7))
mesh8 = trimesh.load(os.path.join(pasta_entrada, arquivo_entrada_8))
mesh9 = trimesh.load(os.path.join(pasta_entrada, arquivo_entrada_9))

# Mesclar objetos
merged_mesh = trimesh.util.concatenate([mesh1,
                                        mesh2,
                                        mesh3,
                                        mesh4,
                                        mesh5,
                                        mesh6,
                                        mesh7,
                                        mesh8,
                                        mesh9,
                                        ])

# Gravar objetos em um novo arquivo OBJ
merged_mesh.export(os.path.join(pasta_entrada, arquivo_saida))

===== Fim - mesclar_modelos_obj.py =====

```