



Università degli Studi di Padova

Facoltà di Ingegneria

Corso di Laurea Magistrale in Bioingegneria

Anno Accademico 2012 - 2013

**Sviluppo di un metodo per confrontare  
l'analisi del cammino markerless e  
l'analisi del cammino marker-based in  
ambiente acquatico**

**Relatore** : Prof. Claudio Cobelli

**Correlatore** : Ing. Zimi Sawacha Ph.D.

**Laureando** : Filippo Minelle

Padova, 15 Ottobre 2013



*...ai miei genitori che hanno  
reso possibile tutto questo.*



# Sommario

L'impiego della tecnologia motion capture per l'analisi del movimento umano, in particolare per lo sviluppo di applicazioni biomeccaniche, permette la valutazione dello stato del sistema muscolo-scheletrico con lo scopo di ottimizzare i percorsi terapeutici e riabilitativi che interessano la deambulazione del soggetto patologico.

Recentemente la riabilitazione in acqua si è integrata sempre più nelle fasi di recupero tradizionali, pertanto l'analisi del cammino in ambiente acquatico può essere utile per contribuire ad una più completa descrizione dell'intero processo di guarigione. La misura dei parametri biomeccanici del passo si basa sull'acquisizione di marcatori applicati sulla pelle del paziente attraverso un sistema di telecamere sincronizzate tra loro.

Poiché la maggior parte della strumentazione utilizzata in laboratorio non è adatta ad operare in ambiente acquatico, la ricerca ha rivolto l'attenzione verso nuove tecnologie più adatte al monitoraggio del cammino in acqua.

In questo contesto è stato studiato un sistema di motion capture markerless e uno marker-based per l'analisi del cammino in acqua, al fine di sviluppare un metodo in grado di relazionare la ricostruzione della cinematica articolare ottenuta con entrambe le tecnologie.

La caratteristica principale del metodo di confronto proposto per la stima della cinematica articolare in acqua, è quella di utilizzare per entrambe le tecniche sopra citate le medesime acquisizioni.

Il metodo markerless si basa sulla segmentazione delle immagini per

l'estrazione della sagoma del soggetto.

Il metodo marker-based si basa su una tecnica C.A.S.T. (*Calibrated Anatomical System Technique*), largamente usata nei laboratori di *motion analysis* che consente la stima dei punti di riferimento anatomico anche quando non sono direttamente visibili, e su una tecnica specifica per l'analisi del cammino: il protocollo IOR-gait applicato in acqua.

Per l'inseguimento dei punti non è stato adottato il tradizionale sistema optoelettronico, ma si è sfruttata una tecnica d'inseguimento automatico dei punti. È stata valutata la ripetibilità inter-operatore e intra-operatore del tracciamento manuale, attraverso l'indice RMSD medio calcolato tra le coppie di dati ottenuti.

Le criticità principali riscontrate in questo studio possono essere riassunte nella difficoltà di impostazione dei parametri durante la procedura di sottrazione dello sfondo per quanto riguarda la tecnica markerless, e le difficoltà nel rilevare le posizioni dei marker durante l'operazione di video tracking. Tutto ciò è dovuto alla cattiva illuminazione e alla presenza di riflesso in ambiente acquatico. Non a caso nella tecnica basata sui marcatori, il vantaggio del protocollo C.A.S.T., per il quale l'identificazione dei punti di repere avviene per mezzo di un insieme di cluster, ha permesso di ottenere delle traiettorie complete rispetto al secondo protocollo.

# Indice

|          |  |          |
|----------|--|----------|
| <b>1</b> | <b>Motion Capture</b>  | <b>4</b> |
| 1.1      | Introduzione al motion capture . . . . .   | 4        |
| 1.1.1    | Applicazioni . . . . .   | 5        |
| 1.2      | Tecnologie motion capture . . . . .  | 6        |
| 1.2.1    | Sistemi non ottici . . . . .   | 7        |
| 1.2.1.1  | Sistemi elettromeccanici . . . . .   | 7        |
| 1.2.1.2  | Sistemi elettromagnetici . . . . .   | 8        |
| 1.2.1.3  | Sistemi inerziali . . . . .  | 8        |
| 1.2.2    | Sistemi ottici . . . . .   | 8        |
| 1.3      | Sistemi ottici marker-based . . . . .  | 9        |
| 1.3.1    | Video tracking . . . . .   | 10       |
| 1.3.1.1  | Algoritmo KLT . . . . .  | 11       |
| 1.3.2    | Calibrazione delle telecamere . . . . .  | 15       |
| 1.3.2.1  | Toolbox di calibrazione delle telecamere per<br>Matlab di J.Y. Bouguet . . . . . | 19       |
| 1.3.3    | Triangolazione . . . . .   | 24       |
| 1.4      | Sistemi ottici markerless . . . . .  | 26       |
| 1.4.1    | Acquisizione dei dati . . . . .  | 26       |
| 1.4.2    | Segmentazione delle immagini acquisite . . . . .                                 | 26       |
| 1.4.3    | Ricostruzione della rappresentazione 3D . . . . .                                | 28       |
| 1.4.4    | Definizione del modello . . . . .  | 29       |
| 1.4.4.1  | Generazione del Modello . . . . .  | 30       |

|          |   |           |
|----------|---|-----------|
| 1.4.5    | Matching del modello . . . . .                                      | 32        |
| 1.4.5.1  | Algoritmo Articulated ICP . . . . .                                 | 33        |
| <b>2</b> | <b>Gait Analysis</b>  | <b>36</b> |
| 2.1      | Morfologia dell'osso . . . . .                                      | 38        |
| 2.1.1    | Posizione e orientamento di un osso . . . . .                       | 39        |
| 2.2      | Sistemi di riferimento . . . . .                                    | 40        |
| 2.2.1    | Sistemi di riferimento globali e locali . . . . .                   | 40        |
| 2.2.2    | Sistemi di riferimento anatomici . . . . .                          | 42        |
| 2.2.3    | Punti di repere anatomico . . . . .                                 | 44        |
| 2.3      | Moto relativo tra corpi rigidi . . . . .                            | 45        |
| 2.3.1    | Calcolo degli angoli articolari . . . . .                           | 48        |
| 2.3.2    | Errori ed artefatti . . . . .                                       | 51        |
| 2.4      | Protocolli per l'analisi del cammino . . . . .                      | 52        |
| 2.4.1    | Protocollo Davis - Helen Hayes . . . . .                            | 53        |
| 2.4.2    | Protocollo C.A.S.T. . . . .   | 54        |
| 2.4.3    | Protocollo IOR-Gait . . . . .                                       | 57        |
| 2.5      | Il cammino . . . . .  | 59        |
| <b>3</b> | <b>Materiali E Metodi</b>   | <b>64</b> |
| 3.1      | Soggetti . . . . .  | 65        |
| 3.2      | Strumentazione . . . . .  | 66        |
| 3.2.1    | Video processing . . . . .  | 68        |
| 3.2.2    | Calibrazione delle telecamere . . . . .                             | 70        |
| 3.3      | Procedura marker-based . . . . .                                    | 73        |
| 3.3.1    | Protocollo C.A.S.T. adattato per le acquisizioni in acqua . . . . . | 73        |
| 3.3.2    | Protocollo Anatomical Landmark . . . . .                            | 76        |
| 3.3.3    | Video tracking con FeatureTracker . . . . .                         | 76        |
| 3.3.4    | Triangolazione . . . . .  | 79        |
| 3.4      | Procedura markerless . . . . .                                      | 80        |
| 3.4.1    | Definizione del modello . . . . .                                   | 80        |



|  |            |
|--|------------|
| <i>INDICE</i>  | ix         |
| 3.4.2 Data processing . . . . .  | 82         |
| 3.4.2.1 Segmentazione delle immagini . . . . .   | 82         |
| 3.4.2.2 Creazione della visual hull . . . . .  | 82         |
| 3.4.2.3 Matching del modello . . . . .   | 83         |
| 3.4.2.4 Stima dei centri articolari . . . . .  | 83         |
| 3.5 Analisi statistica . . . . .   | 84         |
| <b>4 Risultati</b>   | <b>88</b>  |
| 4.1 Analisi di ripetibilità . . . . .  | 88         |
| 4.1.1 Ripetibilità intra-operatore . . . . .   | 89         |
| 4.1.2 Ripetibilità inter-operatore . . . . .   | 102        |
| 4.2 Confronti tra metodi di triangolazione . . . . .   | 115        |
| 4.3 Confronto tra metodo markerless e metodo marker-based . . .                              | 127        |
| 4.3.1 Risultati della tecnica marker-based in ambiente asciutto                              | 128        |
| 4.3.2 Confronto tra le tecniche marker-based e markerless in<br>ambiente acquatico . . . . . | 133        |
| 4.4 Discussione dei risultati . . . . .  | 138        |
| <b>5 Conclusioni</b>   | <b>146</b> |



# Introduzione

Nel corso degli ultimi decenni, l'ambiente acquatico ha acquisito un ruolo sempre più rilevante nel campo della riabilitazione ortopedica, del mantenimento della preparazione atletica, della preparazione agli interventi chirurgici e della rieducazione post-chirurgica e neurologica.

In particolare il cammino in acqua è diventato un esercizio ordinario nei programmi riabilitativi per sfruttare le proprietà dell'acqua. L'acqua, infatti, consente di lavorare con una riduzione della forza di gravità e di sfruttare la viscosità per migliorare l'efficacia dei trattamenti.

Il presente lavoro di tesi si inserisce in questo contesto ed è parte di un progetto più ampio di collaborazione tra il Dipartimento d'Ingegneria dell'Informazione di Padova e la Facoltà di Scienze Motorie RECORD di Bologna. Lo studio si prefigge di applicare due tecniche di acquisizione per l'analisi del cammino subacqueo, markerless e marker-based attraverso il *tracking* a video. Entrambe le tecniche sfruttano la registrazione di sequenze video ottenute per mezzo di telecamere subacquee calibrate e sincronizzate tra loro.

La prima tecnica richiede una fase preliminare di preparazione del soggetto e consiste nell'applicazione di una serie di marker in punti di riferimento anatomico d'interesse seguendo le direttive di due protocolli: il protocollo C.A.S.T. (*Calibrated Anatomical System Technique*, Cappozzo et al 1995), e il protocollo IOR-Gait (Leardini et al 2007) che nella tesi in oggetto verrà identificato come Anatomical Landmark.

Alla tecnica marker-based è stata affiancata una tecnica totalmente non

invasiva e automatica, che prende il nome di *markerless*, la quale non richiede una fase di preparazione del soggetto e si basa sulla ricostruzione di una *visual hull* attraverso una riproiezione delle sagome ricavate dalla segmentazione delle immagini dei video acquisiti.

Per il lavoro di confronto si è calcolata la *Root-Mean-Square Distance* (RMSD) media tra le coppie di angoli articolari dell'anca, del ginocchio e della caviglia ricavati con le due tecniche e tra le traiettorie dei centri articolari. Al fine di valutare l'affidabilità nella stima delle traiettorie 3D dei centri articolari e degli angoli articolari, nonché dei punti di repere anatomici si è effettuata l'analisi di ripetibilità inter-operatore (3 operatori effettuano l'operazione di *tracking* di uno stesso video) e intra-operatore (lo stesso operatore effettua l'operazione di *tracking* di uno stesso video per 3 volte) e si è calcolato l'RMSD medio tra le coppie di variabili estratte da trial diversi.

Il lavoro presentato è suddiviso in cinque capitoli: nel primo capitolo si descrivono le attuali tecnologie di *motion capture*, in particolare si precisano le caratteristiche dei sistemi ottici *marker-based* e *markerless*. Nel secondo capitolo vengono illustrati brevemente i diversi protocolli per l'analisi del movimento. La terza parte è dedicata alla presentazione di un metodo per il confronto tra le tecnologie *marker-based* e *markerless*. Vengono quindi illustrati nel dettaglio gli ambienti in cui si è operato e le fasi di lavoro. Nel quarto capitolo vengono riportati e commentati i risultati ottenuti dall'applicazione del metodo proposto. Le conclusioni sono infine riportate nel quinto capitolo.

# Capitolo 1

## Motion Capture

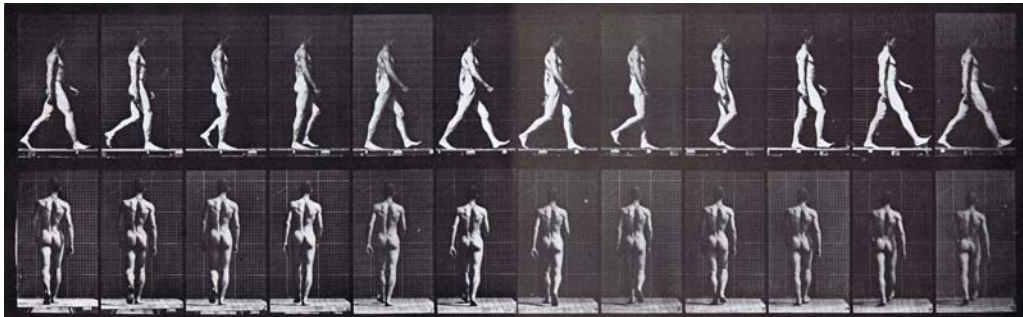


Figura 1.0.1: Eadweard Muybridge, *The human figure in motion* (1907) [6]

Il seguente capitolo ha lo scopo di illustrare le tecniche della cattura del movimento, in particolare saranno descritte le caratteristiche dei sistemi ottici marker-based e markerless per l'analisi del movimento.

### 1.1 Introduzione al motion capture

Il termine *motion capture*, o più semplicemente *mocap*, definisce l'insieme dei processi di acquisizione e registrazione di un movimento reale, impiegati per la creazione di un modello approssimato. Lo scopo principale della cat-

tura del movimento è dunque la riproduzione della vista umana attraverso un'interpretazione, in termini matematici, del gesto analizzato.

Nelle sessioni di mocap si monitorano le posizioni di una serie di punti chiave che meglio rappresentano il movimento, tralasciando l'aspetto visivo del soggetto. Le posizioni dei punti possono essere di snodo o di collegamento tra le parti rigide del soggetto, ad esempio le articolazioni.

Solitamente il soggetto studiato è vincolato da una serie di marcatori, necessari ad identificare i punti caratteristici del movimento, da un adeguato tipo di strumentazione che differisce a seconda del sistema adottato. I dati rilevati sono poi associati a un modello tridimensionale, il quale esegue le stesse azioni memorizzate [1, 2].

### 1.1.1 Applicazioni

L'interesse per la ricostruzione del movimento umano e non, ha consentito un'evoluzione costante dei sistemi che permettono l'acquisizione, quindi la digitalizzazione e la registrazione del movimento stesso.

La tecnologia del *motion capture* offre una vasta gamma di applicazioni, le principali riguardano il settore medico e militare, ma esistono altri mercati che beneficiano della cattura del movimento, come quello dell'intrattenimento, dello sport e della sicurezza; ad esempio durante i test di sicurezza automobilistica si catturano e analizzano i moti compiuti dai manichini da *crash test* durante una simulazione di urto [1].

Attraverso la cattura del movimento, la realtà virtuale e la realtà aumentata consentono agli utenti di interagire con contenuti digitali in tempo reale. Questo può essere utile per le simulazioni di formazione, test di percezione visiva, o semplicemente per l'esecuzione di una camminata virtuale in un ambiente tridimensionale. Nel caso della produzione cinematografica è possibile far assumere ruoli diversi a un solo attore, inoltre si dimostra uno strumento essenziale per la creazione di personaggi che si muovono in modo realistico in situazioni che sarebbero impraticabili o troppo pericolose per gli

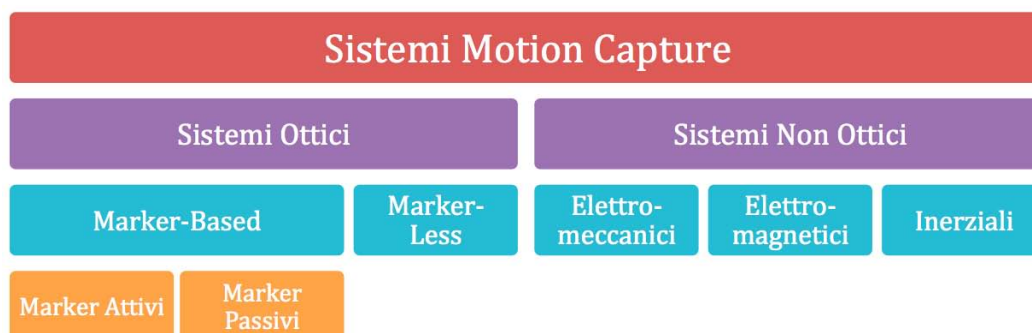
attori reali; infatti se usata correttamente la *motion capture* può accelerare notevolmente il processo produttivo.

L'analisi del movimento si basa ampiamente sulla cattura del movimento, per la sua capacità di produrre risultati ripetibili. Le tecnologie di rilevazione del moto sono spesso impiegate per misurare il grado di invalidità di un paziente, per quantificare i progressi della riabilitazione, oppure per la progettazione di dispositivi protesici. Le diverse tecniche di *motion capture* permettono quindi ai medici di valutare il movimento umano attraverso diversi indici biometrici. La principale applicazione di *motion capture* in medicina clinica è l'analisi del cammino [2, 21].

Sebbene la storia della cattura del movimento sia abbastanza recente, è proprio grazie agli studi che riguardano l'analisi del movimento che si sono sviluppati strumenti e tecniche in grado di rilevare in qualche modo il moto.

## 1.2 Tecnologie motion capture

Tipicamente con il termine *motion capture* s'identifica un sistema composto da telecamere tra loro interconnesse in grado di rilevare il movimento, ma non sempre queste sono presenti. Attualmente le tecnologie disponibili si basano su due approcci differenti: sistemi ottici e sistemi non ottici (Figura 1.2.1). Pertanto la presenza o meno delle telecamere realizza una discriminazione tra le metodologie della cattura del movimento: i sistemi non ottici si differenziano ulteriormente in meccanismi elettromagnetici, elettromeccanici ed inerziali, mentre i sistemi ottici si dividono in marker-based e in markerless [21].

Figura 1.2.1: Suddivisioni dei sistemi *motion capture*

### 1.2.1 Sistemi non ottici

Questo tipo di sistemi è caratterizzato dall'assenza di telecamere, pertanto possono essere usati all'aperto così come all'interno di laboratori senza restrizioni d'illuminazione. Il vantaggio principale è quello di non richiedere la complessa tecnologia di *computer vision*. Tuttavia, il limite principale è quello di fornire solo dati relativi all'ultima posizione monitorata, inoltre presenta gli stessi problemi dei sistemi ottici basati sui marcatori: è necessario preparare il soggetto installando vari sensori per il rintracciamento del moto. Tale operazione molto spesso comporta un'eccessiva perdita di tempo.

#### 1.2.1.1 Sistemi elettromeccanici

Il monitoraggio elettromeccanico è generalmente realizzato attraverso barre mobili collegate tra loro con sensori potenziometrici applicati in corrispondenza delle articolazioni. È una tecnologia a basso costo in cui il movimento è percepito in tempo reale tramite piccole variazioni dei potenziometri. I movimenti rilevati risultano accurati, con un volume di acquisizione illimitato, tuttavia l'ingombro della strumentazione limita i movimenti che possono essere eseguiti [21].



### 1.2.1.2 Sistemi elettromagnetici

L'approccio elettromagnetico sfrutta sensori elettromagnetici posizionati in corrispondenza delle articolazioni in grado di trasmettere la loro posizione e orientazione. Poiché ogni sensore registra le differenze del campo elettromagnetico generato da un trasmettitore principale, è richiesto un ambiente privo di distorsioni del campo magnetico. A differenza dei sistemi elettromeccanici, i volumi di cattura per questo tipo di sistemi sono notevolmente più piccoli, inoltre la risposta del sensore non è una risposta lineare, specialmente verso i bordi della zona di cattura [2, 21].

### 1.2.1.3 Sistemi inerziali

I sistemi mocap di tipo inerziale combinano segnali provenienti da giroscopi, da accelerometri e da magnetometri. Per determinare la direzione della verticale si rileva l'accelerazione di gravità attraverso gli accelerometri, mentre i sensori magnetici forniscono la stabilità secondo il piano orizzontale rilevando la direzione del campo magnetico terrestre come una bussola. Per un monitoraggio completo a sei gradi di libertà di ogni singolo segmento corporeo, i dati vengono poi integrati con i dati del giroscopio che fornisce l'orientamento [10].

## 1.2.2 Sistemi ottici

Il monitoraggio attraverso i sistemi ottici prevede l'utilizzo di una serie di telecamere calibrate e sincronizzate tra loro, disposte in posizioni differenti. A partire dalle immagini acquisite si ricostruisce il movimento sfruttando le caratteristiche geometriche (punti, aree) localizzate sulla superficie corporea del soggetto.

L'architettura di un sistema ottico richiede componenti hardware per l'acquisizione, che consiste nella registrazione d'immagini nello spettro della luce visibile o dell'infrarosso, e una struttura software per l'elaborazione dei

fotogrammi rilevati. Grazie ai diversi vantaggi apportati dalle tecniche di elaborazione d'immagine, i sistemi ottici rappresentano la maggior parte dei sistemi utilizzati [24]. A differenza dei sistemi non ottici, essi non forniscono una misura diretta delle variabili cinematiche, bensì una loro stima [11].

Sebbene la ricerca attuale si stia muovendo nella direzione di sviluppare metodologie che consentano la stima del movimento umano con elevata accuratezza senza richiedere l'ausilio di dispositivi aggiuntivi, i marcatori rimangono ancora la soluzione più utilizzata, poiché i marcatori fisici, passivi o attivi aderenti alla superficie corporea, sono facilmente riconoscibili nelle immagini.

A seconda dell'utilizzo o meno dei marcatori i sistemi ottici si distinguono in sistemi ottici marker-based e sistemi ottici markerless.

### 1.3 Sistemi ottici marker-based

Questi sistemi si basano sull'uso di un insieme di marker posti sulla superficie corporea del soggetto [24]. La tecnica di base consiste nel posizionamento dei marker sulla superficie cutanea in zone che rappresentano in modo accurato le azioni delle articolazioni. Tali posizioni vengono poi tradotte in dati di movimento mediante complessi programmi di *computer vision* [19].

Sebbene rappresentano la soluzione tecnologica più diffusa per la cattura del movimento, è importante considerare alcune importanti restrizioni di questo approccio.

Per permettere la ricostruzione delle posizioni dei marker è necessario che ogni indicatore sia visto contemporaneamente da almeno due telecamere. Questo problema rappresenta una limitazione delle tecnologie marker-based, poiché i marcatori possono essere oscurati dalla vista della telecamera a causa del movimento delle braccia o delle gambe [24], ma possono essere in parte superati utilizzando più telecamere. Inoltre il posizionamento dei marcatori richiede molto tempo, e risulta essere un'operazione non completamente

ripetibile, poiché la presenza di tessuto molle tra le ossa e i marcatori provoca un movimento relativo che introduce un artefatto nelle misurazioni (*skin artefact*)[22, 12].

I marker possono essere di tipo passivo o attivo.

I marker passivi sono costituiti da materiale catarifrangente, e sono utilizzati unitamente ad una illuminazione stroboscopica che opera nel campo dell'infrarosso, prodotta da una matrice di diodi emettitori di luce montata attorno all'obbiettivo di ciascuna telecamera [24]. Sono caratterizzati da ampi angoli di riflessione, ma richiedono un sistema di preelaborazione affinché siano identificati. Le coordinate dei punti sono riconosciute automaticamente come punti luminosi sulla scena da un opportuno filtro ottico installato su ogni telecamera.

I marker attivi sono composti da LED alimentati per emettere luce propria. La luce emessa è attivata in sequenza in modo tale che il sistema possa rilevare automaticamente ogni singolo marker grazie alla sincronizzazione degli impulsi impartiti dal sistema centrale, rendendo più semplice il tracciamento [11]. Questo tipo di marcatori non richiede particolari procedure di preelaborazione, ma hanno angoli di emissione inferiori tali da rendere critico il set-up delle telecamere per movimenti complessi. Inoltre il cablaggio necessario per alimentare le luci limita ancora di più il soggetto, pertanto l'uso di marcatori passivi è ancora largamente preferito [3].

### 1.3.1 Video tracking

Non sempre è possibile disporre di telecamere dotate di dispositivi per la rilevazione e la trasduzione del segnale luminoso in segnale elettrico. La mancanza di strumenti in grado di fornire in modo automatico il monitoraggio dei marker, può essere compensata dalla digitalizzazione manuale dei punti caratteristici del movimento. In questa procedura, nota come *video tracking*, si fa uso di semplici marker disegnati direttamente sulla cute, le cui posizioni sono rilevate direttamente da un operatore che analizza le sequenze video

attraverso l'uso di un programma di *computer vision*. Tale *software* implementa un particolare algoritmo di tracciamento che ha lo scopo di assistere l'operatore nell'operazione di riconoscimento dei marker.

La difficoltà principale nel *video tracking* è quella di catturare la giusta posizione dei marker in fotogrammi consecutivi, soprattutto quando il gesto seguito ha una velocità superiore rispetto al *frame rate* delle telecamere. Il tracciamento a video è un'operazione che richiede molto tempo, in cui il risultato ottenuto non è ripetibile ed è fortemente condizionato dall'esperienza dell'operatore.

Dal momento che i punti da inseguire non sono dei punti qualsiasi, all'avvio del monitoraggio è necessario specificare le posizioni iniziali e il frame di partenza della sequenza video. Dopodiché si procede analizzando ogni frame sequenzialmente. Poiché l'algoritmo d'inseguimento del punto progredisce nel tempo, i punti possono essere persi a causa di variazioni d'illuminazione o di movimenti articolati del soggetto. Pertanto per tenere la traccia di un punto per un lungo periodo di tempo, potrebbe essere necessario riacquisirne periodicamente la posizione.

### 1.3.1.1 Algoritmo KLT

Un algoritmo che funziona particolarmente bene per l'inseguimento di oggetti che non cambiano forma e che presentano una stabilità visiva è l'algoritmo iterativo Kanade-Lucas-Tomasi (KLT). L'algoritmo è stato inizialmente sviluppato da Lucas e Kanade [35], successivamente è stata proposta una variante da Tommasi [27].

Per comprendere meglio il funzionamento dell'algoritmo, si prende in esame una sequenza di immagini  $I(\mathbf{x}, t)$  definita in funzione di due coordinate spaziali che individuano i punti dell'immagine al tempo  $t$ .

Se la frequenza di campionamento è sufficientemente elevata, le immagini prese ad istanti vicini sono tra loro correlate, dato che si riferiscono alla stessa scena vista da punti di vista simili. Pertanto il cambiamento dell'immagi-

ne corrente all'istante successivo  $t + \tau$  è descrivibile attraverso la seguente relazione:

$$I(u, v, t + \tau) = I(u - \xi(u, v, t, \tau), v - \eta(u, v, t, \tau)) \quad (1.3.1)$$

Le immagini successive dunque possono ottenersi spostando ogni singolo punto  $\mathbf{x} = (u, v)$  dell'immagine di una quantità  $\mathbf{d} = (\xi, \eta)$ , detta *displacement*.

La determinazione dello spostamento  $\mathbf{d}$  è reso complicato da una serie di problemi derivanti dall'intensità luminosa dei pixel. Per inseguire un pixel è necessario che la sua intensità luminosa sia distinta rispetto ai pixel confinanti, inoltre a causa del rumore è possibile una variazione della luminosità del pixel stesso e pertanto può essere confuso con i pixel adiacenti. Per questo motivo è opportuno considerare una finestra di pixel piuttosto che un solo pixel. Purtroppo i punti che compongono la finestra molto spesso hanno comportamenti differenti, muovendosi a velocità diverse oppure scomparendo completamente. A questo punto ci si interroga su come è possibile essere sicuri di inseguire sempre la stessa finestra, e su come ottenere lo spostamento combinando differenti velocità. Il primo problema è risolvibile monitorando i residui: se l'aspetto della finestra non varia molto si tiene la finestra, altrimenti viene scartata.

Il problema di ricavare lo scostamento combinando velocità differenti può essere risolto introducendo un campo di moto affine  $\delta(\mathbf{x})$ , *affine motion field*, con il quale è possibile associare diverse velocità a diversi punti della finestra:

$$\delta(\mathbf{x}) = \mathbf{D}\mathbf{x} + \mathbf{d} \quad (1.3.2)$$

dove  $\mathbf{D}$  è la matrice di deformazione  $\mathbf{D} = \begin{bmatrix} d_{uu} & d_{uv} \\ d_{vu} & d_{vv} \end{bmatrix}$ , mentre  $\mathbf{d}$  rappresenta il vettore di traslazione del centro della finestra.

Poiché si è supposto che la frequenza di campionamento sia sufficiente-

mente alta, è possibile trascurare la matrice di deformazione ponendola a zero, approssimando così il movimento con la sola traslazione  $\mathbf{d}$ .

Considerando il vettore traslazione  $\mathbf{d}$  e la relazione 1.3.1, è possibile definire l'immagine al tempo  $t + \tau$  come:

$$J(\mathbf{x}) = I(u, v, t + \tau) \quad (1.3.3)$$

$$I(\mathbf{x} - \mathbf{d}) = I(x - \xi, y - \eta, t) \quad (1.3.4)$$

Poiché il modello di movimento dell'immagine non è perfetto a causa del rumore  $r(\mathbf{x})$ , si ha:

$$J(\mathbf{x}) = I(\mathbf{x} - \mathbf{d}) + r(\mathbf{x}) \quad (1.3.5)$$

Dato che lo scopo dell'algoritmo è quello di individuare in modo automatico la posizione del punto selezionato per ogni coppia di fotogrammi successivi nella sequenza, il problema è quindi ricavare  $\mathbf{d}$  che minimizza il residuo delle differenze quadrate  $\varepsilon$  in un intorno del punto di interesse:

$$\varepsilon = \int \int_W [I(\mathbf{x} - \mathbf{d}) - J(\mathbf{x})]^2 w(\mathbf{x}) d\mathbf{x} \quad (1.3.6)$$

dove  $W$  è una finestra quadra centrata in  $\mathbf{x}$ , e  $w(\mathbf{x})$  che può essere posta a 1, oppure usata per dare maggior importanza ai pixel centrali della finestra rispetto ai periferici (per esempio potrebbe essere una gaussiana). Per semplicità la funzione peso viene posta uguale a 1.

L'inseguimento del punto non è nient'altro che osservare la somiglianza tra l'intorno del punto  $\mathbf{x}$  dell'istante corrente con l'istante successivo. Si parla quindi di un inseguimento di caratteristiche, *feature*, ovvero l'insieme di pixel all'interno della finestra  $W$  i cui valori caratterizzano il punto  $\mathbf{x}$ .

