

**Artigo Original**

recebido em 25/04/2000 e aceito em 10/04/2001

**Correspondência de pontos em  
seqüência de artérias coronárias**

---

*Correspondence of points in  
sequence of coronary arteries*

**A.C. Santos**

Instituto do Coração (InCor)  
HC-FMUSP - Serviço de Informática  
Av. Dr. Enéas de Carvalho Aguiar, 44  
05403-000, São Paulo, SP  
Fone (011)3069-5544  
Fax (011)3069-5311  
Ana.Santos@incor.usp.br

**S. S. Furuie**

Instituto do Coração (InCor),  
HC-FMUSP - Serviço de Informática  
Av. Dr. Enéas de Carvalho Aguiar, 44  
05403-000, São Paulo, SP  
Fone (011)3069-5544  
Fax (011)3069-5311  
Sergio.Furuie@incor.usp.br

**Resumo**

Nos últimos vinte anos, a análise de movimento tem sido um problema importante em imagens médicas. Em imagens cardíacas, um dos objetivos, por exemplo, é análise de movimento não rígido e a estimativa das características de deformação das artérias coronárias. Este trabalho mostra uma metodologia para o problema de correspondência de pontos em movimento não rígido das artérias coronárias. Ele está baseado em um problema de otimização que assume que o contorno da coronária não muda sua forma instantaneamente. Quando um objeto é adquirido por um equipamento de imagem em uma amostragem temporal alta, o movimento entre quadros será pequeno para uma translação, uma rotação e uma deformação do objeto. Correspondência de pontos de vasos é realizada usando dois quadros sucessivos e está baseado na minimização de uma medida de deformação entre as curvas. A função custo considera vetor disparidade entre pontos mapeados e informação de curvatura. Programação dinâmica é utilizada como estratégia de busca do mapeamento ótimo. São apresentados os resultados do método aplicado a imagens sintéticas e reais. Avaliações realizadas com dados simulados fornecem resultados muito bons, com erro médio quadrático menor do que um pixel. Em imagens de angiografia de raios X da coronária, a inspeção visual das posições dos pontos detectados mostra que os resultados são bastante promissores. Contudo, avaliações exaustivas do método proposto sobre numerosos conjuntos de dados reais são necessárias para posterior utilidade clínica em estudos cardíacos.

**Palavras-chave:** Análise de forma, Estimativa de movimento, Matching de contornos, Programação dinâmica.

**Abstract**

*Motion analysis has been an important problem in medical imaging for the past two decades. One of the goals in cardiac imaging, for instance, is to analyze non-rigid motion and estimate the deformation characteristics of the coronary arteries. This paper shows a methodology for the problem of point correspondences in non-rigid motion of coronary arteries. It is based on an optimization problem that assumes that the coronary contour cannot change its shape instantaneously. When a translating, rotating and deforming object is imaged at high temporal sampling rates, the motion that occurs between image frames will be small. Points of correspondence of vessels is carried out using two successive frames based on the minimization of*

deformation measurements between the curves. The function cost considers a displacement vector of corresponding matched points and curvature information. The search strategy for optimal matching is carried out using dynamic programming. Results of the method applied to real and synthetic images have demonstrated the robustness, accuracy and efficiency of the proposed method. Evaluation of the proposed approach on simulated data yielded very good results, with a root mean square error of less than one pixel. In X-ray coronary angiographic images, visual inspection of the detected pairs of points shows that the results are very encouraging. However, extensive testing of the proposed algorithm on numerous real data sets is needed to assess its clinical usefulness in cardiac studies.

**Keywords:** Contour matching, Dynamic programming, Motion estimation, Point correspondence, Shape analysis.

### Introduction

Motion analysis has been an important problem in medical imaging for the past two decades. Motion estimation becomes necessary in the following situations: a) scenes are acquired for the same body region from different modalities, but joint analysis is required; b) scenes acquired for a given body region are to be matched to a computerized atlas for the same body region; c) in several interventional procedures; d) scenes are acquired for the same body region using the same modality for different time instances (Udupa, 2000).

The particular problem that we deal with is the last situation, more precise estimation of blood flow from X-ray angiographic sequences. However, compensation for the movement of vascular structure is necessary in order to estimate blood flow more precisely.

The objective of this work is to estimate correspondence of points between skeletons of coronary arteries in successive frames. Additional difficulties arise since the curves are open and there is no clue about the correspondence of the initial point. The method minimizes a cost function that takes into account the relative deformation and curvature. The minimization of this deformation measure over the possible correspondences is carried out using dynamic programming.

### Methodology

The approach to finding the correspondence of points between a reference curve and target curve is based upon several important assumptions. Firstly, it is assumed that the angiographic sequences have been segmented and their corresponding skeletons (central lines of the vessels) in a region of the interest have been obtained. Secondly, it is assumed that the coronary contour cannot change its shape instantaneously. High temporal sampling rates can assure those possible translations, rotations and deformations between image frames are small. Finally, it is assumed that the coronary skeletons can be described as an ordered sequence of pixels.

