



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ**  
**INSTITUTO UFC VIRTUAL**  
**BACHARELADO EM SISTEMAS E MÍDIAS DIGITAIS**

**MARCOS ANDRÉ FORTE MORAIS**

**PROJETO COLONO:**  
**APLICANDO COMPUTAÇÃO GRÁFICA**  
**EM COLONOSCOPIA VIRTUAL**

**FORTALEZA**  
**2021**

MARCOS ANDRÉ FORTE MORAIS

**PROJETO COLONO:  
APLICANDO COMPUTAÇÃO GRÁFICA  
EM COLONOSCOPIA VIRTUAL**

Trabalho de conclusão de curso apresentado ao Curso de Graduação em Sistemas e Mídias Digitais do Instituto Universidade Virtual da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial à obtenção do grau de Bacharel em Sistemas e Mídias Digitais.

Orientador: Prof. Dr. José Gilvan Rodrigues Maia

FORTALEZA

2021

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação  
Universidade Federal do Ceará  
Sistema de Bibliotecas

Gerada automaticamente pelo módulo Catalog, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

---

M826p    Morais, Marcos André Forte.

Projeto colono : aplicando computação gráfica em colonoscopia virtual / Marcos André Forte Morais. – 2021.

73 f. : il. color.

Trabalho de Conclusão de Curso (graduação) – Universidade Federal do Ceará, Instituto UFC Virtual, Curso de Sistemas e Mídias Digitais, Fortaleza, 2021.

Orientação: Prof. Dr. José Gilvan Rodrigues Maia.

1. Colonoscopia virtual. 2. Processamento de imagem. 3. Processamento de malhas. 4. Reconstrução de superfícies tridimensionais. I. Título.

CDD 302.23

---

**PROJETO COLONO:  
APLICANDO COMPUTAÇÃO GRÁFICA  
EM COLONOSCOPIA VIRTUAL**

Trabalho de conclusão de curso apresentado ao Curso de Graduação em Sistemas e Mídias Digitais do Instituto Universidade Virtual da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial à obtenção do grau de Bacharel em Sistemas e Mídias Digitais.

Aprovado em: \_\_/\_\_/\_\_\_\_.

**BANCA EXAMINADORA**

---

Prof. Dr. José Gilvan Rodrigues Maia (Orientador)  
Universidade Federal do Ceará (UFC)

---

Prof. Dr. Antonio José Melo Leite Júnior  
Universidade Federal do Ceará (UFC)

---

Prof. Dr. George Allan Menezes Gomes  
Universidade Federal do Ceará (UFC)

## RESUMO

Diversos avanços na área de medicina possibilitaram, ao longo dos últimos séculos, um aumento expressivo na expectativa de vida. Em particular, a introdução de variados tipos de exames, suportados por evidências colhidas por estudos com pacientes em casos reais, tem possibilitado o direcionamento de tratamentos médicos e a prevenção de inúmeras doenças. A colonoscopia é um exame endoscópico que permite a avaliação das paredes da parte inferior do aparelho digestório e que também é útil para biópsia. Trata-se de um exame realizado sob sedação e considerado bastante seguro, porém é visto como invasivo e pouco aceito pela população. Assim, a colonoscopia virtual ou colonografia por tomografia computadorizada surge como uma alternativa menos invasiva, mais segura e com assertividade comparável ao método tradicional. Esse exame é baseado na análise visual a partir de dados obtidos por tomografia computadorizada, permitindo que a estrutura intestinal seja inspecionada por meio de navegação em 3D. Assim, o presente trabalho se insere na proposta de um sistema de computação gráfica para a realização da colonoscopia virtual. O objetivo é avaliar técnicas de reconstrução de superfícies empregadas sobre os dados do exame de imagem, em vias de implementar um sistema computacional de baixo custo que suporte a navegação e exame da estrutura tridimensional do cólon.

**Palavras-chave.** Colonoscopia virtual; processamento de imagem; processamento de malhas; reconstrução de superfícies tridimensionais.

## **ABSTRACT**

Several advances in the field of medicine have made possible, over the last few centuries, a significant increase in human life expectancy. In particular, the introduction of different types of exams, supported by evidence gathered from studies with patients in real cases, has made it possible to direct more effective medical treatments and even prevent numerous diseases. Colonoscopy is an endoscopic exam that allows both the evaluation of the walls of the lower part of the digestive tract and biopsy extraction. Colonoscopy is performed under sedation and considered quite safe, but it is considered invasive and has a low acceptance rate by the population, especially males. Thus, virtual colonoscopy or computed tomography colonography emerges as a less invasive, safer alternative with assertiveness comparable to the traditional method. This exam is based on visual analysis from data sensed as a CT scan, allowing the intestinal structure to be inspected through 3D navigation. This work is part of the proposal of a computer graphics system to perform virtual colonoscopy. The main objective is to evaluate surface reconstruction techniques used on the image exam data, in the process of implementing a low-cost computational system that supports the navigation and examination of the three-dimensional structure of the colon.

**Keywords.** Virtual colonoscopy; image processing; geometry processing; 3d surface reconstruction.

## LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Etapas Pesquisa.....	18
Figura 2 - Exemplo Mapa C2M.....	22
Figura 3 - BPA em 2D.....	30
Figura 4 - Interpolação SPR. Note-se que, à medida que o parâmetro muda, diminui-se o aspecto excessivamente suavizado.....	31
Figura 5 - Poisson Reconstruction em 2D.....	32
Figura 6 - Projeção MLS.....	33
Figura 7 - APSS.....	34
Figura 8- APSS.....	35
Figura 9 - RIMLS.....	37
Figura 10 - COMPARAÇÃO DE MÉTODOS.....	37
Figura 11 - Point Cloud Exame SE0004.....	39
Figura 12 - Malha BPA.....	42
Figura 13 - C2M BPA.....	42
Figura 14 - Histograma BPA.....	43
Figura 15 - Comparação Valores De Profundidade.....	46
Figura 16 - Malha Poisson.....	47
Figura 17 - C2M POISSON.....	48
Figura 18 - Histograma Poisson.....	48
Figura 19 - Malha APSS.....	50
Figura 20 - C2M APSS.....	51
Figura 21 - Histograma APSS.....	51
Figura 22 - Malha RIMLS.....	53

Figura 23 - Malha RIMLS 2.....	53
Figura 24 - Histograma RIMLS.....	54
Figura 25 - RIMLS Resultado Meshfix.....	55
Figura 26 - Exame Falho.....	56
Figura 27 - Componente Isolado na Nuvem de Pontos.....	57
Figura 28 - Resultado Comparativo.....	58
Figura 29 - Resultado Comparativo.....	59
Figura 30 - Falhas Topológicas.....	59
Figura 31 - Pipeline Parte 1.....	61
Figura 32 - Pipeline Parte 2.....	62
Figura 33 - Tela de Carregamento Inicial.....	63
Figura 34 - Layout.....	64
Figura 35 - Main Viewport.....	65
Figura 36 - Ferramenta de Medição.....	66
Figura 37 - Simple Shading.....	66
Figura 38 - Visão DICOM.....	67
Figura 39 - Visão Exterior.....	68
Figura 40 - Sentido de Navegação Inverso.....	68
Figura 41 - Distância Percorrida.....	69
Figura 42 - Editor de Linha de Navegação.....	69
Figura 43 - Modo de Pré-Visualização.....	70
Figura 44 - Reconstrução Defeituosa.....	72



## LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Dados Malha BPA .....	41
Tabela 2 - Dados Malha Poisson .....	47
Tabela 3 - Dados Malha APSS .....	49
Tabela 4 - Dados Malha RIMLS.....	52
Tabela 5 - Comparativo de Falhas.....	57

## SUMÁRIO

<b>1. Introdução</b>	12
1.1 Apresentação	14
1.2 Motivação	14
1.3 Objetivos	16
1.3.1 Objetivo Geral	16
1.3.2 Objetivos Específicos	16
<b>2. Procedimentos Metodológicos</b>	17
2.1 Revisão Bibliográfica	18
2.2 Coleta de Dados	20
2.3 Avaliação Experimental	20
2.4 Análise Comparativa	21
<b>3. Referencial Teórico</b>	23
3.1 Colonografia por Tomografia Computadorizada	23
3.2 Reconstrução de Superfícies Tridimensionais	24
3.3 Renderização em Tempo Real	26
<b>4. Métodos de Reconstrução</b>	28
4.1 BPA	29
4.2 Screened Poisson Reconstruction (SPR)	30
4.3 APSS	31
4.4 RIMLS	36
<b>5. Avaliação Experimental</b>	39
5.1 Protocolo Experimental	39
5.1.1 Aspectos de Implementação	40
5.1.2 Ambiente de Execução	40
5.2 Resultados	40
5.2.1 BPA	40
5.2.2 Screened Poisson Reconstruction	45
5.2.3 APSS	49
5.2.4 RIMLS	52
5.3 Considerações	54
5.4 Análise Comparativa	56
<b>6. Visão Geral do Sistema</b>	61
6.1 Pipeline em Síntese	61
6.2 Viewports da Ferramenta	63
6.2.1 Visões Principal e Traseira	64
6.2.2 Visão DICOM	66
6.2.3 Visão Exterior	67
6.2.5 Editor de Linha de Navegação	69

<b>7. Considerações Finais</b>	<b>71</b>
<b>Referências Bibliográficas</b>	<b>73</b>

## 1. INTRODUÇÃO

Desde tempos remotos, diversas formas de computadores foram desenvolvidos, porém, o surgimento do campo da Ciência da Computação data do início dos anos 40, segundo Peter J. Denning “A disciplina da ciência da computação nasceu no início dos anos 1940 com a confluência da teoria dos algoritmos, da lógica matemática e da invenção do computador eletrônico” (2000, p. 1). Desde então, a área expandiu-se exponencialmente, dando origem a diversos campos de pesquisa, dentre estes a Computação Gráfica, que, segundo Foley, (Computer Graphics: Principles and Practice, p. 1, 1996) consiste na ciência e arte de comunicação visual via display de computador e seus dispositivos de interação.

O desenvolvimento da Computação Gráfica e de seus diversos subcampos possibilitou o surgimento de diversas áreas de pesquisa. Notadamente, na área da saúde, onde o desenvolvimento de técnicas de diagnóstico cada vez mais eficazes são cruciais, várias pesquisas emergem com resultados promissores. Uma das técnicas de diagnóstico mais recentes, inicialmente descrita por Vining e Gelfand (1994) é a colonoscopia virtual.

A colonoscopia virtual é uma técnica de estudo endoscópico do cólon realizada através de Tomografia Computadorizada, sendo realizado através de algoritmos a reconstrução do cólon e do recto. Andrea Laghi afirma que, mais de vinte anos após sua introdução, a técnica de colonografia por tomografia computadorizada atingiu maturação sendo hoje uma das melhores técnicas de diagnóstico de carcinoma colorretal sendo menos invasiva que a colonoscopia óptica e simples de ser realizada (LAGHI, 2014, tradução nossa).

Segundo Borges et al. (2021) a colonoscopia virtual mostrou-se equivalente em termos de acuidade para detecção de adenomas e carcinoma colorretal. Em termos de adesão e tolerabilidade, a colonografia por tomografia computadorizada mostrou-se superior à colonoscopia óptica, possibilitando uma preparação menos incômoda e periprocedimento menor, resultando em mais rápido período de recuperação. O trabalho também cita que a natureza tomográfica permitiu a detecção de patologias extra colorretais numa fase mais precoce permitindo maior tratabilidade.

Técnicas de diagnóstico tomográficas via software, também permitem a expansão e o desenvolvimento da telemedicina.

Telemedicina é a entrega de cuidados de saúde e a troca de dados médicos à distância. O prefixo 'tele' deriva do grego 'à distância'. Portanto, telemedicina é simplesmente o exercício da medicina à distância. Neste contexto, engloba toda a gama de atividades médicas, incluindo diagnóstico, tratamento e prevenção de doenças, educação contínua dos profissionais de saúde e dos consumidores, e pesquisa e avaliação (WOOTTON; CRAIG; PATTERSON, 2017, tradução nossa).

A CTC, permite que o médico possa realizar diagnósticos a distância, sendo o pré-operatório conduzido por um técnico de radiologia no local. Isso permite que mais pessoas possam ser examinadas, facilitando o acesso a exames de imagem por parte dos pacientes.

O projeto descrito neste trabalho visa descrever a *pipeline* de um módulo de Computação Gráfica do sistema Colono, um software de Colonoscopia Virtual. Este programa não possui pretensão de estar pronto para uso em campo. Este módulo é um protótipo em desenvolvimento.

É crucial ressaltar que um software de diagnóstico médico é um sistema crítico. Os sistemas e processos que, mediante falha, possam gerar riscos à integridade de pessoas são aplicações consideradas críticas quanto à segurança.

Todavia, nesta exposição, o módulo de Computação Gráfica do Sistema Colono não será considerado um sistema crítico.

Neste modelo será feito a análise metodológica de reconstrução de superfície de uma nuvem de pontos geradas a partir de exames obtidos por tomografia computadorizada e sua integração com o motor de jogo *Unity*, valendo-se dos modernos recursos gráficos oferecidos pela plataforma. Neste processo há uma primeira fase de Geometria Computacional que é o ramo da Ciência da Computação que estuda algoritmos para solução de problemas geométricos, neste caso, a construção de uma malha a partir de dados volumétricos.

A segunda parte da *pipeline* inclui o ramo de renderização em tempo real, onde serão retratadas funções de análise e navegação implementadas no *Unity*, que são imprescindíveis a todo sistema de diagnóstico.

## 1.1 Apresentação

O presente trabalho foi desenvolvido no contexto de um projeto de pesquisa do Polo de Inovação de Fortaleza.

O Polo de Inovação Fortaleza desenvolve ações que visam atender as demandas das cadeias produtivas por atividades de Pesquisa, Desenvolvimento e Inovação (P, D & I). Dentro de sua estrutura, conta com uma coordenação de Formação de Recursos Humanos que é responsável por acompanhar ações voltadas para o processo formativo dos discentes envolvidos nos projetos, com o intuito de complementar a qualificação dos mesmos em seu percurso formativo e práticas profissionais. (DE VASCONCELOS FLORAMBEL et al., 2019).

Por se tratar de um projeto de inovação, o presente trabalho adotou o modelo de monografia visando a manutenção do sigilo do código fonte.

O projeto, com duração de 12 meses, consiste em um protótipo de um sistema de colonoscopia virtual completo *web based*, todavia, neste trabalho, o enfoque será no módulo de navegação endoluminal compilado para *DirectX*.

Durante o decorrer do desenvolvimento do sistema, houve constante contato com os clientes do projeto Dr. Dario Ariel Tíferes e Dr. Eduardo Lima da Rocha. Ambos prestaram orientação contínua visando adequar o *software* às necessidades reais dos especialistas.

A comunicação com os especialistas foi de vital importância para o sucesso do projeto, visto que a análise de possíveis falhas na reconstrução da malha tridimensional do cólon exige perícia em medicina diagnóstica. Com as orientações do cliente, foi possível nortear a análise de desenvolvimento deste protótipo com muito mais precisão.

Portanto, todo o desenvolvimento e escolha de ferramentas descritas neste trabalho, foi baseado na experiência do cliente na utilização de outros sistemas de colonoscopia virtual existentes no mercado.

## 1.2 Motivação

Em 2008, a Sociedade Americana de Câncer, em conjunto com o US Multi-Society Task Force on Colorectal Cancer (representando as três maiores

sociedades gastroenterológicas americanas - Sociedade Americana de Gastroenterologia, Colégio Americano de Gastroenterologia e Sociedade Americana de Endoscopia) e o Colégio Americano de Radiologia colocaram a colonografia por tomografia computadorizada (CTC) como um teste de rastreamento do carcinoma colorretal (CCR), juntamente com a colonoscopia, como uma modalidade de prevenção primária e detecção precoce (TIFERES, 2011, p. 203-51).

Kierszenbaum et al. realizaram uma pesquisa com os membros do Colégio Brasileiro de Cirurgiões, abordando conhecimentos gerais sobre a CTC com 16 questões de múltipla escolha:

Foram obtidas 144 respostas; 90,3% dos especialistas eram homens, 60% com menos de 30 anos de formado, 77,1% eram gastrocirurgiões, 22,9% eram cirurgiões gerais, 53,5% encontravam-se na vida acadêmica e 59,7% exerciam sua atividade profissional em cidades com mais de 500.000 habitantes. Em relação ao conhecimento da CTC, 84,7% conheciam o método, 70,8% sabiam como é realizado, 56,9% relataram conhecer o preparo intestinal utilizado, 31,3% utilizavam o método e 53,5% conheciam algum serviço de CTC na cidade em que atuam. Cerca de metade dos profissionais não conhecia a precisa indicação do método. Profissionais que atuam em cidades com mais de 500.000 habitantes conhecem e utilizam mais o método ( $p < 0,005$ ). Houve uma tendência de os profissionais com carreira acadêmica utilizarem mais o método.(KIERSZENBAUM et al., 2014).

A maioria dos médicos que responderam o questionário conheciam o método porém ainda existe uma baixa adesão por parte dos especialistas. A grande maioria dos usuários da técnica pertence ao meio acadêmico. Isso reforça a necessidade de se possuir mais estudo e inovação na área, pois o diagnóstico precoce diminuiria a mortalidade do CCR.

Outro fator preponderante é que a técnica virtual é menos invasiva do que a colonoscopia óptica, não necessitando de sedação e “A CTC possui uma aceitação superior comparada com a colonoscopia a curto prazo” (VON WAGNER et al., 2012, tradução nossa).

Maia et al. (2012, p.24-28) também descrevem em pesquisa ampla preferência dos pacientes à CTC: “Após a realização do exame, 72% dos pacientes relataram pouco desconforto, 26%, desconforto moderado e apenas um (2%) dos

pacientes referiu muito desconforto. Após a realização da colonoscopia, 86% dos pacientes relataram preferência pela CTC”.

Podemos concluir que a técnica de CTC carece de maior exposição fora do meio acadêmico. Além disso, há evidências de que a CTC pode aumentar a adesão de pacientes, o que contribui para a saúde das pessoas. Assim, o projeto e desenvolvimento de um protótipo de sistema de CTC é um tema de pesquisa relevante tanto na academia quanto na indústria.

## **1.3 Objetivos**

### *1.3.1 Objetivo Geral*

Esta monografia tem como objetivo validar a escolha do algoritmo de reconstrução de superfícies de um sistema de Colonoscopia virtual e descrever o módulo de Computação Gráfica do mesmo em caráter prototípico.

### *1.3.2 Objetivos Específicos*

Esse são os principais objetivos específicos deste trabalho, elaborados com o propósito de alcançar o objetivo geral almejado:

- Reconstrução de superfícies a partir de nuvens de pontos obtidas por arquivos de exame médico;
- Automatizar preparação de modelos 3D para visualização usando o motor *Unity 3D*; e
- Implementar protótipos de ferramentas para visualização e inspeção do modelo 3D.



## 2. PROCEDIMENTOS METODOLÓGICOS

O presente trabalho descreve a *pipeline* do módulo de Computação Gráfica de um sistema de Colonoscopia Virtual, realizando pesquisa de análise de métodos de reconstrução, visto que esta é a funcionalidade chave deste protótipo.

Essa pesquisa possui caráter *explicativo*. Segundo Gil (2002, p.43), uma pesquisa explicativa nas ciências vale-se quase que exclusivamente do método experimental. Os detalhes da condução deste experimento estão descritos no Capítulo 5.