Sempre grazie all'assunzione fatta all'inizio di *frame rate* elevato, è possibile approssimare l'equazione 1.3.5 mediante il suo sviluppo di Taylor del primo ordine:

$$I(\mathbf{x} - \mathbf{d}) \approx I(\mathbf{x}) - \mathbf{g} \cdot \mathbf{d} \quad (1.3.7)$$

dove  $\mathbf{g}$  è il vettore delle derivate prime di  $I$  rispetto allo spostamento  $\mathbf{d}$ . Il residuo pertanto diventa come:

$$\varepsilon \approx \int \int_W [I(\mathbf{x}) - \mathbf{g} \cdot \mathbf{d} - J(\mathbf{x})]^2 w(\mathbf{x}) d\mathbf{x} \quad (1.3.8)$$

Il residuo è quindi una funzione quadratica del vettore  $\mathbf{d}$ . Per minimizzare tale residuo, si pone a zero la derivata rispetto a  $\mathbf{d}$  incognito:

$$\int_W (I(\mathbf{x}) - \mathbf{g} \cdot \mathbf{d} - J(\mathbf{x})) \mathbf{g} w(\mathbf{x}) dA = 0 \quad (1.3.9)$$

Posto  $(\mathbf{g} \cdot \mathbf{d}) \mathbf{g} = (\mathbf{g} \mathbf{g}^T) \mathbf{d}$  e assumendo  $\mathbf{d}$  costante sulla finestra  $W$  si ricava:

$$\left( \int_W \mathbf{g} \mathbf{g}^T w(\mathbf{x}) dA \right) \mathbf{d} = \int_W (I(\mathbf{x}) - J(\mathbf{x})) \mathbf{g} w(\mathbf{x}) dA \quad (1.3.10)$$

che definisce un sistema lineare di due equazioni in due incognite, riscritto in forma matriciale:

$$\mathbf{C} \mathbf{d} = \mathbf{e} \quad (1.3.11)$$

$$\mathbf{C} = \int_W \mathbf{g} \mathbf{g}^T w(\mathbf{x}) dA \quad (1.3.12)$$

e

$$\mathbf{e} = \int_W (I(\mathbf{x}) - J(\mathbf{x})) \mathbf{g} w(\mathbf{x}) dA \quad (1.3.13)$$

Il sistema lineare può essere risolto in modo affidabile se la matrice  $\mathbf{C}$  rimane sopra il livello del rumore dell'immagine e se non soffre del problema del malcondizionamento. Il problema del malcondizionamento si presenta quando piccole perturbazioni negli elementi della matrice quadrata  $\mathbf{C}$  provocano grandi variazioni nelle soluzioni  $\mathbf{d}$  del sistema.

Il vincolo imposto dal rumore implica che entrambi gli autovalori della matrice  $\mathbf{C}$  devono essere grandi, mentre il vincolo imposto dal problema di malcondizionamento richiede che i due autovalori non differiscano di molti ordini di grandezza. Quando i due autovalori sono sufficientemente grandi da soddisfare il criterio sul rumore, la matrice  $\mathbf{C}$  è solitamente ben condizionata. Questo esprime che le variazioni d'intensità all'interno della finestra sono legate al massimo valore di intensità consentito, pertanto l'autovalore più grande non può essere arbitrariamente grande. La finestra dunque non viene scartata se è:

$$\min(\lambda_1, \lambda_2) > \lambda \quad (1.3.14)$$

con  $\lambda_1$  e  $\lambda_2$  gli autovalori della matrice  $\mathbf{C}$ , mentre  $\lambda$  è un valore di soglia fissato.

### 1.3.2 Calibrazione delle telecamere

Nei sistemi *motion capture* ottici, è necessaria la calibrazione delle telecamere, per ottenere una corretta ricostruzione tridimensionale del movimento. Tale operazione è essenziale per la stima di una serie di parametri del modello ottico della telecamera, la quale permette la correzione delle distorsioni introdotte dalle lenti della telecamera. Si possono individuare due famiglie di parametri:

- *Parametri intrinseci*, necessari a specificare le caratteristiche ottiche, geometriche e digitali della telecamera, come sensore, in modo indipendente dalla sua posizione nello spazio.
- *Parametri estrinseci*, che definiscono la posizione del sistema di riferimento della telecamera nello spazio.

Al fine di semplificare e schematizzare il processo di formazione di un'immagine, si adotta un modello geometrico della telecamera che prende il nome



di modello *foro stenopeico* o *pin-hole*, che modella la telecamera come una scatola con un foro di piccole dimensioni, detto *centro di prospettiva* o *punto focale*,  $C$ . Tale schema presuppone che tutti i raggi ottici che filtrano dal foro, concorrono alla formazione dell'immagine all'interno della scatola. Il piano su cui avviene la proiezione è detto *piano immagine*, mentre la distanza dal centro di prospettiva al piano immagine è detta *lunghezza focale* indicata con  $f$ .

Operando dei prodotti matriciali, si determina il sistema di riferimento di ciascuna telecamera, adottato per riportare le coordinate dei marker secondo il sistema di riferimento assoluto.

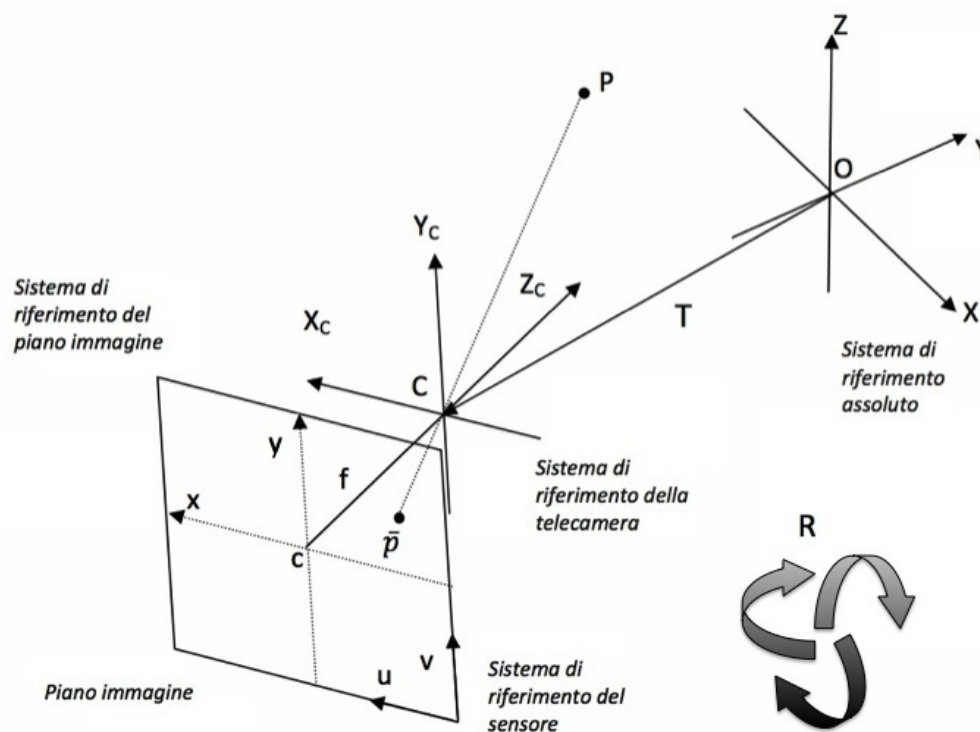


Figura 1.3.1: Proiezione sul piano immagine di un punto  $P$  nello spazio tridimensionale [3]

Considerando il sistema di riferimento della telecamera (Figura 1.3.1), definito dalla terna cartesiana  $(C, X_C, Y_C, Z_C)$ , con origine nel centro di prospettiva  $C$  e con l'asse  $Z_C$  coincidente con l'asse ottico (perpendicolare al piano immagine), è possibile esprimere la relazione tra le coordinate  $img\mathbf{P} = (x_P, y_P)$  del punto  $P$  espresse nel sistema di riferimento del piano immagine  $(c, x, y)$ , e le coordinate  $cam\mathbf{P} = \begin{pmatrix} cam X_P \\ cam Y_P \\ cam Z_P \end{pmatrix}$  del punto  $P$ , espresse nel sistema di riferimento della camera, attraverso la relazione:

$$img\mathbf{P} = \begin{pmatrix} x_P \\ y_P \end{pmatrix} = -\mathbf{f} \begin{pmatrix} \frac{1}{cam Z_P} & 0 \\ 0 & \frac{1}{cam Z_P} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} cam X_P \\ cam Y_P \end{pmatrix} \quad (1.3.15)$$

Dato che il punto  $img\mathbf{P}$  corrisponde alla retta  $(\lambda x_P, \lambda y_P, \lambda)$ , tale formula può essere riscritta ricorrendo alle coordinate omogenee come segue:

$$\lambda^{img}\mathbf{P} = \lambda \begin{pmatrix} x_P \\ y_P \\ 1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -\mathbf{f} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -\mathbf{f} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} cam X_P \\ cam Y_P \\ cam Z_P \\ 1 \end{pmatrix} = \mathbf{MP}_{cam} \quad (1.3.16)$$

Il sensore della telecamera ha un proprio sistema di riferimento  $(u, v)$ , centrato sull'angolo inferiore destro del piano immagine, nel quale sono espresse le coordinate bidimensionali in uscita dalla telecamera. Pertanto date le dimensioni orizzontale e verticale dei pixel  $(k_u, k_v)$  e le coordinate del punto principale  $c = (u_0, v_0)$ , le coordinate  $^{sensore}\mathbf{P} = (u_P, v_P)$ , del punto  $P$  nel sistema di riferimento del sensore sono date da:

$${}^{sensore}\mathbf{P} = \begin{pmatrix} u_P \\ v_P \\ 1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \frac{1}{k_u} & 0 & u_0 \\ 0 & \frac{1}{k_v} & v_0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_P \\ y_P \\ 1 \end{pmatrix} = \mathbf{H}^{img}\mathbf{P} \quad (1.3.17)$$

Dal momento che il punto  $P$  è originariamente espresso rispetto al sistema di riferimento assoluto  $(O, X, Y, Z)$ , è possibile ricavarne la posizione secondo il sistema di riferimento della telecamera come:

$${}^{cam}\mathbf{P} = \begin{pmatrix} {}^{cam}X_P \\ {}^{cam}Y_P \\ {}^{cam}Z_P \\ 1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \mathbf{R}_C & \mathbf{T}_C \\ 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} {}^{glo}X_P \\ {}^{glo}Y_P \\ {}^{glo}Z_P \\ 1 \end{pmatrix} = \mathbf{D}^{glo}\mathbf{P} \quad (1.3.18)$$

dove il vettore  $\mathbf{T}_C$  e la matrice  $\mathbf{R}_C$  esprimono rispettivamente la traslazione e l'orientamento del sistema di riferimento della camera rispetto al sistema di riferimento assoluto. Pertanto il modello *pin hole* può essere rappresentato da una matrice  $\mathbf{A}$  ottenuta come composizione delle tre precedenti trasformazioni:

$$\mathbf{A} = \begin{pmatrix} \frac{1}{k_u} & 0 & u_0 \\ 0 & \frac{1}{k_v} & v_0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} -\mathbf{f} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -\mathbf{f} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \mathbf{R}_C & \mathbf{T}_C \\ 0 & 1 \end{pmatrix} = \mathbf{HMD} \quad (1.3.19)$$

Infine, dopo alcuni passaggi matematici, si arriva alla rappresentazione della formulazione in coordinate omogenee delle *equazioni di collinearità*, che permettono il passaggio delle coordinate secondo piano immagine al sistema assoluto:

$$\lambda^{img}\mathbf{P} = \mathbf{A}^{glo}\mathbf{P} \quad (1.3.20)$$

Riassumendo, i parametri di calibrazione estrinseci stabiliscono una trasformazione di coordinate dal sistema assoluto al sistema di coordinate della telecamera localizzato nel suo centro di prospettiva (matrice  $\mathbf{D}$ ), mentre i parametri intrinseci stabiliscono una trasformazione prospettica dallo spazio 3D a quello 2D e una trasformazione 2D dal sistema di coordinate del piano dell'immagine al sistema di riferimento del sensore (matrici  $\mathbf{H}$  e  $\mathbf{M}$ ) [3].

L'operazione di calibrazione generalmente consiste nell'acquisire con ogni telecamera un oggetto di dimensioni note. Successivamente si mappano le coordinate bidimensionali, inizialmente distorte, di un insieme di punti caratteristici dell'oggetto, detti punti di controllo. Infine si correggono le coordinate mediante una soluzione in forma chiusa delle equazioni del modello ottico, per la quale è richiesta una trasformazione lineare diretta (DLT).

### 1.3.2.1 Toolbox di calibrazione delle telecamere per Matlab di J.Y. Bouguet

La risoluzione del problema di calibrazione delle telecamere attraverso il *Toolbox* di calibrazione per Matlab di J.Y. Bouguet, presentato in [28], definisce i parametri intrinseci ed estrinseci in due fasi separate. Il procedimento di calcolo prevede l'uso di una scacchiera rigida di calibrazione (Figura 1.3.3), di dimensioni note con la quale si definisce un sistema di riferimento uguale per ogni telecamera. Nel lavoro di J.Y. Bouguet è stato assunto come modello di distorsione il *modello Brown-Conrady*, o *a filo a piombo*, introdotto nel 1966 da D.C. Brown [34]. Sia i parametri intrinseci che estrinseci sono stimati con un grado di incertezza.

**Calibrazione intrinseca** I parametri interni sono stimati a partire da sequenze video della scacchiera ripresa da angolazioni diverse per ogni telecamera. Dalle immagini distorte si calcolano le posizioni dei vertici della griglia formata dai quadrati della scacchiera. Poiché le dimensioni dei quadrati, quindi le distanze tra i punti, sono note è possibile stimare i parametri

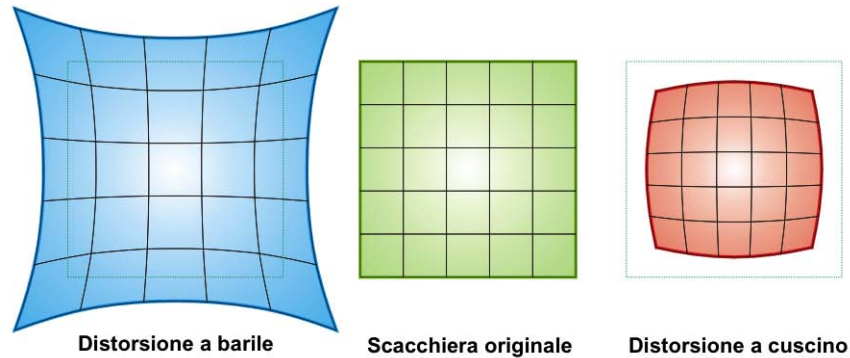


Figura 1.3.2: Tipologie di distorsione

del modello ottico affinché l'immagine distorta sia ricondotta alla condizione originale (Figura ).

I parametri che definiscono il modello ottico *pin hole* sono:

- *Lunghezza focale*, è un vettore di due componenti  $\mathbf{f} = \begin{pmatrix} f_u \\ f_v \end{pmatrix}$ , i quali esprimono in pixel rispettivamente la distanza focale orizzontale e verticale. La forma dei pixel è espressa dal rapporto  $f_u/f_v$ , detto rapporto di aspetto, che nel caso risulti uguale a 1 significa che i pixel hanno forma quadrata.
- *Punto principale*, è il vettore delle coordinate del punto principale  $\mathbf{cc} = \begin{pmatrix} cc_1 \\ cc_2 \end{pmatrix}$ .
- *Coefficiente asimmetrico (skew)*, è uno scalare che definisce l'angolo tra gli assi  $x$  e  $y$  di pixel memorizzato nella variabile  $\alpha_c$ .
- *Distorsioni*, sono i coefficienti di distorsione radiale e tangenziale del-

$$\text{l'immagine } \mathbf{kc} = \begin{pmatrix} kc_1 \\ kc_2 \\ kc_3 \\ kc_4 \\ kc_5 \end{pmatrix}.$$

Per ricavare le coordinate secondo il piano immagine si segue un procedimento che introduce nel calcolo i parametri del modello ottico. Preso in considerazione un punto  $P$  nello spazio, le sue coordinate secondo il sistema di riferimento della telecamera  $(C, X_C, Y_C, Z_C)$ , sono:

$${}^{cam}\mathbf{P} = \begin{pmatrix} {}^{cam}X_P \\ {}^{cam}Y_P \\ {}^{cam}Z_P \end{pmatrix} \quad (1.3.21)$$

Volendo proiettare il punto sul piano immagine  $(c, x, y)$ , utilizzando i parametri intrinseci del modello della telecamera adottato, si considera la proiezione dell'immagine normalizzata:

$$\mathbf{x}_n = \begin{pmatrix} X_c/Z_c \\ Y_c/Z_c \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} \quad (1.3.22)$$

con  $r^2 = x^2 + y^2$ . A causa dei difetti di fabbricazione delle lenti, o a causa del decentramento delle lenti che compongono l'ottica, sono presenti delle distorsioni della lente che si possono esprimere in funzione di  $\mathbf{x}_n$ :

$$\mathbf{x}_d = \begin{pmatrix} x_{d,1} \\ x_{d,2} \end{pmatrix} = (1 + kc_1r^2 + kc_2r^4 + kc_5r^6)\mathbf{x}_n + \mathbf{d}_x \quad (1.3.23)$$

dove  $\mathbf{d}_x$  è il vettore della distorsione tangenziale:

$$\mathbf{d}_x = \begin{pmatrix} 2kc_3xy + kc_4(r^2 + 2x^2) \\ kc_3(r^2 + 2x^2) + 2kc_4xy \end{pmatrix} \quad (1.3.24)$$

A questo punto, una volta che la distorsione è stata introdotta, la proiezione del punto  $P$  sul piano immagine può essere espressa attraverso le seguenti coordinate:

$$\begin{cases} x_P = f_u(x_{d,1} + \alpha_c x_{d,2}) + cc_1 \\ y_P = f_v x_{d,2} + cc_2 \end{cases} \quad (1.3.25)$$

Definendo ora la matrice della camera  $\mathbf{KK}$  come segue:

$$\mathbf{KK} = \begin{bmatrix} f_u & \alpha_c f_u & cc_1 \\ 0 & f_v & cc_2 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad (1.3.26)$$

si possono relazionare le coordinate del punto  $P$ , normalizzate secondo il piano immagine, con il vettore  $\mathbf{x}_d$  attraverso la relazione lineare seguente:

$$img\mathbf{P} = \begin{pmatrix} x_P \\ y_P \\ 1 \end{pmatrix} = \mathbf{KK} \begin{pmatrix} x_{d,1} \\ y_{d,2} \\ 1 \end{pmatrix} \quad (1.3.27)$$

Al fine di ricavare i parametri raccolti nella matrice della camera, si procede mappando le distanze dei vertici di ogni quadrato della scacchiera rappresentata in figura 1.3.3. Poiché le distanze sono note è possibile ricavare la sima dei parametri risolvendo l'equazione 1.3.27.

**Calibrazione estrinseca** Questa fase definisce il sistema di riferimento globale del sistema. Il sistema di riferimento di ogni telecamera è quindi ricondotto ad un unico sistema per mezzo di una serie di rotazioni e traslazioni. I parametri estrinseci sono dunque costituiti dalle matrici di rotazione e dai

vettori di traslazione necessari a portare le coordinate dei punti rispetto al sistema della camera al sistema di riferimento globale del sistema:

- *Rotazioni*, matrici  $\mathbf{R}_{C_i}$ ,  $i = 1, \dots, N$  con  $N$  numero delle camere.
- *Traslazioni*, vettori  $\mathbf{T}_{C_i}$ ,  $i = 1, \dots, N$  con  $N$  numero delle camere.

Anche per la calibrazione estrinseca è necessaria la scacchiera utilizzata nella fase precedentemente. Noti i parametri geometrici delle telecamere, si colloca la scacchiera al centro del volume di acquisizione in modo tale che sia visibile completamente da ogni telecamera.

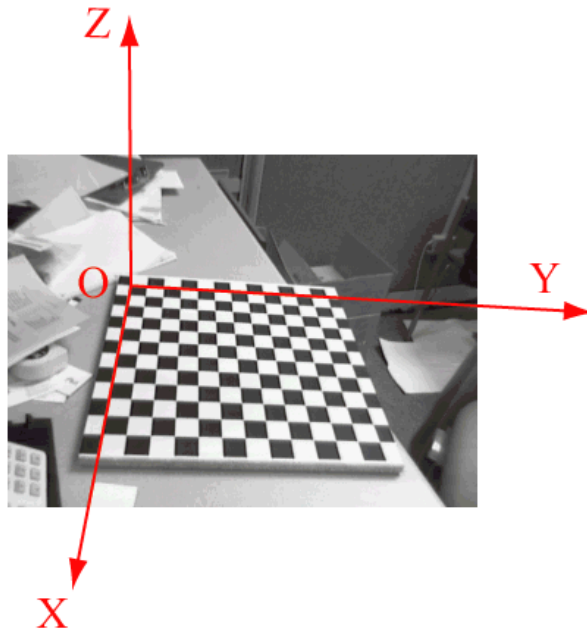


Figura 1.3.3: Sistema assoluto definito per mezzo della scacchiera [28]

Considerando sempre il punto  $P$ , è possibile relazionare le coordinate del punto  ${}^{glo}\mathbf{P} = \begin{pmatrix} {}^{glo}X_P \\ {}^{glo}Y_P \\ {}^{glo}Z_P \end{pmatrix}$ , secondo il sistema assoluto definito per mezzo della



scacchiera  $(O, X, Y, Z)$  di figura 1.3.3, con le coordinate  ${}^{cam}\mathbf{P} = \begin{pmatrix} {}^{cam}X_P \\ {}^{cam}Y_P \\ {}^{cam}Z_P \end{pmatrix}$ , rispetto al sistema di riferimento della telecamera  $(C, X_C, Y_C, Z_C)$ , mediante la relazione seguente (forma compatta dell'equazione 1.3.18):

$$\mathbf{P}_{cam} = \mathbf{R}_C * \mathbf{P}_{glo} + \mathbf{T}_C \quad (1.3.28)$$

dove il vettore  $\mathbf{T}_C$  indica la traslazione delle coordinate dell'origine della griglia  $(O)$ , all'origine sistema di riferimento della telecamera  $(C)$ , mentre la matrice  $\mathbf{R}_C$  denota la rotazione della terna secondo il piano contenente la scacchiera. Questa relazione vale per ogni camera, ottenendo  $N$  (pari al numero di telecamere) coppie di rotazioni e traslazioni:

$$(\mathbf{R}_{C1}, \mathbf{T}_{C1}), \dots, (\mathbf{R}_{CN}, \mathbf{T}_{CN}) \quad (1.3.29)$$

Per conoscere le direzioni degli assi del sistema di riferimento globale, è necessario individuare il piano della scacchiera o eventualmente di una griglia, indicando le posizioni dei vertici rispettando un ordine ben preciso.

Una volta che la calibrazione estrinseca è stata fatta, le coordinate di un punto nel sistema di riferimento della telecamera possono essere espresse secondo il sistema di riferimento globale.

### 1.3.3 Triangolazione

Una volta che si dispone di telecamere calibrate è possibile la ricostruzione delle posizioni dei punti nello spazio a partire da almeno una coppia di coordinate bidimensionali.

La procedura di *triangolazione*, sfrutta i parametri di calibrazione delle telecamere e le coordinate delle proiezioni nei sistemi di riferimento del piano



dell'errore su ciascuna telecamera può consentire l'utilizzo di una matrice di pesatura nel sistema [3].

## 1.4 Sistemi ottici markerless

Lo sviluppo di sistemi *motion capture* markerless ha origine da ricerche emergenti in computer vision. Questi sistemi variano nel numero di telecamere utilizzate, nella tipologia di algoritmi implementati, nella rappresentazione dei dati acquisiti e nell'uso di vari modelli [22]. Il principale vantaggio del monitoraggio markerless è quello di non richiede indumenti o attrezzature speciali da indossare al soggetto. Questo permette la riduzione del tempo di preparazione del soggetto, consentendo una totale libertà di movimento. Sebbene non richiede alcuna applicazione di marker, eliminando così gli errori legati all'applicazione degli stessi, non ha ancora raggiunto un livello di precisione proprio dei sistemi marker-based.

### 1.4.1 Acquisizione dei dati

Come nell'approccio marker-based l'acquisizione dei dati consiste nella registrazione della scena attraverso delle telecamere calibrate (Sezione 1.3.2) e sincronizzate. Per ottenere dei risultati di qualità, oltre a considerare un numero adeguato di telecamere, è importante valutare una configurazione ottima affinché il volume di acquisizione sia adeguato alla tipologia di movimento da analizzare.

### 1.4.2 Segmentazione delle immagini acquisite

Dalle acquisizioni video è possibile riconoscere il soggetto mediante un'operazione di sottrazione dello sfondo. Solitamente prima di acquisire il gesto motorio, viene acquisita da ogni telecamera un'immagine del volume di ac-

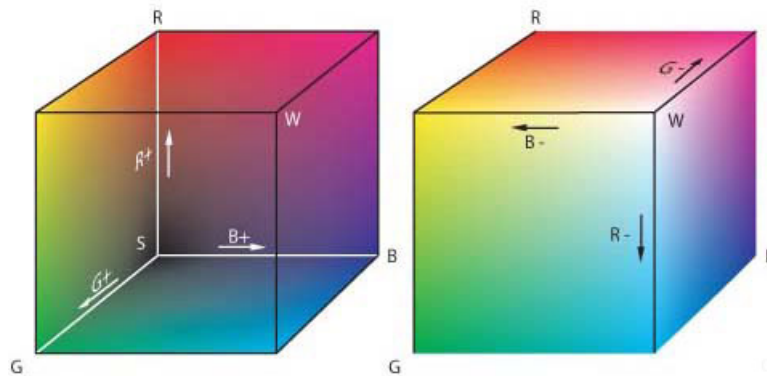


Figura 1.4.1: Rappresentazione dello spazio RGB

quisizione senza il soggetto. Questo facilita l'operazione di segmentazione dell'immagine di seguito esposta.

Con il termine segmentazione si indica la sottrazione da ogni canale RGB<sup>1</sup> dell'immagine la porzione relativa allo sfondo. Il risultato di questa procedura porta ad ottenere la sola figura del soggetto privata dello sfondo.

A questo punto si procede con la sogliatura. Tale operazione consiste nella somma dei valori dei tre canali RGB per ogni pixel dell'immagine. Se l'intensità ottenuta è inferiore ad una certa soglia, il pixel viene scartato. Un'ulteriore confronto viene fatto calcolando i vettori  $[R \ G \ B]$  di ogni pixel delle due immagini ottenute; se l'angolo dei vettori ricavati è inferiore ad un certo valore di soglia, il pixel imputato viene scartato e quindi attribuito allo sfondo.

<sup>1</sup>RGB è il nome di un modello di colori le cui specifiche sono state descritte nel 1931 dalla CIE (Commission internationale de l'éclairage). Diversamente dalle immagini a livelli di grigio, tale modello di colori è di tipo additivo e si basa sui tre colori rosso (Red), verde (Green) e blu (Blue), da cui appunto il nome RGB, da non confondere con i colori primari sottrattivi giallo, ciano e magenta.



Figura 1.4.2: Esempio di *silhouette* (a destra) ottenuta da un'immagine della sequenza video (a sinistra)

### 1.4.3 Ricostruzione della rappresentazione 3D

Dopo aver pulito l'immagine dallo sfondo è opportuno correggere l'immagine dai pixel spuri appartenenti al soggetto e non allo sfondo. Questo è possibile binarizzando l'immagine per mezzo di operatori morfologici. Gli operatori di base utilizzati sono l'operatore erosione e l'operatore dilatazione. Si ottiene così la *silhouette*, ossia la proiezione 2D del soggetto (Figura 1.4.2).

Da una tecnica di ricostruzione tridimensionale introdotta da A. Laurentini [37], a partire dai parametri di calibrazione delle telecamere (Sezione 1.3.2) e dalle *silhouette*, è possibile ricavare il volume del soggetto. La tecnica consiste nel retroproiettare un cono generalizzato nello spazio; l'intersezione dei coni ottenuti genera un volume, detto *visual hull*, che rappresenta un'approssimazione del volume occupato dal soggetto.

Per ricostruire la *visual hull* si considerano i *voxel*<sup>2</sup> dello spazio di lavoro, e si confrontano con le *silhouette* corrispondenti. Nel caso in cui tutte le proiezioni del *voxel* sul piano delle telecamere appartengono alle *silhouette*, il *voxel* fa parte della *visual hull*.

---

<sup>2</sup>Un voxel, analogamente al pixel che rappresenta un dato di un'immagine bidimensionale, è un elemento di volume che rappresenta un valore di intensità di colore in uno spazio tridimensionale.

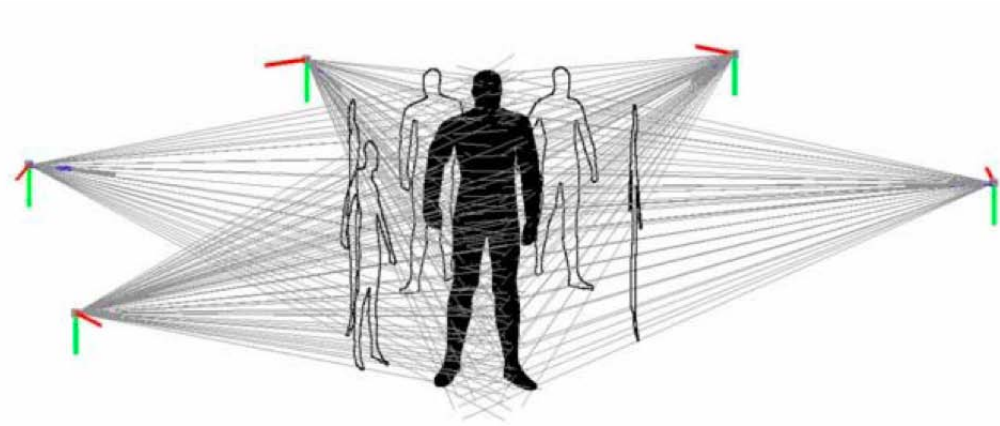


Figura 1.4.3: Generazione della *visual hull* dalle retroproiezioni delle *sihlouette* [16]

La creazione di quest'ultima può portare alla formazione di volumi fantasma, ovvero artefatti che compaiono quando una zona del volume di lavoro è occlusa dalla visuale di tutte le telecamere. Pertanto il numero delle telecamere e la disposizione delle stesse influisce sulla qualità del risultato.

#### 1.4.4 Definizione del modello

La nuvola di punti generata dalla dalla ricostruzione della *visual hull* è priva di informazioni sui punti che appartengono al relativo segmento, inoltre non c'è una corrispondenza tra i punti generati in un frame e quelli generati nei frame precedenti o nei frame successivi. È necessario quindi un modello da relazionare con i dati sperimentali in modo da poter classificare i segmenti corporei. Un modello rappresenta la conoscenza a priori disponibile sulla morfologia e sulla cinematica del soggetto.

L'informazione morfologica è espressa come una *mesh* triangolare (Figura 1.4.4) descritta da un elenco ordinato di punti tridimensionali, detti vertici della *mesh*, e da un elenco di triangoli che descivono come i vertici sono tra loro collegati; ogni vertice è indentificato univocamente dalla sua posizione

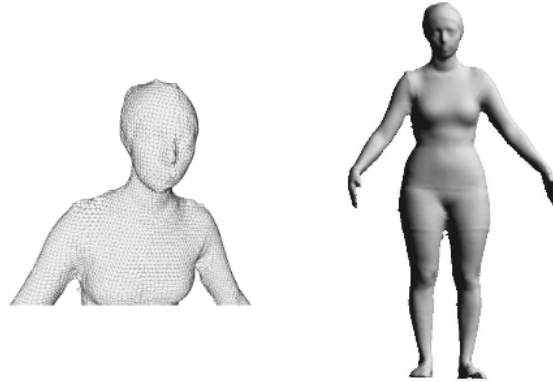


Figura 1.4.4: Dettaglio dei triangoli di una *mesh* (a sinistra) e la *visual hull* del soggetto intero (a destra)

nell'elenco, ed è definito dalle coordinate espresse in un sistema di coordinate di riferimento, mentre ogni triangolo è descritto dagli identificatori dei sui tre vertici in ordine antiorario.