The function cost (equation 1) considers a displacement vector of corresponding matched points (Figure 1) and curvature (equation 2). For the curvature term, the difference between the cosines of local change of direction was used. The search strategy for optimal matching is carried out using dynamic programming, which provides optimality and numerical stability.

For the parameterization of the curves, three distance definitions were utilized: Euclidean distance, 4-distance or city-block and 8-distance or chessboard.

### Results

Two sets of experiments were conducted in order to evaluate the success of the proposed method: a) using synthetic (numerical simulation) skeletons; b) using actual X-ray angiographic data.

For the synthetic case, Euclidean distance was used to parameterize the curves. The discretization step was set to 6 units in the reference curve and 1 in the target curve, as shown in Figures 4 and 5.

In order to evaluate the correctness of mapping, the root mean squared errors were calculated and are shown in Table 1 for various parameters of geometric transformation (translation, rotation, shear and combinations). It can be noticed that the error is smaller than one pixel. This error is due mainly to the sensitivity of the cost function to the parameterization of the curves.

For the case of actual X-ray angiographic images, the evaluation was subjective and presented good results. Euclidean distance and 8-distance or chessboard were used for parameterization and the discretization step was set to 15 in the reference curve and 1 in the target curve. Results of the method on real images are given in Figures 7 and 8.

### Conclusions and discussion

The proposed technique maps corresponding points of curves in two successive frames based on minimization of a cost function that encompasses relative displacement and curvature.

Evaluation of the proposed approach on simulated data yielded very good results, with root mean square errors of less than one pixel. Preliminary tests on actual X-ray data presented also encouraging results.

The values of the weights ( $w_1$ ,  $w_2$  in equation 1) were fixed to one in both cases. Further work is needed to establish a reasonable criterion for the weights. However, the experiments so far have shown that the error varies little over a range of weights ( $w_2/w_1$  varying from 0.1 to 30).

Finally, extensive testing of the proposed algorithm on numerous real data sets is needed to assess its clinical usefulness in cardiac studies.

## Introdução

Nas duas últimas décadas a análise de movimento tem se tornado um problema de fundamental importância em imagens médicas. As aplicações de estimativa de movimento são necessárias, por exemplo, em situações diversas tais como: a) cenas adquiridas da mesma região do corpo por modalidades diferentes; b) cenas adquiridas de uma região do corpo mapeadas para um atlas computadorizado da mesma região; c) em alguns procedimentos intervencionistas; d) alinhamento de imagens da mesma modalidade para diferentes instantes de tempo (Udupa, 2000).

Tem-se concentrado esforços na análise de imagens coronarianas obtidas a partir de angiografia de raios X a fim de quantificar o fluxo sanguíneo nos vasos principais. Contudo, é necessário medir o movimento dos próprios vasos entre quadros sucessivos na seqüência de imagens e removê-lo, permitindo uma medida mais precisa do fluxo sanguíneo.

A fim de estimar o movimento das artérias coronárias assume-se que a seqüência de imagens angiográficas tem sido segmentada e obtida a linha central da artéria em uma região de interesse em cada quadro da seqüência. Assim o problema torna-se encontrar correspondências não rígidas entre duas curvas abertas em quadros sucessivos sem o conhecimento da correspondência do ponto inicial.

O objetivo deste trabalho é estimar o movimento de uma curva em outra subsequente, procurando as correspondências entre os pixels da curva referência no primeiro quadro e da curva destino no segundo quadro. Para isto define-se uma função custo que mede esta deformação e utiliza-se um método de otimização para encontrar o mínimo global. Programação dinâmica foi o método adotado para a minimização dessas curvas deformáveis, pois apresenta algumas vantagens tais como a convergência para um mínimo global e estabilidade numérica. Outros autores têm utilizado este mesmo método para a estimativa de movimento de estruturas de interesse em seqüências de imagens. (Maître e Wu, 1989; Tom e Efstratiadis, 1994; Geiger *et al.*, 1995).

## Metodologia

O problema de encontrar correspondências entre pares de pontos de curvas sucessivas constitui-se na minimização de uma função objetiva que avalie quão bem uma dada correspondência acompanha as deformações encontradas, ou seja, que a função faça corresponder pares de pontos que representem regiões de alta curvatura e regiões mais suaves.

Na formulação da função objetiva ou função custo considera-se que o movimento entre as coronárias tem pequeno grau de deformação, ou seja assume-se que a taxa de amostragem temporal é suficientemente alta. Assume-se também que a seqüência de imagens tenha sido previamente segmentada, e que a linha central ou esqueleto das artérias correspondentes tenha sido obtida. As curvas ou esqueletos devem ser expressas como uma seqüência ordenada de pixels conectados.