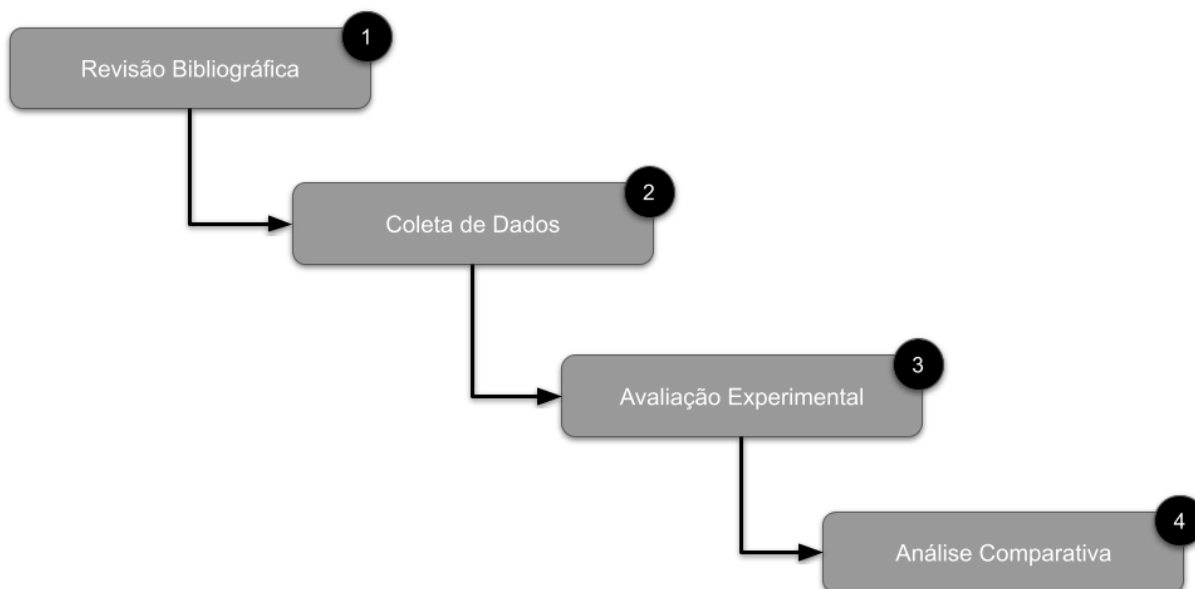
Serão realizadas análises comparativas, em caráter *quali-quantitativo*, entre as diferentes malhas obtidas através dos métodos de reconstrução. Isso posto, as seguintes análises *quantitativas* serão realizadas:

- Da topologia da malha em relação à *point cloud* do cólon;
- Dos tempos de execução de cada algoritmo; e
- Da topologia da malha, através da busca e correção de *degenerações* na isosuperfície da modelo 3D utilizando o algoritmo *MeshFix* (ATTENE, 2010).

O cunho subjetivo desta pesquisa advém da impossibilidade de se avaliar, de forma puramente matemática, o resultado da reconstrução do modelo tridimensional, posto que o trabalho descreve um protótipo de um sistema de diagnóstico médico, onde a malha é submetida à análise do especialista. Desta forma, serão realizadas comparações por imagem, destacando as possíveis falhas de cada um dos algoritmos selecionados, conferindo à pesquisa caráter *qualitativo*.

A pesquisa será realizada em 4 etapas como descrito na Figura 1.

FIGURA 1 - Etapas Pesquisa



FONTE: O Autor (2021)

A primeira etapa consistirá de uma revisão bibliográfica para levantamento dos algoritmos de reconstrução de superfícies utilizados no presente estudo (vide Capítulo 3), visando sua compreensão e explanação técnica de cada um desses (vide Capítulo 4). Em seguida, serão coletados dados de exames advindos de base pública médica para pesquisa do câncer (vide Seção 2.2). Um exame dessa base será escolhido como padrão para ser segmentado e convertido em uma nuvem de pontos, a qual será fornecida como entrada para todos os algoritmos com o propósito de avaliá-los. Por fim, será realizada análise quali-quantitativa de cada uma das malhas resultantes.

## 2.1 Revisão Bibliográfica

Para melhor compreender os pormenores de cada um dos métodos, foi realizada breve revisão bibliográfica. Esta revisão foi realizada em alto nível, visto que muitos dos métodos possuem elevada complexidade matemática e o interesse primordial desta análise é compreender onde cada um dos algoritmos potencialmente se sobressai ou falha. Este ensaio prévio é fundamental para correta interpretação dos resultados obtidos na etapa final da pesquisa.

Os algoritmos foram escolhidos com base em dois critérios: a abordagem utilizada e o nível de difusão na academia e na indústria. As três principais abordagens dos algoritmos escolhidos são: métodos de função indicadora, métodos de Mínimos Quadrados Móveis (do Inglês, *Moving Least Squares*, MLS) e métodos incrementais (FREIRE, 2006).

Os métodos de função indicadora abordam a reconstrução de superfícies através de uma rotulagem que diferencia o interior do exterior do sólido. Isto é feito encontrando uma função implícita que melhor represente a função indicadora. A observação chave desta classe de métodos é assumir que, dada uma nuvem de pontos com normais orientadas, a função indicadora pode ser encontrada assegurando que o gradiente da função está alinhado com as normais (BERGER et al., 2017, tradução nossa). O algoritmo escolhido desta classe é o *Screened Poisson Reconstruction* (KHAZDAN e HOPPE, 2013), uma das técnicas mais robustas para se lidar com a reconstrução de nuvens de pontos orientadas (vide Subseção 4.1.2).

Os métodos MLS abordam a reconstrução através da aproximação dos pontos de entrada como um polinômio de baixo grau espacialmente variável. Esta abordagem foi inicialmente definida por Levin (1998), onde a amostragem dos vizinhos de um ponto de avaliação  $x$  é parametrizada em relação a um plano tangente  $H(x)$  obtido através de uma Análise de Componentes Principais (ACP) com pesos, assim como nos métodos de estimativa de normais (vide Seção 3.2). Nesta parametrização, os vizinhos podem ser vistos como um mapa de altura com deslocamentos  $v_i$  e que é aproximado por um polinômio de baixo grau  $g_x$ . A projeção de  $x$  é definida como o ponto mais próximo da aproximação polinomial. A superfície MLS é implicitamente definida como os pontos fixos da operação de projeção mais adequados para os pontos de entrada (BERGER et al., 2017, tradução nossa). Os métodos estudados pertencentes a esta abordagem são *Algebraic Point Set Surfaces (APSS)* (GUENNEBAUD e GROSS, 2007) e o *Robust Implicit Moving Least Squares (RIMLS)* (ÖZTIRELLI et al., 2009), pois são os mais difundidos e possuem implementações de domínio público.

Por fim, os métodos incrementais realizam um processo iterativo a partir do conjunto de pontos que representam a *point cloud*. Esse tipo de algoritmo parte de um ponto inicial, adicionando novos pontos, arestas ou triângulos segundo lógica própria, produzindo uma solução que evolui de forma incremental. O *Ball Pivoting*

*Algorithm* (BPA) (BERNADINI et al. (1999) foi escolhido para esta pesquisa por ser um dos principais algoritmos representantes desta abordagem.

## 2.2 Coleta de Dados

Na Etapa 2, a pesquisa prossegue para a coleta de dados. Todos os exames utilizados neste trabalho advém da base *The Cancer Imaging Archive* (TCIA). Trata-se de um banco aberto de imagens que visa contribuir com a pesquisa do câncer. Assim, esta base de dados coleta, desidentifica, cura e gere ricas coleções de dados de imagem oncológica. Cerca de 28 instituições contribuíram com a base de imagens e novas colaborações estão em andamento (CLARK et al., 2013, tradução nossa).

O *National Institutes of Health* (NIH) sempre incentivou a colaboração entre pesquisadores, visando a troca de dados de pesquisa. Todavia, o instituto averiguou a necessidade de se disponibilizar uma plataforma para que os pesquisadores publicassem suas coleções de imagens e dados clínicos. O NIH junto com o *National Cancer Institute* (NCI) criaram o pacote de *software* de código aberto *National Biomedical Image Archive* como forma de centralizar uma base para hospedar imagens relacionadas à pesquisa do câncer. A partir deste sistema, o NCI em parceria com a Washington University, desenvolveram o TCIA (PRIOR et al., 2013, tradução nossa).

Para a pesquisa, será escolhido um exame representativo desta base com intuito de avaliação dos algoritmos escolhidos, como descrito anteriormente.

## 2.3 Avaliação Experimental

Inicialmente, após segmentação dos arquivos de exame, os arquivos serão carregados na biblioteca *Open3D*, um projeto *open source* para processamento de dados tridimensionais. A escolha desta biblioteca se deu por conta de que o *backend* do sistema é altamente otimizado e está totalmente configurado para paralelização (ZHOU et al., 2018, tradução nossa). Essa biblioteca é responsável pelo cálculo e orientação das normais a partir de uma nuvem de pontos não-orientados no espaço usando o método HOPPE et al. (1992), antes que se prossiga para o passo de reconstrução.

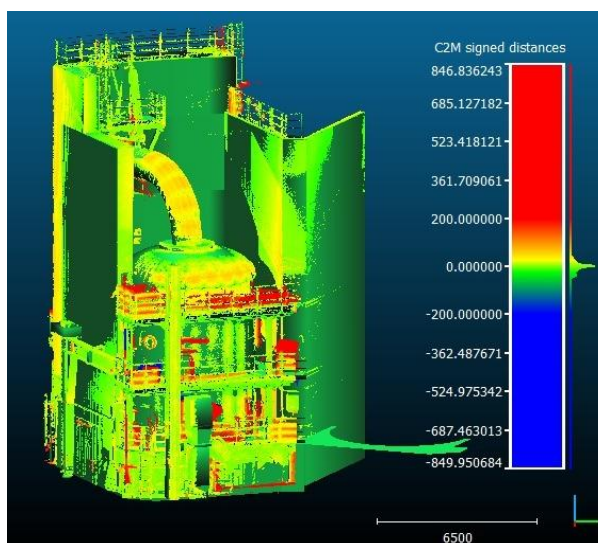
Os algoritmos de reconstrução utilizados neste experimento estão disponíveis no sistema *MeshLab* (CIGNONI et al., 2008), um *software* de código aberto para processamento de malhas e nuvens de pontos. Trata-se de uma aplicação de visualização de malhas, onde um objeto 3D que é armazenado numa variedade de formatos pode ser carregado e inspecionado interativamente de uma forma fácil, através de cliques na própria malha e nos elementos da interface gráfica. O *MeshLab* possui suporte para uma grande variedade de formatos 3D visando contemplar as necessidades de ampla gama de usuários. Carregada uma malha, o utilizador pode trabalhar sobre ela através de diversos filtros, executando tarefas automatizadas de suavização, re-estruturação ou simplificação (CIGNONI, et al., 2008, tradução nossa).

Além de diversos algoritmos de processamento de malha, o sistema *MeshLab* contém várias funções para tratamento e reconstrução de nuvens de pontos. O presente trabalho irá se valer dos algoritmos de reconstrução através de interface *Python* para o código fonte do sistema, que foi desenvolvido em C++. Esta interface é o *PyMeshLab* (MUNTONI e CIGNONI, “PyMeshLab”, 2021), a qual expõe todos os filtros e algoritmos presentes no *MeshLab* como chamadas *Python*.

## 2.4 Análise Comparativa

Com todas as malhas reconstruídas por seus respectivos algoritmos, serão realizadas análises comparando cada malha reconstruída com a nuvem de pontos fornecida como entrada. Para tanto, utilizar-se-á o método *cloud-to-mesh signed distances* (C2M) presente no *software CloudCompare* (GIRARDEAU-MONTAUT, 2016), um projeto *open source* para edição, processamento e análise de nuvens de pontos e malhas. Essa comparação resulta em mapas escalares, permitindo uma análise visual entre cada uma das malhas e a nuvem de pontos do cólon. Os detalhes do procedimento de análise serão descritos na Seção 4.1.

FIGURA 2 - Exemplo Mapa C2M

FONTE: CloudCompare Wiki <sup>1</sup>

Além desse critério visual, também serão utilizados o tempo de execução e a presença de degenerações na topologia da malha resultante. Tais degenerações serão verificadas utilizando o algoritmo *MeshFix* proposto por Attene (2010), que busca converter uma malha poligonal digitalizada de baixa qualidade em uma malha triangular *manifold* e *watertight* sem interseções ou elementos degenerados. Diferente de outras abordagens que buscam reamostrar todo o modelo, o algoritmo *MeshFix* tenta modificar a malha de entrada localmente, ou seja, apenas dentro da vizinhança de configurações indesejáveis (ATTENE, 2010, tradução nossa). Por fim, será realizada uma análise qualitativa, buscando falhas visíveis na malha do colôn através de comparações por imagem.

---

<sup>1</sup> Disponível em: <[https://www.cloudcompare.org/doc/wiki/index.php?title=Cloud-to-Mesh\\_Distance](https://www.cloudcompare.org/doc/wiki/index.php?title=Cloud-to-Mesh_Distance)>. Acesso em: 2 de jan. 2022.

### 3. REFERENCIAL TEÓRICO

O presente trabalho possui diversas ramificações acadêmicas que extrapolam o escopo da Ciência da Computação. Para o desenvolvimento consistente do projeto, é necessário correto embasamento teórico. As três principais áreas base discutidas neste capítulo são a CTC, a Reconstrução de Superfícies e a Renderização em Tempo Real. Estas três áreas são os pilares fundamentais do projeto Colono.

#### 3.1 Colonografia por Tomografia Computadorizada

Para se desenvolver um sistema de diagnóstico médico é necessário conhecer a técnica com embasamento. Esse referencial teórico facilita a previsão e detecção de falhas, além de permitir o projeto do software orientado às necessidades do especialista.

A CTC é um exame obtido a partir de múltiplas imagens seccionais do cólon que são processadas e transformadas em malhas através de variadas técnicas de construção e segmentação. Após essa etapa, é possível realizar a navegação endoluminal, simulando uma colonoscopia óptica (ATZINGEN et al., 2018, p. 160-166).

Para garantir o sucesso do exame é crucial que se tenha feito adequadamente o preparo do paciente, minimizando a ocorrência de defeitos visuais e falso-positivos. Este preparo consiste na limpeza do intestino grosso com dieta pobre em resíduos e laxantes. O uso de contraste oral também é indicado para marcar os resíduos fecais, facilitando sua diferenciação (MANG et al., 2007, p.431-454).

A parte mais importante é a distensão colônica realizada com ar ambiente podendo ser realizada em decúbito ventral, dorsal ou lateral. Notadamente, a posição de decúbito lateral promove dilatação ideal e boa aceitação do paciente (TAKAHASHI et al., 2019). Um cólon preparado adequadamente irá facilitar a detecção de lesões e minimizar falsos positivos, visto que resíduos podem tanto simular quanto obstruir lesões (MANG et al., 2007, p.431-454).

É de vital importância perceber quais defeitos visuais observados na malha tridimensional do cólon advém de um preparo inadequado e quais são resultantes de

falhas de software. Essa visão é fundamental para se nortear o desenvolvimento consistente do sistema.

Essencialmente a interpretação dos dados é realizada primariamente com a plataforma 2D, sendo a visão 3D endoluminal mais utilizada para se conferir os resultados. Todavia, com avanços de software e hardware, a qualidade do modelo, o tempo de construção e da navegação tridimensional tem se tornado cada vez mais consistentes, permitindo que esse tipo de exame seja mais confiável e utilizado pelos especialistas, sendo primordial que estes conheçam os possíveis falsos positivos desses métodos de reconstrução da malha do cólon (MANG et al., 2007, p.431-454).

Desenvolver um sistema de CTC adotando as técnicas mais recentes de reconstrução além do uso de uma plataforma moderna de desenvolvimento de jogos como o *Unity*, permite maior precisão e coesão da malha, além de um resultado visual ímpar. Projetos de novos sistemas que empreguem as novas tecnologias de hardware e software propulsionadas pelo mercado de games e de renderização, irão gerar avanços significativos na visualização tridimensional, tornando-a uma etapa mais segura e confiável no procedimento de diagnóstico médico.

### **3.2 Reconstrução de Superfícies Tridimensionais**

A área da reconstrução de superfície teve progresso substancial nas últimas duas décadas. O problema adereçado pelos algoritmos de reconstrução é a recuperação de uma forma que foi escaneada, onde uma malha tridimensional é obtida a partir de uma coleção de pontos discretos que descrevem o formato da superfície (BERGER et al., 2017).

Para realizar a reconstrução de superfície é necessário inicialmente extrair a nuvem de pontos a partir dos arquivos DICOM (*Digital Imaging and Communications in Medicine*) gerados pela tomografia. A abordagem utilizada pelo módulo de processamento digital de imagem (PDI) é a abordagem descrita por Tulum et al. (2017) onde através de um técnica de limiar óptimo em dois níveis, o algoritmo segmenta os dados em três classes, ar, tecido e fluídos.

O primeiro estágio da técnica de detecção é a segmentação da zona cólon e ar, que é feita através da eliminação das regiões externas e dos pulmões, resultando



em apenas duas estruturas que são preenchidas por ar que são o cólon e o intestino delgado.

Para se diferenciar as estruturas colônicas do intestino delgado, é calculada a razão volume por comprimento de cada secção destacada. A razão normalizada de um cólon distendido adequadamente é igual a 1, enquanto que a razão dos segmentos do intestino delgados possuem valores menores. Para uma total segmentação das regiões cólon e ar, o valor mínimo experimental obtido no trabalho de Tulum é de razão 0.5.

As únicas regiões não segmentadas restantes são as que estão nas bolsas de líquidos. Nesta fase do algoritmo é realizada uma operação de dilatação morfológica para combinar as regiões de ar e líquido no lúmen colônico.

Finalmente o algoritmo utiliza o método de clustering fuzzy C-means, onde cada voxel do lúmen irá pertencer a uma das três classes: ar, tecido ou fluido (TULUM et al., 2017, tradução nossa).

O resultado do algoritmo confere uma nuvem de pontos, todavia, sem a informação das normais. Para utilizarmos as técnicas de reconstrução de superfícies mais robustas é necessário que cada ponto do *dataset* possua um vetor perpendicular ao plano tangente à superfície naquela coordenada.

Hoppe et al. (1992) descreve um algoritmo de estimativa de planos tangentes para cálculo das normais para nuvens de pontos não estruturadas. Essa abordagem é aplicada na malha antes de realizarmos a reconstrução.

Nessa abordagem é feita uma amostragem dos  $k$  vizinhos mais próximos e calculada a centróide deste conjunto. Em seguida é calculado o plano tangente otimizado por mínimo quadrado. Finalmente, se encontra a centróide mais próxima ao ponto e é feito o cálculo da distância ao plano tangente.

Um dos problemas desse método é que não há garantia de que as normais estarão todas orientadas de maneira consistente. Ao aplicar este método, frequentemente partes da malha possuem as normais em sentido lúmen colônico e outras orientadas para região externa.

Para solucionar esse problema, o método constrói uma árvore de extensão mínima euclidiana a partir dos pontos. Iniciando a iteração no nó inicial, a orientação das normais é propagada visitando os vizinhos com as normais mais paralelas.

A técnica escolhida para a reconstrução de superfície é descrita por Khazdan e Hoppe (2013) como *screened poisson reconstruction (SPR)*.

A técnica *poisson surface reconstruction* (KHAZDAN et al., 2006) é uma técnica eficiente e bem conhecida para se criar superfícies a partir de pontos orientados. A técnica é resiliente a ruídos e defeitos de falha de escaneamento, todavia, é sabido que o algoritmo acaba suavizando demasiadamente os dados. A versão mais recente da técnica utiliza a nuvem de pontos como uma variável de limitação de posição, dando origem a versão *SPR*.

“No nosso contexto de reconstrução de superfície, o termo “*screening*” corresponde a uma variável de limitação suave que faz com que a isosuperfície reconstruída passe pelos pontos de entrada” (KHAZDAN e HOPPE, 2013, tradução nossa).