L'informazione cinematica è rappresentata da un modello articolato del corpo umano che viene definito da 15 segmenti rigidi, che rappresentano le strutture ossee principali (testa, tronco, bacino, braccia, avambracci, mani, cosce, stinchi, e piedi), collegati da giunti sferici (6 gradi di libertà). Ogni segmento eredita la trasformazione del segmento che lo precede, chiamato segmento "padre". L'orientamento e la posizione del sistema di coordinate di ciascun segmento relativo rispetto a quello "padre" definisce la posa del modello.

Sono state introdotte alcune limitazioni per modellare il corpo umano come una catena cinematica: i gomiti e le ginocchia forniscono solamente un solo grado di libertà, mentre le caviglie non possono ruotare [38].

#### 1.4.4.1 Generazione del Modello

Il modello anatomico può essere generato attraverso l'uso di uno scanner laser 3D ottenendo un'acquisizione accurata della superficie esterna del soggetto,

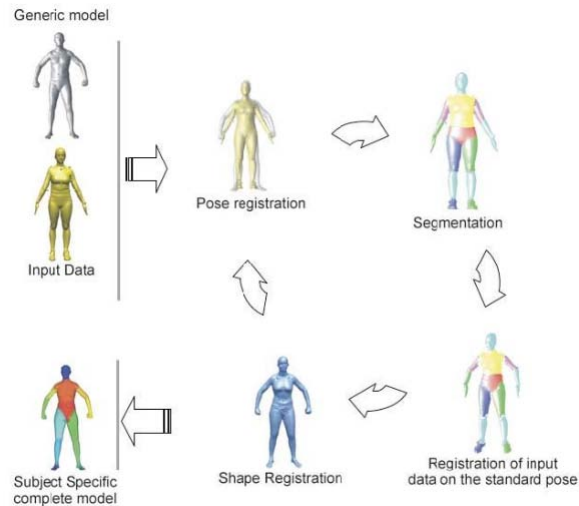


Figura 1.4.5: Fasi della generazione automatica del modello [41]

oppure utilizzando direttamente la *visual hull* di un frame di statica.

L'algoritmo descritto in [41], è in grado di generare automaticamente un modello soggetto-specifico dove le informazioni cinematiche sono incluse direttamente nella *mesh* dei vari componenti del modello. L'algoritmo è stato costruito sulla base di un database di scansioni laser di vari soggetti, al quale è stato applicato l'analisi delle componenti principali (PCA) per ridurre la dimensionalità, in modo tale da esprimere le forme del corpo come una combinazione lineare delle componenti principali. Per la maggior parte delle applicazioni, sono sufficienti le prime dieci componenti principali per raggiungere un livello di dettaglio accettabile. Da una *mesh* di riferimento si ottengono vari segmenti. Successivamente si assegna una parte del corpo a ciascun vertice in modo tale che la registrazione della *mesh* con un'altra fornisca la segmentazione di quest'ultima. Il processo di registrazione della *mesh* è suddiviso in quattro fasi (Figura 1.4.5):

1. Attraverso uno specifico algoritmo di registrazione si trova la trasformazione da applicare ad ogni segmento della *mesh* di riferimento da sovrapporre alla *mesh* da analizzare.



2. Segmentazione della nuova mesh attraverso un criterio di prossimità.
3. Si applica una trasformazione inversa a quella applicata al punto 1 per ogni segmento corporeo, in modo tale da registrare la mesh in esame nella posa di riferimento.
4. La mesh di riferimento viene trasformata nella nuova mesh del soggetto.

La posizione di ciascun centro articolare è ricavata mediante una combinazione lineare delle posizioni di sette vertici sulla mesh di riferimento trasformata. Le posizioni dei giunti articolari vengono associate ad alcune caratteristiche affidabili all'interno della mesh in modo tale che la generazione del modello sia completamente automatica.

#### 1.4.5 Matching del modello

Al fine di identificare la cinematica articolare del soggetto durante una sequenza, è necessario recuperare la posa istantanea in ogni fotogramma. Questo è possibile attraverso l'utilizzo di un algoritmo per il quale si cerca la particolare configurazione del modello che spiega al meglio i dati, rappresentati dalla *visual hull*, pur essendo corretta anatomicamente quando non rispetta i limiti imposti dalla catena cinematica. Tale configurazione è ottenuta attraverso il confronto dei punti che appartengono alla *visual hull* con i punti del modello, ad esempio attraverso l'algoritmo ICP (*Iterative Closest Point*). Inoltre è possibile anche il confronto inverso, ovvero da modello alla *visual hull*, ma è meno robusto a causa dei volumi fantasma o per mancanza di parti nella *visual hull*, che porterebbero il modello ad assumere una configurazione sbagliata. Di seguito verrà descritto l'algoritmo *Articulated ICP*.

### 1.4.5.1 Algoritmo Articulated ICP

L'algoritmo iterativo *Articulated ICP* [39] è utilizzato per il confronto del modello articolare con una sequenza di *visual hull*, ed è una versione modificata dell'algoritmo ICP standard descritto in [40].

Il modello  $M$  è definito da una sequenza discreta di punti  $p_1, \dots, p_P$  della superficie, da un insieme di segmenti rigidi  $s_1, \dots, s_S$  i quali sono connessi dai giunti  $q_1, \dots, q_Q$ , mentre ogni *visual hull*  $V$  è definita dall'insieme di punti  $V = v_1, \dots, v_N$  i quali rappresentano la forma del soggetto all'istante  $t$ . Per ogni frame si allineano le superfici del modello articolare con quelle della *visual hull*, rispettando i vincoli imposti dai giunti, mediante una trasformazione  $T$ , ossia si compiono delle trasformazioni rigide  $T_j$  per ogni segmento rigido  $s_j$ . Le iterazioni che vengono eseguite rispettano i seguenti due *step*:

1. Ogni punto  $p_i$  della superficie del modello è associato, secondo la distanza euclidea, al punto  $v_{s(i)}$  più vicino della *visual hull*, dove  $s(i)$  è la mappa tra l'indice della superficie su cui giace il punto  $p_i$  e l'indice del segmento rigido corrispondente.
2. Dalle coppie di punti  $(p_i, v_{s(i)})$  ricavati al passo 1, si eseguono le trasformazioni necessarie per far corrispondere i punti delle coppie. Per fare ciò si minimizza la funzione costo attraverso un algoritmo numerico, o per mezzo di una procedura iterativa che svolge un'interpolazione tra l'algoritmo di Gauss-Newton e il metodo del gradiente, adottando un fattore di viscosità che varia ad ogni passo iterativo che segue la linearità del problema.

La funzione costo da minimizzare è data dalla somma:

$$F(T) = H(T) + G(T) \tag{1.4.1}$$

in cui il termine  $H(T)$  assicura che le coppie di punti del passo 1 siano allineati:

$$H(r, t) = w_H \sum_{i=1}^P \left\| R(r_{s(i)})p_i + t_{s(i)} - v_i \right\|^2 \quad (1.4.2)$$

La trasformazione  $T_j$  di ciascun segmento rigido  $s_j$  è parametrizzata da un vettore traslazione  $t_j$  e da una matrice di rotazione  $R(r_{s(i)})$ . Il termine  $G(T)$  invece assicura che siano mantenuti i centri articolari, ovvero che ogni punto possa essere visto come appartenente a due segmenti congiunti:

$$G(r, t) = w_G \sum_{(i,j) \in Q(M)} \left\| R(r_i)q_{i,j} + t_i - R(r_j)g_{i,j} - t_j \right\|^2 \quad (1.4.3)$$

dove le trasformazioni  $T_i$  e  $T_j$  forzano la predizione del giunto in modo tale che sia consistente. Il valore di  $w_G$  controlla i movimenti dei giunti (se il valore è abbastanza piccolo si hanno dei movimenti ampi dei giunti), migliorando il *match* dei segmenti corporei con la *visual hull*.



## Capitolo 2

### Gait Analysis

Il movimento richiede al nostro corpo di risolvere in ogni istante un problema di equilibrio dinamico in cui i sistemi nervoso, muscolare e scheletrico si integrano alla perfezione. Ogni alterazione in questi sistemi, con l'età o con la patologia, porta ad una limitazione funzionale che può essere rilevata e quantificata mediante tecniche strumentali e attraverso l'uso di modelli matematici. Pertanto la necessità di nuove informazioni sulle caratteristiche dei movimenti normali e patologici, e conseguentemente, la necessità di nuovi approcci per il trattamento e la prevenzione di malattie influenzate da variazioni del movimento, ha incentivato lo sviluppo di nuove metodiche di misura.

L'analisi del movimento ha lo scopo di raccogliere informazioni quantitative relative alla meccanica del sistema muscolo-scheletrico durante l'esecuzione di un gesto motorio. In particolare si rilevano le grandezze cinematiche

(spostamento e quindi velocità ed accelerazione nello spazio dei segmenti corporei), dinamiche (analisi delle forze e delle coppie coinvolte tra le strutture interne, ovvero i muscoli, i tendini, i legamenti e le ossa) ed elettromiografiche (muscoli attivati nel movimento) durante il movimento.

Attualmente i modelli antropomorfi adottati si basano su una catena cinematica di segmenti materiali, i quali rappresentano una porzione del corpo denominata segmento corporeo. Questi segmenti sono composti da una parte ossea, segmento osseo, e da una parte formata da tessuti molli che la circondano. I segmenti ossei vengono modellati utilizzando corpi rigidi.

La ricostruzione della cinematica si riferisce a corpi sui quali lo strumento di misura non ha un accesso diretto, infatti come è ampiamente discusso nel capitolo precedente, i metodi più comuni richiedono l'uso di sensori posizionati sui segmenti corporei, oppure rilevando le posizioni di marcatori collocati sulla pelle del soggetto.

È opportuno fare riferimento ai segmenti ossei piuttosto che ai segmenti corporei per una serie di motivi: sono più coerenti con l'ipotesi di rigidità; la cinematica articolare fa riferimento al movimento relativo fra ossa e non fra segmenti corporei adiacenti; i muscoli ed i legamenti sono definiti con riferimento alle ossa; i piani anatomici delle ossa sono definibili con maggiore ripetibilità grazie a punti di repere anatomico meglio identificabili [3].

Un ruolo importante all'interno dell'analisi del movimento è occupato dalla *gait analysis*, studio del cammino, che permette di valutare i disturbi dell'andatura di un soggetto e gli effetti della chirurgia ortopedica correttiva.

Inoltre è anche comunemente utilizzata in biomeccanica sportiva per aiutare gli atleti a correre nel modo più efficiente oltre che ad individuare i problemi relativi alla postura o i movimenti legati a lesioni. La valutazione cinematica della locomozione umana dipende dai metodi usati per acquisire il movimento [22].

## 2.1 Morfologia dell'osso

Un segmento osseo può essere rappresentato come un insieme di punti, ciascuno individuato da un vettore posizione avente origine in un sistema di riferimento locale, denotato dall'apice sinistro  $l$ :

$${}^l\mathbf{p} = [{}^l p_x, {}^l p_y, {}^l p_z] \quad (2.1.1)$$

Dato che i segmenti ossei sono stati assunti corpi rigidi, ciò comporta che i sistemi di riferimento locali siano solidali con i segmenti ossei e che i vettori posizione siano invarianti rispetto al tempo e/o alle condizioni meccaniche al contorno e possano, pertanto, essere determinati una sola volta nelle condizioni sperimentali più favorevoli [3].

La tecnica più diffusa per la rappresentazione morfologica dell'osso è costituita dall'impiego della stereofotogrammetria, per la quale si identificano dei punti superficiali distinti da delle caratteristiche morfologiche. Tali punti sono detti punti di repere anatomico.

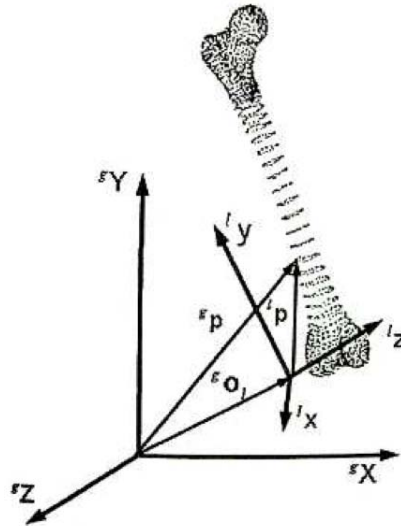


Figura 2.1.1: Descrizione della morfologia dell'osso rispetto ad un sistema di riferimento locale ( ${}^l\mathbf{p}$ ) ed uno globale ( ${}^g\mathbf{p}$ ) [3]

### 2.1.1 Posizione e orientamento di un osso

Uno dei problemi principali è la descrizione dell'orientamento e della posizione dell'osso rispetto ad un altro osservatore; ad esempio per passare dalla descrizione del segmento da un sistema di riferimento locale (Figura 2.1.1) ad un sistema di riferimento globale (denotato dall'apice sinistro  $g$ ), occorre determinare i vettori posizione  ${}^g\mathbf{p}$ .

Poiché un sistema di assi cartesiani rispetto ad un altro risulta descritto attraverso sei coordinate indipendenti, tre per la posizione e tre per l'orientamento, la posa di un osso nello spazio, si ottiene in due fasi:

- Si colloca nello spazio del sistema globale la posa del relativo sistema locale attraverso le sei coordinate indipendenti.



- Si ricostruisce la morfologia nel sistema locale mediante i vettori posizione  ${}^l\mathbf{p}$ .

Il problema di determinare i vettori posizione  ${}^g\mathbf{p}$  è risolvibile numericamente operando delle trasformazioni ortogonali:

$${}^g\mathbf{p}' = {}^g\mathbf{T}_l \cdot {}^l\mathbf{p}' \quad (2.1.2)$$

con la matrice omogenea

$${}^g\mathbf{T}_l = \begin{bmatrix} \cos\theta_{x_g x_l} & \cos\theta_{x_g y_l} & \cos\theta_{x_g z_l} & x_g O_l \\ \cos\theta_{y_g x_l} & \cos\theta_{y_g y_l} & \cos\theta_{y_g z_l} & y_g O_l \\ \cos\theta_{z_g x_l} & \cos\theta_{z_g y_l} & \cos\theta_{z_g z_l} & z_g O_l \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

e i vettori posizione  ${}^l\mathbf{p}' = \begin{bmatrix} x_l \mathbf{p} & y_l \mathbf{p} & z_l \mathbf{p} & 1 \end{bmatrix}$  e  ${}^g\mathbf{p}' = \begin{bmatrix} x_g \mathbf{p} & y_g \mathbf{p} & z_g \mathbf{p} & 1 \end{bmatrix}$ .

## 2.2 Sistemi di riferimento

Al fine di ricostruire la cinematica articolare è necessario definire alcuni sistemi di riferimento.

### 2.2.1 Sistemi di riferimento globali e locali

Come indicato nei paragrafi precedenti, per determinare la posa di un corpo rigido è necessario specificare i sistemi di riferimento globali e i sistemi di

riferimento locali. Dalla ricostruzione delle posizioni nello spazio di almeno tre marcatori, è possibile determinare la posa di un sistema di riferimento che, se associato ad un segmento osseo, permette a sua volta la ricostruzione tridimensionale della cinematica di quel segmento.

Per comprendere meglio i meccanismi dell'analisi cinematica segmentale è utile definire alcuni sistemi di riferimento presenti in un laboratorio di analisi del movimento:

- *Sistema di riferimento globale* (SG), è un sistema di assi rispetto al quale il sistema di acquisizione fornisce le coordinate ricostruite dei marcatori. Esso è arbitrariamente definito nello spazio del laboratorio e può avere una relazione geometrica nota rispetto all'oggetto di calibrazione utilizzato (vedi paragrafo 1.3.2).
- *Sistema di riferimento locale* (SL), è rigidamente associato ad un segmento osseo, detto anche *sistema tecnico*. Si possono distinguere due tipi di sistemi tecnici:
  - *Sistema tecnico del cluster dei marcatori* (STC), adottato per descrivere il movimento di un segmento corporeo ed è ricostruito dalla posizione istantanea di un set di marcatori.
  - *Sistema tecnico della morfologia* (STM), utilizzato in esperimenti che forniscono la morfologia del segmento di interesse.

Il sistema di riferimento locale è arbitrario ed è ricavato attraverso un processo di stima a partire dalle posizioni istantanee di almeno tre marker non allineati.

Se il SMT è diverso dal STC è necessario rappresentare il segmento osseo nella sua posizione ed orientamento istantanei attraverso una trasformazione dei vettori posizione da STM a STC o viceversa. Il passaggio dal STM al STC è reso possibile dalla procedura di calibrazione, nella quale tutti i punti di entrambi i sistemi devono essere disponibili.

## 2.2.2 Sistemi di riferimento anatomici

Poiché il posizionamento del sistema tecnico non è ripetibile, per soddisfare il requisito di ripetibilità intra-soggetto e inter-soggetto, si definiscono i *sistemi di riferimento anatomici* (SA). I piani di tali sistemi approssimano i piani frontale, sagittale e trasverso definiti dall'anatomia (Figura 2.2.1). Generalmente gli assi dei sistemi anatomici vengono utilizzati per rappresentare i sei gradi di libertà di una articolazione, e se si riferiscono al segmento corporeo possono essere utilizzati per definire la posizione del relativo centro di massa.

Tali sistemi sono identificati attraverso i punti di repere anatomico, determinabili in maniera ripetibile con accuratezze e precisioni piuttosto basse a causa dell'incertezza introdotta durante la fase di palpazione per il riconoscimento dei punti stessi. La propagazione di questi errori ai risultati finali dell'analisi, come quelli relativi alla cinematica delle articolazioni, può

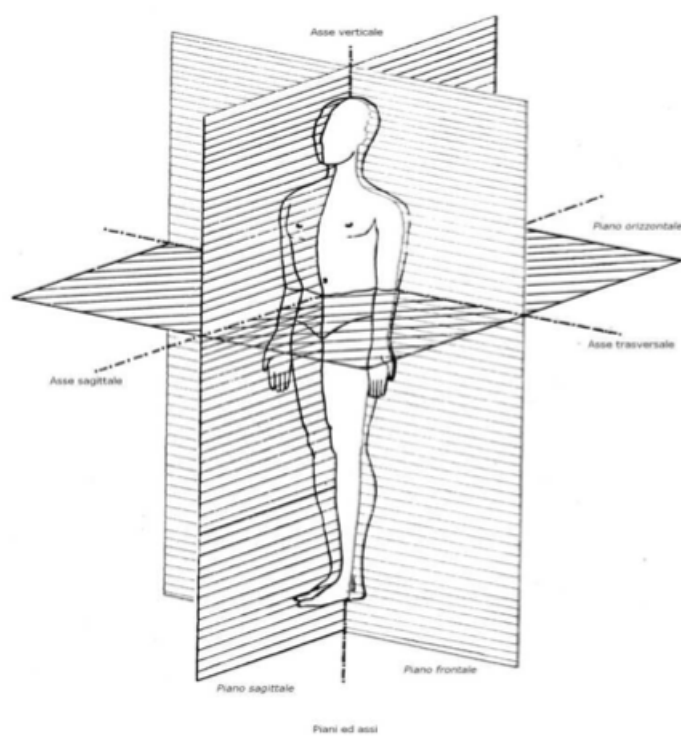


Figura 2.2.1: Piani e assi di riferimento anatomici [3]

essere tale da compromettere in modo importante l'affidabilità. Al fine di evitare questo tipo di problemi, sono stati proposti dei sistemi di riferimento anatomici utilizzando un numero ridondante di punti di repere anatomico.

### 2.2.3 Punti di repere anatomico

Grazie alla loro accessibilità, i punti di repere anatomico (RA), sono identificabili in modo ripetibile per palpazione e la loro posizione può essere ricostruita apponendovi dei marcatori.

Per la posizione dei punti di repere interni, si stabiliscono delle relazioni geometriche fra i punti di repere interni e quelli superficiali. Ad esempio il centro della testa del femore viene fatto coincidere con quello dell'acetabolo, il quale viene determinato, in condizioni normali, come centro di rotazione di movimenti del femore rispetto alla pelvi.

I fattori che riducono l'accuratezza dell'analisi del movimento con i marcatori di superficie sono numerosi; ad esempio con l'obesità possono essere nascoste le prominente ossee a livello della pelvi, in modo particolare le spine iliache anterosuperiori, determinando un movimento indipendente dalla cute rispetto ai centri articolari [19]. I laboratori differiscono nel metodo impiegato per stabilire la posizione di riferimento.

Per evitare i problemi dovuti al posizionamento dei marcatori sulla cute e alla variabilità del movimento, sono stati introdotti degli insiemi di marcatori, detti *cluster*, i quali vengono collocati nella parte intermedia del segmento corporeo d'interesse, con forma romboidale e orientata con l'asse maggiore

lungo l'asse longitudinale del segmento, per i quali si identificano i punti di repere anatomico qualora non fossero visibili direttamente.

## 2.3 Moto relativo tra corpi rigidi

La stima della cinematica articolare comporta, per definizione, la ricostruzione della posizione e dell'orientamento relativo dei sistemi di riferimento anatomici solidali con i segmenti corporei. Ci si può riferire quindi al moto relativo tra le ossa.

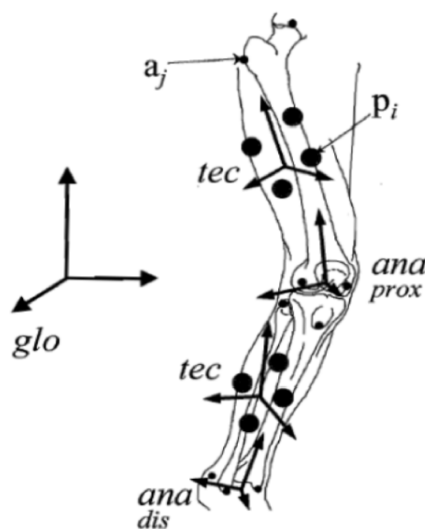


Figura 2.3.1: Sistemi di riferimento anatomici e tecnici per l'articolazione del ginocchio [3]

Per ottenere una descrizione della cinematica del sistema scheletrico di un soggetto in movimento, bisogna ricostruire l'orientamento relativo dei sistemi di riferimento anatomici, solidali con i segmenti corporei in ogni istante di

tempo. Questo significa calcolare, a partire dalle traiettorie dei marcatori, l'andamento temporale di sei grandezze scalari, tre relative all'orientamento e tre alla posizione, definite rispetto i sistemi anatomici. Le fasi da seguire sono:

1. Note le posizioni dei marker nel sistema globale del laboratorio ( $O, X, Y, Z$ ):

$${}^{glo}\mathbf{P}_i(t) = \begin{pmatrix} {}^{glo}X_{P_i}(t) \\ {}^{glo}Y_{P_i}(t) \\ {}^{glo}Z_{P_i}(t) \end{pmatrix}, i = 1, 2, 3, \dots, m \quad (2.3.1)$$

si ricostruisce un sistema tecnico per ogni segmento corporeo:

$$[{}^{glo}\mathbf{R}_{tec}(t), {}^{glo}\mathbf{T}_{tec}(t)] = f({}^{glo}\mathbf{P}_i(t)) \quad (2.3.2)$$

2. Si determinano le coordinate dei punti di repere anatomico rispetto al sistema di riferimento tecnico del segmento osseo corrispondente:

$${}^{tec}\mathbf{a}_j(t) = \begin{pmatrix} {}^{tec}\mathbf{x}_j(t) \\ {}^{tec}\mathbf{y}_j(t) \\ {}^{tec}\mathbf{z}_j(t) \end{pmatrix}, j = 1, 2, 3, \dots, N_a \quad (2.3.3)$$

3. Si calcolano le coordinate dei punti di repere anatomico rispetto al

sistema di riferimento globale:

$${}^{glo}\mathbf{a}_j(t) = {}^{glo}\mathbf{R}_{tec}(t){}^{tec}\mathbf{a}_j(t) + {}^{glo}\mathbf{T}_{tec}(t), j = 1, 2, 3, \dots, N_a \quad (2.3.4)$$

4. Si ricostruisce la posizione e l'orientamento di ciascun sistema di riferimento anatomico rispetto al sistema di riferimento globale per ogni istante di tempo  $t$ :

$$[{}^{glo}\mathbf{R}_{ana}(t), {}^{glo}\mathbf{T}_{ana}(t)] = f({}^{glo}\mathbf{a}_{1,2,\dots,m}(t)) \quad (2.3.5)$$

5. Si calcola, per ogni articolazione, la posizione e l'orientamento relativo dei sistemi di riferimento anatomici dei due segmenti adiacenti rispetto ad una convenzione opportuna:

$$\begin{aligned} & [{}^{dp}\mathbf{R}(t), {}^{dp}\mathbf{T}(t)] = \\ & = f({}^{glo}\mathbf{R}_{ana}(t)_{prox}, {}^{glo}\mathbf{T}_{ana}(t)_{prox}, {}^{glo}\mathbf{T}_{ana}(t)_{prox}, {}^{glo}\mathbf{R}_{ana}(t)_{dist}, {}^{glo}\mathbf{T}_{ana}(t)_{dist}) \end{aligned} \quad (2.3.6)$$

dove  ${}^{dp}\mathbf{R}(t)$  e  ${}^{dp}\mathbf{T}(t)$  sono rispettivamente il vettore orientamento di flesso-estensione, ab-adduzione ed intra-extrarotazione, e di posizione del sistema distale rispetto a quello prossimale.

Il moto traslatorio tra due segmenti anatomici che formano un'articolazione può essere descritto facendo riferimento alle origini dei sistemi di riferimento.



Le traslazioni  ${}^{dp}\mathbf{T}(t)$  sono sempre molto piccole e non esiste una convenzione generalmente accettata, mentre per quanto riguarda l'orientamento relativo  ${}^{dp}\mathbf{R}(t)$  tra due segmenti ossei che costituiscono l'articolazione, è possibile descrivere l'orientazione del segmento distale rispetto al segmento prossimale mediante tre rotazioni ordinate attorno agli assi coordinati, ossia del sistema distale. Gli angoli di rotazione che si ottengono dipendono dagli assi scelti per la rotazione e dall'ordine delle rotazioni.

### 2.3.1 Calcolo degli angoli articolari

La convenzione più utilizzata per la rappresentazione degli angoli articolari è la convenzione cardanica di E. S. Grood e W. J. Suntay (1983) [25]. Essi hanno studiato un metodo, in particolare per il ginocchio, che prevede di far corrispondere gli assi di rotazione agli assi articolari, ottenendo una descrizione del moto facilmente comprensibile dai clinici ed eliminando la necessità di specificare l'ordine delle rotazioni. Può inoltre essere evitato il fenomeno di singolarità della rotazione degli angoli (*gimbal-lock*).

Presi in esame gli assi dei sistemi di riferimento prossimale  $(X_p, Y_p, Z_p)$  e distale  $(X_d, Y_d, Z_d)$ , nella condizione iniziale di assi e origini coincidenti, si definiscono le seguenti rotazioni cardaniche:

1. Rotazione elementare  $\alpha$  attorno all'asse  $Z_d$  del SA distale (o dell'asse  $Z_p$  del prossimale poiché all'inizio coincidono).

2. Rotazione elementare  $\beta$  attorno all'asse  $X_d$  del SA distale, dopo che la prima rotazione è stata eseguita (asse flottante).
3. Rotazione elementare  $\gamma$  attorno all'asse  $Y_d$  del SA distale, dopo che le prime due rotazioni sono state eseguite.

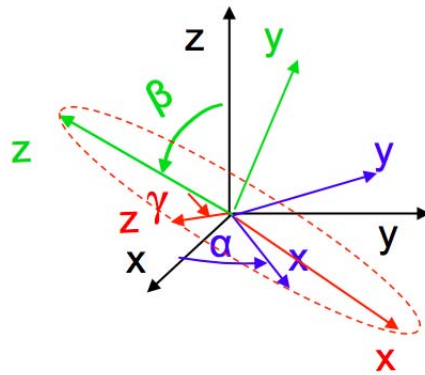


Figura 2.3.2: Sequenza delle rotazioni cardaniche della convenzione Grood & Suntay

Il *gimbal-lock* può essere evitato scegliendo in modo opportuno l'asse flottante a seconda del movimento che si vuole descrivere e dell'articolazione d'interesse. L'asse flottante viene fatto coincidere con un asse articolare attorno a cui corrispondono delle rotazioni limitate, ad esempio l'ab-adduzione o l'intra-extrarotazione del ginocchio.

Considerando i versori degli assi articolari dell'anca e del ginocchio, espressi secondo il sistema prossimale, si definiscono i seguenti angoli:

- Flessione/Estensione (Flex/Ext), come la rotazione relativa dell'asse medio-laterale  $Z_p$  del segmento prossimale.

- Abd/Adduzione (Abd/Add), rotazione relativa attorno all'asse flottante, cioè l'asse  $X_d$  del SA distale, dopo che la prima rotazione è stata eseguita.
- Intra/Extrarotazione (Int/Ext), coincide con l'asse  $Y_d$  del SA distale, dopo che le prime due rotazioni sono state eseguite.

Nel caso della caviglia i nomi indicati diventano rispettivamente Flessione dorsale/plantare (Dors/Plan), Abd/Adduzione (Abd/Add) e Inversione/Eversione (Inv/Ev).

Le proposte di standardizzazione per le quali c'è un accordo unanime sono per il sistema di riferimento articolare dell'anca e del ginocchio: la definizione del SA distale (femore) e prossimale (pelvi) sono basati su RA palpabili. La definizione del riferimento articolare secondo la convenzione appena descritta è la seguente (Figura 2.3.3):

1. Asse  $\mathbf{e}_1$  solidale con la pelvi e coincidente col suo asse  $Z_p$ :  $\alpha$  angolo di flesso/estensione.
2. Asse  $\mathbf{e}_2$  solidale con il femore e coincidente col suo asse  $Y_d$ :  $\gamma$  angolo di rotazione interna/esterna.
3. Asse  $\mathbf{e}_3$  asse flottante, ortogonale a  $\mathbf{e}_1$  ed  $\mathbf{e}_2$ :  $\beta$  angolo di ab/adduzione.