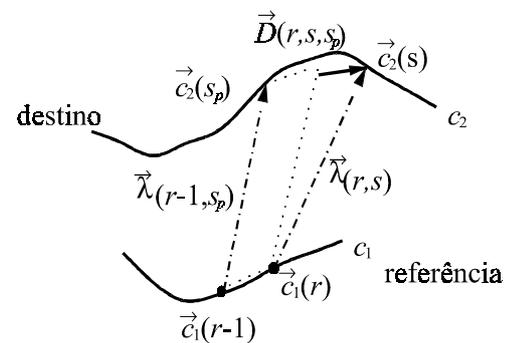
Considera-se os pixels das imagens binárias dos esqueletos descritos por sua localização espacial. Então, as imagens binárias bidimensionais dos esqueletos podem ser parametrizadas em funções unidimensionais. Então, dado  $\vec{c}_1(r) = [x_1(r), y_1(r)]$ ,  $r = 1, \dots, L_1$ , a curva referência na primeira imagem esqueleto, e  $\vec{c}_2(s) = [x_2(s), y_2(s)]$ ,  $s = 1, \dots, L_2$ , a curva destino na segunda imagem esqueleto, parametrizadas pelo seu comprimento de arco, em que:

- $L_1$  e  $L_2$ : são o número de amostras após a parametrização da imagem binária referência e destino, respectivamente.
- $x_k(i)$  e  $y_k(i)$  descrevem as posições horizontais e verticais do  $i$ -ésimo ponto da curva  $\vec{c}_k(i)$ .

Assume-se que o comprimento de  $\vec{c}_1(r)$  é menor do que o comprimento de  $\vec{c}_2(s)$ .

Seja  $M$ , a função mapeamento ou correspondência entre os pontos de  $\vec{c}_1(r)$  e  $\vec{c}_2(s)$ , tal que  $s = M(r)$ . Assim  $s_p$  é um possível predecessor de  $s$ , ou seja,  $s_p = M(r-1)$ .

Seja,  $\vec{\lambda}(r, s)$  o vetor diferença entre um ponto na curva referência e outro na curva destino:  $\vec{\lambda}(r, s) = \vec{c}_2(s) - \vec{c}_1(r)$  Figura 1.



**Figura 1.** Medida de deformação  $\vec{D}(r, s, s_p)$  considerando os nós  $(r-1, s_p)$  e  $(r, s)$ . **Figure 1.** Deformation measure  $(r-1, s_p)$ , considering nodes  $(r-1, s_p)$  and  $(r, s)$ .

Seja  $\bar{D}_r = \bar{D}(r, s, s_p) = \bar{\lambda}(r, s) - \bar{\lambda}(r-1, s_p)$  o vetor disparidade entre os dois pontos, ou diferença entre vetores sucessivos, usado para representar as mudanças na localização de um pixel entre quadros subseqüentes.

Define-se a função custo  $C(r-1, s_p, r, s)$ , o custo de se ir da correspondência  $[\bar{c}_1(r-1), \bar{c}_2(s_p)]$  para a correspondência  $[\bar{c}_1(r), \bar{c}_2(s)]$  como:

$$C(r-1, s_p, r, s) = w_1 \cdot \frac{\|\bar{D}_r\|}{\|\bar{c}_1(r) - \bar{c}_1(r-1)\|} + w_2 \cdot \|\kappa_2(s) - \kappa_1(r)\| \quad (1)$$

O primeiro termo da função custo, representa a diferença entre vetores sucessivos  $\bar{D}_r$ , normalizada pela distância entre pontos na curva referência, onde  $\|\cdot\|$  representa a norma Euclidiana e os parâmetros  $w_1$  e  $w_2$  são os pesos que irão impor uma maior ou menor importância a cada um desses termos da função custo.

O segundo termo da função custo é uma medida de curvatura dos contornos e coincide com as mudanças na inclinação, considerada como o cosseno do ângulo  $\theta$  entre dois vetores sucessivos, originário da definição de produto interno entre dois vetores. A definição para a curvatura da curva referência no ponto  $r$  é dada por:

$$\kappa(r) = \cos \theta_r = \frac{(\bar{c}_1(r) - \bar{c}_1(r-1)) \cdot (\bar{c}_1(r-1) - \bar{c}_1(r))}{\|(\bar{c}_1(r) - \bar{c}_1(r-1))\| \cdot \|(\bar{c}_1(r-1) - \bar{c}_1(r))\|} \quad (2)$$

A curvatura  $\kappa_2(s)$  é definida analogamente.

Com o objetivo de aumentar a velocidade no processo de busca da solução ótima, algumas restrições são impostas (Geiger *et al.*, 1995):

- Existência: todo ponto da curva referência possui um ponto correspondente na curva destino, ou seja,  $\forall r, \exists s / \bar{c}_1(r) \rightarrow \bar{c}_2(s)$ .
- Monotonicidade: a ordem da curva é preservada:  $\bar{c}_1(r) \rightarrow \bar{c}_2(s) \Rightarrow \bar{c}_1(r+1) \rightarrow \bar{c}_2(k), k > s$

Esta restrição reduz o espaço das possíveis soluções na busca da solução ótima, empregando-se a programação dinâmica (Figura 2).

Programação dinâmica é um método rápido para resolver problemas de otimização multivariável não linear. A técnica é baseada no princípio de separabilidade, onde um problema multi-estágio é dividido em uma seqüência de problemas de estágio único (Dreyfus e Law, 1977).