Trabalhar com dados segmentados obtidos através de tomografia computadorizada facilita as etapas de reconstrução, visto que a nuvem de pontos possui baixo ruído, alta densidade de amostragem e poucos erros de topologia em sua superfície. Possuindo elevada robustez a ruídos, a técnica de reconstrução escolhida gera resultados satisfatórios e consistentes, desde que haja correto cálculo de orientação das normais (MATTHEW et al., 2008).

Após a reconstrução da superfície utilizamos o filtro de suavização de Laplace (SORKINE, 2005) com uma limitação, onde a retopologia só irá acontecer caso a nova localização dos vértices estiver praticamente igual as coordenadas originais. Isto é importante para preservar ao máximo os detalhes originais da nuvem de pontos mantendo aparência da malha condizente com a estrutura do órgão, filtrando possíveis ruídos oriundos da reconstrução ou segmentação.

### **3.3 Renderização em Tempo Real**

O maior campo de atuação de gráficos em tempo real é a indústria de jogos. Os jogos de outrora, mais simples, e muitas vezes produzidos por um único desenvolvedor, hoje tornaram-se uma indústria poderosa onde games são superproduções, com incrível qualidade gráfica.

Com o crescimento do mercado, inúmeras empresas construíram plataformas para que os desenvolvedores possam abstrair as minúcias e technicalidades inerentes a construção de um motor de gráficos realistas. Quando novas técnicas de

renderização são propostas na academia, as empresas logo iniciam os trabalhos de integração aos seus sistemas gráficos.

Desta forma, um dos principais intuítos do projeto é produzir um sistema de diagnóstico de colonografia com o benefício diferencial de se utilizar o motor de jogo *Unity* que reúne diversas técnicas de renderização estado-da-arte oferecendo gráficos modernos, alta portabilidade e excelente performance.

Todavia, para se construir um sistema com visual gráfico ímpar, contrastando com outros softwares disponíveis no mercado, é necessário ter ampla compreensão do funcionamento das técnicas de renderização.

Segundo Foley (1996, p.26) estes são os principais “blocos de construção” necessários para uma renderização realista:

- Compreensão da física do fenômeno da luz;
- Modelo para os materiais com correta interação com a luz;
- Modelo que represente com acurácia a forma como nós capturamos a luz para criar imagens, seja por lentes, ou pelo sentido da visão;
- Compreensão do sistema de visão humano e como percebe os raios de luz; e
- Entendimento da matemática utilizada para descrever esses modelos.

Norteados por esses princípios, o desenvolvimento do sistema Colono busca obtenção de qualidade visual e gráfica compatível com jogos digitais, sem, contudo, comprometer a performance nem prejudicar a precisão do diagnóstico por excesso de informações gráficas na navegação endoluminal.

#### 4. MÉTODOS DE RECONSTRUÇÃO

Como descrito no Capítulo 2, o presente trabalho realizou comparações entre quatro algoritmos para reconstrução de superfícies presentes no software *MeshLab* (CIGNONI, et al., 2008). Este Capítulo introduz brevemente cada um desses algoritmos, os quais são detalhados a seguir em suas respectivas seções.

O primeiro algoritmo é o BPA, que computa uma malha triangular através da interpolação da nuvem de pontos fornecida como entrada. O princípio do algoritmo é bem simples: três pontos formam um triângulo se uma esfera de raio arbitrário, definido pelo usuário, toca três pontos da nuvem de entrada sem que essa esfera contenha algum outro ponto (BERNARDINI et al., 1999, tradução nossa).

Outros dois algoritmos são abordagens MLS. Inicialmente definido por Guennebaud e Gross, o algoritmo APSS expressa uma definição baseada em MLS de esferas algébricas. As vantagens dessa abordagem comparadas com MLS planar incluem melhorias na estabilidade da projeção em amostragens mais baixas da nuvem de ponto e na presença de regiões de maior curvatura (GUENNEBAUD e GROSS, 2007, tradução nossa). Já o algoritmo RIMLS utiliza a abordagem MLS com uma regressão de kernel não-linear.

Uma regressão de kernel é uma técnica não-paramétrica de se estimar uma variável aleatória. O Objetivo da função é encontrar uma relação não linear entre um par de variáveis aleatórias  $X$  e  $Y$ . As técnicas de regressão não paramétrica buscam estimar um modelo sem, contudo, especificar antecipadamente sua forma funcional. Assim, a única fonte de informação da forma funcional do modelo é o próprio conjunto de dados (BIERENS, 1988).

Essa abordagem é capaz de lidar com amostragens esparsas, gerar superfícies contínuas preservando detalhes finos e lida naturalmente com detalhes de nitidez através de parâmetro controlado pelo usuário (ÖZTIRELI et al., 2009, tradução nossa).

O último algoritmo a ser comparado é o *Screened Poisson Reconstruction* (KHAZDAN e HOPPE, 2013), sendo um dos mais sedimentados na academia e considerado o estado-da-arte, como já abordado anteriormente.

## 4.1 BPA

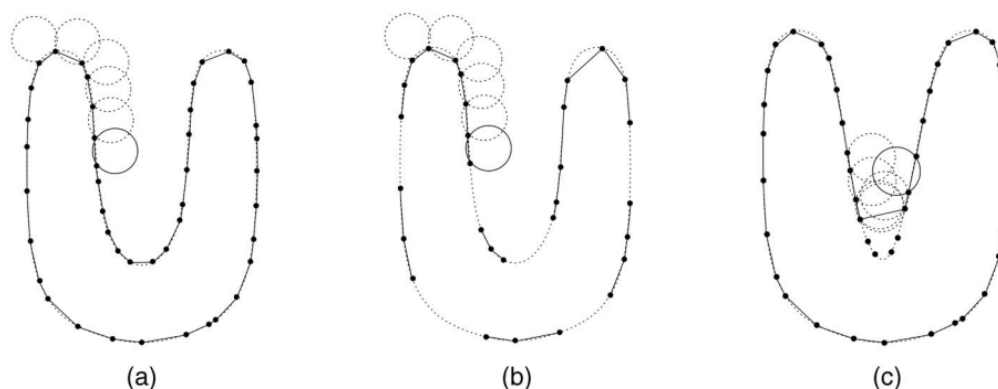
O BPA é um método conceitualmente simples, bem estudado e difundido no ramo de reconstrução de superfícies. Possui tempo de execução linear, eficiência em termos de armazenamento e várias implementações de domínio público. Essas características motivaram a escolha desse método para análise. Todavia, neste algoritmo, a malha compartilha a mesma posição de vértices com a nuvem de pontos. Conseqüentemente, não haverá diferença perceptível dessa comparação em uma análise visual qualitativa.

O algoritmo opera da seguinte maneira. Sendo  $S$  a superfície de um objeto tridimensional e  $P$  a amostragem de pontos de  $S$ , assume-se que  $P$  é densa o suficiente para que uma esfera de raio  $r$  não possa atravessar a superfície sem tocar os pontos da amostragem da malha.

O algoritmo inicia com a esfera em contato com três pontos amostrados. Mantendo-a em contato com dois destes pontos iniciais, a esfera é “pivotada” até tocar outro ponto. A movimentação é feita ao redor de cada aresta das extremidades da malha. Um novo triângulo é gerado a cada três pontos que a esfera toca nesse processo. Assim, o conjunto de triângulos após percorrer toda a superfície que constitui a malha interpolada.

Todavia, é possível averiguar algumas limitações do algoritmo com dados que não possuem amostragens com a densidade adequada. Isso permite prever possíveis configurações indesejadas na topologia da malha (BERNARDINI et al., 1999, tradução nossa), tal como ilustrado pela Figura 3: em (a), um círculo de raio  $r$  pivota de ponto em ponto conectando-os com arestas; em (b), quando a densidade da amostragem é muito baixa, algumas arestas não serão criadas, gerando furos na topologia da malha; e em (c), quando a curvatura da superfície for maior que  $1/r$ , alguns pontos não serão alcançados pela esfera pivotante, de modo que alguns detalhes da malha são perdidos.

FIGURA 3 - BPA em 2D



FONTE: BERNARDINI et al. (1999)

#### 4.2 Screened Poisson Reconstruction (SPR)

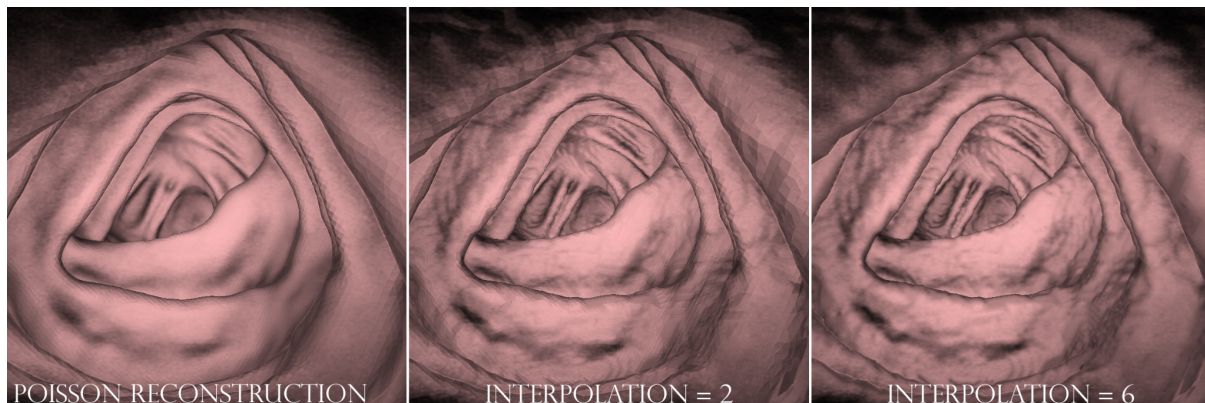
A abordagem *Poisson Reconstruction* (KHAZDAN et al., 2006) é uma das técnicas mais conhecidas para reconstrução de amostragem de pontos orientados. Neste caso, cada ponto possui a informação de normais, indicando qual é a orientação da superfície naquele ponto. Todavia, a abordagem *Poisson Reconstruction* original tende a suavizar excessivamente o modelo resultante, causando a perda indesejada de detalhes.

Assim, a abordagem *SPR* é um aprimoramento do algoritmo original inspirado no trabalho de Calakli e Taubin (2011), que propuseram uma nova interpretação ao se analisar o problema da reconstrução de superfícies por funções implícitas. A grande mudança na técnica consistia em forçar a função implícita a ser uma aproximação suavizada de uma função de distância da superfície, para evitar a perda de detalhes.

Essa nova visão de utilização dos pontos de entrada motivou outros autores a publicarem o artigo *Screened Poisson Surface Reconstruction* (KHAZDAN e HOPPE, 2013). Neste novo algoritmo, os autores propuseram a utilização de variáveis limitadoras de posição, possibilitando maior preservação de detalhes finos da superfície reconstruída.

Esse novo parâmetro é um peso de interpolação e seus efeitos progressivos podem ser averiguados na Figura 4.

FIGURA 4 - Interpolação SPR. Note-se que, à medida que o parâmetro muda, diminui-se o aspecto excessivamente suavizado.



FONTE: O Autor (2021)

Na Figura 4, à esquerda, a técnica original de Khazdan (2006), ou seja, o valor do parâmetro de interpolação é 0. No meio, o valor da variável de interpolação é 2 e, à direita, o valor é 6.

A ideia básica da reconstrução de *poisson* se baseia na observação de que o campo normal dos limites de um sólido pode ser interpretado como o gradiente da função indicadora deste sólido. A função indicadora é a função que define se um elemento pertence ao conjunto, que, neste caso, é a superfície reconstruída. O gradiente desta função é um vetor formado por suas derivadas parciais, formando um campo vetorial de normais orientadas para o interior do sólido.

Dessa forma, dada uma nuvem de pontos com orientação de normais, uma malha que “envolva” este conjunto de pontos pode ser obtida da seguinte maneira:

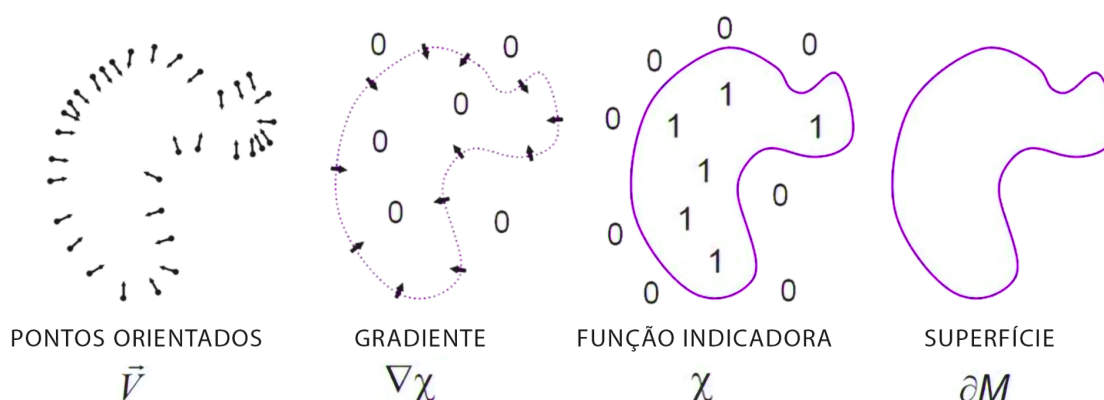
1. Transformando as amostragens de pontos orientados em um campo vetorial contínuo tridimensional;
2. Encontrando a função escalar cujos gradientes mais se adequam ao campo vetorial; e
3. Extraindo a isosuperfície correspondente.

A solução por SPR se adequa ao cenário do projeto pela baixa taxa de ruído da nuvem de pontos segmentada a partir do arquivo de exame. O fator crítico para o sucesso da técnica, tendo em vista o contexto completo da *pipeline* do sistema, é a

etapa de cálculo das normais. Caso a estimativa e orientação das normais nos planos tangentes (vide Seção 3.2) estejam adequados, a malha do cólon há de ser reconstruída com elevada consistência.

Um esquema ilustrativo do passo a passo do algoritmo é ilustrado na Figura 5.

FIGURA 5 - Poisson Reconstruction em 2D



FONTE: Adaptado de KAZHDAN et al. (2006)

Na Figura 5, uma representação bidimensional intuitiva do método *poisson reconstruction*. A inferência chave do método é que o gradiente da função indicadora é zero em todos os lugares exceto nos pontos próximos da superfície, onde é igual ao vetor normal. Desta forma, a nuvem de pontos orientados pode ser interpretada como uma amostragem do gradiente da função indicadora.

### 4.3 APSS

O algoritmo APSS é baseado no método MLS de esferas algébricas para reconstrução de funções contínuas a partir de uma amostragem de pontos não orientados, feito através de regressão linear com pesos. MLS é um método de reconstrução de superfícies a partir de *point clouds* e que considera uma função  $f: \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$  e um conjunto de pontos  $S = \{(x_i, f_i) \mid f(x_i) = f_i\}$ . A aproximação *moving least squares* de grau  $m$  em um ponto  $x$  será  $\tilde{p}(x)$  onde  $\tilde{p}$  minimiza o erro

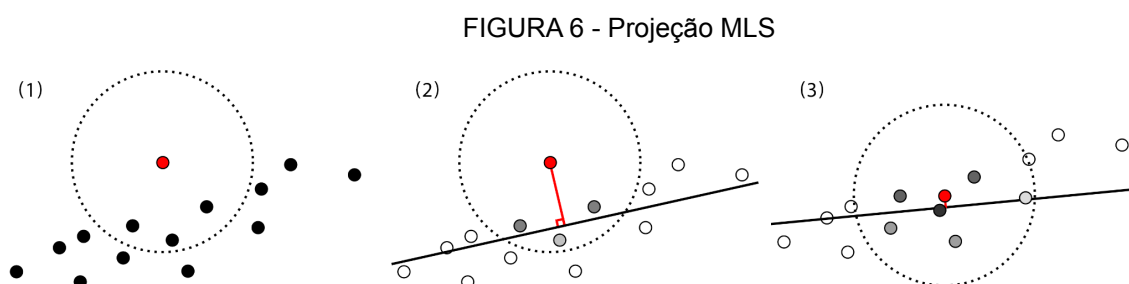


mínimo quadrado ponderado sobre todos os polinômios  $p$  de grau  $m$  em  $\mathbb{R}^n$ .  $\theta(s)$  é o peso e tende a zero quando  $s \rightarrow \infty$  (LEVIN, 2004, tradução nossa).

$$\sum_{i \in I} (p(x_i) - f_i)^2 \theta(\|x - x_i\|)$$

Os algoritmos de definição de superfícies utilizando MLS podem ser classificados em duas categorias. A primeira corresponde aos algoritmos MLS de projeção, nos quais o método é utilizado para definir a superfície como os pontos estacionários de um procedimento de ajuste paramétrico iterativo. Já a segunda classe equivale aos algoritmos MLS implícitos, i.e., que empregam a técnica MLS para resolver uma função implícita sob algumas restrições. Essas restrições incluem a limitação posicional, que determina a interpolação/aproximação dos pontos da amostra de entrada, e a limitação derivada, que estabelece a correspondência entre os gradientes da função implícita e as normais dos pontos de entrada correspondentes (CHENG, 2008).

A Figura 6 ilustra um esquema do algoritmo de projeção, classe que define o método descrito nesta seção.



FONTE: Adaptado de RICHARD'S BLOG (SOUTHERN, 2016)<sup>2</sup>

Dado um ponto em questão (em vermelho) e uma nuvem de pontos (em preto), um raio de busca irá conter todos os pontos de interesse. Este raio está intimamente relacionado com o efeito de suavização do método. Na esquerda (1), são identificados todos os pontos contidos pelo raio de busca. No centro (2), é construído um plano mais adequado que passe através dos pontos utilizando o

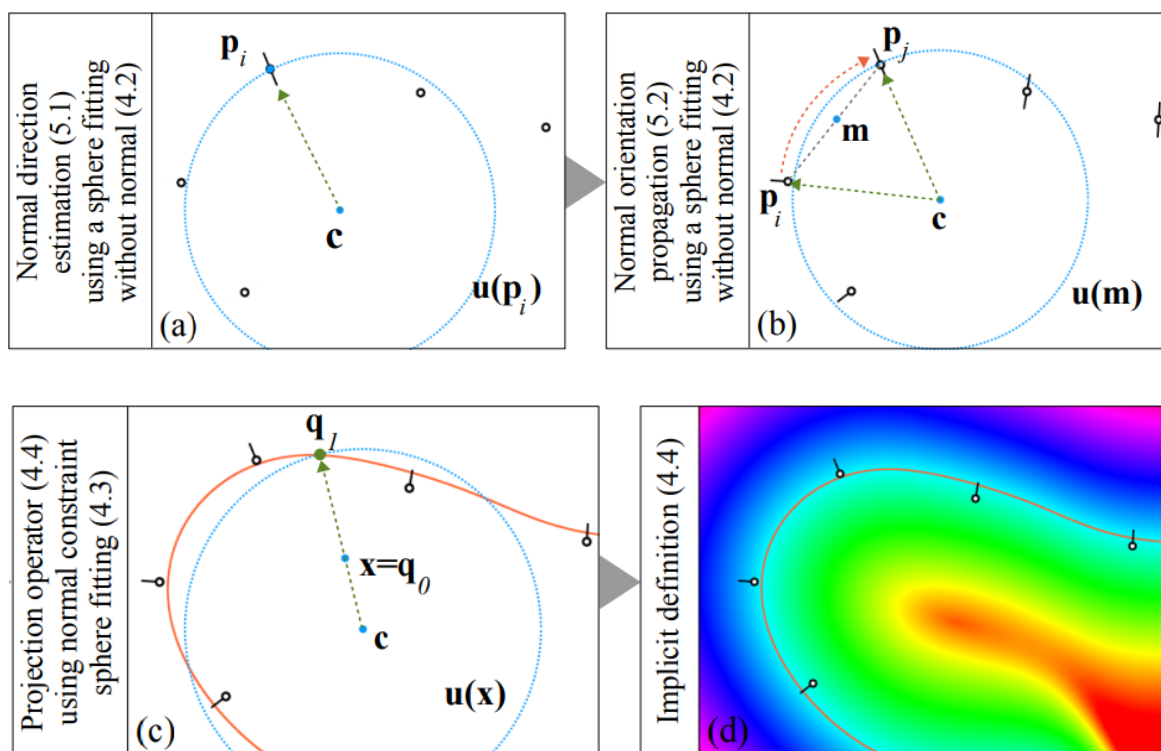
<sup>2</sup> Disponível em: <<https://nccastaff.bournemouth.ac.uk/rsouthern/post/mls/>>. Acesso em: 9 de jan. 2022.

método dos mínimos quadrados ponderados. À direita (3), é feita iteração pelos pontos até que dois passos consecutivos resultem em pontos muito similares dentro de um intervalo de tolerância (SOUTHERN, 2016).