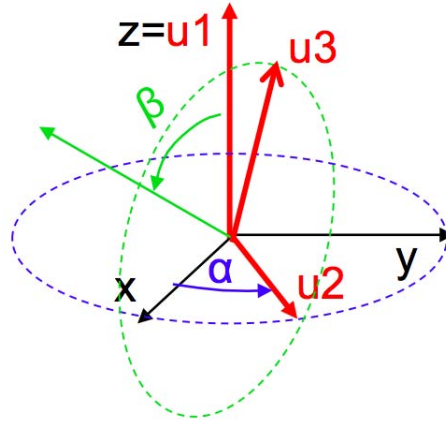


Figura 2.3.3: Definizione degli assi del sistema di riferimento articolare

### 2.3.2 Errori ed artefatti

L'accuratezza della ricostruzione del movimento risente di tre tipi d'errore:

1. *Errori strumentali*, sono errori intrinseci al sistema di misura, si possono quantificare e compensare. Purtroppo anche in condizioni statiche le posizioni ricostruite dei marcatori sono tempo-varianti, si ha dunque una propagazione dell'errore nel calcolo della posa del sistema di riferimento tecnico:

$$[{}^{glo}\mathbf{R}_{tec}(t), {}^{glo}\mathbf{T}_{tec}(t)]$$

fino alla stima della cinematica articolare

$$[{}^{dp}\mathbf{R}(t), {}^{dp}\mathbf{T}(t)]$$

2. *Errori nella determinazione dei RA.*

3. *Errori da artefatti da tessuto molle (ATM).*

Gli errori nella determinazione dei RA e gli ATM sono errori sistematici e sono più difficili da quantificare e quindi da compensare. Gli errori sistematici dipendono dal sistema di misura, dall'inaccuratezza della calibrazione e dalle non linearità non considerate durante la calibrazione (ad esempio il fenomeno della distorsione dovuto all'ottica delle telecamere), inoltre la bassa frequenza di acquisizione e l'ampiezza del volume di acquisizione possono inficiare sulla precisione del sistema stesso. Una, ed unica, soluzione possibile è quella di ripetere la calibrazione ogni volta che lo si ritiene necessario. Altri tipi di errori sono gli errori casuali causati dal rumore elettronico, dal fenomeno di *flickering* (imprecisione nella conversione in punti immagine della posizione dei marker), o dall'alta frequenza. Tali errori possono essere limitati mediante opportune tecniche di filtraggio.

I metodi sperimentali e analitici adottati per la descrizione dei movimenti articolari devono fornire risultati ripetibili, che possano essere espressi utilizzando la terminologia propria dell'anatomia e della fisiologia, per un confronto intra-individuale ed inter-individuale.

## 2.4 Protocolli per l'analisi del cammino

In generale un protocollo per l'analisi del movimento definisce la procedura da seguire per l'acquisizione e l'elaborazione del movimento di un sogget-

to, in maniera standard e ripetibile. Solitamente comprende un modello di posizionamento dei marcatori e un algoritmo per il calcolo delle variabili cinematiche d'interesse a partire dalla relazione che intercorre tra la posizione dei marcatori stessi e i segmenti ossei sottostanti.

Il posizionamento dei marcatori di superficie deve soddisfare due obiettivi: deve essere garantita la massima visibilità dei marker da parte delle telecamere, e non deve esserci un sovrapposizione di marker per la definizione dei centri di rotazione articolare. L'approccio di base è quello di collocare tre marcatori su ciascun segmento corporeo, in modo tale che il movimento tridimensionale dei segmenti corrispondenti possa essere identificato in modo appropriato. Inoltre il numero totale dei marcatori può essere ridotto se i marcatori del centro articolare sono condivisi con i segmenti corporei adiacenti [19].

### 2.4.1 Protocollo Davis - Helen Hayes

Il protocollo Davis è stato sviluppato presso l'ospedale di New York, *Helen Hayes*, all'inizio degli anni '80 [31]. Tale protocollo oltre a definire la posa degli assi articolari degli arti inferiori attraverso il marker-set di tabella 2.1, richiede la rilevazione dei parametri antropometrici del soggetto, dai quali si ottengono, successivamente all'acquisizione, le masse dei segmenti e i momenti d'inerzia.

La collocazione dei marker interessa le zone laterali del soggetto per garantire la massima visibilità, inoltre si utilizzano delle bacchette per il femore

| <i>Struttura Ossea</i> | <i>Descrizione</i>                        | <i>Acronimo</i> |
|------------------------|---|-----------------|
| Tronco                 | Giunzione sterno-clavicolare destra       | RS              |
|                        | Giunzione sterno-clavicolare sinistra     | LS              |
|                        | Apofisi spinosa C6                        | N               |
| Bacino                 | Spina iliaca superiore anteriore destra   | R               |
|                        | Spina iliaca superiore anteriore sinistra | B               |
|                        | Sacro                                     | H               |
| Femore                 | Gran trocantere                           | RH              |
|                        | Femore (bacchetta)                        | RF              |
|                        | Epicondilo femorale                       | RK              |
| Gamba                  | Testa fibula                              | RP              |
|                        | Tibia (bacchetta)                         | RB              |
|                        | Malleolo laterale                         | RA              |
| Piede                  | Seconda testa metatarsale                 | RT              |
|                        | Calcagno                                  | RQ              |

Tabella 2.1: Marker-set del protocollo Davis [31]

e per la gamba. Quest'ultime però possono essere soggette a vibrazioni durante movimenti rapidi, introducendo così degli errori nella ricostruzione. Prima di procedere con l'acquisizione il soggetto deve completare una fase di calibrazione, la quale prevede l'acquisizione dei marker mentre il soggetto rimane fermo per qualche secondo in posizione eretta. Questa operazione è necessaria al fine di calcolare i centri di rotazione articolari.

### 2.4.2 Protocollo C.A.S.T.

Il protocollo C.A.S.T. [20], *Calibrated Anatomical System Technique*, è stato proposto nel 1995 presso l'Istituto di Fisiologia Umana dell'Università La Sapienza, Roma, e il Laboratorio di Analisi del Movimento degli Istituti Ortopedici Rizzoli, Bologna. Esso fornisce delle direttive sulla definizione dei si-

stemi di riferimento anatomici e tecnici e introduce il concetto di calibrazione dei punti anatomici.

La rappresentazione cinematica è fortemente sensibile alla definizione degli assi coinvolti a partire dalle posizioni dei marker nel sistema globale. Gli assi dovrebbero essere scelti in modo tale che siano ripetibili e consentano una rappresentazione della cinematica articolare consistente con le attese del clinico. Poiché i sistemi ricavati sono il risultato di una stima affetta da errori strumentali e da artefatti sperimentali, tali sistemi di riferimento possono coincidere con i sistemi anatomici.

Per limitare gli artefatti da tessuto molle, secondo lo studio di Capozzo et al. [20] si procede con una fase detta calibrazione anatomica, in cui si posizionano sulla cute del soggetto dei cluster di marker in zone dove lo slittamento dei tessuti rispetto l'osso è trascurabile. Ad ogni cluster si definisce un sistema tecnico, che può coincidere con il sistema anatomico. Successivamente per ogni punto di repere anatomico si colloca un marker e si determinano le sue coordinate nel sistema di riferimento tecnico sfruttando le coordinate dei marker del cluster. Il soggetto viene quindi ripreso, durante un'acquisizione statica, in una posizione tale da favorire il rilevamento di ogni marcatore da almeno due visuali. Infine, prima dell'acquisizione dinamica, i marker utilizzati per l'identificazione dei punti di repere vengono rimossi.

I punti di repere anatomico presi in considerazione per l'applicazione dei marcatori sulla cute del bacino, della coscia della gamba e del piede fanno riferimento a parametri standardizzati e sono riassunti nella tabella seguente:



| <i>Struttura Ossea</i> | <i>Descrizione</i>                               | <i>Acronimo</i> |
|------------------------|--|-----------------|
| <i>Pelvi</i>           | Spina iliaca anteriore superiore                 | ASIS            |
|                        | Spina iliaca posteriore superiore                | PSIS            |
|                        | Centro dell'acetabolo                            | AC              |
| <i>Femore</i>          | Centro della testa del femore                    | FH              |
|                        | Gran trocantere                                  | GT              |
|                        | Epicondilo laterale                              | LE              |
|                        | Epicondilo mediale                               | ME              |
|                        | Apice antero-laterale della superficie patellare | LP              |
|                        | Apice antero-mediale della superficie patellare  | MP              |
|                        | Condilo laterale                                 | LC              |
|                        | Condilo mediale                                  | MC              |
| <i>Gamba</i>           | Eminenza intercondilare                          | IE              |
|                        | Prominenza della tuberosità tibiale              | TT              |
|                        | Apice della testa del perone                     | HF              |
|                        | Apice distale del malleolo mediale               | MM              |
|                        | Apice laterale del malleolo mediale              | LM              |
|                        | Punto mediale della superficie tibiale           | MMP             |
|                        | Punto laterale della superficie tibiale          | MLP             |
| <i>Piede</i>           | Calcagno   | CA              |
|                        | Dorsale della prima testa metatarsale            | FM              |
|                        | Dorsale della seconda testa metatarsale          | SM              |
|                        | Dorsale della quinta testa metatarsale           | VM              |

Tabella 2.2: Punti di reperi anatomico calibrati con il protocollo C.A.S.T.[20]

Nei frame delle sequenze dinamiche in cui il punto di reperi anatomico non è visibile da almeno due telecamere, se ne ricostruisce la posizione mappando tre punti visibili appartenenti al cluster del segmento di interesse, per i quali è stato inizialmente definito il sistema tecnico.

Sebbene tale metodo richiede un elevato numero di marker e di acquisizioni, si dimostra robusto e flessibile in grado di sfruttare la posizione di

qualsiasi insieme di marker non collineari, precedentemente calibrati, per ottenere la posizione dei punti anatomici.

Tale protocollo rispetta la convenzione Grood & Suntay (Sezione 2.3.1), per ogni giunto articolare, in accordo con gli standard definiti [33].

### 2.4.3 Protocollo IOR-Gait

Mettendo a confronto i metodi precedentemente descritti risulta che il protocollo Davis ha una preparazione abbastanza veloce del paziente, al contrario di come accade il protocollo C.A.S.T. poiché la preparazione risulta lunga a causa delle calibrazioni anatomiche numerose e lunghe. Tuttavia, contrariamente al protocollo Davis, il protocollo C.A.S.T. si dimostra affidabile nella definizione dei piani anatomici fornendo quindi risultati più precisi.

Per ridurre il tempo di preparazione del paziente e per ottenere risultati accurati ed affidabili è stato sviluppato un protocollo da A. Leardini, Z. Sawacha et al., illustrato in [30], con l'obiettivo di ottenere un compromesso tra i due protocolli. Infatti in questo protocollo i punti di repere sono individuati sia attraverso il posizionamento di marker sia con la calibrazione anatomica con i cluster.

I punti di repere identificati direttamente con marker sono elencati in tabella 2.3, mentre la calibrazione anatomica viene impiegata per identificare i punti della tabella 2.4.

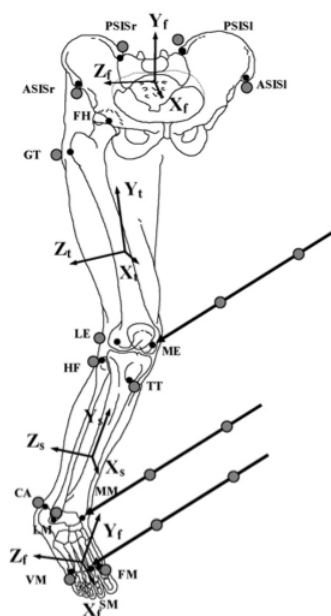


Figura 2.4.1: Rappresentazione della posizione dei punti di reperi anatomico utilizzati nel protocollo IOR-gait per la gamba destra (per la gamba sinistra la disposizione è analoga) [30]

| <i>Struttura Ossea</i> | <i>Descrizione</i>                         | <i>Acronimo</i> |
|------------------------|--|-----------------|
| <i>Bacino</i>          | Spina iliaca superiore anteriore destra    | RASIS           |
|                        | Spina iliaca superiore anteriore sinistra  | LASIS           |
|                        | Spina iliaca superiore posteriore destra   | RPSIS           |
|                        | Spina iliaca superiore posteriore sinistra | LPSIS           |
| <i>Femore</i>          | Gran trocantere                            | GT              |
|                        | Epicondilo femorale laterale               | LE              |
| <i>Gamba</i>           | Apice esterno della testa della fibula     | HF              |
|                        | Prominenza della tuberosità tibiale        | TT              |
|                        | Malleolo laterale                          | LM              |
| <i>Piede</i>           | Calcagno                                   | CA              |
|                        | Quinta testa metatarsale                   | VM              |
|                        | Prima testa metatarsale                    | IM              |

Tabella 2.3: Marker-set del protocollo Ior Gait[30]

I punti di reperi del protocollo Davis identificati mediante l'uso di bacchette sono stati sostituiti dalla calibrazione anatomica:

| <i>Struttura Ossea</i> | <i>Descrizione</i>                 | <i>Acronimo</i> |
|------------------------|------------------------------------|-----------------|
| Pelvi                  | Centro d'anca                      | HJC             |
| Femore                 | Epicondilo femorale mediale        | ME              |
| Gamba                  | Apice esterno del malleolo mediale | MM              |

Tabella 2.4: Calibrazione anatomica dei punti di reperi calibrati dai cluster

Il centro d'anca può essere calibrato in una posizione in funzione di quella delle spine iliache anteriori (Bell et al.), oppure può essere calcolato mediante un metodo funzionale (Cappozzo et al.). Per garantire la coerenza dei risultati con la terminologia fisiologica e clinica, la convenzione degli angoli adottata è quella di Cardano/Bryant in particolare la convenzione di Grood & Suntay (Sezione 2.3.1). Il protocollo è stato studiato appositamente per l'analisi del cammino, dopo la preparazione del soggetto si procede con un'acquisizione statica per la calibrazione dei marker e successivamente possono essere fatte le acquisizioni dinamiche con le quali si ricavano posizioni, velocità ed accelerazioni del cammino.

## 2.5 Il cammino

Con il termine cammino si intende una sequenza ripetitiva di spostamenti reciproci degli arti inferiori, superiori, del bacino e del tronco che determinano lo spostamento del corpo.

Durante la locomozione, una gamba funge da sostegno, mentre l'altra avanza fino al successivo appoggio; successivamente i due arti si scambiano di ruolo ed entrambi i piedi sono in contatto con il terreno, durante il trasferimento del peso del corpo da una gamba all'altra. Questa serie di eventi è ripetuta da ogni arto in modo alternato, fino al raggiungimento della destinazione. Una singola sequenza è definita ciclo del passo, *gait cycle* [19]. Generalmete l'inizio del ciclo del passo coincide con il contatto al suolo. Ogni ciclo è suddiviso in due periodi (Figura 2.5.1):

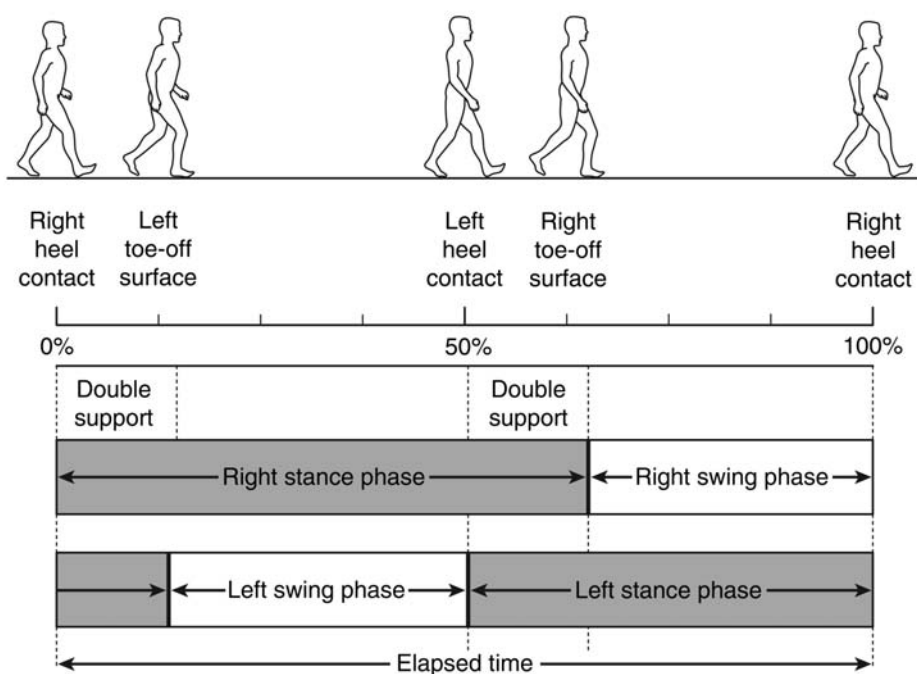


Figura 2.5.1: Suddivisioni del ciclo del passo [42]

- Appoggio, *stance phase* (ST), si riferisce all'intero periodo durante il

quale il piede è a contatto con il terreno, inizia convenzionalmente con il contatto iniziale del tallone e finisce con lo stacco delle dita.

L'appoggio, a sua volta, può essere distinto in:

- Doppio appoggio, *double support* (DS), è il periodo di tempo in cui entrambi i piedi sono a contatto con il terreno, si verifica due volte nel ciclo del passo, all'inizio e alla fine delle fasi d'appoggio.
- Singolo appoggio, *single support* (SS), coincide con l'arco di tempo in cui un solo piede è a terra, ed è esattamente uguale alla fase di oscillazione dell'arto controlaterale.
- Oscillazione, *swing phase* (SW), identifica il periodo in cui il piede è sollevato da terra per l'avanzamento della gamba.

Il cammino presenta quattro requisiti essenziali, quali: la stabilità durante l'appoggio, l'assorbimento dell'impatto, la progressione e la conservazione dell'energia. In particolare la stabilità durante l'appoggio deriva dalla stabilità del piede ed il continuo riallineamento dei segmenti corporei sulla base di appoggio ed il corretto allineamento del tronco. L'assorbimento dell'impatto è favorito dalla flessione plantare dell'articolazione tibio-tarsica, dalla flessione del ginocchio e dall'azione muscolare degli abduttori dell'anca. Infine alla progressione contribuiscono la caduta in avanti del corpo, il rotolamento del complesso tibio-tarsica-piede e l'oscillazione dell'arto controlaterale.

Dal punto di vista funzionale è possibile un'ulteriore suddivisione del ciclo del passo:

- L'accettazione del carico, *weight acceptance*, si ha durante:
  - Il contatto iniziale, *initial contact* (0-2% del ciclo), posizionamento dell'arto per iniziare l'appoggio.
  - Alla risposta al carico, *loading response* (0-10% del ciclo), assorbimento dell'impatto, stabilità in carico, mantenimento della progressione.
- L'appoggio monopodalico, avviene nel:
  - Appoggio intermedio, *mid stance* (10-30 % del ciclo), progressione sul piede in appoggio, stabilità dell'arto e del tronco.
  - Appoggio terminale, *terminal stance* (30-50 % del ciclo), progressione del corpo in avanti rispetto al piede di supporto.
- Avanzamento dell'arto, *limb advancement*, si ha:
  - Preoscillazione, *pre swing* (50-60 % del ciclo), posizionamento dell'arto per l'oscillazione.
  - Oscillazione iniziale, *initial swing* (60-73 % del ciclo), sollevamento del piede da terra, avanzamento dell'arto retroposto.
  - Oscillazione intermedia, *mid swing* (73-87 % del ciclo), distanziamento del piede da terra, avanzamento dell'arto retroposto.
  - Oscillazione terminale, *terminal swin* (87-100 % del ciclo), competere l'avanzamento dell'arto, preparare l'arto all'appoggio.





# Capitolo 3

## Materiali E Metodi

Il seguente lavoro propone un metodo di confronto tra due tecniche di acquisizione per la stima della cinematica articolare del cammino in acqua, ed è stato svolto presso il laboratorio di Analisi del Movimento dell'Università di Padova, e la piscina Record del Dipartimento di Scienze Motorie dell'Università di Bologna. Lo studio è stato rivolto all'applicazione di tecniche markerless a dati acquisiti con un sistema *motion capture* sviluppato per l'utilizzo dei marcatori. La caratteristica principale del metodo proposto è quella di utilizzare per entrambe le tecniche sopra citate le medesime acquisizioni.

Per il posizionamento dei marcatori della tecnica marker-based, sono stati adottati due protocolli sperimentali di *gait analysis*. Il primo protocollo è di tipo C.A.S.T. e può essere considerato il più affidabile in termini di accuratezza nella stima delle rotazioni articolari, mentre il secondo è il protocollo IOR-gait che qui indicheremo come Anatomical Landmark. Poiché l'analisi

cinematica in ambienti acquatici presenta delle complicanze ulteriori rispetto alle normali condizioni di laboratorio, non è stata utilizzata la tecnica tradizionale della stereofotogrammetria optoelettronica. La presenza dell'acqua, oltre a rendere difficile l'aderenza dei marker alla pelle, richiede un'illuminazione particolare e dei filtri speciali per le telecamere: Pertanto per ricavare le posizioni dei marker è stata adottata la tecnica più diffusa per l'ambiente subacqueo, ovvero la digitalizzazione automatica con supervisione manuale delle *feature*. Poiché la digitalizzazione manuale è una procedura condizionata dalle capacità e dall'esperienza dell'operatore, si è eseguita un'analisi di ripetibilità inter-operatore e intra-operatore.

Dal momento che non è stato possibile estrarre un numero considerevole di cicli del passo a causa della grande quantità di lavoro che ha richiesto la procedura di *video tracking*, sono state considerate le camminate di un solo soggetto. L'elaborazione dei dati è stata fatta grazie ad un codice scritto in linguaggio Matlab<sup>1</sup>, interagente con dei codici sviluppati precedentemente presso il laboratorio Analisi del Movimento dell'Università di Padova [15, 43, 43].

### 3.1 Soggetti

A questo studio hanno partecipato tre soggetti maschi sani, ai quali è stato chiesto di eseguire due serie di sei camminate ciascuna a velocità naturale:

---

<sup>1</sup>Matlab è un linguaggio ad alto livello e un ambiente interattivo per il calcolo numerico, l'analisi e la visualizzazione dei dati e la programmazione.

la prima prima serie è stata effettuata in una piscina con acqua a livello delle spalle, mentre la seconda è stata eseguita in un laboratorio in condizioni d'illuminazione controllate. Le caratteristiche dei soggetti sono riassunte nella seguente tabella:

| <i>Caratteristiche</i>        | <i>1</i> | <i>2</i> | <i>3</i> | <i>Media ± SD</i> |
|-------------------------------|----------|----------|----------|-------------------|
| <i>Età [anni]</i>             | 31       | 21       | 30       | 27.3 ± 5.5        |
| <i>Altezza [cm]</i>           | 165      | 186      | 180      | 177 ± 11          |
| <i>Peso [kg]</i>              | 50       | 76.5     | 76       | 67.5 ± 15.2       |
| <i>BMI [kg/m<sup>2</sup>]</i> | 18.4     | 22.1     | 23.5     | 21.3 ± 2.6        |

Tabella 3.1: Dati soggetti

In questo studio si farà riferimento in particolare alle acquisizioni del primo soggetto, per il quale sono stati estratti i cicli del passo del lato destro.

## 3.2 Strumentazione

Le acquisizioni sono state fatte presso la piscina Record e il laboratorio del Movimento del Dipartimento di Scienze Motorie dell'Università di Bologna, utilizzando sei telecamere subacquee uguali (TS-6021PSC, Tracer Technology Co. Ltd). Ogni telecamera è stata collegata ad un convertitore analogico-digitale (Canopus ADVC55; uscita video DV, PAL interlacciato, 25 frame/s), collegato a sua volta ad un notebook con un collegamento FireWire (standard IEEE 1394), per il supporto del trasferimento di dati sincrono.

L'intero sistema è stato sincronizzato in modo automatico impiegando un'applicazione software, DVApp (sviluppata presso il laboratorio di Analisi

del Movimento dell'Università di Padova [43]), installata su ogni computer, che invia attraverso una rete locale dei segnali d'inizio e di arresto acquisizione. La propagazione del segnale attraverso la rete introduce un ritardo di sincronizzazione il quale risulta minore della durata del singolo frame, che in questo studio risulta essere pari a 20 ms.

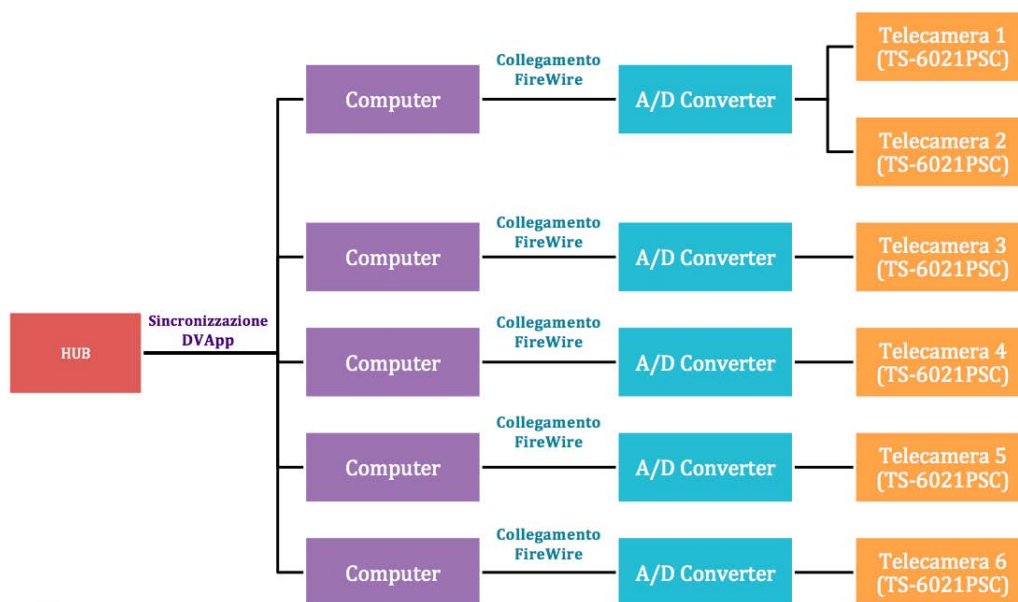


Figura 3.2.1: Schematizzazione del collegamento tra le telecamere e i computer

Si è scelto di utilizzare, dove possibile, due telecamere per computer in modo da ridurre eventuali problemi di connessione e/o sincronizzazione, utilizzando l'ingresso multiplo delle schede PCMCIA FireWire.

Uno degli aspetti più importanti è la disposizione delle telecamere, poiché è necessario ricostruire la cinematica dei segmenti corporei in tutte le diverse fasi del movimento di studio. Le configurazioni utilizzate durante le acqui-

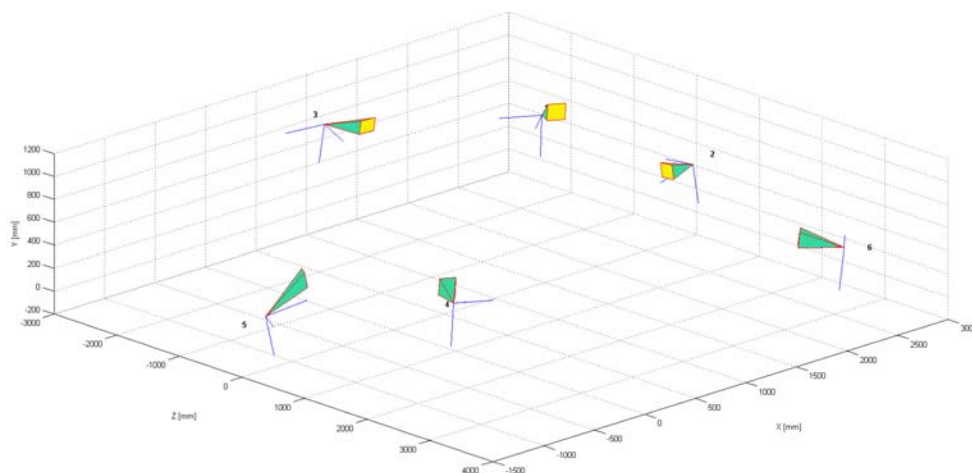


Figura 3.2.2: Posizioni della telecamere risultate dalla calibrazione estrinseca per il setup in ambiente asciutto

sizioni, per quanto riguarda l'analisi in acqua, sono rappresentate in figura 3.2.2, mentre per quanto riguarda l'analisi a secco, la disposizione scelta è rappresentata in figura 3.2.3.

Nella fase di acquisizione si sono ottenuti i video relativi alle dinamiche del cammino e alle calibrazioni delle telecamere (acquisizioni intrinseche ed estrinseche), in formato AVI. I video ottenuti hanno richiesto una fase di *processing* prima di poter essere elaborati.

### 3.2.1 Video processing

I video ottenuti nella fase di acquisizione si presentano compressi ed interlacciati, è quindi stato necessario processarli in modo tale da ottenere un

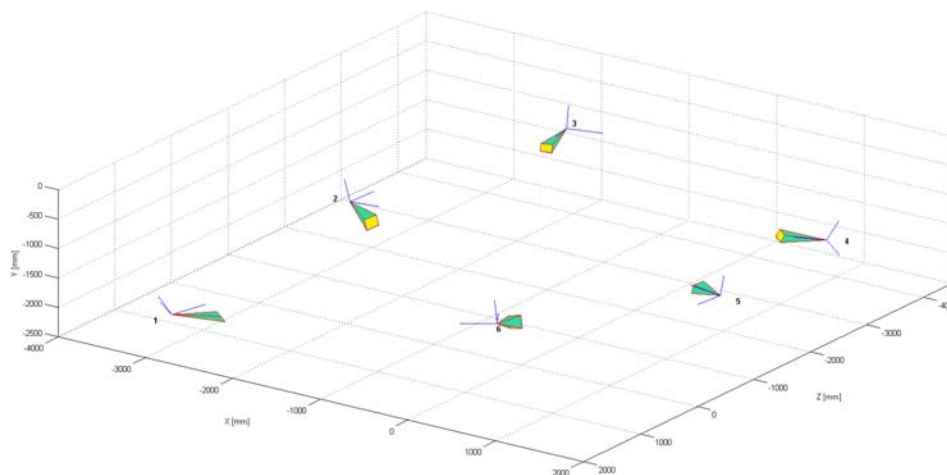


Figura 3.2.3: Posizioni della telecamere risultate dalla calibrazione estrinseca per il setup in piscina

formato opportuno per l'elaborazione dei dati.

La compressione è utilizzata per ridurre le dimensioni del file video, e quindi lo spazio necessario per la sua memorizzazione, attraverso l'uso di un *codec* video. Grazie ad un software di conversione video, AVS Video Converter, è stata effettuata l'operazione di decompressione per riportare le dimensioni dei file video alle dimensioni originali.

I convertitori analogico digitale (A/D Converter) compiono un'operazione di interlacciamento, per la quale ogni fotogramma è formato da due sottocampi consecutivi, uno contenente tutte le linee pari, mentre l'altro le dispari. In questo modo i campi sono registrati in successione ad una frequenza doppia rispetto a quella nominale. Il limite principale della tecnica dell'interlacciamento è la creazione di artefatti visibili durante i movimenti rapidi, in

particolare in quei soggetti che si muovono abbastanza velocemente in modo tale da essere in due posizioni diverse nei due semicampi di uno stesso fotogramma. Gli artefatti sono facilmente visibili durante la riproduzione di immagini fisse o a velocità inferiori a quella nominale (Figura 3.2.4).



Figura 3.2.4: Esempio di video interlacciato e video deinterlacciato

Per minimizzare gli artefatti esiste una tecnica nota come deinterlacciamento. Tale operazione è stata effettuata per ogni video mediante il filtro *smart deinterlacer* del software VirtualDub sviluppato da Donald Graft (<http://neuron2.net/bob.html>).

### 3.2.2 Calibrazione delle telecamere

Di fondamentale importanza è la fase di calibrazione delle telecamere (Sezione 1.3.2), che comporta la stima di due insiemi differenti di parametri per la correzione delle distorsioni.

Questa operazione è stata resa possibile grazie ad un software, MMC-Suite (sviluppato presso laboratorio di Analisi del Movimento dell'Università di Padova), nel quale è stato implementato il *Toolbox* di calibrazione di J.Y. Bouguet (Sezione 1.3.2.1)[28].