Pode-se visualizar programação dinâmica como um grafo, procurando-se um caminho ótimo em uma rede de nós no plano  $rs$ , com os eixos sendo as seqüências ordenadas de pixels  $c_1$  e  $c_2$ . Programação

dinâmica encontra o menor custo ao final de cada nó para cada estágio  $r$ , em que  $r=1, \dots, L_1$  e a partir do custo mínimo no último estágio  $r=L_1$  obtém-se o caminho ou a solução ótima global.

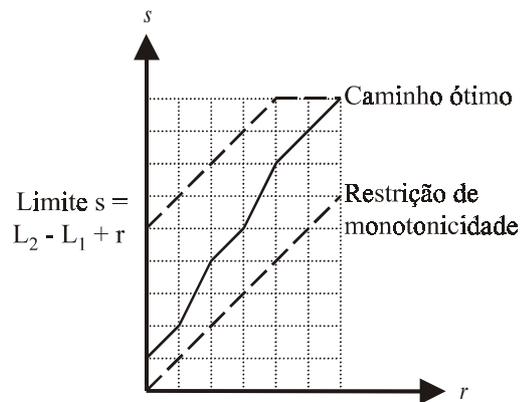
Programação dinâmica é resolvida por otimização passo a passo de  $L_1$  ao longo do eixo  $r$ . Iniciando no passo  $r=1$ , o custo é avaliado, de acordo com a função custo dada, para todos os possíveis pares  $[c_1(1), c_2(s)]$ ,  $s=1, \dots, L_2 - L_1 + r$ .

Para os passos subseqüentes  $r(r \geq 2)$ , é determinado o caminho de custo cumulativo mínimo ao final de cada nó  $[c_1(r), c_2(s)]$  para  $s=r, \dots, L_2 - L_1 + r$  encontrando-se o custo de ligar este nó a todo nó do estágio anterior  $[c_1(r-1), c_2(s_p)]$ ,  $s_p=r-1, \dots, s$ .

Seja  $C(r-1, s_p, r, s)$ , o custo elementar ou o custo  $[c_1(r-1), c_2(s_p)]$  com o nó do estágio atual  $[c_1(r), c_2(s)]$ . Seja  $Cost(r, s)$  o custo cumulativo mínimo ao final do caminho até neste nó  $[c_1(r), c_2(s)]$ . O custo do passo  $C(r-1, s_p, r, s)$  é adicionado a  $Cost(r-1, s_p)$  e desta forma, a soma fornece o custo cumulativo  $Q(r-1, s_p, r, s)$  restrito ao nó  $(r-1, s_p)$ .

Para todo nó  $[c_1(r), c_2(s)]$  no estágio  $r$ , tem-se  $L_2 - L_1 + r$  custos cumulativos  $Q(r-1, s_p, r, s)$ , em que  $s_p=r-1, \dots, s$ . Assim, o  $Cost(r, s)$  é encontrado tomando-se o mínimo de todos  $Q(r-1, s_p, r, s)$ :

$$\begin{aligned} Cost(r, s) &= \min_{s_p=r-1, \dots, s} \{Q(r-1, s_p, r, s)\} \\ &= \min_{s_p=r-1, \dots, s} \{Cost(r-1, s_p) + C(r-1, s_p, r, s)\} \end{aligned} \quad (3)$$



**Figura 2.** Grafo da programação dinâmica, cada nó representa uma correspondência entre um ponto da curva referência e outro da curva destino. **Figure 2.** Dynamic programming graph. Each node represents a correspondence pair between one point of the reference curve and one point of the target curve.

O nó  $[c_1(r-1), c_2(s_p)]$  que fornece o custo cumulativo mínimo  $Cost(r,s)$  torna-se o predecessor do nó  $[c_1(r), c_2(s)]$ . Este processo inteiro é repetido e o melhor caminho no último estágio  $r=L_1$  fornece o caminho ótimo global.

Se  $s_p = M(r-1)$ , em que  $s = M(r)$   $M$  é a função mapeamento que leva  $c_1(r)$  a  $c_2(s)$ , então,  $c_2(M(r-1))$ ,  $c_2(M(r-2))$ , ...,  $c_2(M(1))$  são os pixels associados com o caminho que termina no nó  $[c_1(r), c_2(s)]$ . Portanto, os nós  $[c_1(1), c_2(M(1))]$ ,  $[c_1(2), c_2(M(2))]$ , ...,  $[c_1(r), c_2(s)]$ , fornecem a correspondência ótima e  $M = \text{ArgMin}(C(r,s))$ .

## Resultados

Definida a metodologia adotada, em seguida, apresenta-se os resultados obtidos com o método aplicado a imagens sintéticas e imagens reais. Nesta metodologia supõe-se que as curvas estejam parametrizadas. Esta parametrização é realizada caminhando-se sobre a curva e realizando-se uma amostragem com um passo fixo e de acordo com uma métrica. As métricas utilizadas foram: distância Euclidiana, distância-4 ou *city-block* e distância-8 ou *chessboard* (Gonzalez e Woods, 1993).