No artigo publicado por Guennebaud e Gross (2007), os autores apresentaram uma nova definição de MLS chamada *Algebraic Point Set Surfaces*. A técnica consiste em encaixar superfícies algébricas de maior ordem além do plano tradicional. Por questões de eficiência computacional, a forma escolhida foi a esfera. Todavia, o conceito pode ser aplicado a outras superfícies de maior ordem. Segundo os autores, a grande vantagem do método é que esta abordagem apresenta maior estabilidade em situações onde o MLS planar falha. Alguns casos específicos são superfícies com curvas suavizadas e amostragens de pontos de baixa densidade.

Dado um conjunto de pontos  $P = \{p_i \in \mathbb{R}^d\}$ , define-se uma superfície suavizada  $S_p$  aproximando  $P$  utilizando uma abordagem *moving least squares* esférica para ajustar os dados. APSS também utiliza as normais dos pontos para realizar uma simplificação caso a nuvem de pontos seja orientada, melhorando a eficiência e robustez dos algoritmos de ajuste.

FIGURA 7 - APSS



FONTE: GUENNEBAUD e GROSS (2007)

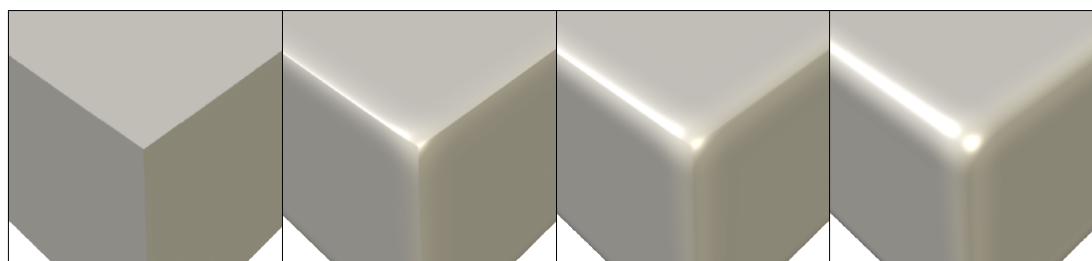
Na Figura 7 é apresentado um esquema do algoritmo com um exemplo 2D. Inicialmente, em (a), iniciando com uma nuvem de pontos, é feita uma estimativa de normais ao se encaixar uma esfera algébrica  $u$  em cada ponto  $p_i$ . Em seguida, em (b), é feita uma propagação da orientação das normais do ponto  $p_i$  para o vizinho  $p_j$  aproximando a superfície intermediária utilizando uma esfera aproximada. Com as normais estimadas, em (c), é feita a aplicação de uma técnica simplificada de ajuste esférico para computar a APSS final  $S_p$ . Essa APSS pode ser definida como o conjunto de pontos fixos de um operador de projeção sobre um ponto em uma esfera localmente ajustada. Como alternativa (d), a superfície  $S_p$  também pode ser definida como o zero da função no campo escalar representando a distância entre o ponto em avaliação e a esfera localmente ajustada.

Enfim, a essência da técnica são algoritmos computacionais para ajustar robusta e eficientemente uma esfera a um conjunto de pontos no formato *moving least squares*.

Uma das grandes vantagens da técnica é a estabilidade do método frente a nuvens de pontos com baixa densidade de amostragem.

Algumas limitações do método incluem dificuldade de lidar com superfícies retilíneas e curvas acentuadas e a incapacidade do método de lidar com malhas não *manifold*. A forma encontrada pelos pesquisadores de lidar com descontinuidades acentuadas na superfície da malha foi a criação de um parâmetro de *sharpness* ilustrado na Figura 8.

FIGURA 8- APSS



FONTE: GUENNEBAUD e GROSS (2007)

Na Figura 8 os autores demonstram a progressão do controle de *sharpness*. Da esquerda para a direita:  $\alpha = 0$ ,  $\alpha = 0,15$ ,  $\alpha = 0,5$  e  $\alpha = 1$  (GUENNEBAUD e GROSS, 2007, tradução nossa).

#### 4.4 RIMLS

Por sua vez, o método RIMLS recorre a técnicas robustas de estatística e avalia a superfície MLS nos termos de uma regressão de kernel local. Estatística robusta é um campo de pesquisa que estuda os efeitos dos desvios frente às hipóteses assumidas na estatística clássica. Isso posto, um método estatístico é robusto quando não é afetado por variações e valores atípicos (e.g., ruídos e *outliers*) oriundos das hipóteses do modelo (PIRES e BRANCO, 2007).

Esta estabilidade é crucial no cenário de reconstrução de superfícies, visto que, em muitos casos, os dados de entrada possuem falhas e ruídos advindos do escaneamento, os quais comprometem a qualidade do resultado obtido por meio da minimização dos erros quadrados.

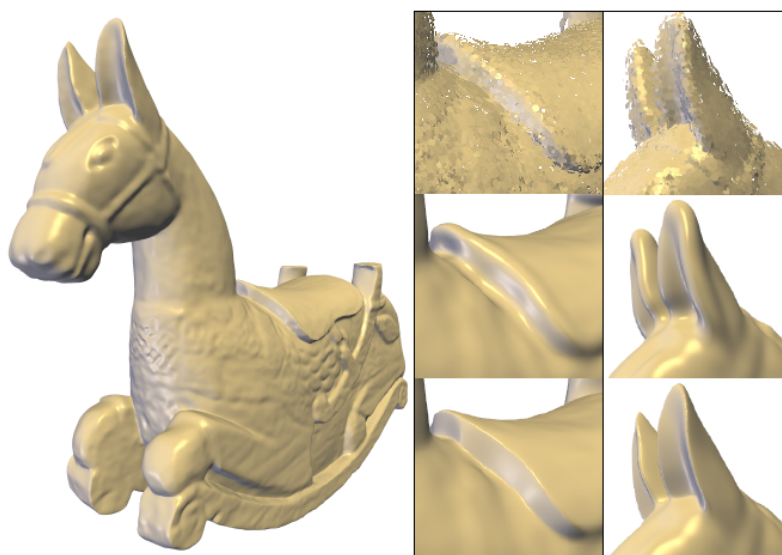
A regressão de kernel local é um método de regressão supervisionada para estimar uma função  $f(x) : \mathbb{R}^d \rightarrow \mathbb{R}$  dados os seus valores  $y_i \in \mathbb{R}$  nos pontos amostrados  $x_i \in \mathbb{R}^d$ . Note-se que os dados de entrada podem estar corrompidos com ruído, de forma que  $y_i = f(x_i) + \varepsilon$ , onde  $\varepsilon$  é uma variável aleatória com média zero. A essência do método é aproximar a função  $f(x_i)$  desconhecida em torno do ponto de avaliação  $x$  nos termos de uma Expansão em Série de Taylor.

A principal intenção do método RIMLS é manter o máximo de detalhes da superfície, visto que os métodos MLS lidam naturalmente com ruído uniforme gerando suavização arbitrária. Todavia, é sabido que estatisticamente esta abordagem é extremamente sensível a *outliers*. À vista disso, o uso das técnicas de estatística robusta implementadas no método o tornam estável mesmo em amostragem de pontos de baixa densidade.

Ademais, os métodos MLS acabam suavizando excessivamente a superfície, gerando instabilidade em algumas curvas mais acentuadas do modelo. Isso posto, o método RIMLS também introduz um parâmetro de *sharpness* que permite ao usuário

controlar a taxa de suavização do algoritmo de reconstrução (ÖZTIRELI et al., 2009, tradução nossa).

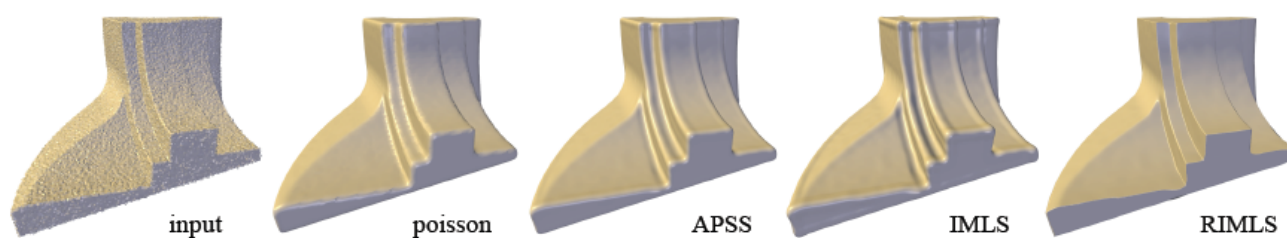
FIGURA 9 - RIMLS



FONTE: ÖZTIRELI et al., 2009

Na Figura 9, na esquerda é possível observar um modelo construído utilizando a abordagem RIMLS com um conjunto de pontos com 3% de ruído. Na direita, em cima, visões aproximadas da amostragem de pontos, no meio a abordagem IMLS e em baixo a abordagem Robusta proposta por Öztirelli et al. em 2009.

FIGURA 10 - COMPARAÇÃO DE MÉTODOS



FONTE: ÖZTIRELI et al., 2009

A Figura 10 ilustra a comparação entre vários métodos a partir do modelo *fan disk* depois de ser corrompido aleatoriamente por ruído de magnitude 0,5% do tamanho total do objeto (ÖZTIRELI et al., 2009, tradução nossa).

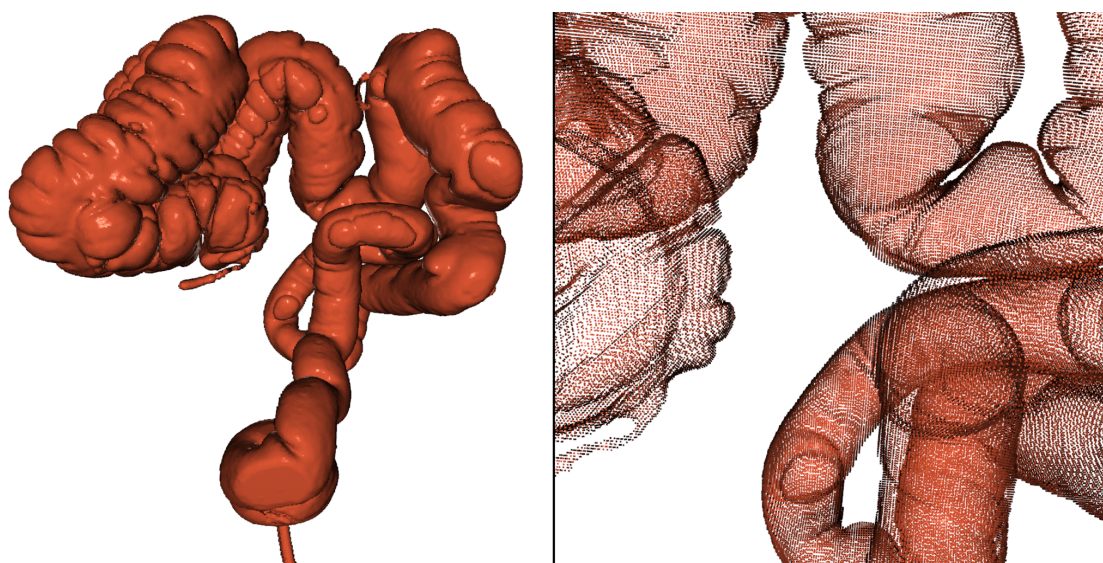
Portanto, este método, apesar de baseado em MLS, possui abordagem muito distinta do método APSS descrito anteriormente. RIMLS é capaz de oferecer grande robustez a ruídos e preservar detalhes finos da malha. Conseqüentemente, essa técnica é uma escolha relevante para análise na pesquisa deste trabalho.

## 5. AVALIAÇÃO EXPERIMENTAL

Neste Capítulo serão apresentados e discutidos os resultados da pesquisa. Em cada subseção, serão levantados os dados obtidos de cada algoritmo, sendo realizada na última etapa análise comparativa.

### 5.1 Protocolo Experimental

FIGURA 11 - Point Cloud Exame SE0004



FONTE: O Autor (2021)

Os quatro algoritmos de reconstrução de superfícies terão como entrada a mesma nuvem de pontos para fins de comparação (vide Figura 11), a qual possui 440.542 pontos. Inicialmente, será realizada a comparação entre a *point cloud* e cada uma das malhas geradas pelos diferentes métodos de reconstrução. Foi realizado o cálculo das distâncias entre a nuvem de pontos referência e cada uma das malhas, produzindo assim um campo escalar<sup>3</sup>. Além disso, foram elencados como critérios de comparação: a média de tempo de execução de cada algoritmo mediante amostragem de trinta execuções; a quantidade de falhas e configurações indesejadas na topologia da malha utilizando o algoritmo *MeshFix* (ATTENE, 2010);

---

<sup>3</sup> Um campo escalar é uma função que associa um valor escalar a cada ponto no espaço, neste caso, a distância entre a nuvem de pontos e a malha reconstruída.

e análises qualitativas, destacando defeitos visuais na topologia da malha e possíveis falhas nos procedimentos de reconstrução.

### 5.1.1 Aspectos de Implementação

A nuvem de pontos foi obtida a partir de exame oriundo da base pública *The Cancer Imaging Archive (TCIA) Public Access*<sup>4</sup>. Esses dados foram processados utilizando a segmentação descrita na Seção 3.2, convertidos em *point cloud* na plataforma *Open3D* (ZHOU et al., 2018) onde foi realizado cálculo e orientação das normais aos vértices. O software utilizado para realizar comparações foi o *Cloud Compare*, um projeto Open Source desenhado para se realizar comparações entre (a) duas *point clouds* e (b) entre uma malha triangular e uma *point cloud*.

Todas as malhas foram geradas em *OBJ*, que é um formato de arquivo baseado em texto, aberto e portátil desenvolvido pela *Wavefront Technologies* (MCHENRY e BAJCSY, 2008, tradução nossa). Essa escolha se deu devido à sua ampla difusão nas mais diversas aplicações de gráficos 3D.

### 5.1.2 Ambiente de Execução

O computador utilizado neste teste está equipado com processador *Intel i7-5820k* de 6 núcleos e 12 *threads*, com 15MB de memória *cache* e operando a 3,3GHz. A memória RAM é de 16GB DDR4 a 2400MHz. A placa de vídeo é uma *Geforce GTX 1650 4GB DDR6*. O Sistema Operacional da máquina é o Windows 10 Pro versão 20H2 compilação 19042.870.

## 5.2 Resultados

### 5.2.1 BPA

O algoritmo BPA executou a reconstrução da malha em tempo médio de 11,8 segundos, sendo o algoritmo mais veloz de todos os retratados nesta pesquisa. Como já descrito na subseção 4.1.1, o algoritmo BPA realiza o processo iterativo tendo como base o conjunto de pontos de entrada. Portanto, é possível observar que o número de vértices coincidem com as coordenadas da nuvem de pontos conforme Tabela 1.

---

<sup>4</sup> Coleção de dados disponível em: <<https://wiki.cancerimagingarchive.net>>. Acesso em: 17 out. 2021.



Tabela 1 - Dados Malha BPA

Vértices	440.542
Faces	880.421
Tamanho (MB)	~68

Fonte: O Autor (2021)

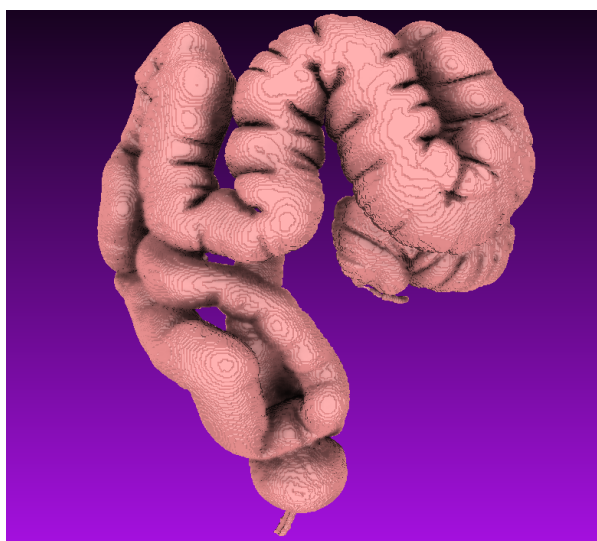
Na Figura 12, observamos uma visão externa da malha reconstruída e renderizada em *flat shading*. Neste método de *shading*, o cálculo da luz é realizado para cada polígono, gerando uma intensidade homogênea de sombreamento para toda a sua superfície. Este método confere à malha uma aparência facetada e que evidencia descontinuidades.

Nesta configuração é possível averiguar claramente a densidade de faces presentes no modelo reconstruído, permitindo uma análise mais clara da qualidade e complexidade da malha, pois outros sombreamentos podem camuflar defeitos devido à interpolação.

Nesta imagem é possível perceber a presença de cada uma das faces na isosuperfície do cólon, sendo possível visualizar vários desníveis que comprometem o resultado final almejado. Estas falhas na superfície são oriundas do próprio processo de triangularização gerado pelo “pivotamento” do algoritmo que não possui nenhum passo de suavização.

Este aspecto é desfavorável ao realismo proposto pelo projeto, visto que a estrutura do modelo tridimensional é orgânica, sendo uma malha de aspecto curvilíneo e suavizado.

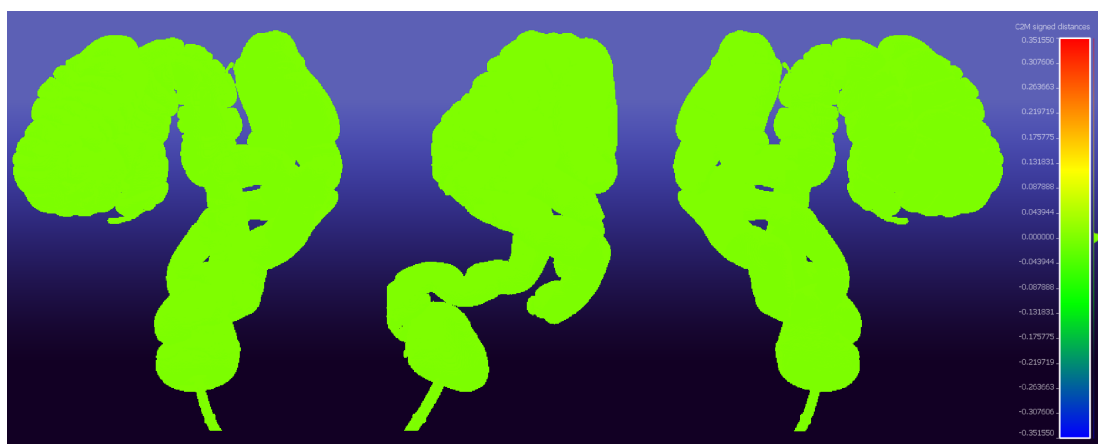
FIGURA 12 - Malha BPA.



FONTE: O Autor (2021)

O campo escalar das distâncias entre os vértices da malha e da *point cloud* pode ser observado na Figura 13. Trata-se de uma sobreposição virtualmente perfeita, portanto, se algum vértice porventura for a causa de um defeito na topologia da malha, esse problema persistirá.