Per minimizzare le operazioni da compiere sott'acqua, la calibrazione è stata suddivisa in due fasi differenti, mantenendo così un modello di distorsione ottico il più accurato possibile.

Le acquisizioni intrinseche delle telecamere sono state eseguite in condizioni di asciutto, riprendendo in differenti posizioni nello spazio una scacchiera (Figura 3.2.5) bianca e nera di dimensioni note (dimensione scacchiera: 13 x 9 cm, dimensione quadrati: 42 mm), come indicato da J.Y. Bouguet [28]. Per ogni frame della sequenza dei video intrinseci, sono stati riconosciuti i vertici dei quadrati della scacchiera in modo automatico; attraverso il calcolo delle distanze note tra i vertici dei quadrati contenuti nella scachiera, l'algoritmo è in grado di stimare i parametri intrinseci e di fornire l'errore di riproiezione. L'operazione è stata ripetuta per ogni telecamera. L'utilizzo delle telecamere in ambiente acquatico ha previsto l'applicazione di un fattore di correzione dei parametri intrinseci: poiché l'indice di rifrazione dall'aria all'acqua è diverso, è stato necessario moltiplicare la lunghezza focale per un opportuno parametro (oggetto di studio del lavoro di J.M. Lavest), pari a 1.333 [26].

Dopo aver posizionato le telecamere, si sono eseguite le acquisizioni della calibrazione estrinseca riprendendo, contemporaneamente da ogni telecamera, una griglia di calibrazione di dimensioni note, 2.07 x 1.07 x 1.40 m (Figura



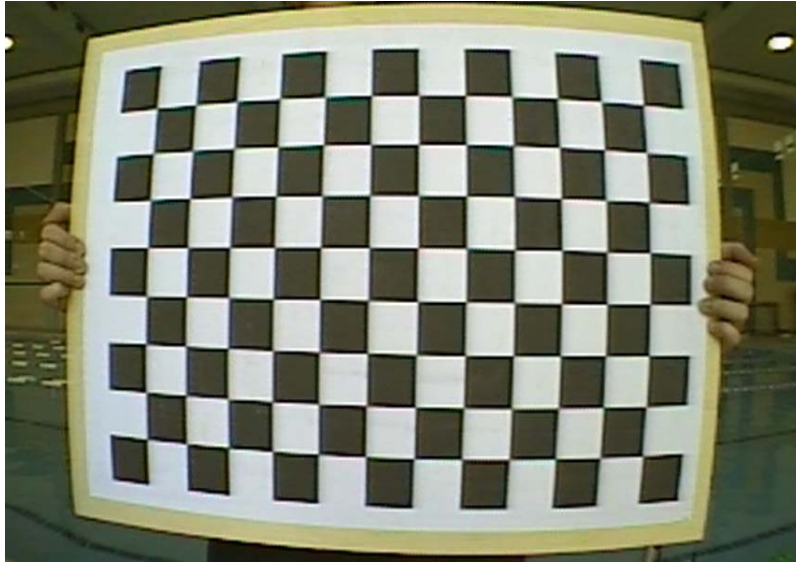


Figura 3.2.5: Scacchiera utilizzata per la calibrazione intrinseca

3.2.6). Si è proceduto dunque a mappare i vertici della griglia per ogni fotogramma acquisito, dopo aver indicato le distanze esatte tra i vertici. Una volta effettuata tale procedura, è stato definito il sistema di riferimento globale. Poiché le telecamere sono state trasferite dalla piscina al laboratorio è stato necessario ripetere la calibrazione estrinseca per la nuova posizione.

La precisione della calibrazione è stata valutata in termini di errore di calibrazione ed errore di ricostruzione: l'errore di calibrazione è stato determinato per ciascuna telecamera come la distanza quadratica media tra la posizione dei punti di controllo misurati e le proiezioni 3D corrispondenti dei punti di controllo, mentre l'errore di ricostruzione è stato calcolato come la distanza quadratica media tra le coordinate note dei punti di controllo 3D e i corrispondenti punti ricostruiti dalle misurazioni delle proiezioni 2D.

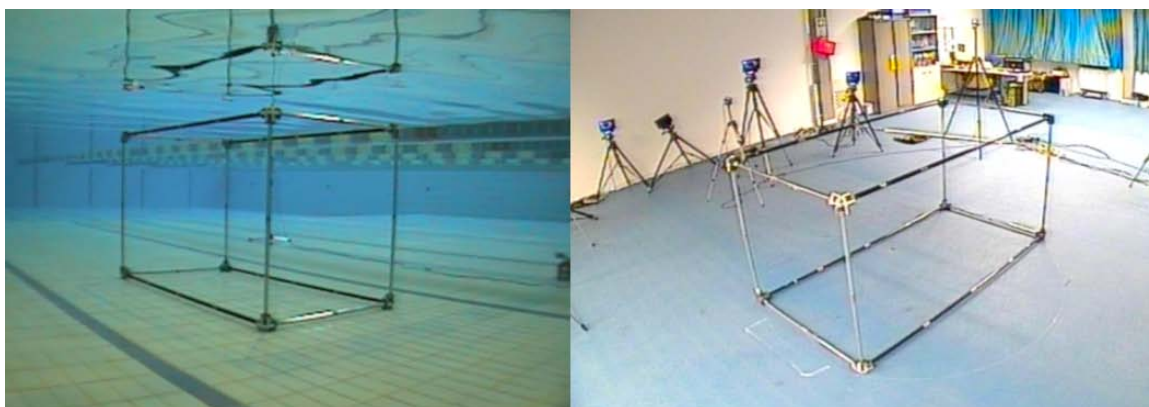


Figura 3.2.6: Griglia utilizzata per la calibrazione estrinseca delle telecamere

### 3.3 Procedura marker-based

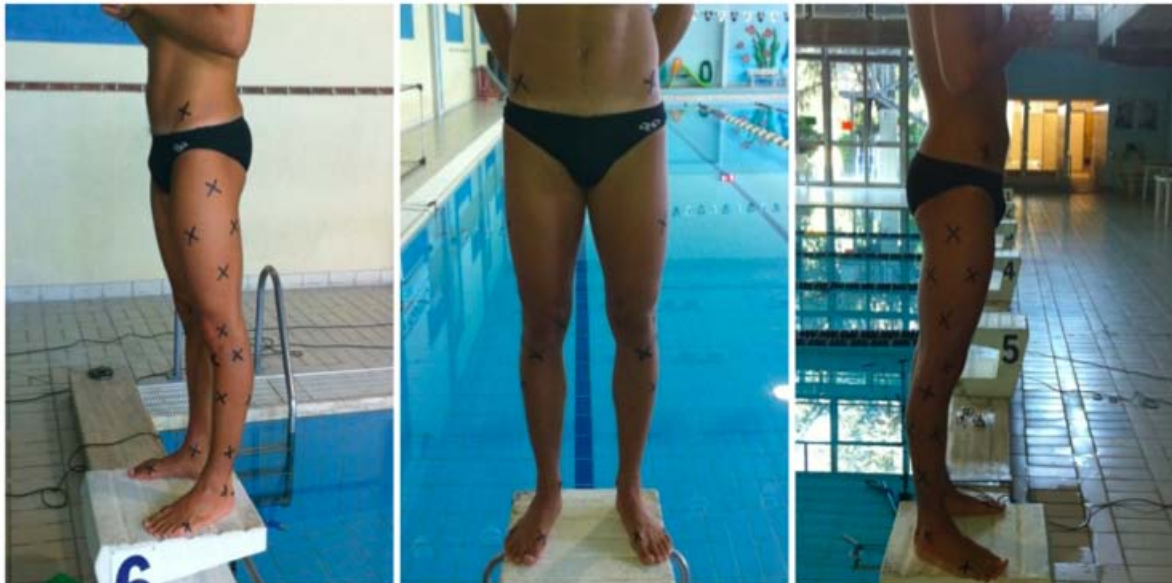
Al fine di rendere possibile la stima della cinematica articolare attraverso l'uso dei marker sono stati disegnati dei marcatori a forma di croci sulla pelle di ogni individuo con un pennarello resistente all'acqua, rispettando due protocolli di *gait analysis*. Le riprese hanno coinvolto le camminate in ambiente subaqueo e in ambiente asciutto di ogni soggetto. Inoltre per l'elaborazione è stata necessaria un'ulteriore acquisizione di statica per la calibrazione anatomica dei punti di repere anatomico.

#### 3.3.1 Protocollo C.A.S.T. adattato per le acquisizioni in acqua

Il protocollo proposto è il protocollo C.A.S.T. (Sezione 2.4.2), adattato per le acquisizioni in acqua. Il marker-set adottato è indicato nella tabella 3.2, mentre in figura 3.3.1 è rappresentata la disposizione dei punti dei cluster.

| <i>Struttura Ossea</i> | <i>Descrizione</i>  | <i>Acronimo</i> |
|------------------------|---|-----------------|
| <i>Pelvi</i>           | Spina iliaca anteriore superiore                                  | ASIS            |
|                        | Spina iliaca posteriore superiore                                 | PSIS            |
| <i>Cluster Femore</i>  | <i>Cluster per la calibrazione dei RA seguenti: LE, ME</i>        | T1              |
|                        |   | T2              |
|                        |   | T3              |
|                        |   | T4              |
| <i>Cluster Gamba</i>   | <i>Cluster per la alibrazione dei RA seguenti: LM, MM, TT, HF</i> | S1              |
|                        |   | S2              |
|                        |   | S3              |
|                        |   | S4              |
| <i>Piede</i>           | Calcagno  | CA              |
|                        | Dorsale della prima testa metatarsale                             | FM              |
|                        | Dorsale della quinta testa metatarsale                            | VM              |

Tabella 3.2: Marker-set del protocollo C.A.S.T. modificato

Figura 3.3.1: Rappresentazione delle *feature* disegnate sui soggetti per lo svolgimento della prova

Questo protocollo richiede una fase di calibrazione anatomica effettuata attraverso un'acquisizione statica del soggetto, in cui vengono stimate le posizioni dei punti di reperi anatomico rispetto ai sistemi di riferimento locali definiti per mezzo dei cluster: il cluster della coscia costituito dai marker T1, T2, T3, T4 è utilizzato per ricostruire le traiettorie dell'epicondilo laterale (LE) e dell'epicondilo mediale (ME), mentre dal cluster della gamba formato dai marker S1, S2, S3, S4 si calcolano le posizioni del malleolo laterale (LM), del malleolo mediale (MM), della tuberosità tibiale (TT) e della testa della fibula (HF) che coincide con il marker S1 del cluster stesso. Nel codice relativo al protocollo C.A.S.T. è implementato l'algoritmo SVD per attenuare l'artefatto da tessuto molle secondo lo studio di U. Della Croce et al..

Nel caso in cui non si disponga di un'acquisizione statica è possibile eseguire la calibrazione anatomica utilizzando un unico frame di dinamica in cui siano visibili tutti i marker. Nella dinamica è quindi possibile stimare la posizione dei RA a partire dalla posizione di almeno tre dei quattro marker che compongono il cluster.

Il centro d'anca (HJC), necessario per ricavare la posizione e l'orientamento del femore, è stato stimato con il metodo di Harrington [32], che utilizza le equazioni di regressione basate su dati MRI ottenuti da popolazioni composte da 8 adulti, 14 bambini sani e 10 bambini affetti da paralisi cerebrale spastica; mentre il punto corrispondente alla seconda testa metatarsale (IIM) è stato calcolato come punto medio tra la prima e la quinta testa metatarsale.

### 3.3.2 Protocollo Anatomical Landmark

Il secondo protocollo utilizzato è il protocollo IOR-gait (paragrafo 2.4.3), che qui indicheremo come Anatomical Landmark, per il quale si sono disegnati i marker in corrispondenza dei punti di repere anatomico indicati in tabella 3.3. I sistemi di riferimento anatomici sono definiti secondo le direttive del protocollo C.A.S.T..

| <i>Struttura Ossea</i> | <i>Descrizione</i>                  | <i>Acronimo</i> |
|------------------------|-------------------------------------|-----------------|
| <i>Pelvi</i>           | Spina iliaca anteriore superiore    | ASIS            |
|                        | Spina iliaca posteriore superiore   | PSIS            |
| <i>Femore</i>          | Epicondilo laterale                 | LE              |
|                        | Epicondilo mediale                  | ME              |
| <i>Gamba</i>           | Prominenza della tuberosità tibiale | TT              |
|                        | Apice della testa del perone        | HF              |
|                        | Apice distale del malleolo mediale  | MM              |
|                        | Apice laterale del malleolo mediale | LM              |
| <i>Piede</i>           | Calcagno                            | CA              |
|                        | Quinta testa metatarsale            | VM              |
|                        | Prima testa metatarsale             | IM              |

Tabella 3.3: Marker-set del protocollo *Anatomical Landmark*

### 3.3.3 Video tracking con FeatureTracker

La ricostruzione delle coordinate 3D dei marker si è ottenuta con il software per il *tracking* automatico di *feature*, FeatureTracker, considerando i file deinterlacciati e decompressi. Sono state prese in considerazione le sequenze dei fotogrammi che rappresentano un ciclo completo del passo.



Figura 3.3.2: Digitalizzazione manuale dei marcatori con FeatureTracker

FeatureTracker implementa l'algoritmo iterativo Kanade-Lucas-Tomasi (Sezione 1.3.1.1); è opportuno parlare di *feature* dato che per ogni *frame* si analizzano le caratteristiche dei punti indicati da inseguire. Prima di avviare il software è stato necessario settare dei parametri, specificando in un file di configurazione il frame iniziale, il frame finale ed il numero di *feature* da inseguire.

All'avvio del programma, appare una finestra che mostra il primo frame del video da analizzare, nel quale si specificano le posizioni iniziali delle *feature*. Ad ogni punto è stato fatto corrispondere un numero identificativo. Le *feature* dei due protocolli sono state elencate in tabella 3.4.

| <i>Struttura Ossea</i> | <i>Indice</i> | <i>Feature</i> | <i>Struttura Ossea</i>   | <i>Indice</i> | <i>Feature</i> |
|------------------------|---------------|----------------|--------------------------|---------------|----------------|
| <i>Pelvi</i>           | 2             | LA             | <i>Piede</i>             | 24            | RVM            |
|                        | 3             | L5             |                          | 25            | LVM            |
|                        | 4             | RPSIS          |                          | 26            | RIM            |
|                        | 5             | LPSIS          |                          | 27            | LIM            |
|                        | 6             | RASIS          |                          | 28            | RIIT           |
|                        | 7             | LASIS          |                          | 29            | LIIT           |
|                        | 8             | RGT            |                          | 30            | RT1            |
| <i>Femore</i>          | 9             | LGT            | <i>Cluster Femore Dx</i> | 31            | RT2            |
|                        | 10            | RLE            |                          | 32            | RT3            |
|                        | 11            | LLE            |                          | 33            | RT4            |
|                        | 12            | RME            |                          | 34            | RS1            |
|                        | 13            | LME            | <i>Cluster Gamba Dx</i>  | 35            | RS2            |
|                        | 14            | RHF            |                          | 36            | RS3            |
| 15                     | LHF           | 37             |                          | RS4           |                |
| <i>Gamba</i>           | 16            | RTT            | <i>Cluster Femore Sx</i> | 38            | LT1            |
|                        | 17            | LTT            |                          | 39            | LT2            |
|                        | 18            | RLM            |                          | 40            | LT3            |
|                        | 19            | LLM            |                          | 41            | LT4            |
|                        | 20            | RMM            | <i>Cluster Gamba Sx</i>  | 42            | LS1            |
|                        | 21            | LMM            |                          | 43            | LS2            |
|                        | 22            | RCA            |                          | 44            | LS3            |
| <i>Piede</i>           | 23            | LCA            | 45                       | LS4           |                |

Tabella 3.4: Indici delle *feature* utilizzati per il *tracking* a video che corrispondono ai marker dei protocolli sperimentali adottati. La lettera iniziale R (*Right*) o L (*Left*) degli acronimi specifica il lato dell'arto corrispondente.

Il programma è in grado d'identificare direttamente la posizione futura delle *feature*; al fotogramma successivo propone di volta in volta la nuova posizione, ed è compito dell'operatore decidere se accettare la posizione o se correggerla manualmente in caso di errore. La procedura è stata ripetuta per ogni telecamera. In figura 3.3.2 sono rappresentati due fotogrammi relativi al video *tracking* di una sequenza a secco (a destra) e di una sequenza in

ambiente subacqueo (a sinistra).

Al termine della procedura si ottengono in *output* delle tabelle, dette *feature table*, contenenti le coordinate 2D digitalizzate manualmente, dei marker appartenenti ai due protocolli adottati. Queste *feature table* sono poi state utilizzate durante la fase di triangolazione.

### 3.3.4 Triangolazione

A partire dalle *feature table*, ottenute dalla procedura di video *tracking*, sfruttando la calibrazione delle telecamere, si sono calcolate le coordinate tridimensionali dei marker rispetto al sistema globale, mediante triangolazione delle posizioni 2D delle *feature*. Tale procedura richiede che per ogni marker ricostruito, sia visibile la sua posizione 2D contemporaneamente da almeno due telecamere. Per eseguire la triangolazione è stata utilizzata una funzione di Matlab.

Come descritto nel paragrafo 1.3.3 l'operazione di triangolazione richiede la soluzione del problema dei minimi quadrati del sistema 1.3.30. Nel nostro caso di studio, per il calcolo della soluzione, oltre al tradizionale metodo di soluzione lineare è stata presa in considerazione anche la decomposizione in valori singolari o più brevemente SVD (*Singular Value Decomposition*).

Per visualizzare il risultato della triangolazione, sono state salvate le posizioni tridimensionali nel formato TDF (*Track Definition Format*), proprietario dell'azienda BTS, utilizzando un *Toolbox* per la gestione dei file di Matlab prodotto dalla stessa ditta, al fine di poter utilizzare il loro software di rico-



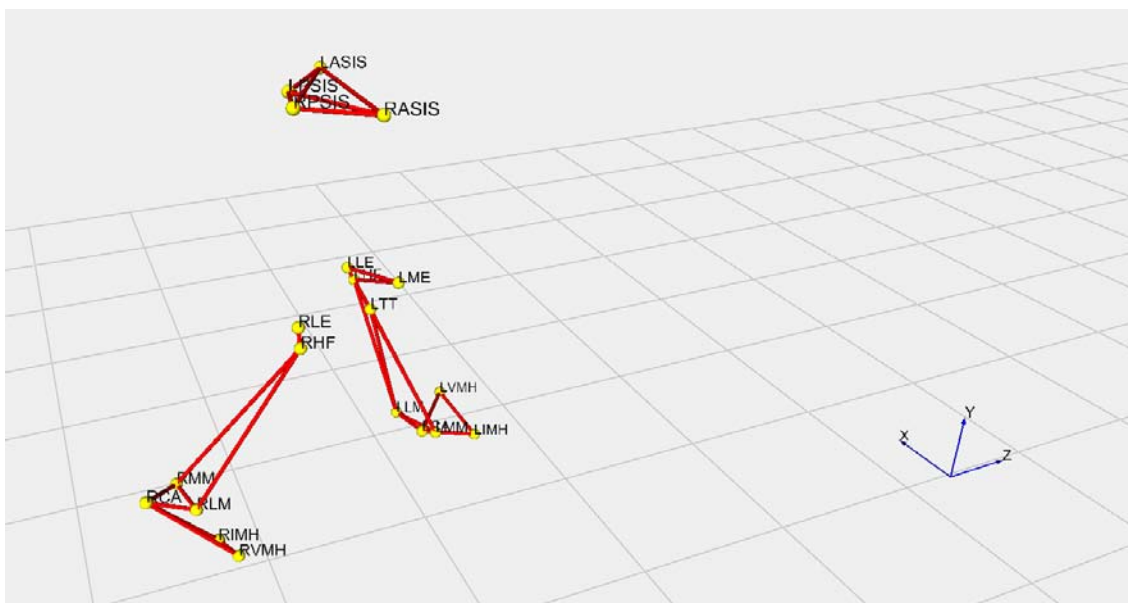


Figura 3.3.3: Esempio di visualizzazione dei punti di repere anatomico da file TDF

struzione delle traiettorie 3D dei marker. Un esempio è illustrato in figura 3.3.3.

## 3.4 Procedura markerless

Utilizzando le stesse acquisizioni utilizzate con la tecnica marker-based si è proceduto con l'elaborazione markerless dei video.

### 3.4.1 Definizione del modello

Si sono sfruttate le acquisizioni statiche dei soggetti per generare la *visual hull* necessaria per la creazione del modello soggetto-specifico mediante

l'algoritmo descritto nella sezione 1.4.4.1 [15, 23].

La sagoma del soggetto è stata estratta per semplice sottrazione dell'immagine dello sfondo presa come riferimento. I pixel dell'immagine che presentavano valori maggiori di una soglia fissa, sono stati considerati come appartenenti alla *silhouette* del soggetto. Per eseguire questa operazione è stata sfruttato il programma MMC-Suite sviluppato in precedenza presso il laboratorio di Bioingegneria del movimento. Come indicato nel paragrafo 1.4.3 si sono così ottenute le *visual hull* (Figura 3.4.1) per la generazione del modello.

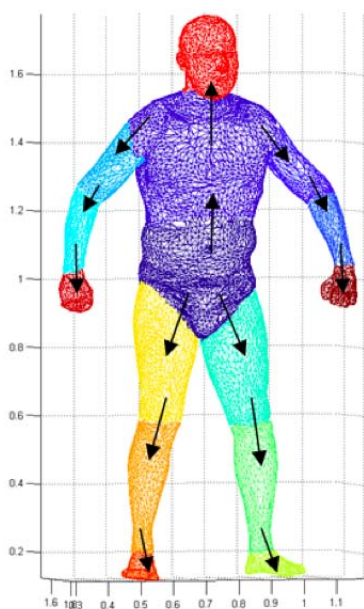


Figura 3.4.1: Schema della catena cinematica del modello

Sempre attraverso il programma MMC-Suite è stato generato in modo automatico il modello soggetto-specifico seguendo la procedura di sezione

1.4.4.1. In figura 3.4.1 è rappresentata la relazione cinematica tra i segmenti, dove il bacino è stato scelto come radice della catena cinematica. È importante considerare l'orientamento del modello rispetto al sistema di riferimento globale del sistema di acquisizione, pertanto è necessaria un'inizializzazione del modello in modo da allineare la posizione.

### 3.4.2 Data processing

Allo stesso modo, come per la generazione del modello, sono state estratte le *silhouette* dalle sequenze video prese in considerazione con il metodo basato sui marcatori.

#### 3.4.2.1 Segmentazione delle immagini

In questa fase è stato fondamentale l'impostazione dei parametri. Dato che le condizioni d'illuminazione imposte erano differenti, le immagini riprese a secco hanno richiesto un settaggio diverso dalle immagini in acqua. In figura 3.4.2 è rappresentato un esempio di segmentazione dell'immagine nella situazione a secco. Purtroppo per alcune visuali è stato necessario imporre dei parametri più rigidi, con una conseguente perdita di informazioni.

#### 3.4.2.2 Creazione della visual hull

Procedendo come per la creazione della *visual hull* di statica, sono stati calcolati i volumi del soggetto dalle *silhouette* ricavate nella fase precedente.



Figura 3.4.2: Esempio di segmentazione dell'immagine di un'acquisizione in ambiente asciutto

Le *mesh* 3D ottenute sono state salvate in formato PLY, noto come Polygon File Format o Stanford Triangle Format [16].

### 3.4.2.3 Matching del modello

La sequenza delle *visual hull* è stata tracciata attraverso l'algoritmo *Articulated ICP* descritto nel paragrafo 1.4.5.1 (Figura 3.4.3) [41].

### 3.4.2.4 Stima dei centri articolari

Come per la tecnica marker-based, seguendo le direttive rappresentate nel paragrafo 2.3.1, sono stati definiti i segmenti del bacino, della coscia, della gamba e del piede mediante dei sistemi di riferimento tecnici, esprimibili attraverso una matrice di rototraslazione che permette il passaggio dal sistema tecnico al sistema globale definito dalla calibrazione delle telecamere.

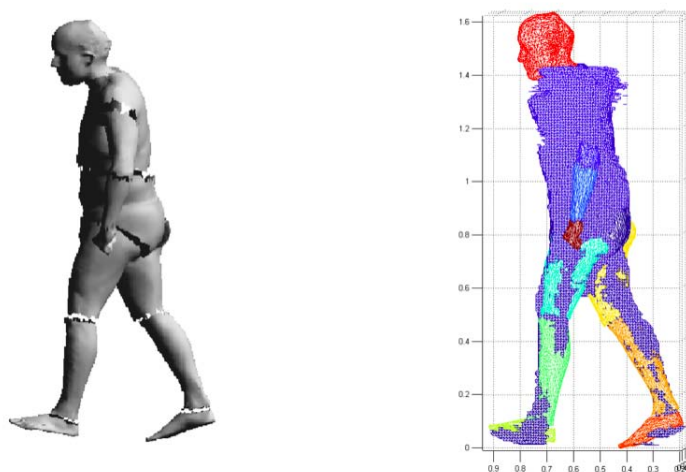


Figura 3.4.3: Esempio del risultato di matching del modello (a sinistra) e il confronto tra il modello e la visual hull corrispondente (a destra)

In questo modo è stato quindi reso possibile il calcolo degli angoli articolari dell'anca, del ginocchio e della caviglia.

### 3.5 Analisi statistica

Al fine di rendere possibile il confronto dei risultati, si è proceduto con la normalizzazione al ciclo del passo delle curve estratte. Dopodiché, per ottenere un indice di precisione della differenza tra i risultati ricavati con una tecnica rispetto a quelli ottenuti con un'altra, è stata calcolata la *Root-Mean-Square Distance* (RMSD), definita come misura dell'errore quadratico medio tra un insieme di parametri:

$$RMS(\theta, \hat{\theta}) = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_i^N (\theta_i - \hat{\theta}_i)^2} \quad (3.5.1)$$

Per valutare quale tra i due protocolli proposti soddisfa al meglio i requisiti di ripetibilità, è stato necessario eseguire una serie significativa di elaborazioni delle diverse prove di *video tracking* manuale, relative alle *feature* di uno stesso ciclo del passo in acqua di un solo soggetto, eseguite da più operatori. Non è stato considerato il calcolo di ripetibilità in ambiente asciutto perchè già presente in letteratura. A questo proposito è stato sviluppato un codice Matlab che ha consentito di valutare i due tipi di calcolo di ripetibilità:

- Ripetibilità inter-soggetto, in cui sono state elaborate le coordinate dei marker dei due protocolli ottenute dalla procedura di *video tracking* effettuata da tre operatori diversi.
- Ripetibilità intra-soggetto, per la quale sono state elaborate le coordinate dei marker dei due protocolli, ottenute dalla procedura di *video tracking* effettuata dallo stesso operatore.

Si è potuto, dunque, indicare la precisione della stima della cinematica articolare dei due protocolli per mezzo della RMSD media calcolata per ogni coppia di angoli e traiettorie. Allo stesso modo si è proceduto con il confronto tra i metodi marker-based e markerless. Precisamente il confronto ha coinvolto gli angoli di flessione/estensione, abd/adduzione ed intra/extrarotazione dell'anca,

e della caviglia, mentre per il ginocchio è stato considerato solamente l'angolo di flessione/estensione.

Per capire le differenze tra il cammino in condizioni di asciutto e in acqua, sono state sovrapposte agli angoli articolari ottenuti, le fasce di normalità del lavoro di Sawacha et. al [43].





# Capitolo 4

## Risultati

Il seguente capitolo riporta i risultati elaborati attraverso i metodi descritti nel capitolo precedente. I dati ottenuti riassumono la cinematica intersegmentale del cammino in acqua e a secco, ricostruita attraverso diversi approcci. L'obiettivo è quello di evidenziare gli aspetti critici delle tecniche impiegate per comprendere come l'utilizzo di una tecnica piuttosto che un'altra possa essere più efficace in un ambiente acquatico.

### 4.1 Analisi di ripetibilità

Come indicato nel paragrafo 3.5 del capitolo precedente, per determinare il grado di precisione dei risultati forniti dal protocollo C.A.S.T. e dal protocollo Anatomical Landmark, si è proceduto con l'analisi di ripetibilità dei dati che consiste nel ripetere l'operazione di digitalizzazione manuale dei marcatori

esaminando la stessa prova di cammino più volte.

Il ciclo del passo preso in considerazione è relativo ad una prova di cammino in acqua. I dati sono stati elaborati con il metodo di triangolazione lineare. Nelle tabelle si sono riportati i valori di RMSD medio relativi ad ogni confronto.

#### 4.1.1 Ripetibilità intra-operatore

In questa sezione sono riportati gli angoli articolari, le traiettorie dei centri articolari e dei punti di repere anatomico dello stesso ciclo del passo analizzato per tre volte da uno stesso operatore. Per contraddistinguere i due protocolli di acquisizione si sono scelti stili e colori differenti degli andamenti calcolati: il blu è utilizzato per il protocollo Anatomical Landmark, il rosso per il protocollo C.A.S.T., mentre per le tre prove di *video tracking* sono stati scelti stili di linea diversi (Figura 4.1.1).