A sub-amostragem da curva de referência, com um passo de tamanho diferente de 1 não é um passo fundamental do método. Não há necessidade de tomar todos os pontos da curva, mas sim alguns pontos que caracterizem o comportamento da mesma.

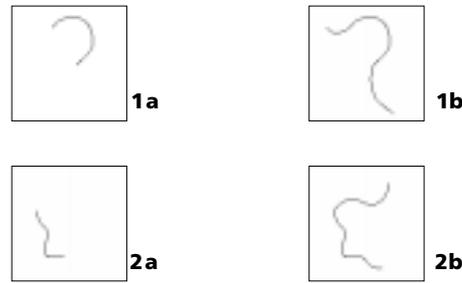
### Imagens Sintéticas

Visando avaliar quantitativamente o desempenho do algoritmo proposto, deve-se produzir deformações conhecidas nos dados. Assim, dois exemplos foram gerados, cada um deles representando os esqueletos referência e destino (Figura 3).

Nos exemplos a imagem referência foi extraída de uma porção da imagem destino. Em seguida, foram aplicadas transformações conhecidas nas imagens destino. Os pontos da curva referência foram mapeados com pontos da curva destino com o método proposto e os resultados comparados com as correspondências reais realizadas através das transformações conhecidas.

As transformações introduzidas nos esqueletos foram translação, rotação, *shearing*, uma combinação de translação e rotação e, uma combinação de translação, rotação e *shearing*.

Nos experimentos sintéticos, que combinam translação, rotação e *shearing*, as transformações foram realizadas na seguinte ordem: primeiro foi aplicado



**Figura 3.** Exemplos de esqueletos em imagens sintéticas. **(1a)** curva referência do primeiro exemplo. **(1b)** curva destino do primeiro exemplo. **(2a)** curva referência do segundo exemplo. **(2b)** curva destino do segundo exemplo. **Figure 3.** Example of synthetic skeleton. **(1a)** reference curve of first example. **(1b)** target curve of first example. **(2a)** reference curve of second example. **(2b)** target curve of second example.

um *shear* na direção  $x$  e um *shear* na direção  $y$ , uma rotação, seguido de uma translação. Assim, um ponto de coordenadas  $\begin{pmatrix} x_1 \\ y_1 \end{pmatrix}$  é transformado em um ponto de coordenadas  $\begin{pmatrix} x_2 \\ y_2 \end{pmatrix}$  por:

$$\begin{pmatrix} x_2 \\ y_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} t_x \\ t_y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \cos \theta & \sin \theta \\ -\sin \theta & \cos \theta \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 & a \\ 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ b & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_1 \\ y_1 \end{pmatrix} \quad (4a)$$

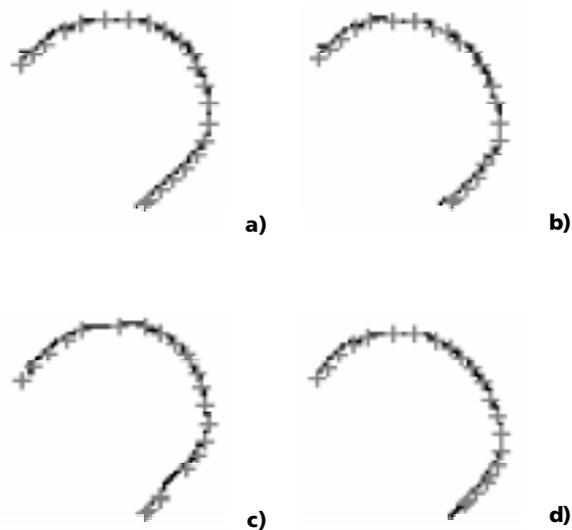
$$\begin{pmatrix} x_2 \\ y_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} t_x \\ t_y \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} (1+a.b)\cos \theta + b.\sin \theta & a.\cos \theta + \sin \theta \\ -(1+a.b).\sin \theta + b.\cos \theta & -a.\sin \theta + \cos \theta \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_1 \\ y_1 \end{pmatrix} \quad (4b)$$

em que:  $\begin{pmatrix} t_x \\ t_y \end{pmatrix}$  representa o vetor de translação;  $\begin{pmatrix} \cos \theta & \sin \theta \\ -\sin \theta & \cos \theta \end{pmatrix}$  representa a matriz de rotação por um ângulo  $\theta$ ;  $\begin{pmatrix} 1 & a \\ 0 & 1 \end{pmatrix}$  representa um *shear* na direção  $x$  por um parâmetro  $a$  e  $\begin{pmatrix} 1 & 0 \\ b & 1 \end{pmatrix}$  representa um *shear* na direção  $y$  por um parâmetro  $b$ .

As imagens sintéticas foram transformadas da seguinte maneira: translação de 6 pixels à direita e para baixo, no primeiro exemplo, e de 10 pixels à direita e 2 para baixo, no segundo exemplo. O ângulo de rotação foi de 5 graus para os dois exemplos e, introduziu-se uma pequena distorção (*shearing*) de 10% em  $x$  (para a direita) e de 8% em  $y$  (para baixo) para o primeiro exemplo e de 20% de 10% em  $x$  e  $y$ , respectivamente, para o segundo exemplo.