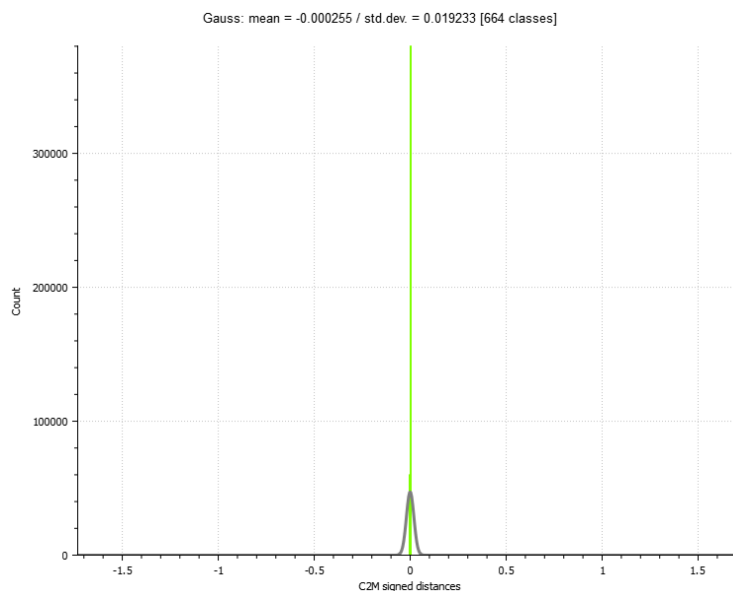
FIGURA 13 - C2M BPA



FONTE: O Autor (2021)

A representação do histograma do campo escalar, vide Figura 14, reitera este fato.(descritivo maior)

FIGURA 14 - Histograma BPA



FONTE: O Autor (2021)

Nesta fase final dos resultados, o algoritmo *MeshFix* foi executado tendo como entrada a malha resultante da reconstrução BPA. Esse algoritmo (ATTENE, 2010) possui duas etapas em seu método de reparo: reconstrução topológica e correção da geometria.

Na primeira etapa, o método busca converter o conjunto de polígonos de entrada em uma malha triangular *manifold* e orientada. Uma malha finita 2D é considerada *manifold*, se as arestas e triângulos de um determinado vértice  $v$  possam ser arranjadas em ordem cíclica  $t_1, a_1, t_2, a_2, \dots, t_n, a_n$  sem repetições, de forma que a aresta  $a_i$  é uma aresta do triângulo  $t_i$  e  $t_{i+1}$ . Isso implica que, para cada aresta, existem exatamente duas faces que a contêm (FOLEY, 1996, p. 193, tradução nossa).

Já uma malha não *manifold* pode ser classificada, de maneira simplificada, com um modelo que apresente: auto-intersecção, componentes isolados da estrutura principal, buracos, faces internas e geometria sobreposta.

Nesta fase, é feita apenas uma análise da conectividade da malha de entrada, tendo como objetivo obter uma única malha *manifold* combinatória sem

fronteiras. Uma malha *manifold* combinatória é uma aproximação discreta da noção de uma topologia *manifold*.

De acordo com Attene (2010), dada uma malha triangular definida com um par  $(P, \Sigma)$ , onde  $P$  designa um conjunto de posições de  $N$  pontos  $p_i = (x_i, y_i, z_i) \in R^3$  com  $1 \leq i \leq N$ , e  $K$  é um complexo simplicial abstrato que contém toda a informação topológica desta malha. O complexo  $K$  é um conjunto de subconjuntos de  $\{1, \dots, N\}$ . Estes subconjuntos são chamados *simplices* e são de três possíveis tipos: vértices  $v = \{i\}$ , arestas  $e = \{i, j\}$ , e triângulos  $t = \{i, j, k\}$ , de forma que qualquer subconjunto não-vazio de um *simplex* de  $K$  é também um *simplex* de  $K$ , ou seja, se existe um triângulo, também existem arestas e vértices.

O complexo simplicial abstrato  $K$  descreve uma topologia, ou conectividade, em  $P$ . Pode-se definir  $P$  como a geometria da malha triangular  $M = (P, K)$ , e, a conectividade ou topologia de  $M$ , pode ser definida como a conectividade de  $P$  através de  $K$ . Desta forma, pode-se afirmar que  $M$  é *manifold* combinatória se  $K$  é uma *manifold* combinatória. Por conseguinte,  $K$  é uma *manifold* combinatória se todos os seus vértices são *manifold*. Um vértice de  $K$  é *manifold* se sua vizinhança é homeomorfa<sup>5</sup> a um disco na topologia de  $K$ .

O autor ainda define  $M$  como sendo geometricamente *manifold* se ela está de acordo com a topologia Euclidiana. Ele ainda destaca que uma malha pode ser *manifold* combinatória e não geométrica, basta que ela tenha auto-intersecções. Ele também faz referência ao cenário inverso, ilustrando o caso de uma esfera triangulada, onde se escolha uma aresta  $e = \{i, j\}$ , adicione um novo triângulo  $t = \{i, j, k\}$  e defina  $p_k := p_j$ .

Após o reparo da conectividade da malha, os aspectos geométricos são abordados na fase seguinte. As falhas típicas em uma malha triangular são elementos degenerados (triângulos com área nula) e triângulos com auto-intersecções (ATTENE, 2010, tradução nossa), além de buracos, formados por arestas que pertencem apenas a um triângulo.

---

<sup>5</sup> “Um homeomorfismo de um conjunto  $A$  em um conjunto  $B$  é uma aplicação  $f: A \rightarrow B$  contínua inversível com inversa contínua. Dizemos que dois conjuntos  $A$  e  $B$  são homeomorfos se existe homeomorfismo de  $A$  em  $B$ .” (SOARES, 2007).

Ao executar o algoritmo, tendo como entrada a malha BPA, as seguintes degenerações foram detectadas e reparadas na etapa de reconstrução topológica:

- 130 Vértices Isolados; e
- 9 Pequenos Componentes Isolados<sup>6</sup>.

Na etapa de correção da geometria:

- 169 buracos; e
- 1.535 triângulos com auto-intersecção.

### 5.2.2 Screened Poisson Reconstruction

O tempo médio de execução da reconstrução da malha foi de 66,5 segundos.

Os parâmetros utilizados no algoritmo foram os padrões propostos no artigo, sendo alterada apenas a profundidade de reconstrução. Este parâmetro representa a altura da estrutura de dados da árvore utilizada no método, sendo fundamental um valor maior do que o padrão para se garantir uma execução consistente.

O valor padrão é 8 e, baseado em testes prévios, este valor foi ampliado para 12. Caso um valor muito alto seja escolhido, o algoritmo irá percorrer níveis da árvore, sem contudo, encontrar pontos do conjunto de entrada para efetuar os cálculos de reconstrução, comprometendo o tempo de execução desnecessariamente. Caso seja um valor muito pequeno, o procedimento é realizado com uma taxa de amostragem muito baixa gerando perda de detalhes.

---

<sup>6</sup> Pequenos volumes isolados da estrutura principal do modelo em reparo.

FIGURA 15 - Comparação Valores De Profundidade



FONTE: O Autor (2021)

Na Figura 15 é possível observar os efeitos progressivos do uso do parâmetro *depth*. Na parte superior da figura, é possível observar os resultados da escolha de um valor muito baixo que resulta em malha defeituosa. No meio, um valor intermediário que ocasiona perda de detalhes finos. Na parte inferior da figura, o valor escolhido neste experimento.

Os dados da malha resultante podem ser averiguados na Tabela 2.

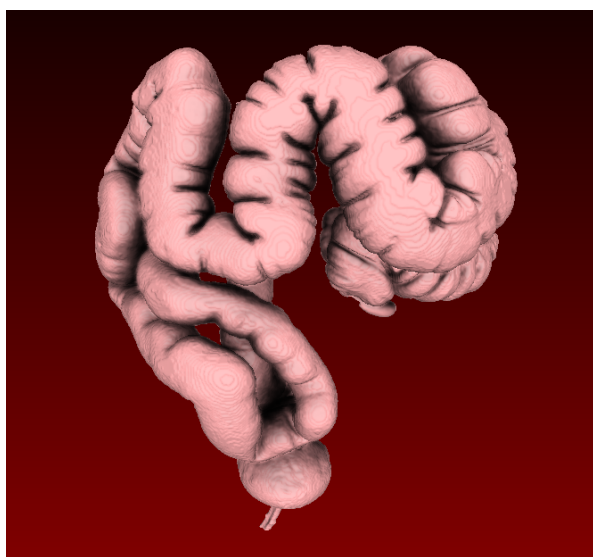
Tabela 2 - Dados Malha Poisson

Vértices	847.431
Faces	1.695.194
Tamanho (MB)	131

Fonte: O Autor (2021)

Inicialmente, é possível observar uma alta densidade de vértices e faces, conferindo uma alta taxa de detalhamento e uma preservação do aspecto orgânico do cólon (vide Figura 16).

FIGURA 16 - Malha Poisson.

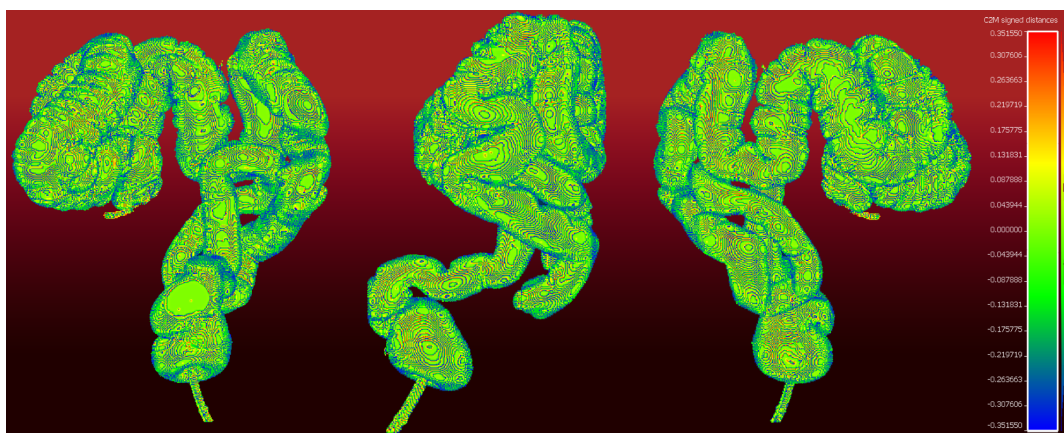


Fonte: O Autor (2021)

Uma rápida análise visual realizada em primeira instância já possibilita a aferição de maior preservação da estrutura e topologia originais do cólon, oferecendo indícios de que o algoritmo SPR é capaz de produzir resultados superiores à técnica BPA apresentada na subseção anterior.

Na Figura 17 é possível observar o campo escalar das distâncias *cloud-to-mesh* resultante do método SPR.

FIGURA 17 - C2M POISSON

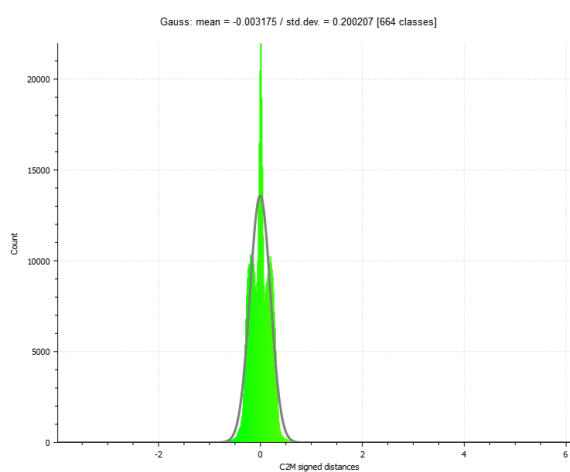


Fonte: O Autor (2021)

No método da Reconstrução de Poisson é feita a extração de uma nova isosuperfície. Consequentemente, a representação das distâncias não é uniforme, como ocorre na Figura 13. É possível observar que a maior parte da malha está representada com tons de verde, indicando elevada proximidade com os pontos originais da nuvem de pontos do exame. Isso se deve a utilização de restrições de posição inseridas na nova versão do método, que busca associar a isosuperfície com as entradas da nuvem de pontos.

Na Figura 18, o histograma detalha a distribuição das distâncias.

FIGURA 18 - Histograma Poisson



Fonte: O Autor (2021)



O algoritmo *MeshFix* detectou apenas 13 pequenos componentes isolados da malha principal. Não foram detectadas degenerações na etapa de correção da geometria, não sendo necessária a realização de processo de reparo na estrutura principal da malha.

### 5.2.3 APSS

Os parâmetros do algoritmo APSS foram mantidos em configuração padrão, sendo modificada apenas a resolução de *grid*. Este atributo influencia diretamente a qualidade da reconstrução de forma que, quanto maior a resolução, maior a densidade de polígonos na malha reconstruída. Todavia, à medida que o valor de *grid* é incrementado, o tempo de execução do método cresce.

Para melhores efeitos comparativos, mediante testes prévios, foi escolhida uma resolução de 400, visto que este valor estabelece tempo de execução similar ao obtido em 5.2.2.

Com esta parametrização, o método APSS executou em média de 77,2 segundos. Os dados da malha são apresentados na Tabela 3.

Tabela 3 - Dados Malha APSS

Vértices	436.567
Faces	855.843
Tamanho (MB)	~67

Fonte: O Autor (2021)

É possível constatar que, mesmo com tempo de execução maior do que o método descrito na seção anterior, a densidade de vértices e faces é menor em aproximadamente 48%.

Em caráter experimental, o algoritmo foi executado com valores de *grid* de 600 e 1.000 respectivamente. Este teste intenciona averiguar a relação tempo de execução e densidade de vértices.

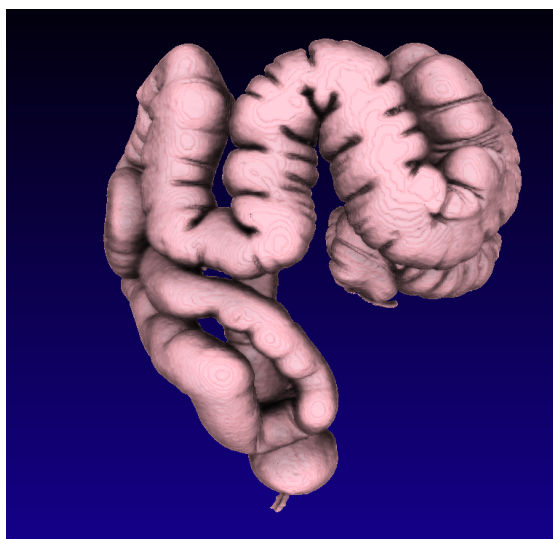
Com Grid de 600, a malha apresentou 985.250 vértices e 1.968.823 faces, representando um aumento próximo de 125% no número de vértices e 130% na

contagem de faces. Todavia, o tempo de execução ampliou para 252,8 segundos, resultando em um aumento de aproximadamente 227%.

Com Grid de 1000, a malha apresentou 2.742.593 vértices e 5.481.325 faces, um aumento próximo de 528% no número de vértices e 540% nas faces. O tempo de execução foi de 18 minutos, representando um acréscimo de 1.300%.

Na Figura 19, é possível constatar a representação visual da malha com *grid* de resolução igual a 400, com esta configuração, se obtém tempo compatível com os algoritmos analisados anteriormente nesta pesquisa.

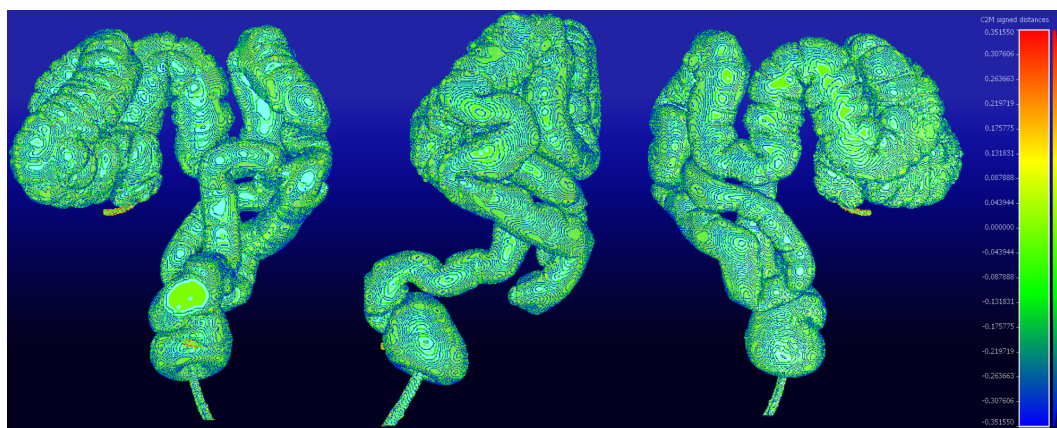
FIGURA 19 - Malha APSS



Fonte: O Autor (2021)

Na Figura 20, observa-se o campo escalar da malha. Inicialmente, é possível observar uma maior variação de distâncias, indicando uma maior diferença da malha reconstruída em relação ao conjunto de pontos do exame. Isso se deve ao processo de projeção da esfera algébrica que suaviza a superfície reconstruída, resultando em uma maior distância entre a malha e a nuvem de pontos em regiões de curvatura mais acentuada.

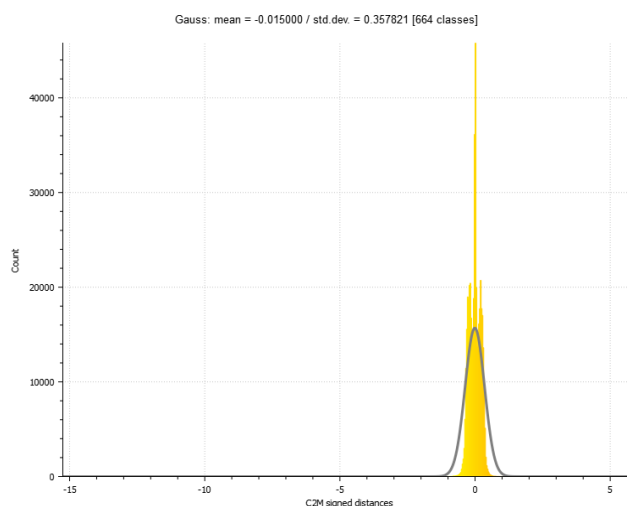
FIGURA 20 - C2M APSS



Fonte: O Autor (2021)

Na Figura 21, é possível observar com mais detalhes a distribuição das distâncias.

FIGURA 21 - Histograma APSS



Fonte: O Autor (2021)

Ao executar o algoritmo *MeshFix*, tendo como entrada a malha APSS, não houveram detecções de falhas na etapa de reconstrução topológica. Todavia, na etapa de correção da geometria, foram detectados:

- 15.453 buracos; e
- 15.120 triângulos com auto-intersecção.

O número de degenerações encontradas na malha foi bem elevado em comparação com as abordagens discutidas nas subseções 5.2.2 e 5.2.1.

#### 5.2.4 RIMLS

Assim como no algoritmo APSS, as configurações de execução padrão foram mantidas, sendo modificada apenas a resolução de *grid*. Inicialmente, com a resolução de 400, o tempo de execução médio foi de 123,6 segundos, sendo o maior tempo entre os algoritmos analisados neste experimento.

Na Tabela 4, é possível observar os dados da malha resultante do processo de reconstrução.