Figura 4.1.1: Legenda dei grafici per il confronto della ripetibilità intra-operatore

## Traiettorie dei punti di repere anatomico

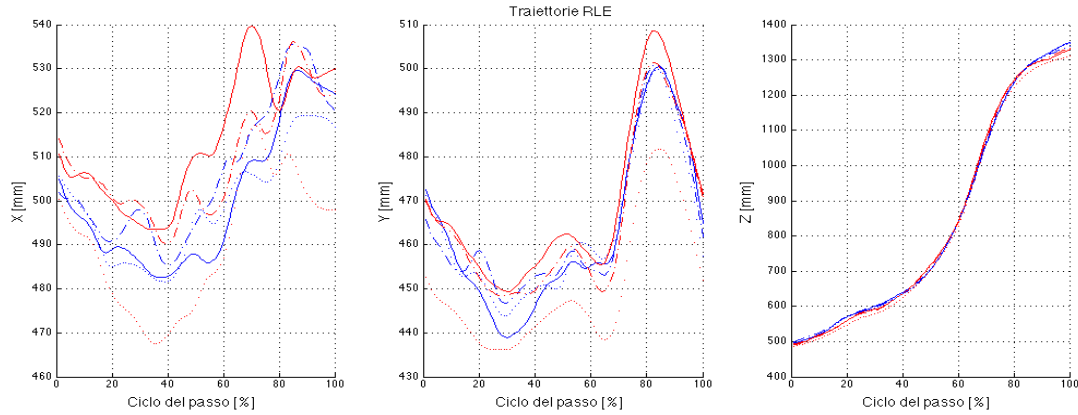


Figura 4.1.2: Traiettorie dell'epicondilo laterale destro (RLE) nel confronto di ripetibilità intra-operatore

|  | $X$     | $Y$     | $Z$    |
|--|---------|---------|--------|
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 2</i>         | 4,5306  | 2,6264  | 2,0759 |
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 3</i>         | 3,2652  | 2,2213  | 1,9946 |
| <i>A.L. trial 2 - A.L. trial 3</i>         | 5,3486  | 2,3611  | 1,9055 |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 2</i> | 4,7829  | 2,6085  | 1,9554 |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 3</i> | 16,3845 | 12,8982 | 9,8891 |
| <i>C.A.S.T. trial 2 - C.A.S.T. trial 3</i> | 13,4754 | 10,2897 | 9,1730 |

Tabella 4.1: RMSD medi per il confronto intra-operatore tra le traiettorie dell'epicondilo laterale destro (RLE)

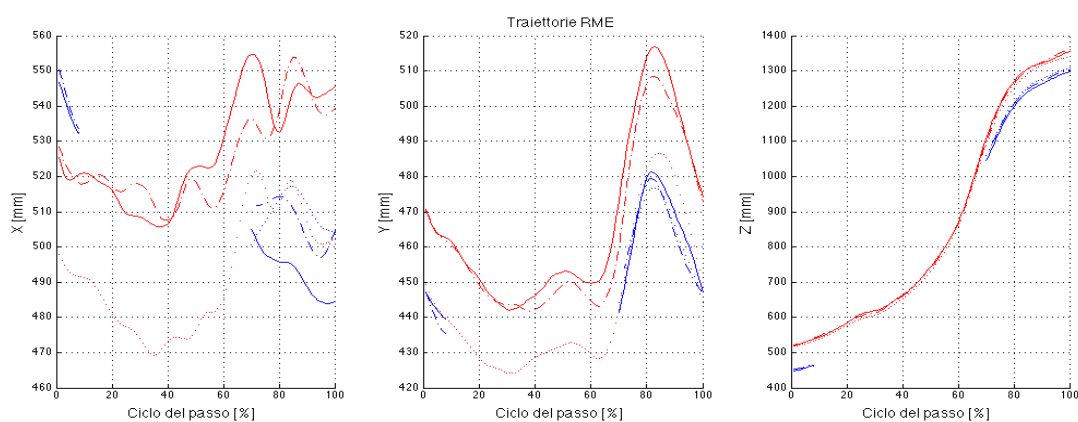


Figura 4.1.3: Traiettorie dell'epicondilo mediale destro (RME) nel confronto di ripetibilità intra-operatore

|  | $X$     | $Y$     | $Z$    |
|--|---------|---------|--------|
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 2</i>         | NaN     | NaN     | NaN    |
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 3</i>         | NaN     | NaN     | NaN    |
| <i>A.L. trial 2 - A.L. trial 3</i>         | NaN     | NaN     | NaN    |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 2</i> | 4,9369  | 2,7457  | 2,6259 |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 3</i> | 24,9126 | 16,1166 | 8,1212 |
| <i>C.A.S.T. trial 2 - C.A.S.T. trial 3</i> | 23,2692 | 13,5007 | 6,7691 |

Tabella 4.2: RMSD medi per il confronto intra-operatore tra le traiettorie dell'epicondilo mediale destro (RME)

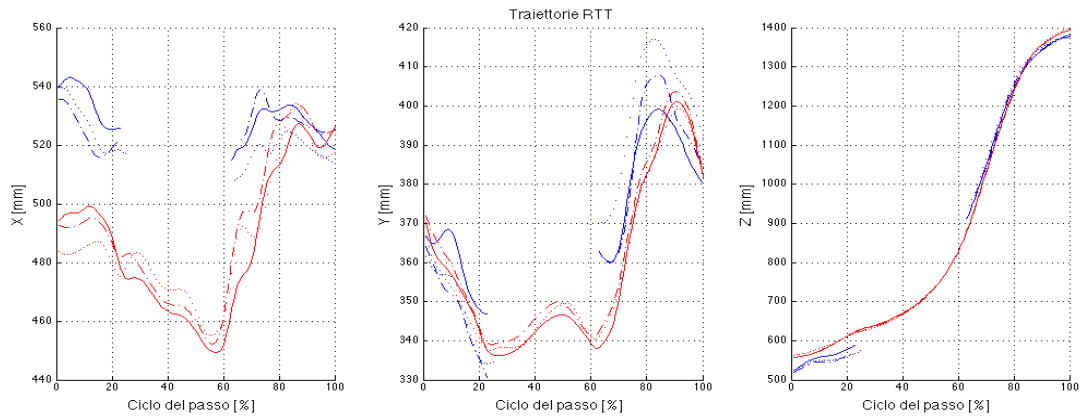


Figura 4.1.4: Traiettorie della prominente della tuberosità tibiale destra (RTT) nel confronto di ripetibilità intra-operatore

|  | X      | Y      | Z      |
|--|--------|--------|--------|
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 2</i>         | NaN    | NaN    | NaN    |
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 3</i>         | NaN    | NaN    | NaN    |
| <i>A.L. trial 2 - A.L. trial 3</i>         | NaN    | NaN    | NaN    |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 2</i> | 4,4745 | 1,9524 | 1,0847 |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 3</i> | 5,5657 | 1,3857 | 2,0875 |
| <i>C.A.S.T. trial 2 - C.A.S.T. trial 3</i> | 4,1798 | 2,1586 | 1,7095 |

Tabella 4.3: RMSD medi per il confronto intra-operatore tra le traiettorie della prominente della tuberosità tibiale destra (RTT)

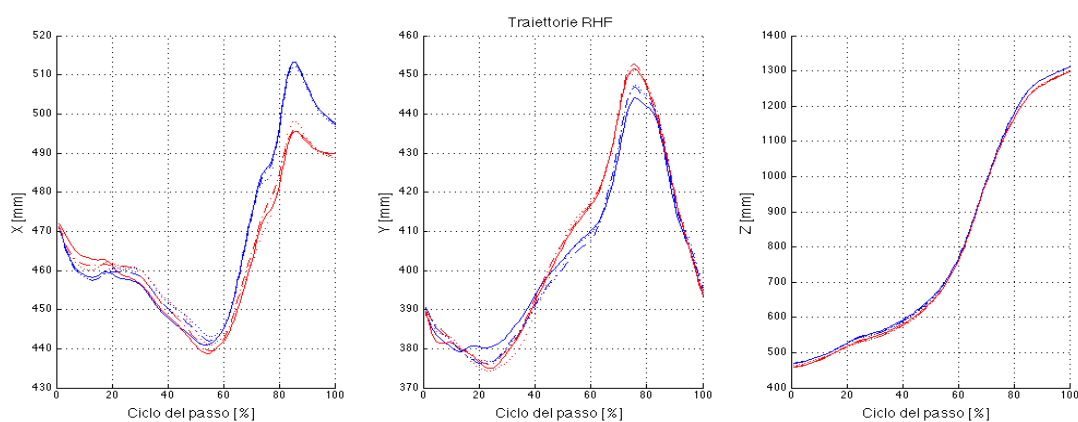


Figura 4.1.5: Traiettorie dell'apice della testa del perone destra (RHF) nel confronto di ripetibilità intra-operatore

|  | $X$    | $Y$    | $Z$    |
|--|--------|--------|--------|
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 2</i>         | 0,7411 | 1,5336 | 0,8707 |
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 3</i>         | 1,3734 | 1,5743 | 1,6593 |
| <i>A.L. trial 2 - A.L. trial 3</i>         | 0,7084 | 0,5392 | 0,9019 |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 2</i> | 1,0749 | 0,6308 | 1,2588 |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 3</i> | 1,6335 | 0,8289 | 2,1837 |
| <i>C.A.S.T. trial 2 - C.A.S.T. trial 3</i> | 1,0022 | 1,0109 | 1,4047 |

Tabella 4.4: RMSD medi per il confronto intra-operatore tra le traiettorie dell'apice della testa del perone destra (RHF)

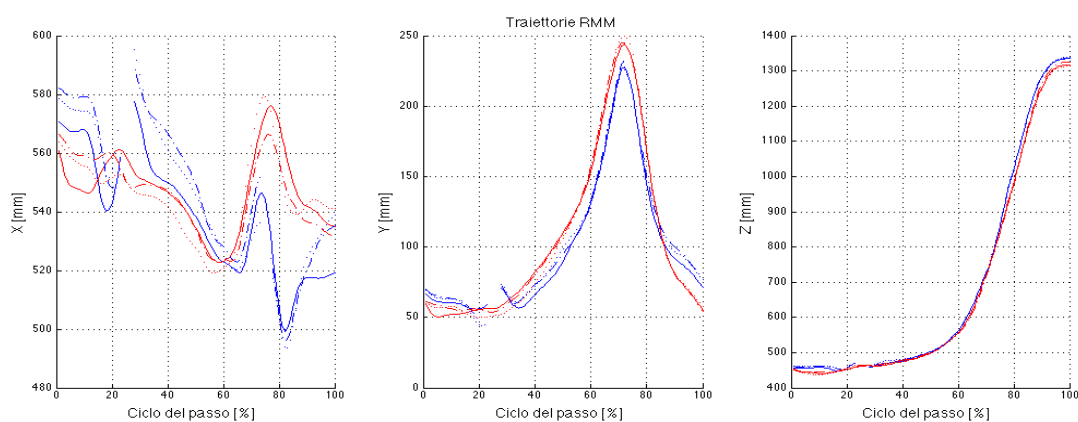


Figura 4.1.6: Traiettorie dell'apice distale del malleolo mediale destro (RMM) nel confronto di ripetibilità intra-operatore

|  | <i>X</i> | <i>Y</i> | <i>Z</i> |
|--|----------|----------|----------|
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 2</i>         | NaN      | NaN      | NaN      |
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 3</i>         | NaN      | NaN      | NaN      |
| <i>A.L. trial 2 - A.L. trial 3</i>         | NaN      | NaN      | NaN      |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 2</i> | 3,4249   | 1,5204   | 2,5906   |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 3</i> | 4,4457   | 3,0068   | 2,0103   |
| <i>C.A.S.T. trial 2 - C.A.S.T. trial 3</i> | 3,9542   | 1,9568   | 3,1044   |

Tabella 4.5: RMSD medi per il confronto intra-operatore tra le traiettorie dell'apice distale del malleolo mediale destro (RMM)

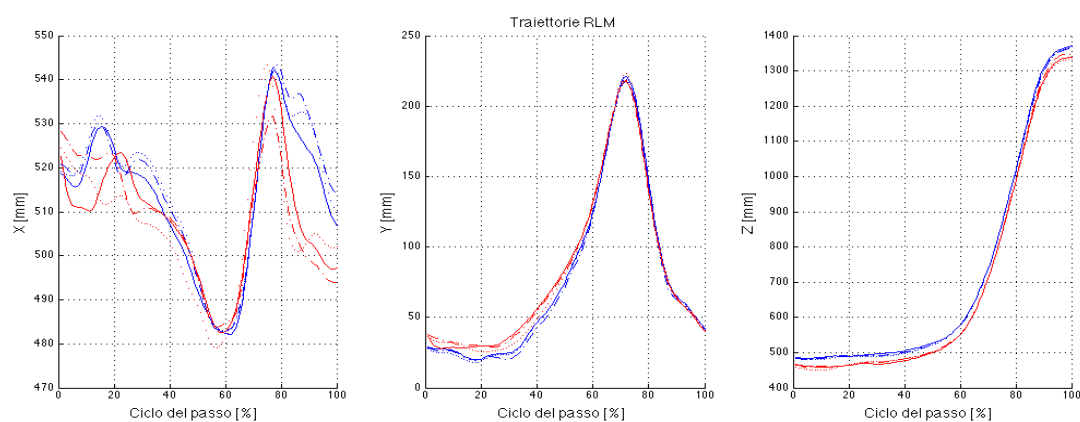


Figura 4.1.7: Traiettorie dell'apice laterale del malleolo mediale destro (RLM) nel confronto di ripetibilità intra-operatore

|  | $X$    | $Y$    | $Z$    |
|--|--------|--------|--------|
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 2</i>         | 2,0474 | 1,6447 | 2,4223 |
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 3</i>         | 1,9756 | 1,0059 | 2,5212 |
| <i>A.L. trial 2 - A.L. trial 3</i>         | 1,1124 | 1,2380 | 1,4069 |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 2</i> | 3,1374 | 1,0480 | 2,4973 |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 3</i> | 4,5096 | 2,2652 | 2,9466 |
| <i>C.A.S.T. trial 2 - C.A.S.T. trial 3</i> | 4,1477 | 1,8036 | 3,3782 |

Tabella 4.6: RMSD medi per il confronto intra-operatore tra le traiettorie dell'apice laterale del malleolo mediale destro (RLM)



## Traiettorie dei centri articolari

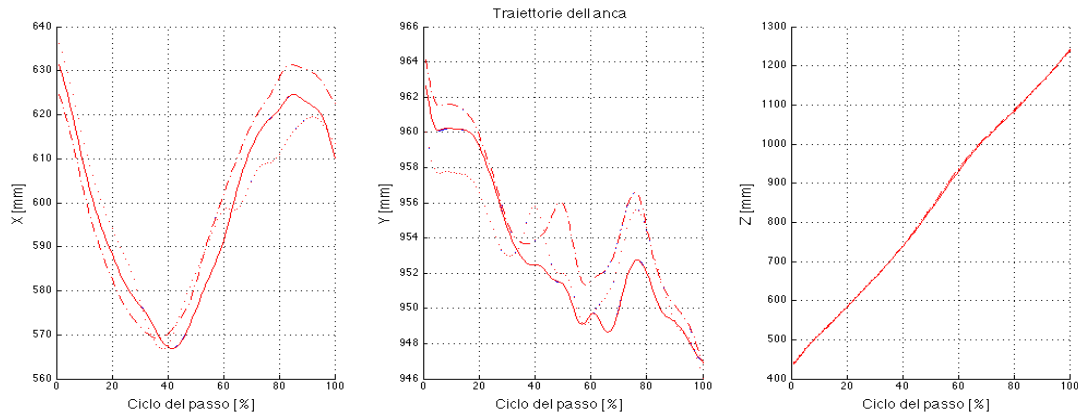


Figura 4.1.8: Traiettorie dell'anca nel confronto di ripetibilità intra-operatore

|  | $X$    | $Y$    | $Z$    |
|--|--------|--------|--------|
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 2</i>         | 0,2844 | 0,2468 | 0,1516 |
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 3</i>         | 0,3954 | 0,1792 | 0,1477 |
| <i>A.L. trial 2 - A.L. trial 3</i>         | 0,4509 | 0,2006 | 0,1791 |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 2</i> | 0,2844 | 0,2469 | 0,1517 |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 3</i> | 0,3955 | 0,1790 | 0,1477 |
| <i>C.A.S.T. trial 2 - C.A.S.T. trial 3</i> | 0,4512 | 0,2006 | 0,1790 |

Tabella 4.7: RMSD medi per il confronto di ripetibilità intra-operatore tra le traiettorie dell'anca

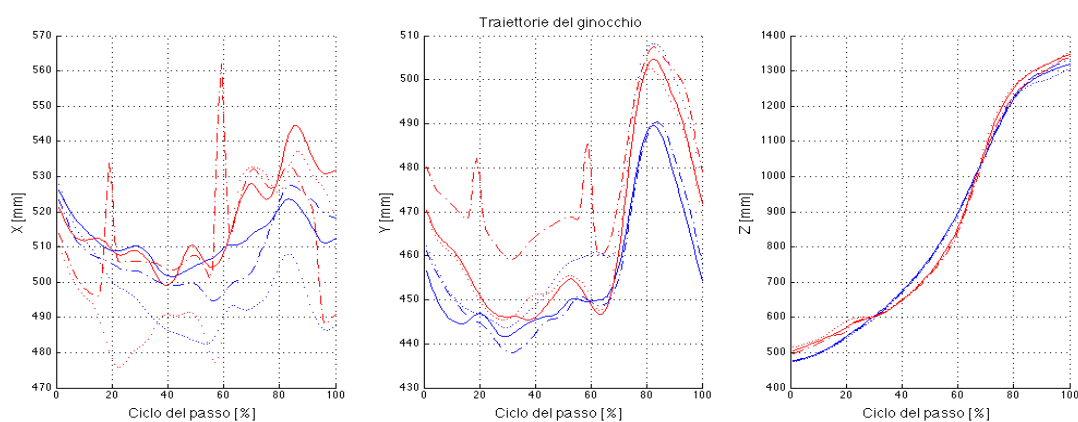


Figura 4.1.9: Traiettorie del ginocchio nel confronto di ripetibilità intra-operatore

|  | $X$    | $Y$    | $Z$    |
|--|--------|--------|--------|
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 2</i>         | 0,4852 | 0,2140 | 0,4557 |
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 3</i>         | 0,2696 | 0,2003 | 0,3831 |
| <i>A.L. trial 2 - A.L. trial 3</i>         | 0,4619 | 0,1335 | 0,2703 |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 2</i> | 0,6287 | 0,3426 | 0,2820 |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 3</i> | 2,1159 | 1,4812 | 0,9610 |
| <i>C.A.S.T. trial 2 - C.A.S.T. trial 3</i> | 1,9172 | 1,2114 | 0,8315 |

Tabella 4.8: RMSD medi per il confronto di ripetibilità intra-operatore tra le traiettorie del ginocchio

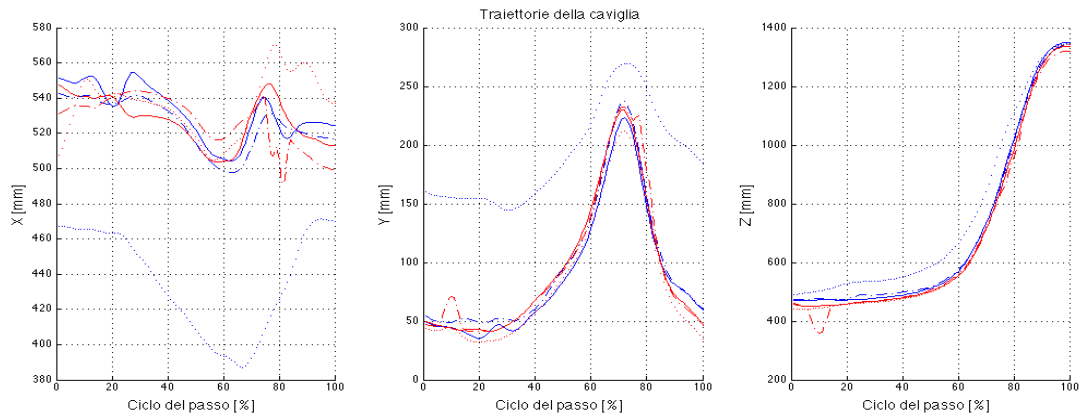


Figura 4.1.10: Traiettorie della caviglia nel confronto di ripetibilità intra-operatore

|  | <i>X</i> | <i>Y</i> | <i>Z</i> |
|--|----------|----------|----------|
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 2</i>         | 0,4690   | 0,1248   | 0,1982   |
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 3</i>         | 0,4806   | 0,1742   | 0,1568   |
| <i>A.L. trial 2 - A.L. trial 3</i>         | 0,2147   | 0,1422   | 0,1503   |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 2</i> | 0,4349   | 0,1652   | 0,3138   |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 3</i> | 0,5021   | 0,3144   | 0,2809   |
| <i>C.A.S.T. trial 2 - C.A.S.T. trial 3</i> | 0,4740   | 0,2320   | 0,4755   |

Tabella 4.9: RMSD medi per il confronto di ripetibilità intra-operatore tra le traiettorie della caviglia

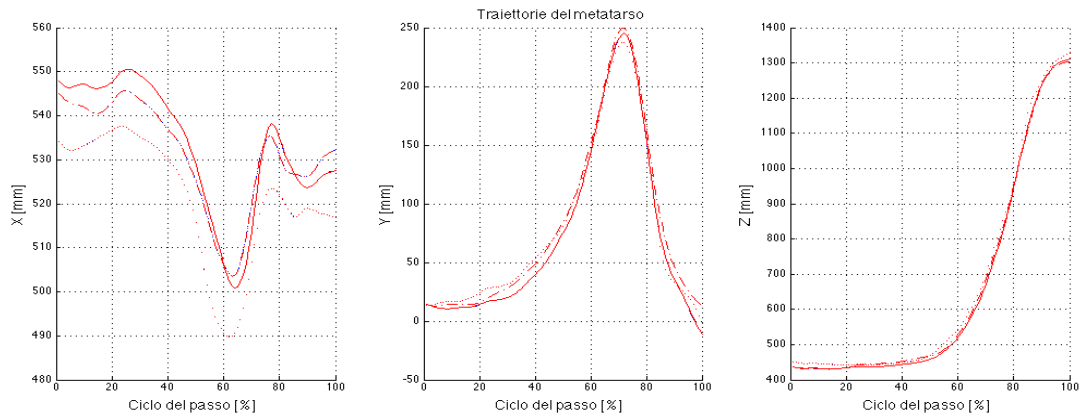


Figura 4.1.11: Traiettorie del metatarso nel confronto di ripetibilità intra-operatore

|  | <i>X</i> | <i>Y</i> | <i>Z</i> |
|--|----------|----------|----------|
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 2</i>         | 0,4852   | 0,2140   | 0,4557   |
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 3</i>         | 0,2001   | 0,4901   | 0,3232   |
| <i>A.L. trial 2 - A.L. trial 3</i>         | 0,2398   | 0,5047   | 0,2447   |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 2</i> | 0,1964   | 0,3484   | 0,2547   |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 3</i> | 0,2001   | 0,4900   | 0,3228   |
| <i>C.A.S.T. trial 2 - C.A.S.T. trial 3</i> | 0,2399   | 0,5050   | 0,2443   |

Tabella 4.10: RMSD medi per il confronto di ripetibilità intra-operatore tra le traiettorie del metatarso

**Angoli articolari**

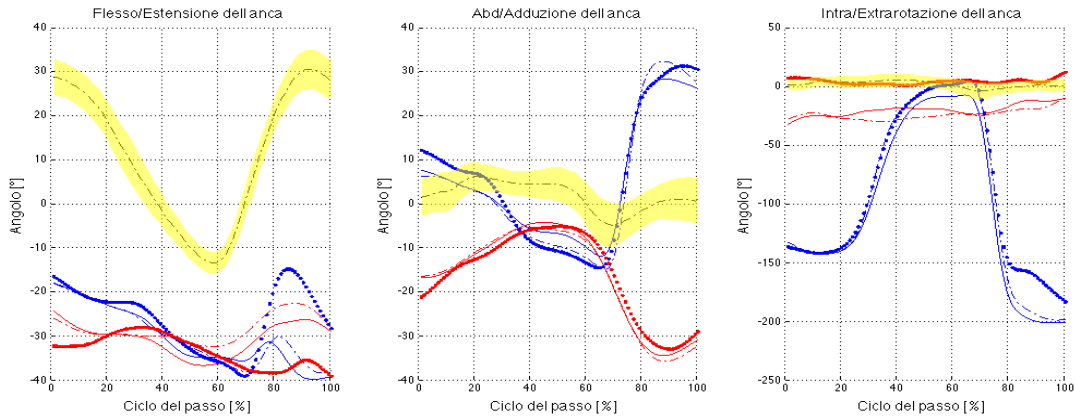


Figura 4.1.12: Andamento degli angoli articolari dell'anca nel confronto di ripetibilità intra-operatore

|  | <i>Fl./Estensione</i> | <i>Abd./Adduzione</i> | <i>Int./Extrarotazione</i> |
|--|-----------------------|-----------------------|----------------------------|
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 2</i>         | 0,9536                | 1,4610                | 5,5740                     |
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 3</i>         | 3,6664                | 1,9055                | 10,0798                    |
| <i>A.L. trial 2 - A.L. trial 3</i>         | 3,0945                | 1,6794                | 5,2056                     |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 2</i> | 1,6971                | 0,4843                | 3,2652                     |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 3</i> | 3,5238                | 1,1264                | 17,1035                    |
| <i>C.A.S.T. trial 2 - C.A.S.T. trial 3</i> | 3,8364                | 1,4023                | 19,7863                    |

Tabella 4.11: RMSD medi per il confronto di ripetibilità intra-operatore tra gli angoli dell'anca

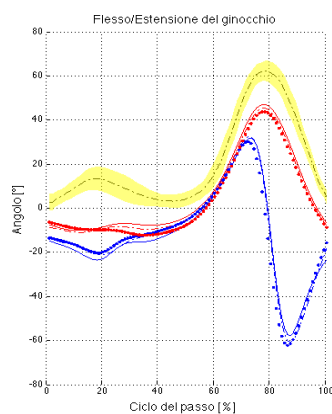


Figura 4.1.13: Andamento degli angoli articolari del ginocchio nel confronto di ripetibilità intra-operatore

|  | <i>Fl./Estensione</i> | <i>Abd./Adduzione</i> | <i>Int./Extrarotazione</i> |
|--|-----------------------|-----------------------|----------------------------|
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 2</i>         | 1,4766                | -                     | -                          |
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 3</i>         | 2,2223                | -                     | -                          |
| <i>A.L. trial 2 - A.L. trial 3</i>         | 1,3147                | -                     | -                          |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 2</i> | 1,0052                | -                     | -                          |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 3</i> | 2,0791                | -                     | -                          |
| <i>C.A.S.T. trial 2 - C.A.S.T. trial 3</i> | 1,2685                | -                     | -                          |

Tabella 4.12: RMSD medi per il confronto di ripetibilità intra-operatore tra gli angoli del ginocchio

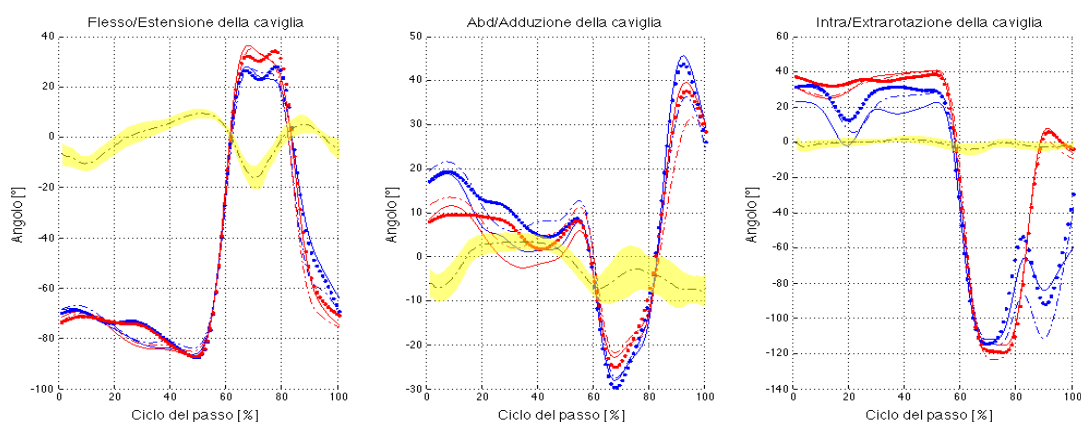


Figura 4.1.14: Andamento degli angoli articolari della caviglia nel confronto di ripetibilità intra-operatore

|  | <i>Fl./Estensione</i> | <i>Abd./Adduzione</i> | <i>Int./Extrarotazione</i> |
|--|-----------------------|-----------------------|----------------------------|
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 2</i>         | 2,6525                | 3,0174                | 6,9478                     |
| <i>A.L. trial 1 - A.L. trial 3</i>         | 2,0193                | 2,0461                | 6,3201                     |
| <i>A.L. trial 2 - A.L. trial 3</i>         | 3,1472                | 2,3490                | 6,1431                     |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 2</i> | 1,9656                | 2,9193                | 2,0264                     |
| <i>C.A.S.T. trial 1 - C.A.S.T. trial 3</i> | 2,3027                | 2,1405                | 2,5504                     |
| <i>C.A.S.T. trial 2 - C.A.S.T. trial 3</i> | 3,0924                | 2,5671                | 3,0121                     |

Tabella 4.13: RMSD medi per il confronto di ripetibilità intra-operatore tra gli angoli della caviglia

## 4.1.2 Ripetibilità inter-operatore

Gli elaborati presentati in questa sezione riflettono le differenze della digitalizzazione manuale delle *feature* eseguita da tre operatori diversi. Come nel confronto intra-operatore, i grafici in blu sono relativi al protocollo Anatomical Landmark, i grafici in rosso si riferiscono al protocollo C.A.S.T., mentre per ogni operatore è stato assegnato uno stile di linea differente.