A curva referência foi parametrizada com um passo de 6 unidades sobre o seu comprimento e a curva destino com passo de 1. A métrica utilizada nestes experimentos com dados sintéticos foi a distância Euclidiana.

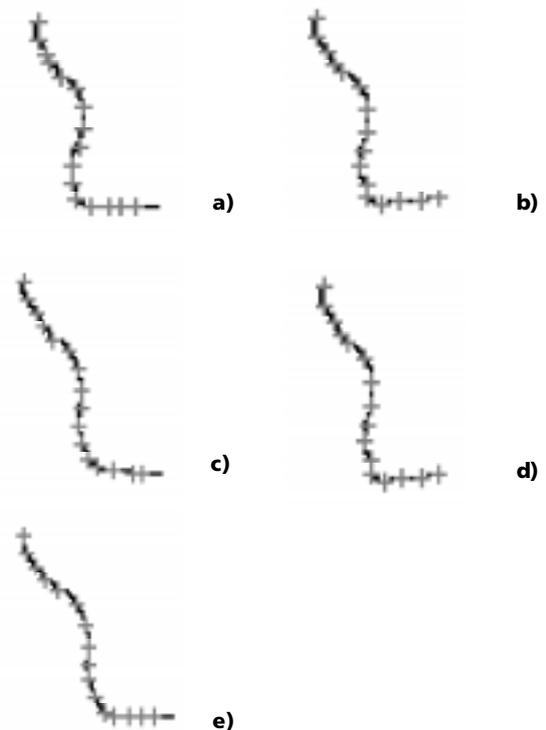
As Figuras 4 e 5 apresentam os resultados destas avaliações para as imagens sintéticas. As imagens mostram os resultados dos mapeamentos realizados com as curvas transformadas com os parâmetros conhecidos. Cada imagem representa a sobreposição dos pontos de correspondências obtidos com a metodologia proposta (cada ponto está representado por uma cruz em cinza) sobre a curva referência transformada com os parâmetros conhecidos.



**Figura 4.** Resultados obtidos para o primeiro exemplo com imagens sintéticas. Da esquerda para a direita, tem-se o resultado do mapeamento realizado com curvas transformadas por: **a)** translação, **b)** distorção, **c)** rotação e translação e **d)** as três transformações (translação, rotação e distorção). A imagem representa a sobreposição dos pontos de correspondências obtidos com a metodologia proposta (cada ponto está representado por uma cruz em cinza) sobre a curva referência. **Figure 4.** Results obtained in the first example on synthetic images. From left to right, the results of matching for transformation due to: **a)** translation, **b)** distortion, **c)** rotation and translation and **d)** all three transformations. The image represents the overlap points of correspondences obtained by applying the proposed methodology (points represented by gray cross) over the reference curve deformed with the known parameters.

A raiz quadrada do erro médio quadrático (RMSE - *Root Mean Square Error*) foi utilizado como uma medida de erro entre as correspondências estimadas e reais. Na Tabela 1 são apresentados os resultados obtidos, em que a métrica foi a distância Euclidiana.

Outra avaliação foi realizada fazendo com que o primeiro ponto da curva referência estivesse em correspondência com o primeiro ponto da curva destino (Figura 6), mostrando a capacidade do método retornar para a região de correspondência.



**Figura 5.** Resultados obtidos para o segundo exemplo com imagens sintéticas. Da esquerda para a direita, tem-se o resultado do mapeamento realizado com curvas transformadas por: **a)** translação, **b)** rotação, **c)** distorção, **d)** rotação e translação e **e)** as três transformações (translação, rotação e distorção). A imagem representa a sobreposição dos pontos de correspondências obtidos com a metodologia (cada ponto está representado por uma cruz em cinza) sobre a curva referência. **Figure 5.** Results obtained in the second example on synthetic images. From left to right, the results of matching for transformation due to: **a)** translation, **b)** rotation, **c)** distortion, **d)** rotation and translation and **e)** all three transformations. The image represents the overlap points of correspondences obtained by applying the proposed methodology (points represented by gray cross) over the reference curve deformed with the known parameters.

**Tabela 1.** Medida de erro (RMSE em pixels) obtido para o mapeamento entre duas curvas com deformações.

**Table 1.** Measure of error (RMSE in pixels) between the known deformation points and those found by the algorithm.

Transformações	Exemplo 1	Exemplo 2
translação	0,232	0,547
rotação	0,639	0,418
distorção	0,487	0,682
Translação e rotação	0,639	0,418
Translação, rotação e distorção	0,421	0,667

### Imagens Reais

Com a finalidade de ilustrar a aplicação do método proposto sobre dados reais, foram realizadas algumas avaliações qualitativas, uma vez que não é possível fazer uma análise quantitativa considerando-se a ausência de um padrão de referência com o qual comparar.

Para os experimentos com dados reais foram testados alguns quadros sucessivos de imagens de angiografia de raios X das artérias coronárias adquiridas a 15 quadros por segundo. Regiões de interesse de tamanho 320 x 220 pixels foram extraídas das imagens originais.