Tabela 4 - Dados Malha RIMLS

Vértices	439.123
Faces	857.760
Tamanho (MB)	~67

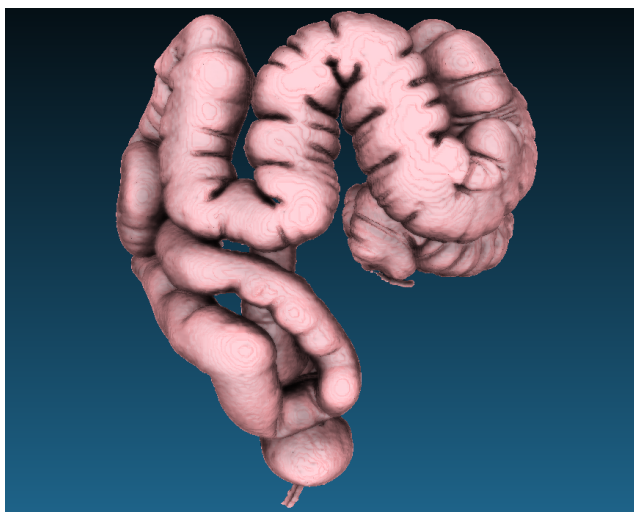
Fonte: O Autor (2021)

Com resolução de *grid* de 600, o tempo de execução foi de 325,7 segundos, 194% maior que na definição de 400, testada anteriormente. O número de vértices nessa nova resolução foi de 992.216 e o de faces 1.982.420, representando aproximadamente 126% de aumento na contagem de vértices e 131% na de faces.

Com o parâmetro de *grid* configurado para 1000, foram obtidos 2.762.822 vértices e 5.520.588 faces, um aumento de 529% e 543% no número de vértices e faces respectivamente. Já o tempo de execução, cresceu para 21,5 minutos, um aumento de 1065%.

Na Figura 22, representação visual da malha com *grid* 400.

FIGURA 22 - Malha RIMLS

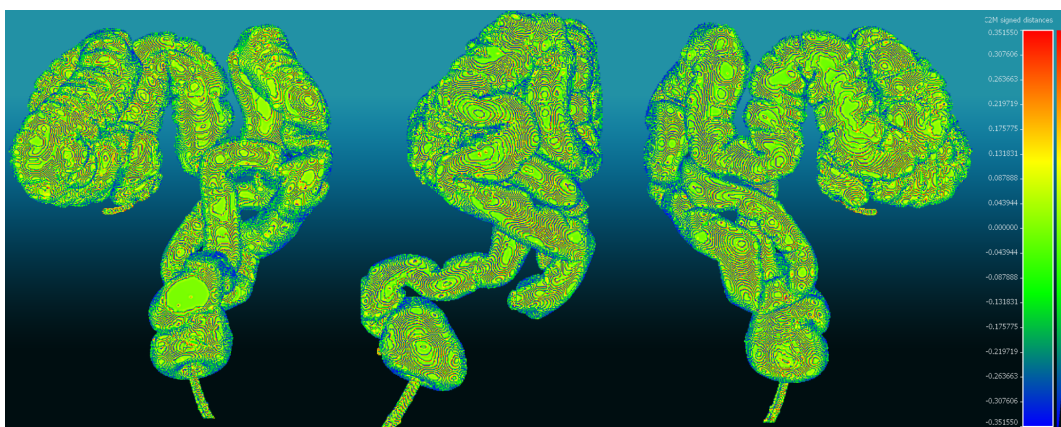


Fonte: O Autor (2021)

Ambas as abordagens MLS, quando em resolução que permita tempo de execução aceitável dentro do contexto do projeto, não possuem detalhamento e consistência mínima necessária para análise. A proporção de progressão do tempo de execução em relação ao aumento da densidade de faces e vértices em ambos algoritmos inviabiliza a sua utilização.

Na Figura 23, podemos visualizar o campo escalar da malha resultante.

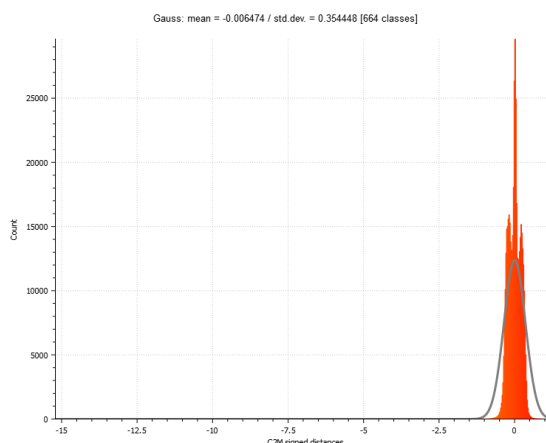
FIGURA 23 - Malha RIMLS 2



Fonte: O Autor (2021)

Na Figura 24, o histograma do campo escalar gerado pela malha reconstruída com método RIMLS.

FIGURA 24 - Histograma RIMLS



Fonte: O Autor (2021)

A execução do algoritmo *MeshFix* na malha RIMLS, não acusou falhas na etapa de reconstrução topológica.

Entretanto, na etapa de correção da geometria foram detectados:

- 17.551 buracos; e
- 13.482 triângulos com auto-intersecção.

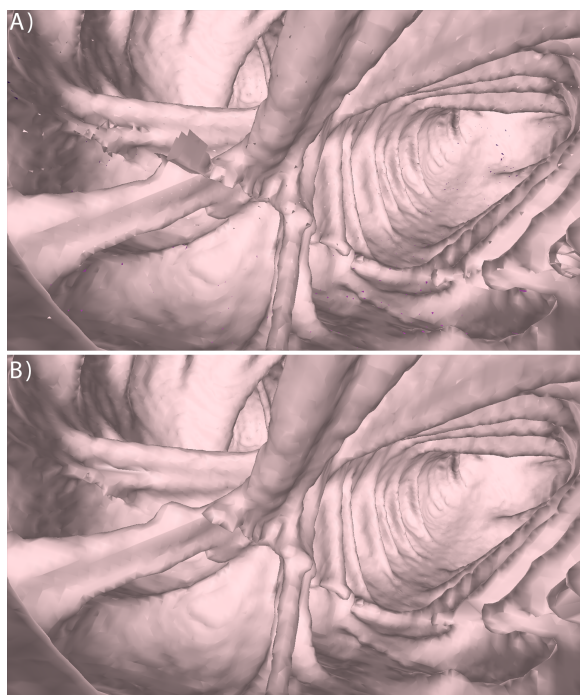
O número de degenerações foi tão elevado quanto na abordagem APSS. O processo de projeção, realizado nos algoritmos baseados em MLS, quando executado com baixa taxa de amostragens (visando compatibilidade do tempo de execução com os outros métodos da pesquisa) gera uma soma de imperfeições na topologia da malha que acabam por inviabilizar seu uso em possível cenário de análise clínica.

### 5.3 Considerações

Existem algumas possibilidades de implementação e estudo que surgem a partir dos resultados desta avaliação experimental. Apesar do elevado número de degenerações nas abordagens MLS, o algoritmo proposto por Attene (2010) gerou resultados satisfatórios, viabilizando a possibilidade de se adotar uma associação entre os métodos APSS ou RIMLS e o algoritmo *MeshFix*. Esta associação independe das normais, sendo uma alternativa viável quando não for possível estimá-las ou obtê-las a partir do exame.

Na Figura 25, é possível observar os resultados do algoritmo sobre a malha RIMLS executada com *grid* de 400.

FIGURA 25 - RIMLS Resultado Meshfix

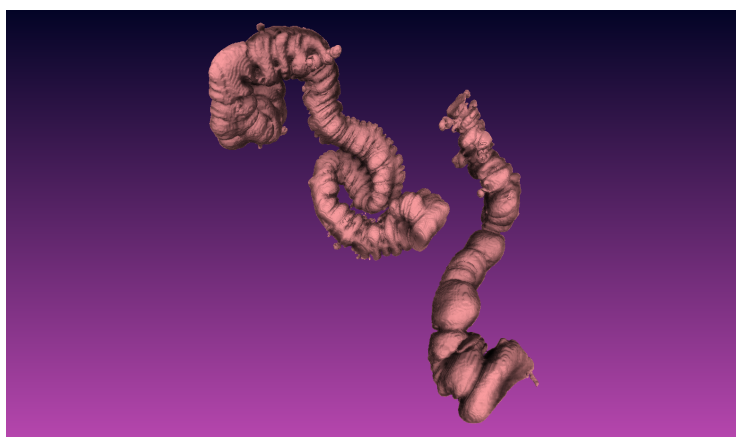


Fonte: O Autor (2021)

Na Figura 25, em A), a malha original produzida pelo algoritmo RIMLS, em B), malha corrigida pelo algoritmo *MeshFix*.

Portanto, em primeira análise, as malhas corrigidas pelo algoritmo *MeshFix* apresentam qualidade e consistência topológica aceitáveis, tornando a associação dos dois métodos uma abordagem plausível para malhas *watertight*. Malhas *watertight* são modelos que consistem em apenas uma superfície fechada. No contexto da CTC, existem muitos exames que, por motivos diversos (vide Seção 3.1), não produzem nuvem de pontos contínuas, como exemplificado na Figura 26.

FIGURA 26 - Exame Falho



Fonte: O Autor (2021)

Por conseguinte, um dos grandes desafios da *pipeline* é um método que seja robusto o suficiente para lidar com ampla gama de exames, produzindo resultados aceitáveis para uma análise clínica. O presente trabalho, apesar de não tratar este protótipo como um sistema crítico, almeja buscar o melhor resultado possível no processo de reconstrução.

#### 5.4 Análise Comparativa

Nesta seção, será realizada análise qualitativa, destacando por imagem as falhas apresentadas por cada método na topologia da malha. Tal viés comparativo é relevante posto que o intuito da reconstrução é submeter a malha ao crivo de especialista, que emitirá seu lado a partir da observação comparativa do DICOM e da malha na janela da navegação endoluminal.

Na tabela 5, é possível observar os dados das inconsistências encontradas em cada malha pelo algoritmo *MeshFix*.



Tabela 5 - Comparativo de Falhas

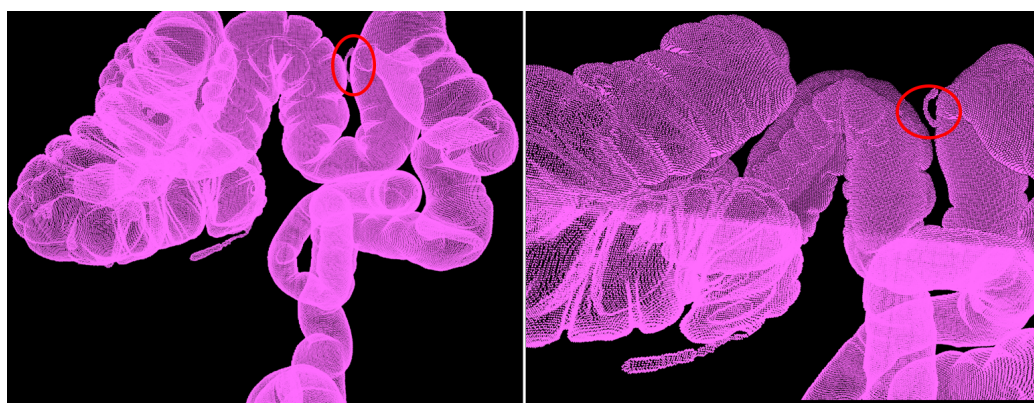
Algoritmo	Tempo de Execução (s)	Falhas Reconstrução Topológica	Falhas e Correção da Geometria
BPA	11,8	139	1.704
SPR	66,3	13	0
APSS	77,2	0	30.573
RIMLS	123,6	0	31.033

Fonte: O Autor (2021)

Apesar dos métodos MLS apresentarem ausência de falhas de reconstrução topológica, a malha reconstruída apresenta grande quantidade de faces vazias e triângulos degenerados.

É importante frisar que, na nuvem de pontos utilizada como entrada, existe uma região de pontos isolados do cólon que são responsáveis pelas falhas de reconstrução topológica indicadas no método SPR na Tabela 5. Tal volume pode ser visualizado na Figura 27.

FIGURA 27 - Componente Isolado na Nuvem de Pontos

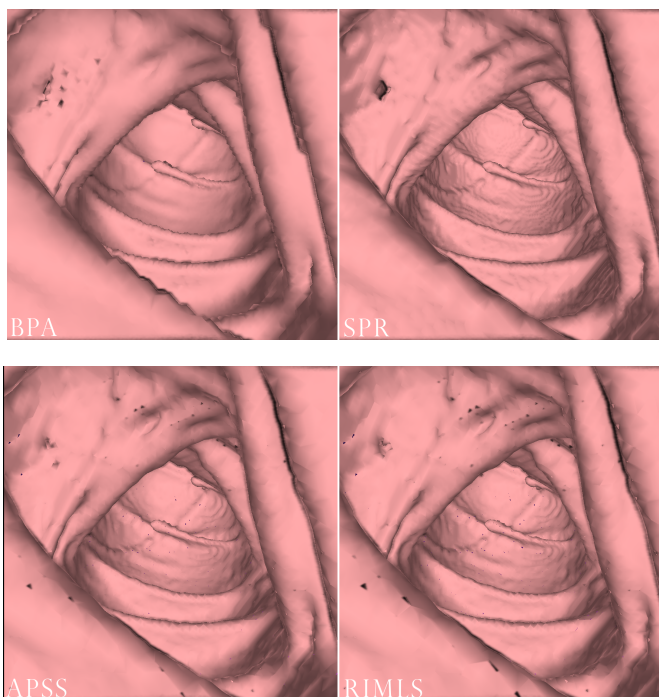


Fonte: O Autor (2021)

Desta forma é possível afirmar que, apesar do método apontar 13 falhas de reconstrução topológica, a malha resultante é consistente em relação à nuvem de

pontos do exame. Na Figura 28, é possível observar uma imagem comparativa das 4 malhas.

FIGURA 28 - Resultado Comparativo



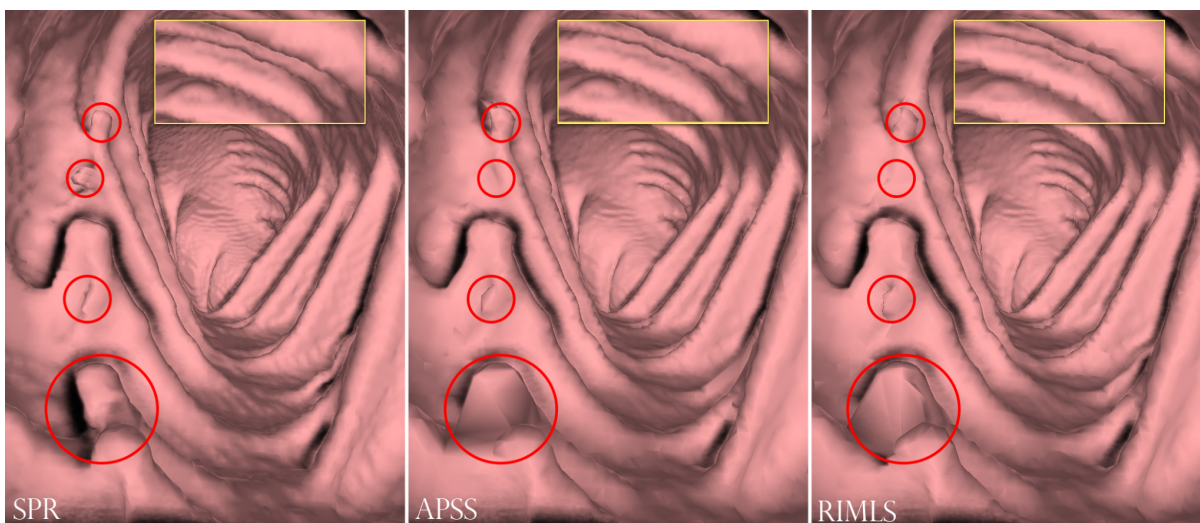
Fonte: O Autor (2021)

Inicialmente, é possível observar uma grande distância qualitativa entre o método SPR e os demais. Tanto o BPA quanto as abordagens MLS apresentam defeitos básicos de topologia que comprometem gravemente o resultado final. No BPA, temos uma baixa densidade de triângulos produzindo visual serrilhado discrepante da estrutura orgânica e suave do cólon.

Nas abordagens MLS não são detectados erros topológicos pelo algoritmo. Todavia, ocorreu um grande número de degenerações, como averiguado na seção anterior. Estas falhas não são detectadas em virtude das abordagens originais não serem capazes de efetuar a reconstrução do volume desconectado da malha principal apresentado na Figura 27. Portanto, não houve a necessidade do reparo dessa região. Ou seja, neste caso específico, a ausência de falhas nesta etapa indica precisão inferior de reconstrução.

Visando a análise da preservação de características finas da malha, a Figura 29 ilustra comparativo das malhas MLS reparadas com a abordagem SPR.

FIGURA 29 - Resultado Comparativo

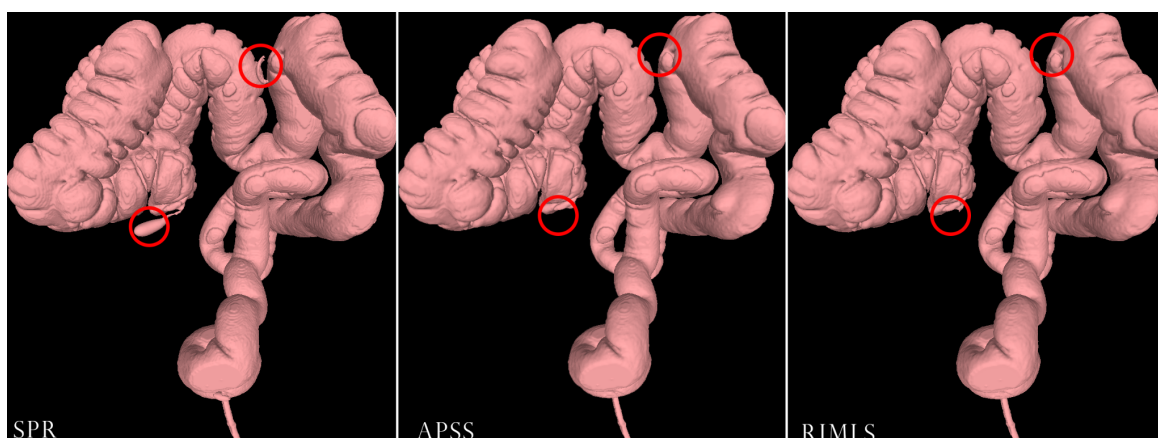


Fonte: O Autor (2021)

Em virtude da baixa amostragem de *grid*, necessária para manter os métodos em tempo de execução compatível, diversas regiões acabam não sendo retratadas de maneira fidedigna. Em um *software* de diagnóstico médico, tal falha é crítica, haja vista as regiões delimitadas em vermelho possuem formato homólogo aos pólipos intestinais. Caso o algoritmo não seja robusto o suficiente para conferir morfologia adequada aos pólipos, a confiabilidade da navegação endoluminal será severamente comprometida.

Na Figura 30, é possível observar uma visão externa das três malhas.

FIGURA 30 - Falhas Topológicas



Fonte: O Autor (2021)

Nas regiões destacadas em vermelho, percebemos volumes não reconstruídos ou removidos durante o processo de reparo. O destaque na parte superior corresponde ao componente ilustrado na Figura 27. O destaque inferior, corresponde ao apêndice, que, como foi reconstruído com alta taxa de degenerações, acabou sendo removido pelo algoritmo *MeshFix* na etapa de correção da geometria.

Em razão das múltiplas falhas de reconstrução, várias estruturas vitais para um diagnóstico preciso são comprometidas, seja pela perda total dos dados do volume ou pela baixa qualidade de reconstrução. A preservação da morfologia das estruturas internas e externas do cólon é o objetivo principal da pesquisa sendo fator principal de distinção qualitativa dos algoritmos.

Portanto, é possível averiguar superioridade nos resultados apresentados pelo algoritmo SPR, sendo distintamente a abordagem mais viável para a *pipeline* do protótipo.