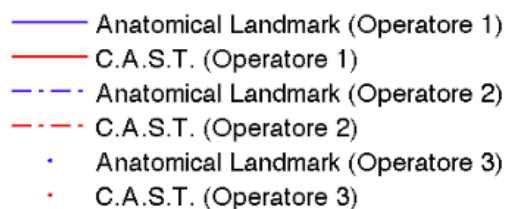


Figura 4.1.15: Legenda dei grafici per il confronto della ripetibilità inter-operatore

### Traiettorie dei punti di repere anatomico

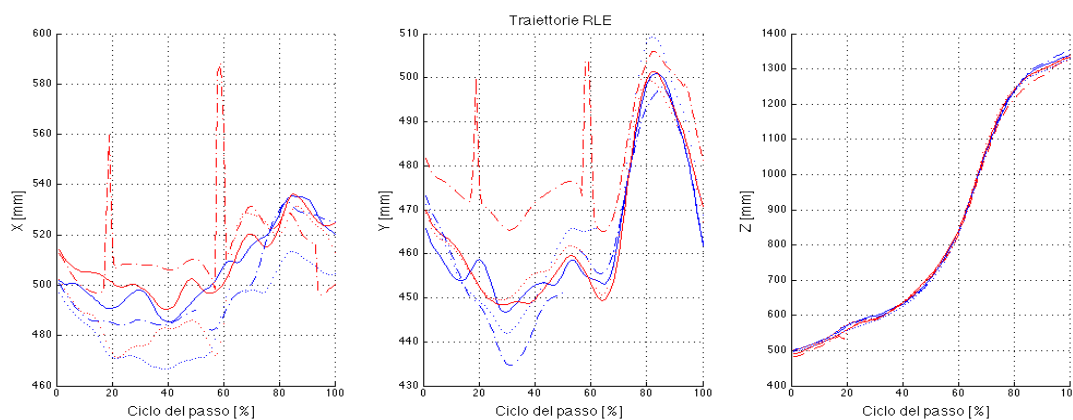


Figura 4.1.16: Traiettorie dell'epicondilo laterale destro (RLE) nel confronto inter-operatore

|  | <i>X</i> | <i>Y</i> | <i>Z</i> |
|--|----------|----------|----------|
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 2</i>         | NaN      | NaN      | NaN      |
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 3</i>         | NaN      | NaN      | NaN      |
| <i>A.L. op. 2 - A.L. op. 3</i>         | NaN      | NaN      | NaN      |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 2</i> | 8,8590   | 10,9553  | 7,4231   |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 3</i> | 9,3731   | 1,5678   | 4,3258   |
| <i>C.A.S.T. op. 2 - C.A.S.T. op. 3</i> | 14,0729  | 10,2103  | 9,7749   |

Tabella 4.14: RMSD medi per il confronto inter-operatore tra le traiettorie dell'epicondilo laterale destro (RLE)



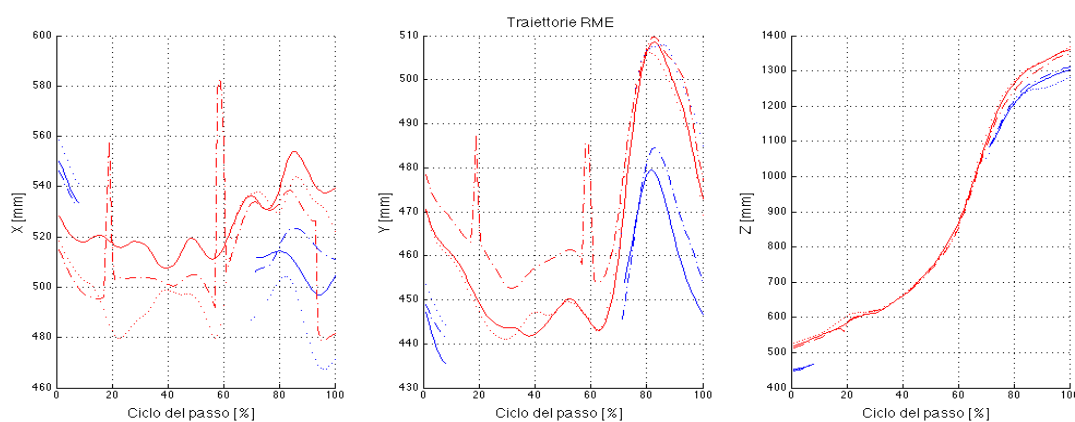


Figura 4.1.17: Traiettorie dell'epicondilo mediale destro (RME) nel confronto inter-operatore

|  | X       | Y      | Z      |
|--|---------|--------|--------|
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 2</i>         | NaN     | NaN    | NaN    |
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 3</i>         | NaN     | NaN    | NaN    |
| <i>A.L. op. 2 - A.L. op. 3</i>         | NaN     | NaN    | NaN    |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 2</i> | 12,0175 | 7,1575 | 6,3731 |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 3</i> | 11,2844 | 1,4885 | 5,0547 |
| <i>C.A.S.T. op. 2 - C.A.S.T. op. 3</i> | 10,0615 | 7,2644 | 9,5572 |

Tabella 4.15: RMSD medi per il confronto inter-operatore tra le traiettorie dell'epicondilo mediale destro (RME)

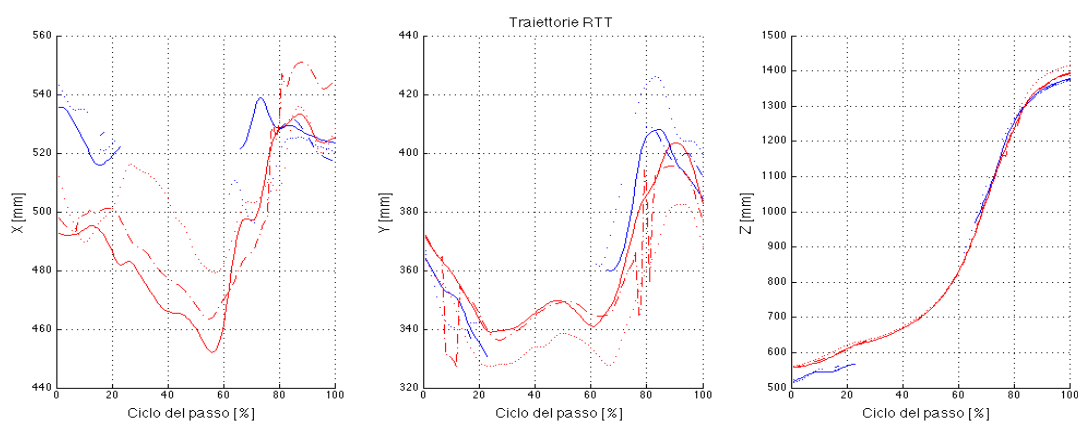


Figura 4.1.18: Traiettorie della prominente della tuberosità tibiale destra (RTT) nel confronto inter-operatore

|  | <i>X</i> | <i>Y</i> | <i>Z</i> |
|--|----------|----------|----------|
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 2</i>         | NaN      | NaN      | NaN      |
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 3</i>         | NaN      | NaN      | NaN      |
| <i>A.L. op. 2 - A.L. op. 3</i>         | NaN      | NaN      | NaN      |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 2</i> | 7,6630   | 3,7955   | 1,7081   |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 3</i> | 11,5231  | 10,5016  | 7,3531   |
| <i>C.A.S.T. op. 2 - C.A.S.T. op. 3</i> | 11,8425  | 9,4431   | 7,6782   |

Tabella 4.16: RMSD medi per il confronto inter-operatore tra le traiettorie della prominente della tuberosità tibiale destra (RTT)

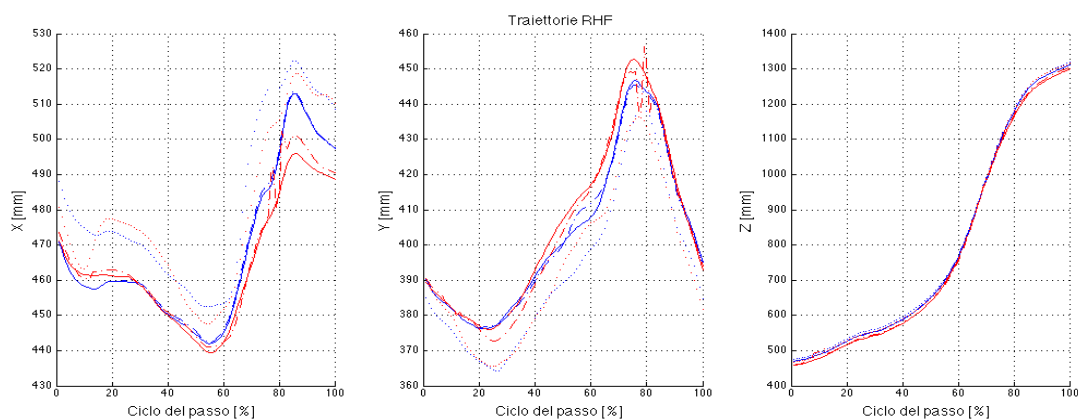


Figura 4.1.19: Traiettorie dell'apice della testa del perone destra (RHF) nel confronto inter-operatore

|  | <i>X</i> | <i>Y</i> | <i>Z</i> |
|--|----------|----------|----------|
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 2</i>         | 0,4113   | 0,7438   | 0,5206   |
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 3</i>         | NaN      | NaN      | NaN      |
| <i>A.L. op. 2 - A.L. op. 3</i>         | NaN      | NaN      | NaN      |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 2</i> | 1,4345   | 1,6792   | 2,9537   |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 3</i> | 10,1191  | 8,2237   | 8,4101   |
| <i>C.A.S.T. op. 2 - C.A.S.T. op. 3</i> | 9,0104   | 7,0271   | 6,8886   |

Tabella 4.17: RMSD medi per il confronto inter-operatore tra le traiettorie dell'apice della testa del perone destra (RHF)

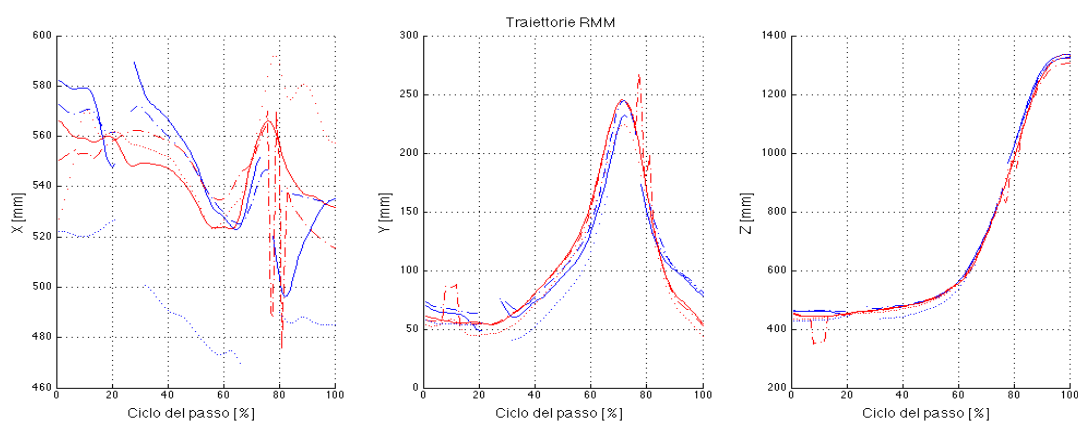


Figura 4.1.20: dell'apice distale del malleolo mediale destro (RMM) nel confronto inter-operatore

|  | $X$     | $Y$    | $Z$     |
|--|---------|--------|---------|
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 2</i>         | NaN     | NaN    | NaN     |
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 3</i>         | NaN     | NaN    | NaN     |
| <i>A.L. op. 2 - A.L. op. 3</i>         | NaN     | NaN    | NaN     |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 2</i> | 8,7162  | 3,3824 | 8,1403  |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 3</i> | 9,0052  | 7,4590 | 5,1713  |
| <i>C.A.S.T. op. 2 - C.A.S.T. op. 3</i> | 13,6552 | 9,0203 | 10,7214 |

Tabella 4.18: RMSD medi per il confronto inter-operatore tra le traiettorie dell'apice distale del malleolo mediale destro (RMM)

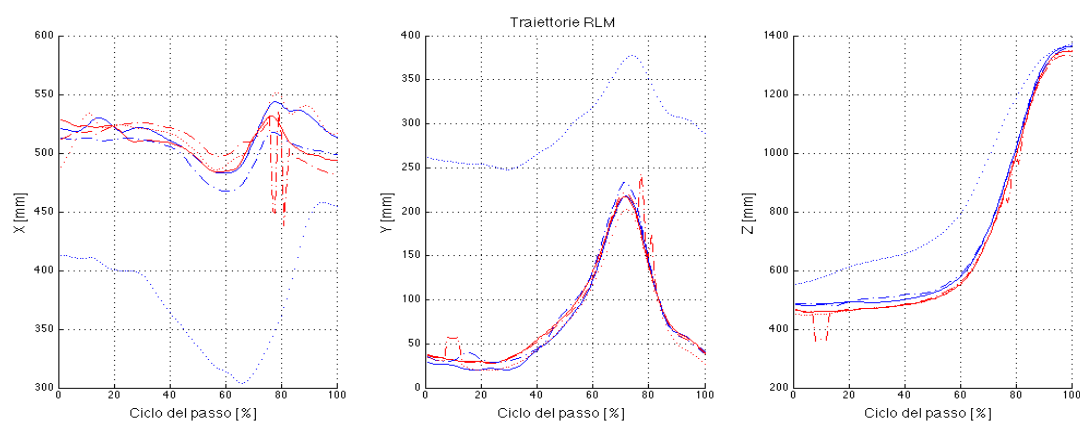


Figura 4.1.21: Traiettorie dell'apice laterale del malleolo mediale destro (RLM) nel confronto inter-operatore

|  | $X$     | $Y$      | $Z$     |
|--|---------|----------|---------|
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 2</i>         | 10,6923 | 5,8616   | 5,4715  |
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 3</i>         | 97,7874 | 154,1443 | 97,5486 |
| <i>A.L. op. 2 - A.L. op. 3</i>         | 87,0951 | 148,7307 | 95,1529 |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 2</i> | 8,8955  | 3,8587   | 7,8587  |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 3</i> | 8,9558  | 7,2897   | 3,0496  |
| <i>C.A.S.T. op. 2 - C.A.S.T. op. 3</i> | 12,0601 | 8,6828   | 7,9387  |

Tabella 4.19: RMSD medi per il confronto inter-operatore tra le traiettorie dell'apice laterale del malleolo mediale destro (RLM)

## Traiettorie centri articolari

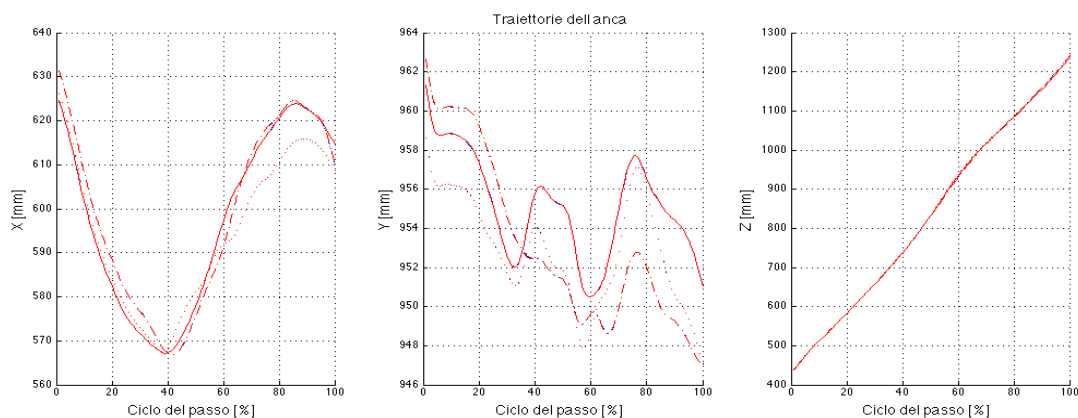


Figura 4.1.22: Traiettorie dell'anca nel confronto di ripetibilità inter-operatore

|  | X      | Y      | Z      |
|--|--------|--------|--------|
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 2</i>         | 0,4674 | 0,1635 | 0,2170 |
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 3</i>         | 0,4454 | 0,1416 | 0,1873 |
| <i>A.L. op. 2 - A.L. op. 3</i>         | 0,7175 | 0,1707 | 0,1587 |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 2</i> | 0,4675 | 0,1638 | 0,2170 |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 3</i> | 0,4456 | 0,1417 | 0,1871 |
| <i>C.A.S.T. op. 2 - C.A.S.T. op. 3</i> | 0,7177 | 0,1709 | 0,1586 |

Tabella 4.20: RMSD medi per il confronto inter-operatore tra le traiettorie dell'anca

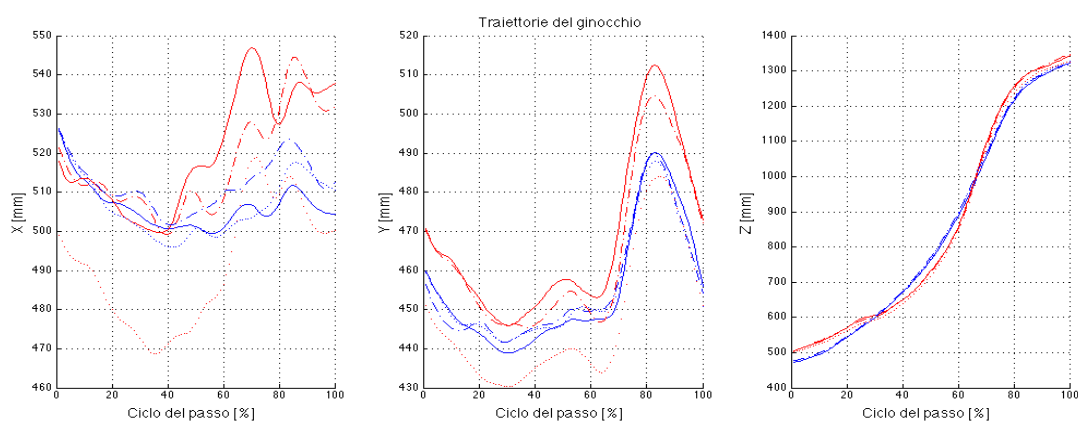


Figura 4.1.23: Traiettorie del ginocchio nel confronto di ripetibilità inter-operatore

|  | $X$    | $Y$    | $Z$    |
|--|--------|--------|--------|
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 2</i>         | 0,4882 | 0,2293 | 0,3552 |
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 3</i>         | 1,2135 | 0,8753 | 0,6160 |
| <i>A.L. op. 2 - A.L. op. 3</i>         | 1,0984 | 0,8239 | 0,8150 |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 2</i> | 1,3217 | 1,0459 | 0,8413 |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 3</i> | 1,2090 | 0,1752 | 0,6016 |
| <i>C.A.S.T. op. 2 - C.A.S.T. op. 3</i> | 1,7536 | 1,0060 | 1,2036 |

Tabella 4.21: RMSD medi per il confronto inter-operatore tra le traiettorie del ginocchio

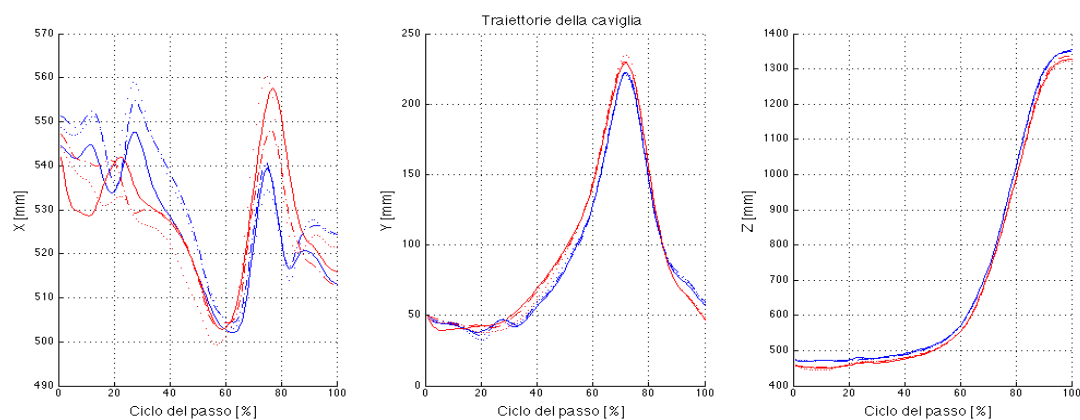


Figura 4.1.24: Traiettorie della caviglia nel confronto di ripetibilità inter-operatore

|  | $X$    | $Y$    | $Z$    |
|--|--------|--------|--------|
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 2</i>         | 0,5760 | 0,6296 | 0,5555 |
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 3</i>         | 6,9647 | 7,3164 | 4,8596 |
| <i>A.L. op. 2 - A.L. op. 3</i>         | 6,4871 | 6,8318 | 4,6992 |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 2</i> | 1,2510 | 0,8436 | 1,7587 |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 3</i> | 1,2519 | 0,8017 | 0,4398 |
| <i>C.A.S.T. op. 2 - C.A.S.T. op. 3</i> | 1,9842 | 1,1954 | 1,7635 |

Tabella 4.22: RMSD medi per il confronto inter-operatore tra le traiettorie della caviglia



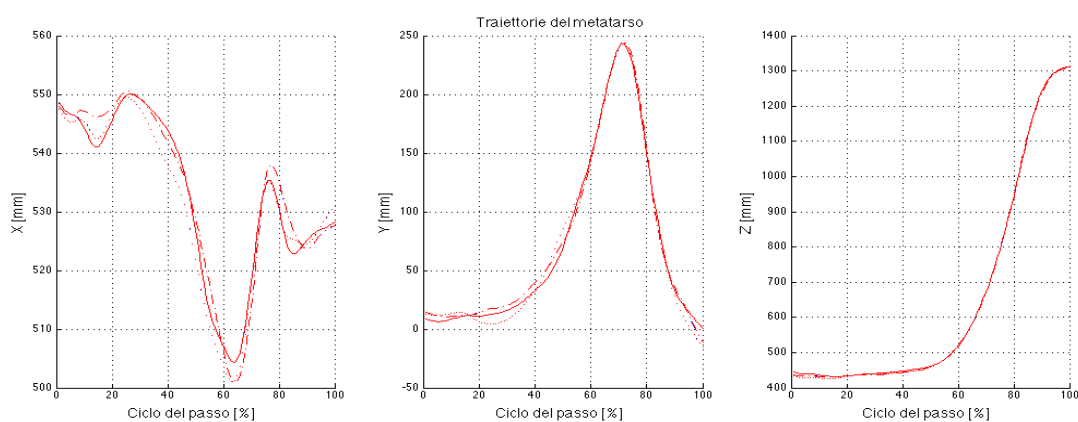


Figura 4.1.25: Traiettorie del metatarso nel confronto di ripetibilità inter-operatore

|  | $X$    | $Y$    | $Z$    |
|--|--------|--------|--------|
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 2</i>         | 0,2963 | 0,6445 | 0,5577 |
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 3</i>         | 0,8735 | 0,6407 | 1,2853 |
| <i>A.L. op. 2 - A.L. op. 3</i>         | 0,7457 | 0,6388 | 1,1165 |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 2</i> | 0,2966 | 0,6445 | 0,5576 |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 3</i> | 0,8733 | 0,6408 | 1,2855 |
| <i>C.A.S.T. op. 2 - C.A.S.T. op. 3</i> | 0,7455 | 0,6383 | 1,1164 |

Tabella 4.23: RMSD medi per il confronto inter-operatore tra le traiettorie del metatarso

### Angoli articolari

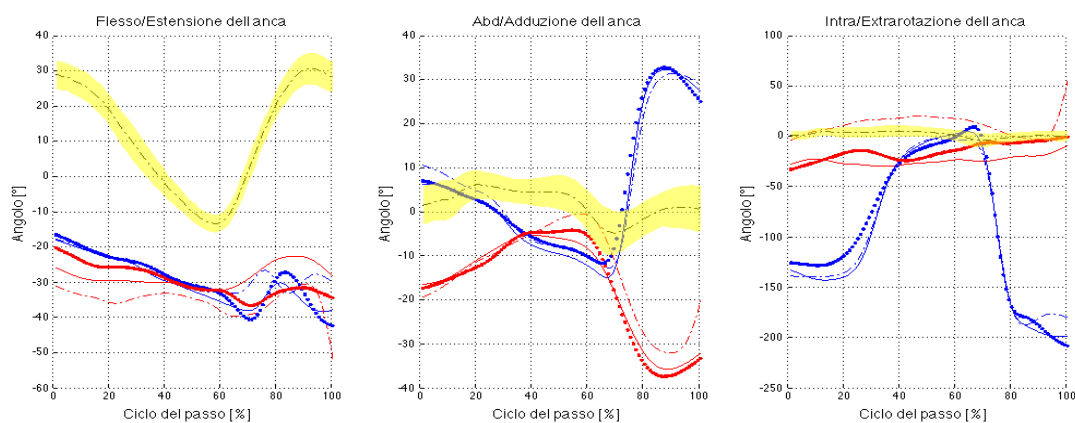


Figura 4.1.26: Andamento degli angoli articolari dell'anca nel confronto di ripetibilità inter-operatore

|  | <i>Fl./Estensione</i> | <i>Abd./Adduzione</i> | <i>Int./Extrarotazione</i> |
|--|-----------------------|-----------------------|----------------------------|
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 2</i>         | 2,0039                | 1,3736                | 3,7325                     |
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 3</i>         | 1,1244                | 1,1020                | 6,0320                     |
| <i>A.L. op. 2 - A.L. op. 3</i>         | 2,0537                | 1,5267                | 7,4160                     |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 2</i> | 4,7689                | 2,5505                | 25,0447                    |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 3</i> | 3,2256                | 0,9536                | 7,1652                     |
| <i>C.A.S.T. op. 2 - C.A.S.T. op. 3</i> | 3,9097                | 2,5000                | 18,6030                    |

Tabella 4.24: RMSD medi per il confronto inter-operatore tra gli angoli dell'anca

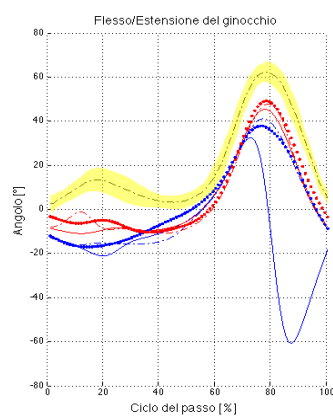


Figura 4.1.27: Andamento degli angoli articolari del ginocchio nel confronto di ripetibilità inter-operatore

|  | <i>Fl./Estensione</i> | <i>Abd./Adduzione</i> | <i>Int./Extrarotazione</i> |
|--|-----------------------|-----------------------|----------------------------|
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 2</i>         | 10,3585               | -                     | -                          |
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 3</i>         | 10,4683               | -                     | -                          |
| <i>A.L. op. 2 - A.L. op. 3</i>         | 1,7913                | -                     | -                          |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 2</i> | 1,9152                | -                     | -                          |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 3</i> | 2,2658                | -                     | -                          |
| <i>C.A.S.T. op. 2 - C.A.S.T. op. 3</i> | 1,7629                | -                     | -                          |

Tabella 4.25: RMSD medi per il confronto inter-operatore tra gli angoli del ginocchio

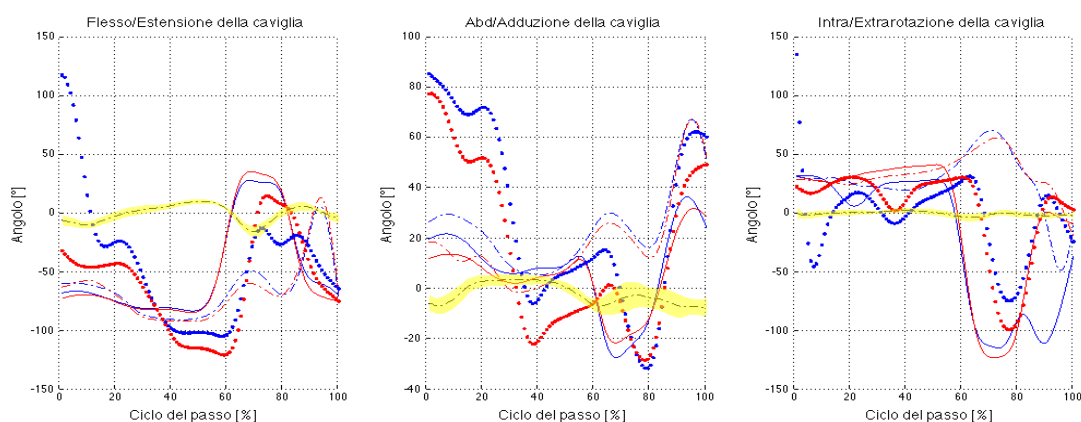


Figura 4.1.28: Andamento degli angoli articolari della caviglia nel confronto di ripetibilità inter-operatore

|  | <i>Fl./Estensione</i> | <i>Abd./Adduzione</i> | <i>Int./Extrarotazione</i> |
|--|-----------------------|-----------------------|----------------------------|
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 2</i>         | 20,9635               | 12,1194               | 38,6481                    |
| <i>A.L. op. 1 - A.L. op. 3</i>         | 33,2708               | 8,8102                | 32,1666                    |
| <i>A.L. op. 2 - A.L. op. 3</i>         | 27,8720               | 17,8715               | 28,3927                    |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 2</i> | 24,7177               | 10,3544               | 31,5484                    |
| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 3</i> | 23,1486               | 16,4968               | 16,2639                    |
| <i>C.A.S.T. op. 2 - C.A.S.T. op. 3</i> | 23,4529               | 20,4324               | 24,4924                    |

Tabella 4.26: RMSD medi per il confronto inter-operatore tra gli angoli della caviglia

## 4.2 Confronti tra metodi di triangolazione

Oltre al calcolo di ripetibilità, sono stati valutati anche i due diversi metodi di soluzione del problema di triangolazione (vedi paragrafo 1.3.3). Per valutare quale metodo di triangolazione tra il lineare e il metodo SVD (*Singular Value Decomposition*), fosse il migliore, in termini di precisione e affidabilità, si sono estratti gli angoli articolari e le traiettorie dei centri articolari e dei punti

di reperi considerando i due protocolli di acquisizione di uno stesso ciclo del passo acquisito a secco. La colorazione dei grafici è rimasta invariata rispetto al paragrafo precedente (blu per Anatomical Landmark, rosso per il C.A.S.T.), mentre per quanto riguarda il metodi di triangolazione, è stata scelta una linea continua per il metodo lineare e una linea tratteggiata per il metodo SVD (Figura 4.2.1).

Si riportano nelle tabelle i valori di RMSD medi relativi al confronto tra i metodi.