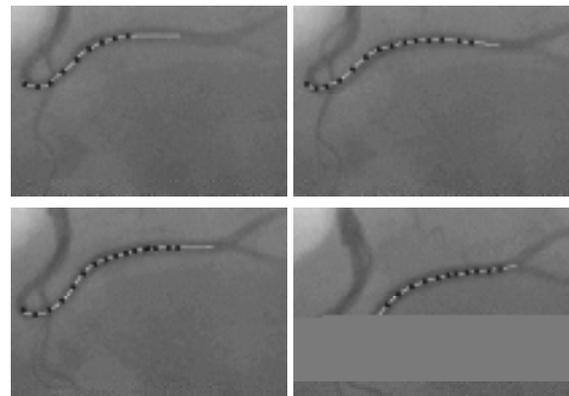
Nas imagens reais a curva referência foi parametrizada com um passo de 15 unidades e a curva destino com passo de 1 unidade. A métrica utilizada no primeiro exemplo (Figura 7) foi distância-8 e, no segundo exemplo foi a distância Euclidiana (Figura 8).

Uma avaliação qualitativa do desempenho da metodologia adotada pode ser realizada por uma inspeção visual sobre as Figuras 7 e 8.

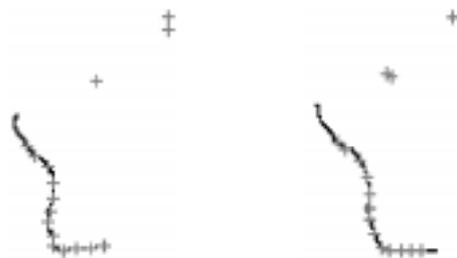
As imagens reais das Figuras 7 e 8 devem ser interpretadas da seguinte forma: a linha em branco

representa o esqueleto do vaso, obtido na etapa de segmentação, e os pontos envolvidos por quadrado em cor preta representam os pontos, selecionados na etapa de amostragem, que serão postos em correspondência entre um esqueleto de um determinado quadro na seqüência de imagens mapeados no outro esqueleto no quadro subsequente.

Inicialmente toma-se os pontos (envolvidos pelo quadrado em preto) e considera-se a primeira imagem como sendo a imagem referência e o quadro seguinte como sendo a imagem destino. Aplica-se o método proposto e obtém-se as posições de correspondências dos pontos da imagem referência na imagem destino. Repete-se o processo, considerando como imagem referência a imagem destino do processo anterior e como imagem destino a nova imagem do quadro seguinte. O processo é repetido até que a última imagem da seqüência seja a imagem destino.

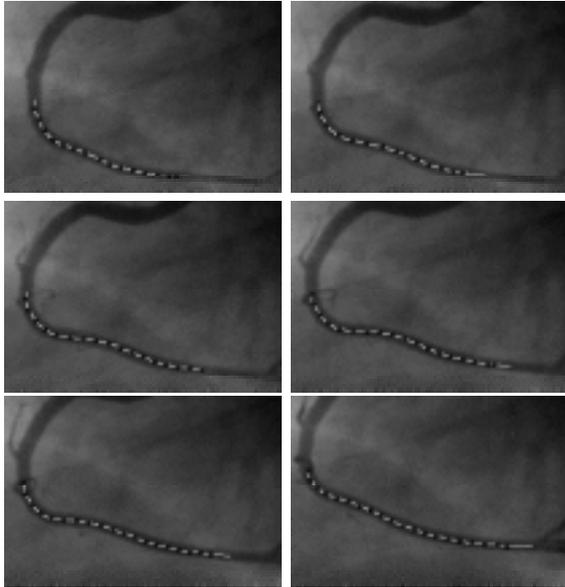


**Figura 7.** Resultados obtidos para o primeiro experimento com seqüência de imagens reais. A figura mostra os pontos de correspondências obtidos e sobrepostos a imagem destino. Cada ponto está envolvido por um quadrado em preto. **Figure 7.** Results obtained in the first experiment on real images. The figure shows the overlap points of correspondences obtained by applying the proposed methodology (points inside of the black square) over the target curve. Temporal matching proceeds from top left to bottom right.



**Figura 6.** Resultados obtidos para o segundo exemplo com imagens sintéticas fazendo o ponto zero da curva referência ser mapeado no ponto zero da curva destino.

**Figure 6.** Results obtained in the second example on synthetic images. In this case, the first point of the reference curve was forced to match the first point of target curve.



**Figura 8.** Resultados obtidos para o segundo experimento com seqüência de imagens reais. A figura mostra os pontos de correspondências obtidos e sobrepostos a imagem destino. Cada ponto está envolvido por um quadrado em preto. **Figure 8.** Results obtained in the second experiment on real images. The figure shows the overlap points of correspondences obtained by applying the proposed methodology (points inside of the black square) over the target curve. Temporal matching proceeds from top left to bottom right.

Infelizmente não exista um padrão de referência para se realizar uma comparação com dados obtidos nestas avaliações, tem-se apenas o conhecimento que tanto na seqüência da Figura 7 quanto na seqüência da Figura 8, as artérias estão indo de um processo de contração para um processo de relaxamento. Desta forma, não há possibilidade de avaliar o erro no mapeamento de um pixel de uma imagem na imagem seguinte.