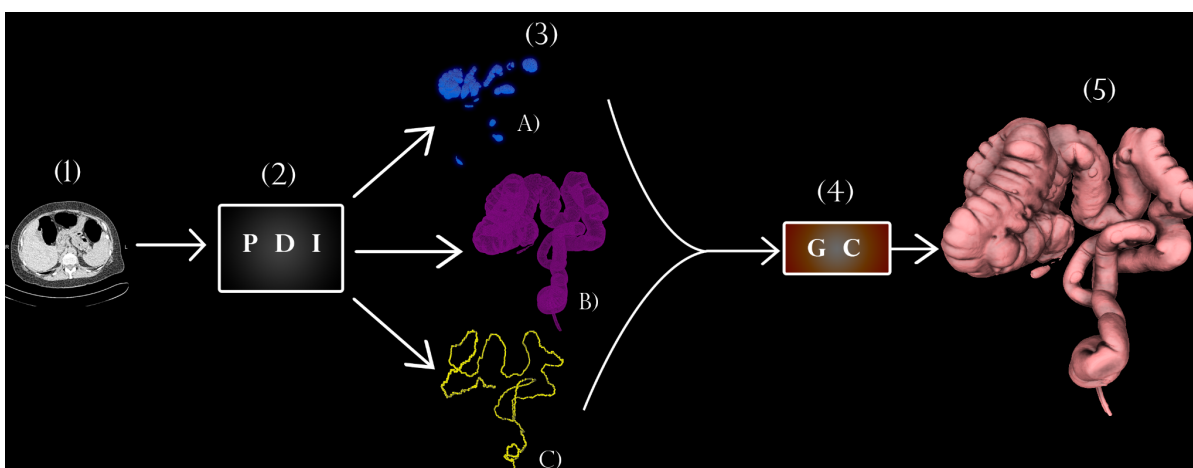
## 6. VISÃO GERAL DO SISTEMA

Neste capítulo serão apresentadas estrutura, telas e funcionalidades do protótipo Colono. Como já retratado na seção 3.2, o primeiro estágio da *pipeline* corresponde ao módulo de PDI. Todavia, o foco descritivo deste capítulo serão os passos de Geometria Computacional e de renderização, que são as aplicações principais do módulo de Computação Gráfica.

### 6.1 Pipeline em Síntese

Na Figura 31, é possível observar esquema simplificado dos dois primeiros passos da *pipeline* do protótipo.

FIGURA 31 - Pipeline Parte 1



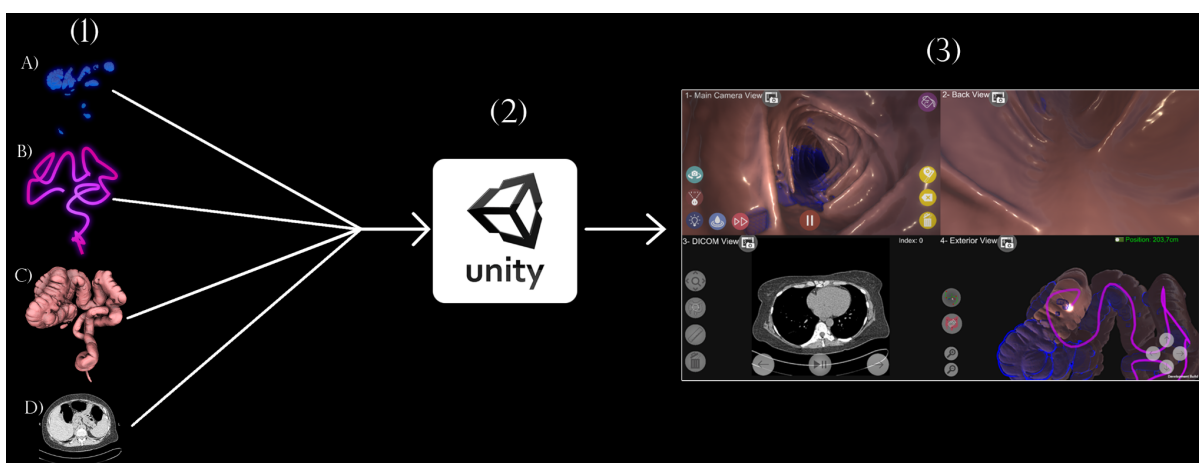
Fonte: O Autor (2021)

Em (1), representação ilustrativa da entrada do procedimento. Os dados de entrada são os arquivos DICOM do exame. Estes arquivos são acessados pelo módulo PDI (2) que corresponde à primeira etapa da *pipeline*. Os dados de escala do equipamento de tomografia são acessados no arquivo DICOM e salvos para uso em módulo posterior. Nesta fase, é realizada segmentação (vide seção 3.2), produzindo três saídas (3). As duas primeiras são as nuvens de pontos do cólon (A) e dos depósitos de líquido (B). A terceira saída é a linha de navegação (C), esta estrutura representa a linha guia que irá nortear a movimentação da câmera durante o exame.

A linha de navegação é produzida por algoritmo proposto por Wan et al. (2002). Esse método constrói uma árvore geradora mínima (*minimum spanning tree*, MST) utilizando as distâncias dos voxels até a borda mais próxima do cólon. A linha de navegação centralizada é definida como o caminho de custo mínimo que percorre o inverso do campo das distâncias dentro do cólon, de modo que a MST é usada nesse processo. Visando diminuir o tempo de execução do algoritmo, o módulo PDI efetua uma subamostragem de um terço dos voxels do cólon. Essa modificação confere uma melhora significativa sem comprometer a qualidade da linha de navegação, conforme análise empírica realizada.

Em sequência, os três arquivos gerados são propagados para o módulo de Geometria Computacional (4). Neste módulo, inicialmente, é feito o redimensionamento do líquido e da linha de navegação para escala adequada ao motor *Unity*. Em seguida, as normais são estimadas e o método SPR é executado, produzindo a malha (5). Após a reconstrução, são efetuadas operações de tratamento topológico da malha, suavização e, por fim, escalonamento. Todos os arquivos são salvos no diretório *assets* do projeto *Unity*.

FIGURA 32 - Pipeline Parte 2



Fonte: O Autor (2021)

Na Figura 32, em (1), estão representados os dados necessários para a execução do protótipo. Estes arquivos são: (A) nuvem de pontos escalonada do líquido, (B) linha de navegação, (C) malha do cólon tratada e (D) caminho para os

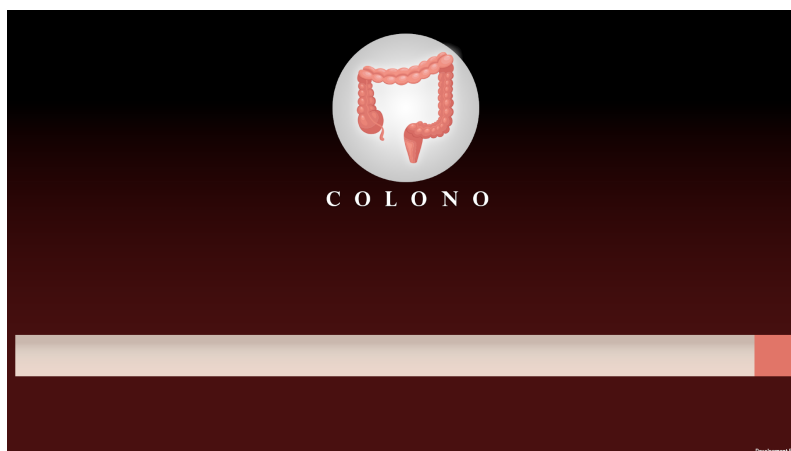
arquivos do exame e seus dados de escala. Em (2) é efetuado build em *batchmode* do projeto. Em (3), ilustração da tela do protótipo em funcionamento.

## 6.2 Viewports da Ferramenta

Nesta seção, serão discutidas as funcionalidades de cada uma das principais janelas do protótipo. As interações estão exemplificadas em vídeo do YouTube (VÍDEO DEMONSTRATIVO EXECUÇÃO PROTÓTIPO COLONO, 2022).

Antes da tela principal, o sistema inicializa uma tela de *loading* que realiza o carregamento dos dados descritos na seção anterior. Dentre os *assets*, os mais custosos são os arquivos DICOM. No exame em questão, são 541 arquivos que necessitam de carregamento sequencial para representar o volume de que se trata o exame. Na Figura 33, a tela de início da aplicação.

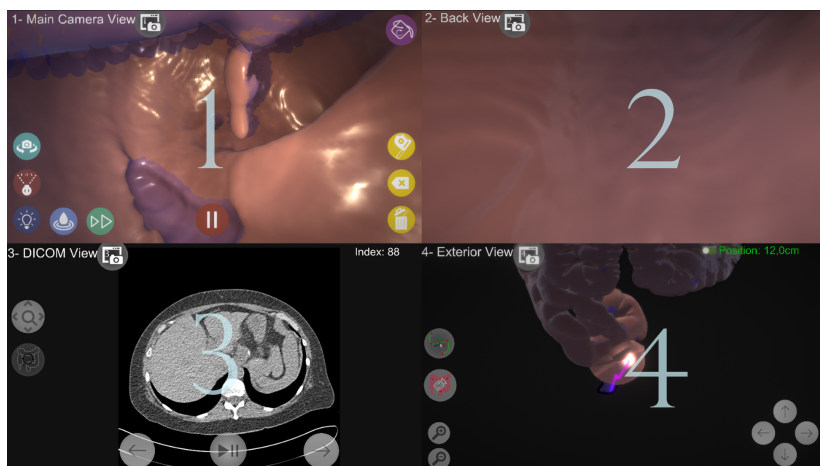
FIGURA 33 - Tela de Carregamento Inicial



Fonte: O Autor (2021)

Na Figura 34 Ilustração do *layout* principal do protótipo.

FIGURA 34 - Layout



Fonte: O Autor (2021)

Em (1), visão principal com sua interface de funcionalidades. Em (2) *viewport* traseira. Em (3), visão do exame DICOM. Em (4), visão exterior do cólon e do caminho percorrido. Com as teclas 1 à 4 é possível maximizar cada *viewport*.

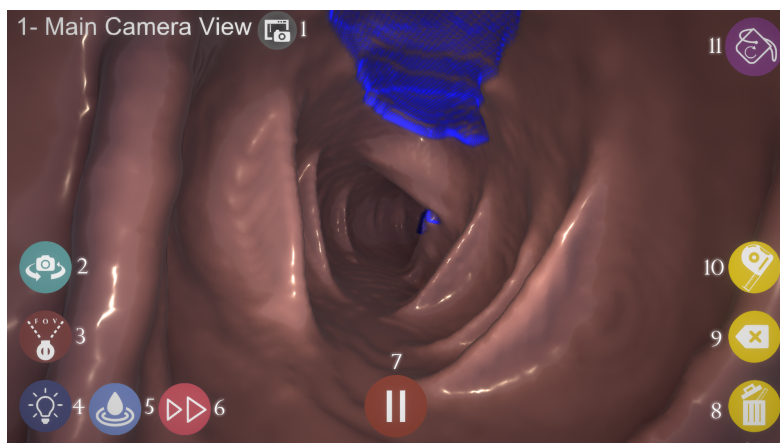
### 6.2.1 Visões Principal e Traseira

As principais ferramentas implementadas estão associadas à visão principal. A visão traseira representa apenas outro ângulo de visualização, o qual é interpretado pelo usuário como mera referência, não possuindo interface de funcionalidade associada.

Na Figura 35, é possível observar a janela principal maximizada e sua interface de ferramentas numerada.



FIGURA 35 - Main Viewport



Fonte: O Autor (2021)

O botão assinalado em (1) confere acesso a funcionalidade de captura de tela. O botão (2) permite mudança do sentido de navegação. (3) permite configurar três opções de ângulo de abertura da câmera. (4) Botão de ligar ou desligar luz focal. (5) Desativa a visualização das poças de líquido. Em (6) é possível escolher entre três opções de velocidade de navegação. O botão (7) ativa ou desativa a navegação automática.

Os botões (8), (9) e (10), correspondem à funcionalidade de cálculo de medidas. Para o correto funcionamento desta ferramenta, é necessário aferir os dados reais de escala do modelo. Estes dados são obtidos através de um parâmetro que indica a distância em milímetros entre *pixels* nos eixos  $x$ ,  $y$  e entre os *slices* (e.g., distância no eixo  $z$ ). Este parâmetro é transferido na pipeline da etapa de PDI até o projeto *Unity*. Cada um desses valores são inseridos em uma distância euclidiana ponderada:

$$\sqrt{(w_x * (x_1 - x_2))^2 + (w_y * (y_1 - y_2))^2 + (w_z * (z_1 - z_2))^2}$$

Onde  $w_x$ ,  $w_y$  e  $w_z$  são as distâncias em milímetros entre os pixels e os slices respectivamente. A Figura 36 ilustra o funcionamento desta ferramenta.

FIGURA 36 - Ferramenta de Medição

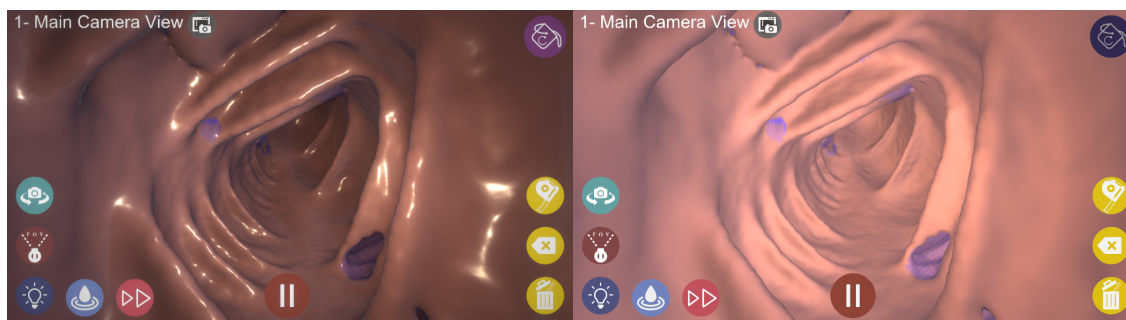


Fonte: O Autor (2021)

Ao ativar a funcionalidade, uma esfera luminosa verde acompanhará o cursor do *mouse* sobre a superfície da malha do cólon em *raycasting*. Ao clique do usuário, a esfera é fixada e uma nova esfera deve ser posicionada. Ao posicionar a segunda esfera, uma linha é desenhada e a distância entre os dois pontos é mostrada na tela, conforme Figura 36.

Por fim, em (11), é possível ativar a funcionalidade *simple shading*, que simplifica o material do cólon e desativa os efeitos de pós-processamento para fins de inspeção. Os resultados podem ser observados na Figura 37.

FIGURA 37 - Simple Shading

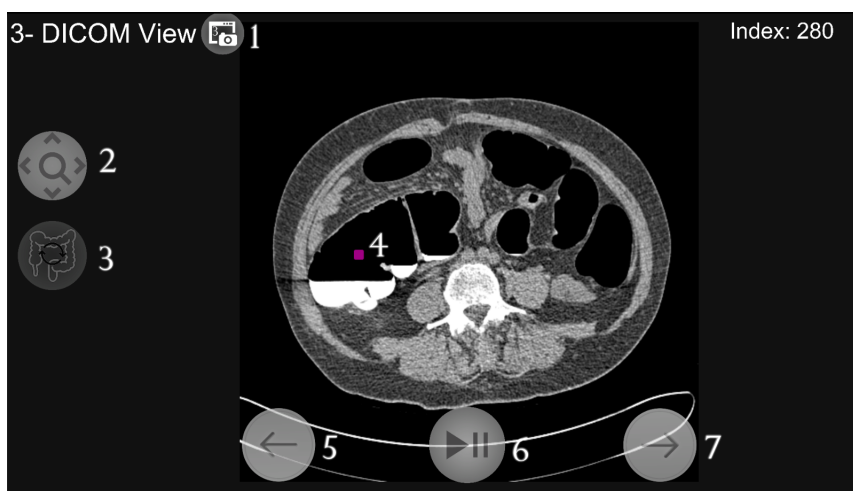


Fonte: O Autor (2021)

### 6.2.2 Visão DICOM

Nesta *viewport* é possível visualizar o arquivo DICOM. A tela e suas funcionalidades estão ilustradas na Figura 38.

FIGURA 38 - Visão DICOM



Fonte: O Autor (2021)

A funcionalidade (1), presente em todas as *viewports*, permite a captura da tela. (2) ativa modo *pan/zoom*. (3) Ativa a sincronização com o posicionamento de navegação endoluminal.

(4) corresponde a posição sincronizada com a navegação endoluminal. Este posicionamento é obtido através de uma correspondência com as coordenadas da linha de navegação.

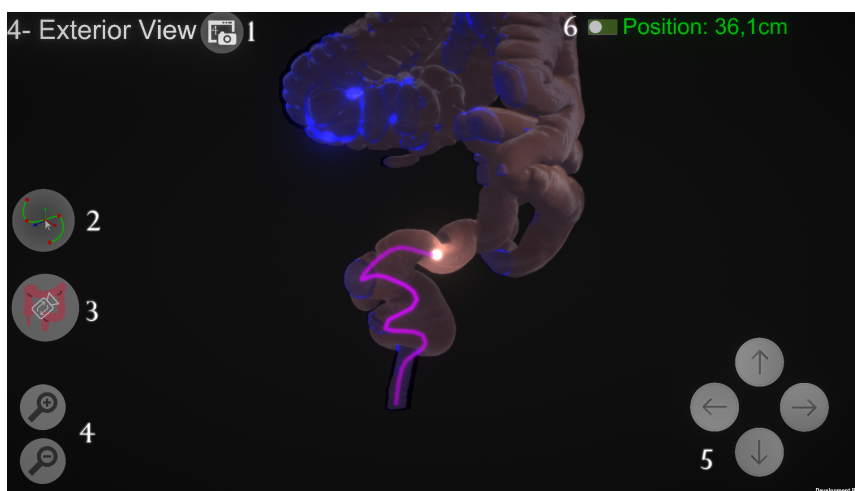
As coordenadas  $x$ ,  $y$  da linha de navegação correspondem a posição em *pixels* na visualização bidimensional.

As funcionalidades (5), (6) e (7) permitem navegação pelos *slices*. (5) e (7) efetuam passagem a cada clique ou ao pressionar os botões. (6) passa por todos os *slices* automaticamente.

### 6.2.3 Visão Exterior

Nesta janela é possível visualizar o exterior do cólon, o posicionamento do usuário na navegação endoluminal e o trajeto percorrido. As funcionalidades desta *viewport* estão numeradas na Figura 39.

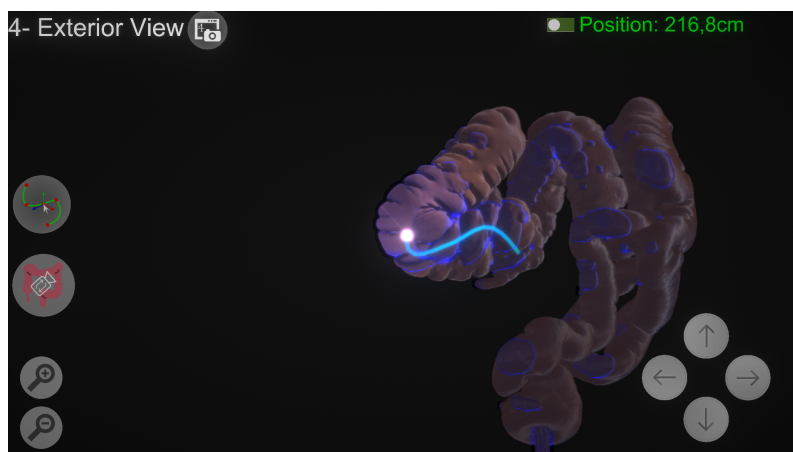
FIGURA 39 - Visão Exterior



Fonte: O Autor (2021)

Em (1), funcionalidade de captura de tela, comum a todas as *viewports*. O botão (2) confere acesso à tela de edição de linha de navegação. Esta função será detalhada na próxima subseção. (3) modifica o ponto inicial de navegação para o reto ou ceco. Ao modificar o sentido de navegação, a cor da linha de rastro de percurso é modificada (vide Figura 41).

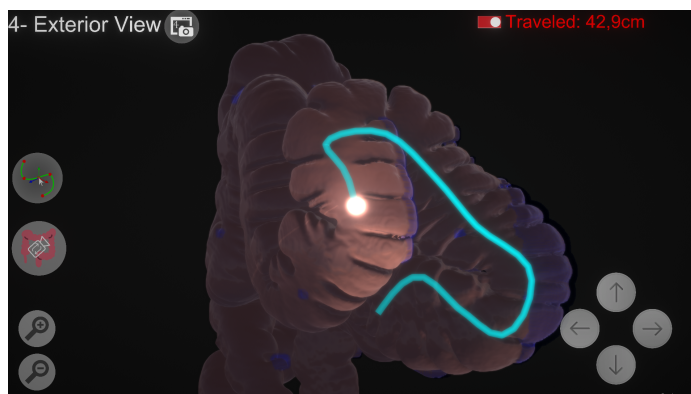
FIGURA 40 - Sentido de Navegação Inverso



Fonte: O Autor (2021)

(4) e (5) permitem controle de *zoom* e rotação ao redor do cólon. (6) mostra a posição atual do usuário do reto ao ceco. Ao clicar no switch, é possível observar a distância percorrida conforme Figura 41.

FIGURA 41 - Distância Percorrida



Fonte: O Autor (2021)

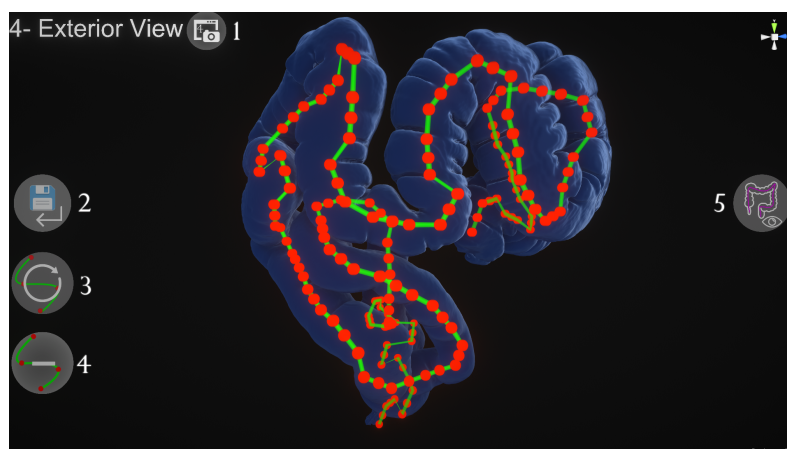
Na próxima subseção, serão descritos os detalhes da funcionalidade (2).

#### 6.2.4 Editor de Linha de Navegação

Esta ferramenta permite ao usuário editar a linha de navegação. Esta funcionalidade se mostra particularmente útil em casos de má distensão colônica. Neste cenário, ocorrerão falhas na reconstrução e que se refletem na linha de navegação, a qual pode ser ajustada pelo operador.

Ao acessar a função de edição de linha de navegação na visão exterior (vide subseção anterior), o usuário visualiza a interface que está ilustrada e numerada na Figura 42.

FIGURA 42 - Editor de Linha de Navegação

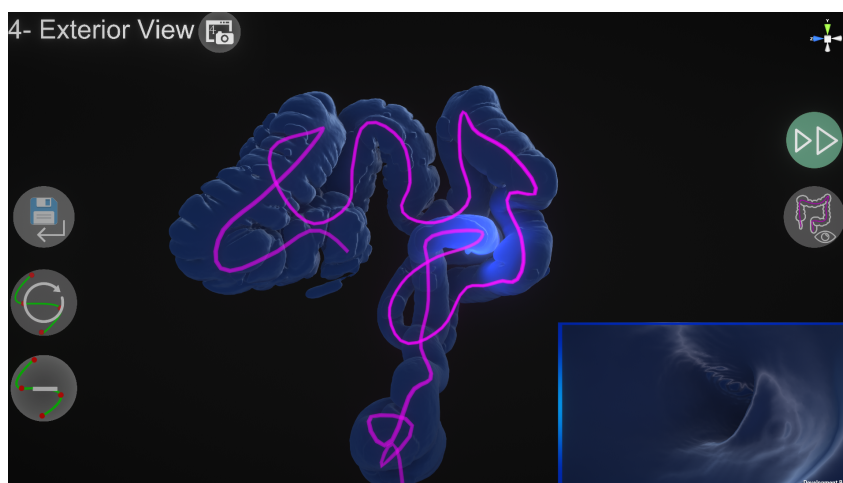


Fonte: O Autor (2021)

Em (1), funcionalidade padrão de captura de tela comum a todas as *viewports*. O botão (2) salva as modificações realizadas na linha de navegação e

retorna para visão exterior. Ao clicar em (3), a linha é restaurada para o padrão. Em (4) é possível efetuar quatro níveis de subamostragem da linha de navegação. O botão (5) ativa o modo de pré-visualização da linha de navegação editada conforme Figura 43.

FIGURA 43 - Modo de Pré-Visualização



Fonte: O Autor (2021)

Neste modo, a linha em edição é interpolada. No canto inferior direito, é possível visualizar uma pequena janela de navegação endoluminal. A velocidade de navegação no modo de pré-visualização pode ser controlada por botão de velocidade no lado direito da tela. Este modo permite uma análise rápida dos resultados da edição antes de retornar para a tela principal da aplicação.

## 7. CONSIDERAÇÕES FINAIS

A união entre a tecnologia da informação e medicina possibilitam retorno muito positivo para a sociedade. Trabalhar em prol do desenvolvimento de técnicas de diagnóstico médico, mesmo que em caráter prototípico, é uma tarefa gratificante e rica de aprendizados valiosos para entusiastas e pesquisadores. Existem muitas possibilidades de implementação para reconstrução de superfícies tridimensionais a partir de exame de tomografia computadorizada.

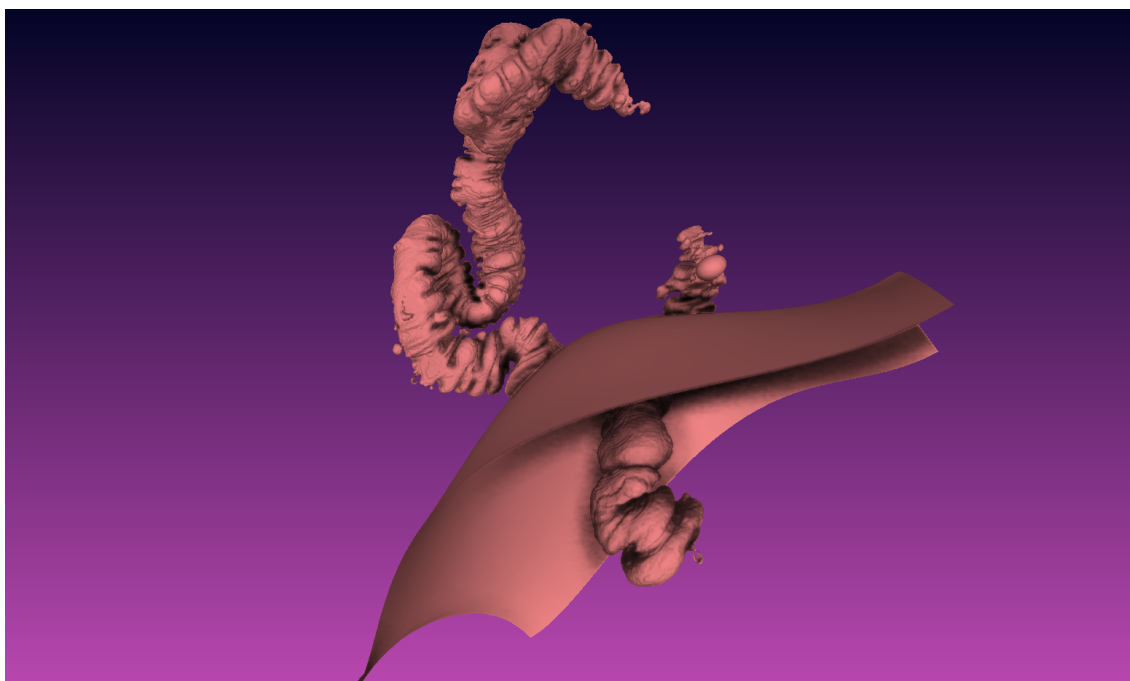
No presente trabalho, foi realizada pesquisa para determinar o algoritmo de reconstrução de superfícies presente na plataforma *Meshlab* (CIGNONI et al., 2008) mais adequado ao contexto de um protótipo de um sistema de CTC. Também foi apresentada a *pipeline*, telas e funcionalidade do protótipo que podem vir a nortear o desenvolvimento de novos *softwares* de visualização médica. Por meio de tais exposições, o trabalho demonstrou que a integração da estimativa de normais, proposta por Hoppe (1992), e o algoritmo SPR (KAZHDAN, 2013), associados com as técnicas de segmentação propostas por Tulum et al. (2017), produziram os resultados mais satisfatórios para fins de um possível diagnóstico médico, objeto que carece de mais estudos e metodologias adequadas, aderentes às convenções éticas e de segurança nessa área de pesquisa. Isso posto, é possível concluir que a monografia alcançou o objetivo geral proposto.

Em sequência, no Capítulo 6, foram alcançados os objetivos específicos de reconstruir a malha do cólon a partir de nuvem de pontos obtidas por arquivos de exames, automatizar a preparação do modelo 3D para visualização no motor *Unity 3D* e implementar ferramentas para visualização e inspeção do modelo.

Todavia, precisamos ressaltar que nossa investigação possui limitações. Trabalhos futuros podem investigar mais técnicas de reconstrução de superfícies. Outra melhoria seria comparar a reconstrução de diferentes exames, de preferência com características morfológicas distintas. Um ponto crucial que necessita de maior robustez é a estimativa de normais. Na *pipeline* atual, caso o algoritmo de estimativa de normais falhe, todo o sistema é comprometido. Quando o  $k$  da função de orientação das normais nos planos tangentes (HOPPE, 1992) não se adequa ao exame em questão, parte das normais ficam orientadas para dentro, e parte para

fora, causando quebra do algoritmo. Isso geralmente acontece com cólons retorcidos e com falhas na dilatação (vide Figura 44).

FIGURA 44 - Reconstrução Defeituosa



Fonte: O Autor (2021)

Na Figura 44 é possível observar duas partes do cólon seccionadas por um plano curvo defeituoso oriundo do algoritmo SPR. Cada uma das regiões ficou com orientações de normais inversas, provocando a imperfeição na malha resultante.

Trabalhos futuros podem realizar uma estimativa das normais utilizando os dados do arquivo de exame, gerando uma nuvem de pontos estruturada e garantindo maior sucesso na reconstrução. Outra forma seria desenvolver um algoritmo de orientação das normais com  $k$  adaptativo, *i.e.*, o valor de  $k$  poderia ser estimado após análise da estrutura da nuvem de pontos ou com técnicas de *machine learning*, em vias de conferir maior robustez à *pipeline*. Existem muitas possibilidades de implementação para reconstrução de superfícies tridimensionais a partir de exame de tomografia computadorizada. O presente trabalho apresentou uma possível solução, almejando poder vir a contribuir com o estudo e desenvolvimento de futuros sistemas de diagnóstico médico.



## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ATTENE, Marco. A lightweight approach to repairing digitized polygon meshes. *The visual computer*, v. 26, n. 11, p. 1393-1406, 2010.

BERGER, Matthew et al. A survey of surface reconstruction from point clouds. In: *Computer Graphics Forum*. 2017. p. 301-329.

BERNARDINI, Fausto et al. The ball-pivoting algorithm for surface reconstruction. *IEEE transactions on visualization and computer graphics*, v. 5, n. 4, p. 349-359, 1999.

BIERENS, Hermanus Josephus. *The nadaraya-watson kernel regression function estimator*. 1988.

BORGES, Ingrid Chaves de Souza et al. Colonografia por tomografia computadorizada como uma opção sensível para o rastreamento do câncer colorretal: Evidências baseadas em metanálise. *Journal of Coloproctology (Rio de Janeiro)*, v. 41, p. 87-95, 2021.

CALAKLI, Fatih; TAUBIN, Gabriel. SSD: Smooth signed distance surface reconstruction. In: *Computer Graphics Forum*. Oxford, UK: Blackwell Publishing Ltd, 2011. p. 1993-2002.

PRIOR, Fred W. et al. TCIA: an information resource to enable open science. In: *2013 35th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC)*. IEEE, 2013. p. 1282-1285.

CIGNONI, Paolo et al. Meshlab: an open-source mesh processing tool. In: *Eurographics Italian chapter conference*. 2008. p. 129-136.

CHENG, Zhi-Quan et al. A Survey of Methods for Moving Least Squares Surfaces. In: *VG/PBG@SIGGRAPH*. 2008. p. 9-23.

CHANG, William. *Surface reconstruction from points*. Department of Computer Science and Engineering, University of California, San Diego, 2008.

CLARK, Kenneth et al. The Cancer Imaging Archive (TCIA): maintaining and operating a public information repository. *Journal of digital imaging*, v. 26, n. 6, p. 1045-1057, 2013.

DENNING, Peter J. Computer science: The discipline. *Encyclopedia of computer science*, v. 32, n. 1, p. 9-23, 2000.

FOLEY, James D. et al. *Computer graphics: principles and practice*. Addison-Wesley Professional, 1996.

FOLEY, James D.; VAN DAM, Andries. *Fundamentals of interactive computer graphics*. Addison-Wesley Longman Publishing Co., Inc., 1982.

GIL, A. C. et al. *Como elaborar projetos de pesquisa*. [S.l.]: Atlas São Paulo, 2002. v. 4.

GIRARDEAU-MONTAUT, Daniel. *CloudCompare*. Stuttgart, Alemanha. 4 dez. 2019. Apresentação de Power Point. 38 slides. color. Disponível em: [http://pcp2019.ifp.uni-stuttgart.de/presentations/04-CloudCompare\\_PCP\\_2019\\_public.pdf](http://pcp2019.ifp.uni-stuttgart.de/presentations/04-CloudCompare_PCP_2019_public.pdf). Acesso em: 7 nov. 2021.

GUENNEBAUD, Gaël; GROSS, Markus. Algebraic point set surfaces. In: *ACM siggraph 2007 papers*. 2007. p. 23-es.

HOPPE, Hugues et al. Surface reconstruction from unorganized points. In: Proceedings of the 19th annual conference on computer graphics and interactive techniques. 1992. p. 71-78.

KIERSZENBAUM, Marcelo Longo et al. Colonografia por tomografia computadorizada na visão do médico encaminhador: qual o seu valor segundo a visão de especialistas?. Radiologia Brasileira, v. 47, p. 135-140, 2014.

KAZHDAN, Michael; BOLITHO, Matthew; HOPPE, Hugues. Poisson surface reconstruction. In: Proceedings of the fourth Eurographics symposium on Geometry processing. 2006.

KAZHDAN, Michael; HOPPE, Hugues. Screened poisson surface reconstruction. ACM Transactions on Graphics (ToG), v. 32, n. 3, p. 1-13, 2013.

LAGHI, Andrea. Computed tomography colonography in 2014: an update on technique and indications. World Journal of Gastroenterology: WJG, v. 20, n. 45, p. 16858, 2014.

LEVIN, David. The approximation power of moving least-squares. Mathematics of computation, v. 67, n. 224, p. 1517-1531, 1998.

LEVIN, David. Mesh-independent surface interpolation. In: Geometric modeling for scientific visualization. Springer, Berlin, Heidelberg, 2004. p. 37-49.

MAIA, Marcos Vinicius Alvim Soares et al. Preferência do paciente no rastreamento do câncer colorretal: uma comparação entre colonografia por tomografia computadorizada e colonoscopia. Radiologia Brasileira, v. 45, n. 1, p. 24-28, 2012.

MANG, Thomas et al. Pitfalls in Multi-Detector Row CT Colonography: A Systematic Approach. Radiographics, v. 27, n. 2, p. 431-454, 2007.

MCHENRY, Kenton; BAJCSY, Peter. An overview of 3d data content, file formats and viewers. National Center for Supercomputing Applications, v. 1205, p. 22, 2008.

MUNTONI, Alessandro; CIGNONI, Paolo. PyMeshLab. Zenodo, doi, v. 10, 2021.

ÖZTIRELI, A. Cengiz; GUENNEBAUD, Gael; GROSS, Markus. Feature preserving point set surfaces based on non-linear kernel regression. In: Computer graphics forum. Oxford, UK: Blackwell Publishing Ltd, 2009. p. 493-501.

PIRES, Ana M.; BRANCO, João A. Introdução aos Métodos Estatísticos Robustos. 2007.

PICKHARDT, Perry J.; YEE, Judy; JOHNSON, C. Daniel. CT colonography: over two decades from discovery to practice. Abdominal Radiology, v. 43, n. 3, p. 517-522, 2018.

SOARES, Igor Prata. Movimento de malhas e remalhamento de malhas superficiais. 2007. Tese de Doutorado. Universidade de São Paulo.

SOUTHERN, Richard. .n-Dimensional Moving Least Squares Projection . Richard's Blog, Bournemouth, 1 de Abril de 2016. Disponível em: <https://nccastaff.bournemouth.ac.uk/rsouthern/post/mls/>. Acesso em: 09 de Janeiro de 2022.

SORKINE, Olga. Laplacian mesh processing. Eurographics (State of the Art Reports), v. 4, 2005.

TAKAHASHI, Noriaki et al. Colonic distention and patient acceptance of CT colonography: supine/prone vs left/right lateral scanning. *The British Journal of Radiology*, v. 92, n. 1093, p. 20180538, 2019.

TIFERES, D. A. et al. Cólon, reto e apêndice. *Gastrointestinal-Série CBR*. São Paulo: Elsevier, p. 203-51, 2011.

VINING, David J. Noninvasive colonoscopy using helical CT scanning. 3D reconstruction and virtual reality. In: 23rd Annual Meeting of the Society of Gastrointestinal Radiology (SGR)(abstr), 1994. 1994.

VON ATZINGEN, Augusto Castelli et al. Aspectos comuns e pseudolesões na colonografia por tomografia computadorizada: ensaio iconográfico. *Radiologia Brasileira*, v. 45, p. 160-166, 2012.

VON WAGNER, Christian et al. Patient acceptability and psychologic consequences of CT colonography compared with those of colonoscopy: results from a multicenter randomized controlled trial of symptomatic patients. *Radiology*, v. 263, n. 3, p. 723-731, 2012.

WAN, Ming et al. Automatic centerline extraction for virtual colonoscopy. *IEEE transactions on medical imaging*, v. 21, n. 12, p. 1450-1460, 2002.

WOOTTON, Richard; CRAIG, John; PATTERSON, Victor. *Introduction to telemedicine*. CRC Press, 2017.

ZHOU, Qian-Yi; PARK, Jaesik; KOLTUN, Vladlen. Open3D: A modern library for 3D data processing. arXiv preprint arXiv:1801.09847, 2018.

DE VASCONCELOS FLORAMBEL, Heveline Cristina Alves et al. A inserção de discentes em projetos de Pesquisa, Desenvolvimento e Inovação: desenvolvimento e formação profissional. *Research, Society and Development*, v. 8, n. 11, p. e288111471-e288111471, 2019.

O Autor. Vídeo Demonstrativo Execução Protótipo COLONO. Youtube, 15 jul. 2022. Disponível em: <<https://youtu.be/sZWCYKMV4j8>>. Acesso em: 15 jul. 2022.