### Discussão e Conclusões

Tem-se proposto um método para as correspondências de pares de pontos em seqüências de imagens de artérias coronárias. O problema é encontrar correspondências não rígidas entre duas curvas abertas em quadros sucessivos sem o conhecimento da correspondência do ponto inicial.

O método está baseado na minimização de uma função custo que contempla informação de disparidade entre vetores sucessivos e informação de curvatura, implementada como a diferença do cosseno do ângulo entre dois vetores. Programação dinâmica foi utilizada

para a minimização da função custo, pois fornece um mínimo global e possui estabilidade numérica.

Os resultados apresentados são satisfatórios, tanto para os experimentos sintéticos quanto para os experimentos com dados reais de artérias coronárias a partir de angiografia de raios X. Avaliações realizadas com dados simulados fornecem resultados muito bons, com raiz quadrada do erro médio quadrático menor do que um pixel. Esta medida de erro encontrada nas imagens sintéticas deve-se principalmente à discretização que se realiza na etapa de parametrização das curvas. Para as avaliações com imagens de coronariografia acredita-se que os resultados também foram interessantes, considerando que para uma taxa de amostragem temporal de 15 quadros por segundo, ainda obteve-se um certo grau de uniformidade entre os pontos da curva referência sobre a curva destino.

Outra avaliação foi realizada fazendo com que o primeiro ponto da curva referência estivesse em correspondência com o primeiro ponto da curva destino. Esta avaliação sugere duas informações bastante importantes. A primeira é que esta imposição, utilizada por Cohen *et al.* (1998), nem sempre é válida principalmente quando não se sabe sobre o local que a primeira curva está em correspondência com a seguinte, como é o caso dos exemplos mostrados neste trabalho, em que o primeiro ponto da primeira curva é mapeada para pontos distantes do primeiro na curva destino. Isto também pode ocorrer em outras aplicações.

A segunda questão importante desta avaliação é mostrar quanto o método proposto é robusto, pois mesmo impondo esta restrição, absurda para os exemplos, o método foi capaz de retornar para a região de correspondência.

Em todas as avaliações realizadas, no processo de parametrização das curvas referência e destino, foram utilizadas diferentes métricas: distância Euclidiana, distância-4 e distância-8; e os resultados foram bastante próximos.

Nestes experimentos os pesos  $w_1$  e  $w_2$  da função custo foram considerados iguais a 1. Investigações adicionais estão sendo realizadas na modelagem da função custo a fim de que sejam encontrados valores diferenciados para cada termo da função, que constitui-se em um problema bastante clássico em métodos paramétricos. Contudo, os experimentos realizados até o momento têm mostrado que o erro varia pouco para um intervalo de pesos ( $w_2/w_1$  variando de 0,1 a 30), embora não se tenha encontrado

valores, mesmo que empíricos, que contribuam para melhorar a solução do problema.

Para o desenvolvimento e avaliação dos algoritmos foi utilizado o sistema *Khoros* ([www.khoral.com](http://www.khoral.com)) em linguagem C, em equipamento SUN, processador Ultra SPARC 1, sistema operacional Solaris 2.5.1, do Serviço de Informática do InCor. O custo para se encontrar o melhor mapeamento a partir de uma seqüência ordenada de pixels foi cerca de 1 segundo.

### Agradecimentos

Os autores agradecem ao Serviço de Informática do InCor – FMUSP e à FAPESP (processo 96/02519-6) pelo apoio recebido para a realização deste trabalho.

### Referências

Cohen, I., Ayache, N., Sulger, P. (1998) "Tracking Points on Deformable Objects Using Curvature Information". In: *Deformable Models in Medical Image Analysis*. Eds: Singh, A. Goldgof, D., Terzopoulos, D., IEEE Computer Society, p. 306-314.

- Dreyfus, S., Law, A. (1977). "The Art and Theory of Dynamic Programming". New York: Academic Press.
- Geiger, D., Gupta, A., Costa, L.A., Vlontzos, J. (1995). "Dynamic Programming for Detecting, Tracking and Matching Deformable Contours". *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, v. 17, n. 3, p. 294-302.
- Gonzalez, R.C., Woods, R.E. (1993). *Digital image processing*. Addison Wesley.
- Maître, H., WU, Y. (1989). "A Dynamic Programming Algorithm for Elastic Registration of Distorted Pictures Based on Autoregressive Model". *IEEE Transactions on Acoustics, Speech, and Signal Processing*, v. 37, n. 2, p. 288-297.
- Tom, B.C.S., Efstratiadis, S.N. (1994). "Motion Estimation of Skeketonized Angiographic Images Using Elastic Registration". *IEEE Transactions on Medical Imaging*, v. 13, n. 3, p. 450-460.
- Udupa, J.K. (2000). "3D Imaging: Principles and Approaches". In: *3D Imaging in Medicine*. Eds: Udupa, J.K., Herman, G.T., CRC Press.