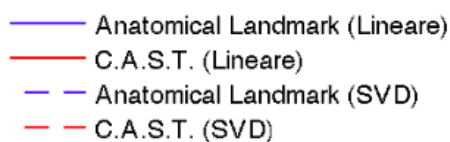


Figura 4.2.1: Legenda dei grafici per il confronto tra i metodi di triangolazione

### Traiettorie punti di reperi anatomico

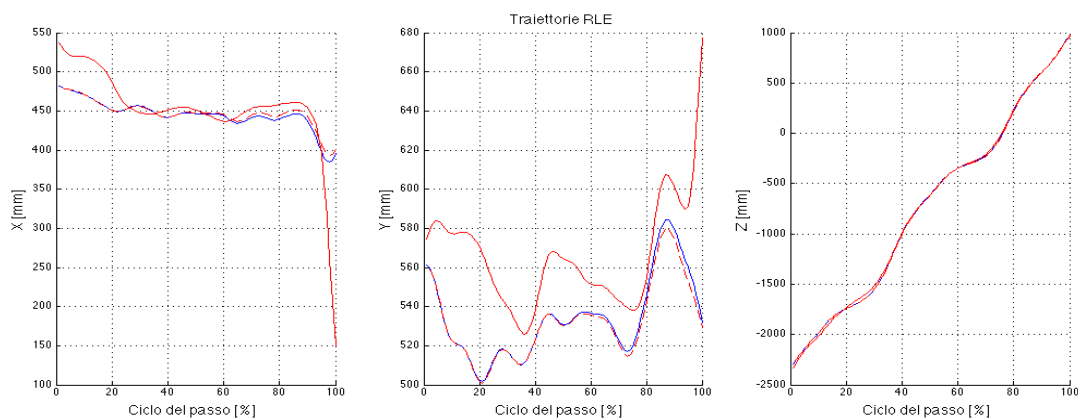


Figura 4.2.2: Traiettorie dell'epicondilo laterale destro (RLE)

|  | X       | Y       | Z       |
|--|---------|---------|---------|
| <i>A.L. lineare - C.A.S.T. lineare</i> | 1,5888  | 1,1516  | 0,7083  |
| <i>A.L. SVD - C.A.S.T. SVD</i>         | 16,7408 | 22,9243 | 10,1485 |
| <i>A.L. lineare - A.L. SVD</i>         | 1,5888  | 1,1516  | 0,7083  |
| <i>C.A.S.T. lineare - C.A.S.T. SVD</i> | 0,7222  | 0,6899  | 0,7001  |

Tabella 4.27: RMSD medi per il confronto tra i metodi di triangolazione tra le traiettorie dell'epicondilo laterale destro (RLE)

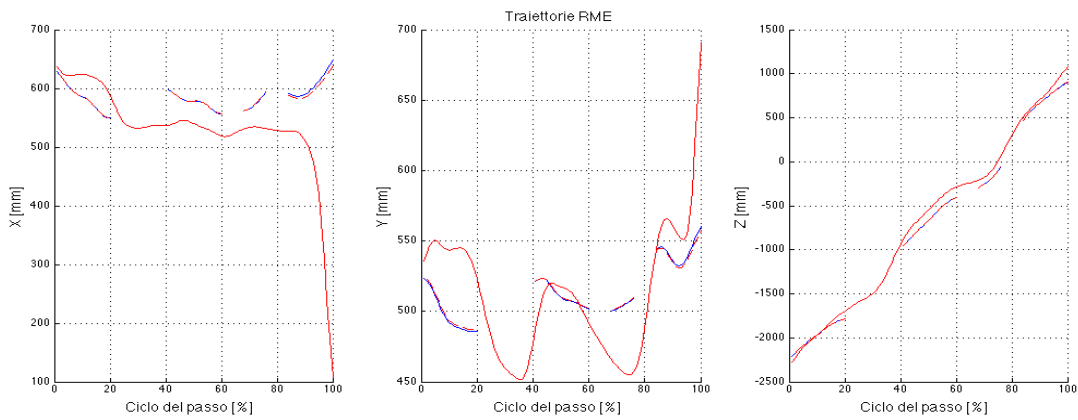


Figura 4.2.3: Traiettorie dell'epicondilo mediale destro (RME)

|  | X   | Y   | Z   |
|--|-----|-----|-----|
| <i>A.L. lineare - C.A.S.T. lineare</i> | NaN | NaN | NaN |
| <i>A.L. SVD - C.A.S.T. SVD</i>         | NaN | NaN | NaN |
| <i>A.L. lineare - A.L. SVD</i>         | NaN | NaN | NaN |
| <i>C.A.S.T. lineare - C.A.S.T. SVD</i> | NaN | NaN | NaN |

Tabella 4.28: RMSD medi per il confronto tra i metodi di triangolazione tra le traiettorie dell'epicondilo mediale destro (RME)

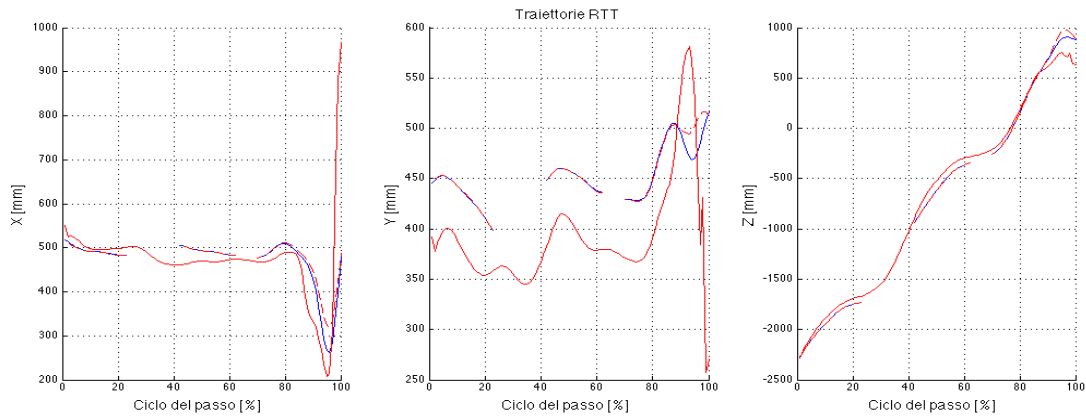


Figura 4.2.4: Traiettorie della prominenza della tuberosità tibiale destra (RTT)

|  | <i>X</i> | <i>Y</i> | <i>Z</i> |
|--|----------|----------|----------|
| <i>A.L. lineare - C.A.S.T. lineare</i> | NaN      | NaN      | NaN      |
| <i>A.L. SVD - C.A.S.T. SVD</i>         | NaN      | NaN      | NaN      |
| <i>A.L. lineare - A.L. SVD</i>         | NaN      | NaN      | NaN      |
| <i>C.A.S.T. lineare - C.A.S.T. SVD</i> | 11,0111  | 1,0034   | 1,4587   |

Tabella 4.29: RMSD medi per il confronto tra i metodi di triangolazione tra le traiettorie della prominenza della tuberosità tibiale destra (RTT)

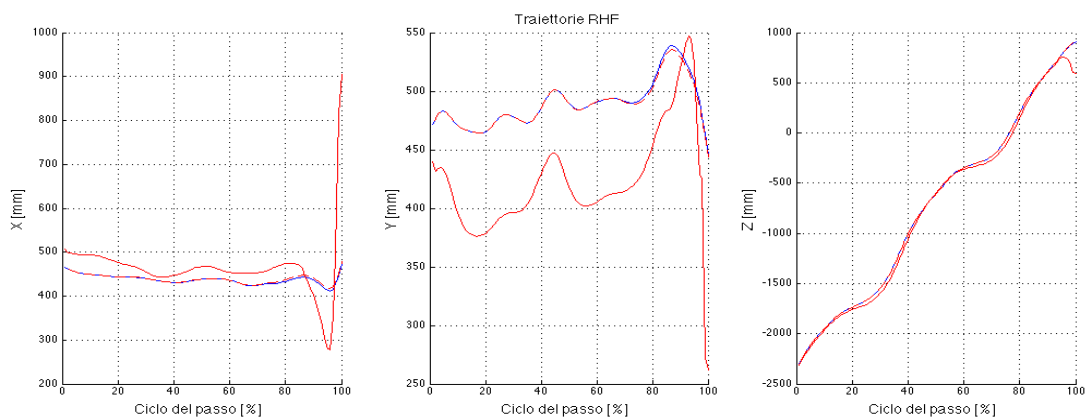


Figura 4.2.5: Traiettorie dell'apice della testa del perone destra (RHF)

|  | X       | Y       | Z       |
|--|---------|---------|---------|
| <i>A.L. lineare - C.A.S.T. lineare</i> | 0,8908  | 0,6681  | 0,2693  |
| <i>A.L. SVD - C.A.S.T. SVD</i>         | 40,6140 | 50,8419 | 34,8337 |
| <i>A.L. lineare - A.L. SVD</i>         | 0,8908  | 0,6681  | 0,2693  |
| <i>C.A.S.T. lineare - C.A.S.T. SVD</i> | 9,9131  | 0,7712  | 0,8270  |

Tabella 4.30: RMSD medi per il confronto tra i metodi di triangolazione tra le traiettorie dell'apice della testa del perone destra (RHF)

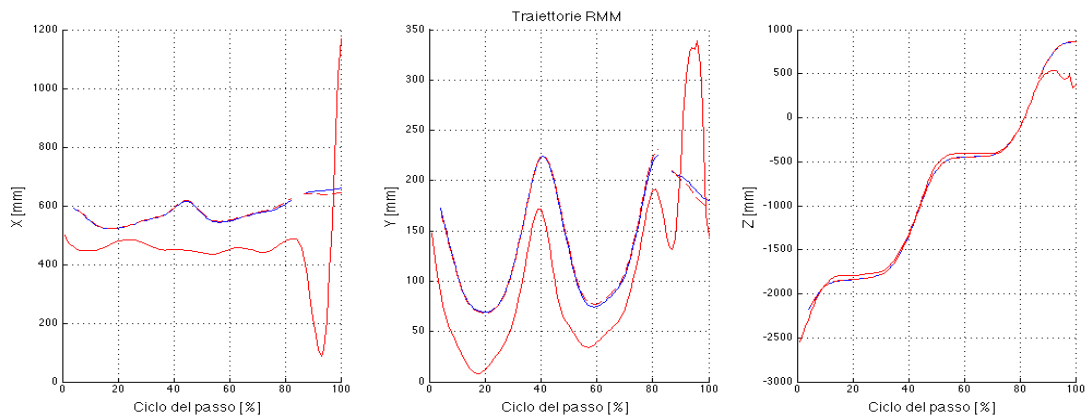


Figura 4.2.6: Traiettorie dell'apice distale del malleolo mediale destro (RMM)

|  | X       | Y      | Z      |
|--|---------|--------|--------|
| <i>A.L. lineare - C.A.S.T. lineare</i> | NaN     | NaN    | NaN    |
| <i>A.L. SVD - C.A.S.T. SVD</i>         | NaN     | NaN    | NaN    |
| <i>A.L. lineare - A.L. SVD</i>         | NaN     | NaN    | NaN    |
| <i>C.A.S.T. lineare - C.A.S.T. SVD</i> | 17,2468 | 2,0837 | 1,9819 |

Tabella 4.31: RMSD medi per il confronto tra i metodi di triangolazione tra le traiettorie dell'apice distale del malleolo mediale destro (RMM)



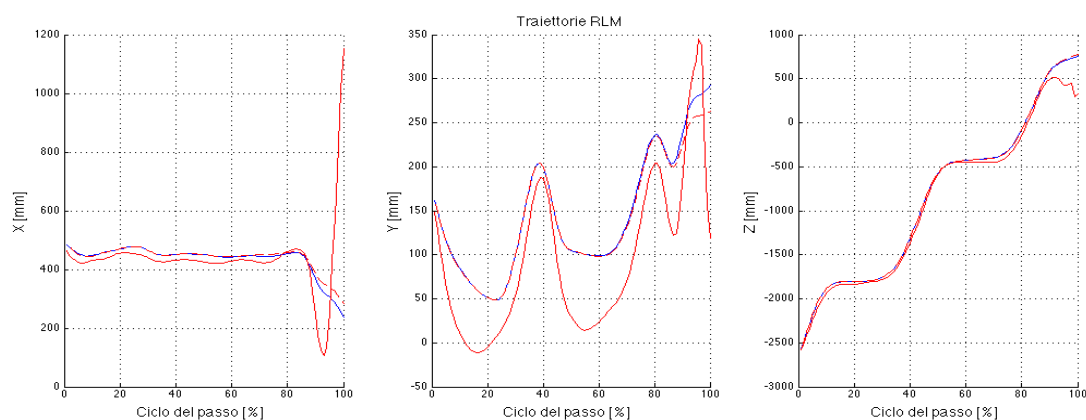


Figura 4.2.7: Traiettorie dell'apice laterale del malleolo mediale destro (RLM)

|  | $X$     | $Y$     | $Z$     |
|--|---------|---------|---------|
| <i>A.L. lineare - C.A.S.T. lineare</i> | 3,8489  | 2,2840  | 1,8032  |
| <i>A.L. SVD - C.A.S.T. SVD</i>         | 53,6442 | 52,1120 | 59,1516 |
| <i>A.L. lineare - A.L. SVD</i>         | 3,8489  | 2,2840  | 1,8032  |
| <i>C.A.S.T. lineare - C.A.S.T. SVD</i> | 15,5633 | 3,8014  | 1,2115  |

Tabella 4.32: RMSD medi per il confronto tra i metodi di triangolazione tra le traiettorie dell'apice laterale del malleolo mediale destro (RLM)

## Traiettorie dei centri articolari

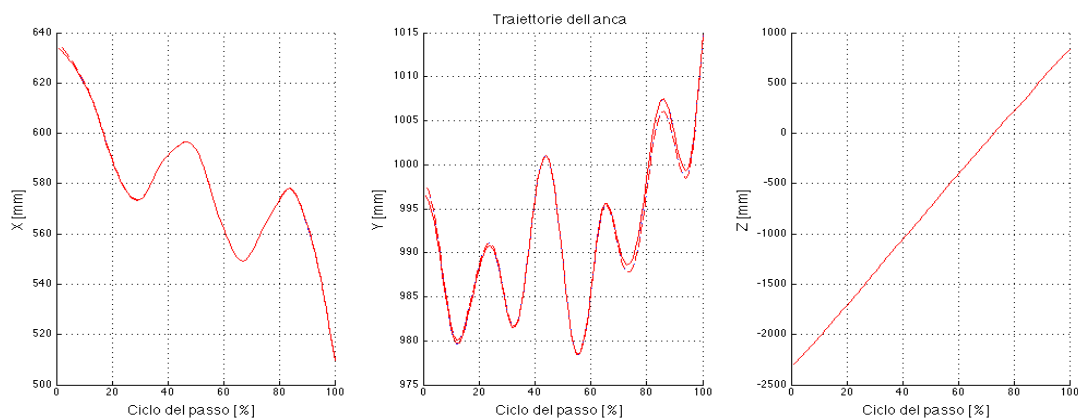


Figura 4.2.8: Traiettorie dell'anca nel confronto tra i metodi di triangolazione

|  | $X$    | $Y$    | $Z$    |
|--|--------|--------|--------|
| <i>A.L. lineare - C.A.S.T. lineare</i> | 0,0016 | 0,0012 | 0,0009 |
| <i>A.L. SVD - C.A.S.T. SVD</i>         | 0,0017 | 0,0011 | 0,0010 |
| <i>A.L. lineare - A.L. SVD</i>         | 0,0300 | 0,0490 | 0,0325 |
| <i>C.A.S.T. lineare - C.A.S.T. SVD</i> | 0,0299 | 0,0491 | 0,0324 |

Tabella 4.33: RMSD medi per il confronto tra i metodi di triangolazione tra le traiettorie dell'anca

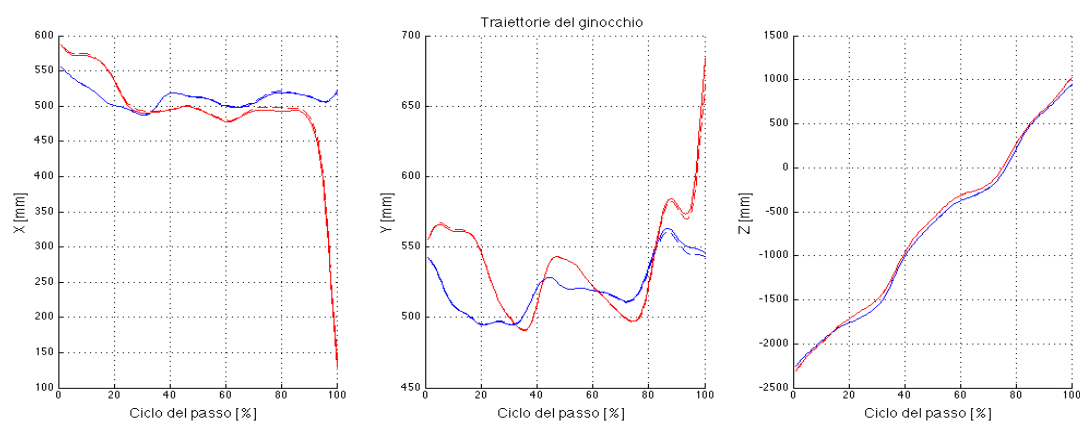


Figura 4.2.9: Traiettorie del ginocchio nel confronto tra i metodi di triangolazione

|  | $X$    | $Y$    | $Z$    |
|--|--------|--------|--------|
| <i>A.L. lineare - C.A.S.T. lineare</i> | 4,8091 | 2,3229 | 3,6622 |
| <i>A.L. SVD - C.A.S.T. SVD</i>         | 4,6120 | 2,2482 | 3,6408 |
| <i>A.L. lineare - A.L. SVD</i>         | 0,0722 | 0,1129 | 0,0619 |
| <i>C.A.S.T. lineare - C.A.S.T. SVD</i> | 0,2837 | 0,2198 | 0,1202 |

Tabella 4.34: RMSD medi per il confronto tra i metodi di triangolazione tra le traiettorie del ginocchio

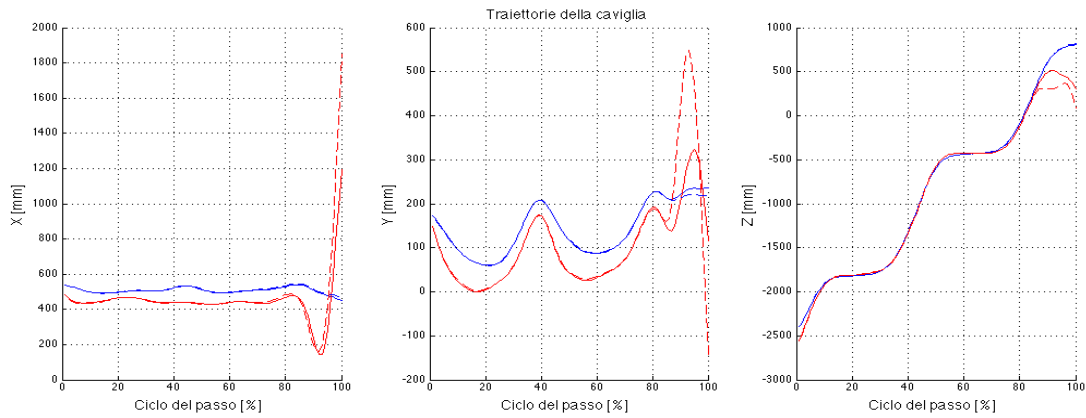


Figura 4.2.10: Traiettorie della caviglia nel confronto tra i metodi di triangolazione

|  | <i>X</i> | <i>Y</i> | <i>Z</i> |
|--|----------|----------|----------|
| <i>A.L. lineare - C.A.S.T. lineare</i> | 10,1103  | 4,1501   | 7,6556   |
| <i>A.L. SVD - C.A.S.T. SVD</i>         | 14,9615  | 7,3452   | 11,2486  |
| <i>A.L. lineare - A.L. SVD</i>         | 0,3048   | 0,3295   | 0,2114   |
| <i>C.A.S.T. lineare - C.A.S.T. SVD</i> | 6,6499   | 5,1330   | 4,2062   |

Tabella 4.35: RMSD medi per il confronto tra i metodi di triangolazione tra le traiettorie della caviglia

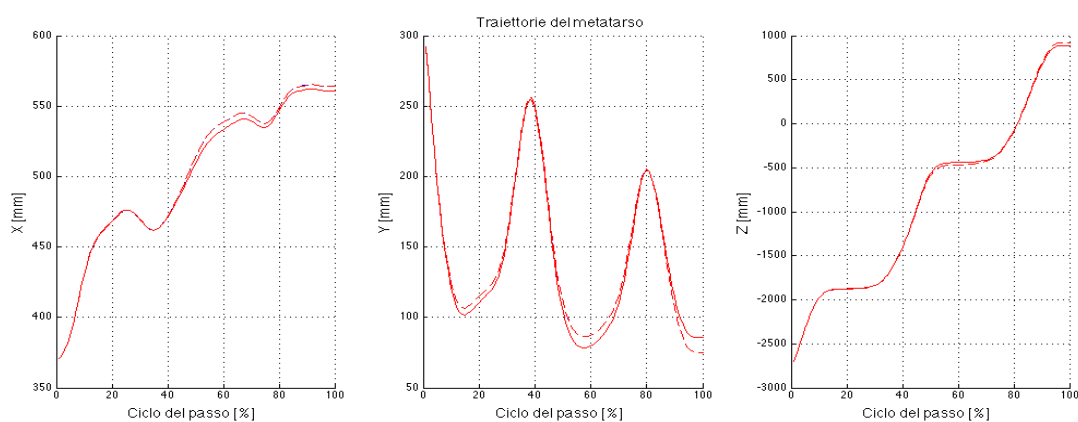


Figura 4.2.11: Traiettorie del metatarso nel confronto tra i metodi di triangolazione

|  | $X$    | $Y$    | $Z$    |
|--|--------|--------|--------|
| <i>A.L. lineare - C.A.S.T. lineare</i> | 0,0020 | 0,0020 | 0,0016 |
| <i>A.L. SVD - C.A.S.T. SVD</i>         | 0,0025 | 0,0019 | 0,0015 |
| <i>A.L. lineare - A.L. SVD</i>         | 0,1998 | 0,3921 | 1,1862 |
| <i>C.A.S.T. lineare - C.A.S.T. SVD</i> | 0,1991 | 0,3923 | 1,1869 |

Tabella 4.36: RMSD medi per il confronto tra i metodi di triangolazione tra le traiettorie del metatarso

### Angoli articolari

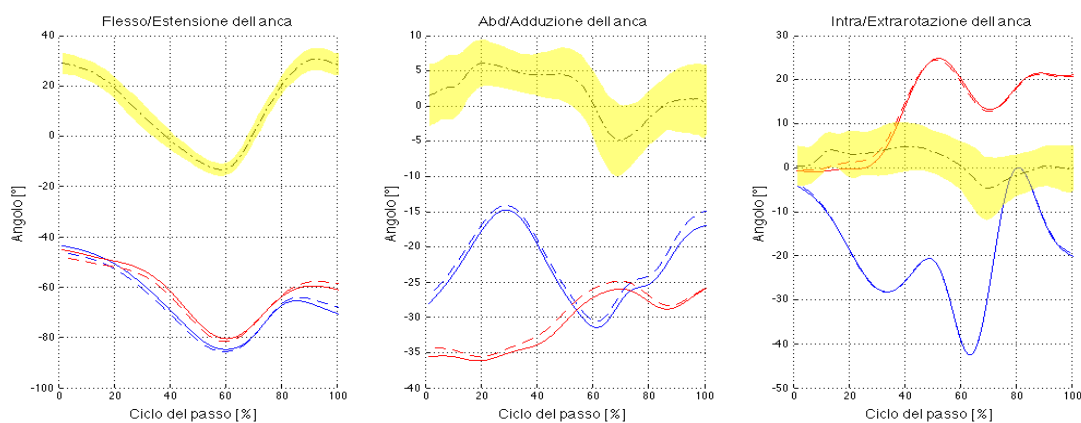


Figura 4.2.12: Andamento degli angoli articolari dell'anca nel confronto tra i metodi di triangolazione

|  | <i>Flesso/Estensione</i> | <i>Abduzione/Adduzione</i> | <i>Intra/Extrarotazione</i> |
|--|--------------------------|----------------------------|-----------------------------|
| <i>A.L. lineare - C.A.S.T. lineare</i> | 3,3045                   | 6,5644                     | 22,4159                     |
| <i>A.L. SVD - C.A.S.T. SVD</i>         | 3,2134                   | 6,7216                     | 22,5450                     |
| <i>A.L. lineare - A.L. SVD</i>         | 1,0879                   | 0,7355                     | 0,1088                      |
| <i>C.A.S.T. lineare - C.A.S.T. SVD</i> | 1,1859                   | 0,6377                     | 0,4816                      |

Tabella 4.37: RMSD medi per il confronto tra i metodi di triangolazione tra gli angoli dell'anca

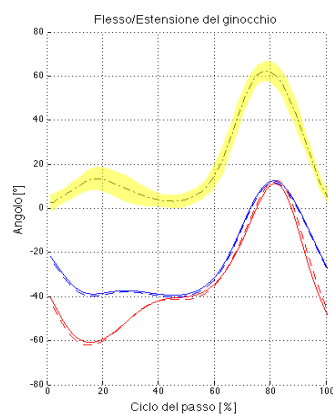


Figura 4.2.13: Andamento degli angoli articolari del ginocchio nel confronto tra i metodi di triangolazione

|  | <i>Flesso/Estensione</i> | <i>Abduzione/Adduzione</i> | <i>Intra/Extrarotazione</i> |
|--|--------------------------|----------------------------|-----------------------------|
| <i>A.L. lineare - C.A.S.T. lineare</i> | 7,1661                   | -                          | -                           |
| <i>A.L. SVD - C.A.S.T. SVD</i>         | 6,4530                   | -                          | -                           |
| <i>A.L. lineare - A.L. SVD</i>         | 0,5877                   | -                          | -                           |
| <i>C.A.S.T. lineare - C.A.S.T. SVD</i> | 0,9409                   | -                          | -                           |

Tabella 4.38: RMSD medi per il confronto tra i metodi di triangolazione tra gli angoli del ginocchio

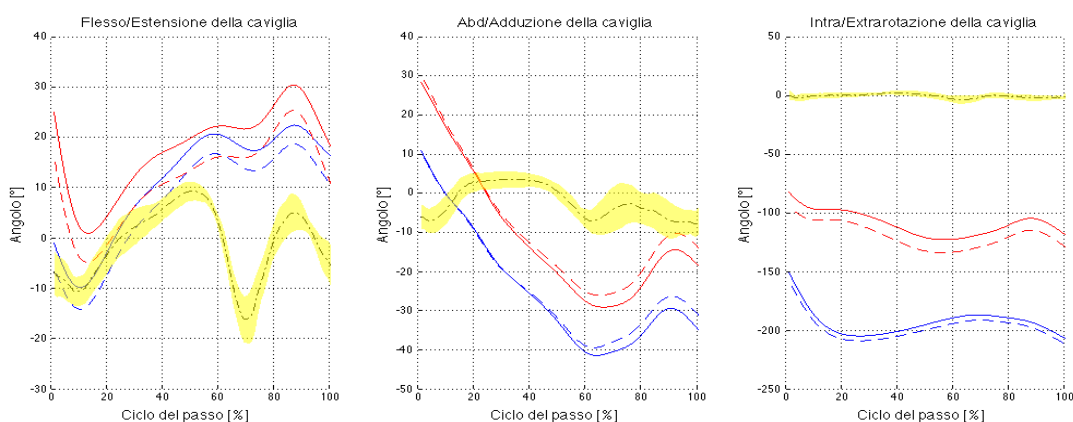


Figura 4.2.14: Andamento degli angoli articolari della caviglia nel confronto tra i metodi di triangolazione

|  | <i>Flesso/Estensione</i> | <i>Abduzione/Adduzione</i> | <i>Intra/Extrarotazione</i> |
|--|--------------------------|----------------------------|-----------------------------|
| <i>A.L. lineare - C.A.S.T. lineare</i> | 4,5751                   | 9,6821                     | 59, 5658                    |
| <i>A.L. SVD - C.A.S.T. SVD</i>         | 3, 4377                  | 10, 3830                   | 55,4298                     |
| <i>A.L. lineare - A.L. SVD</i>         | 2,9901                   | 1,0129                     | 3,2553                      |
| <i>C.A.S.T. lineare - C.A.S.T. SVD</i> | 4,2624                   | 1,5921                     | 7,3913                      |

Tabella 4.39: RMSD medi per il confronto tra i metodi di triangolazione tra gli angoli della caviglia

### 4.3 Confronto tra metodo markerless e metodo marker-based

Questo paragrafo è dedicato al confronto tra i metodi implementati per l'analisi del ciclo del passo. Sono stati presi in esame un ciclo del passo destro in ambiente asciutto e un ciclo del passo destro in acqua. Per ogni ciclo si è proceduto elaborando le sequenze video con i metodi marker-based e markerless come descritto nel precedente capitolo.



Come per il calcolo della ripetibilità, è stato considerato il metodo di triangolazione lineare per la ricostruzione delle traiettorie 3D delle posizioni dei marker.

### 4.3.1 Risultati della tecnica marker-based in ambiente asciutto

Per un confronto diretto con i risultati ottenuti in acqua è stata analizzata la prova di cammino a secco. Sfortunatamente, in questo contesto, non è stato possibile elaborare i dati ottenuti con la tecnica markerless, ma solamente quelli relativi alla tecnica basata sui marcatori, pertanto di seguito vengono riproposti gli angoli e le traiettorie dei centri articolari ricavati al punto 4.2 con il metodo lineare.

— Anatomical Landmark  
— C.A.S.T.

Figura 4.3.1: Legenda dei grafici dei risultati della tecnica marker-based in ambiente asciutto

Traiettorie centri articolari

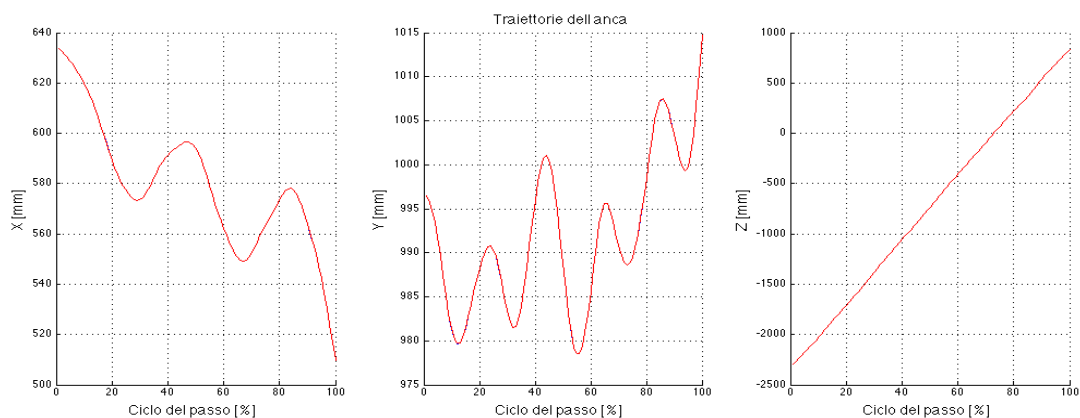


Figura 4.3.2: Traiettorie dell'anca in ambiente asciutto

|                        | <i>X</i> | <i>Y</i> | <i>Z</i> |
|------------------------|----------|----------|----------|
| <i>A.L. - C.A.S.T.</i> | 0,0016   | 0,0012   | 0,0009   |

Tabella 4.40: RMSD medi per il confronto dei metodi marker-based delle traiettorie dell'anca in ambiente asciutto

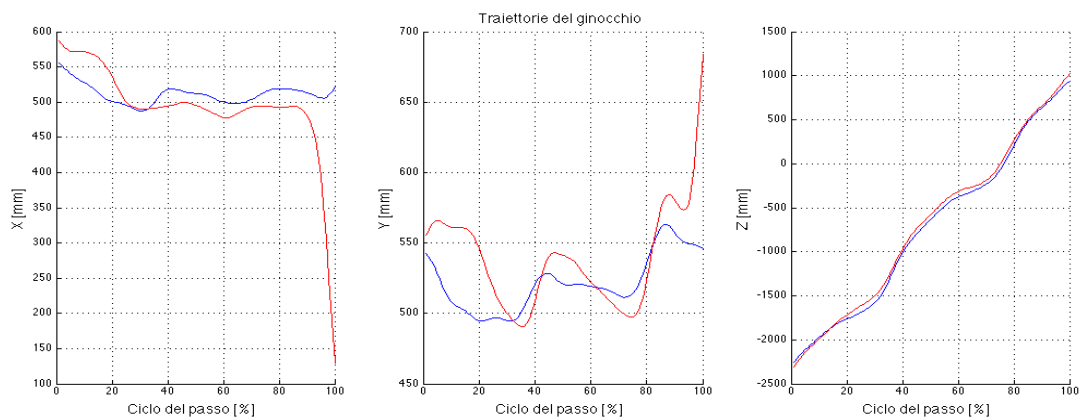


Figura 4.3.3: Traiettorie del ginocchio in ambiente asciutto

|                        | $X$    | $Y$    | $Z$    |
|------------------------|--------|--------|--------|
| <i>A.L. - C.A.S.T.</i> | 4,8091 | 2,3229 | 3,6622 |

Tabella 4.41: RMSD medi per il confronto dei metodi marker-based delle traiettorie del ginocchio in ambiente asciutto

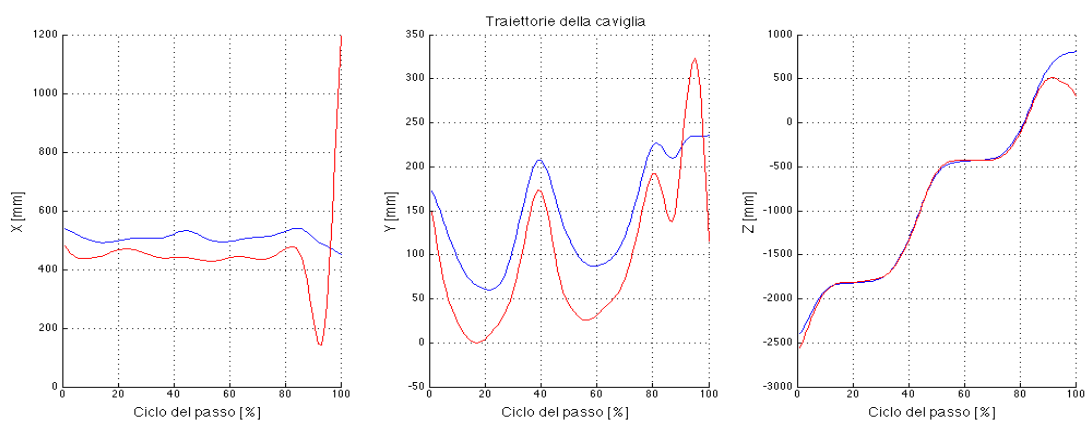


Figura 4.3.4: Traiettorie della caviglia in ambiente asciutto

|                        | $X$    | $Y$    | $Z$    |
|------------------------|--------|--------|--------|
| <i>A.L. - C.A.S.T.</i> | 4,8091 | 2,3229 | 3,6622 |

Tabella 4.42: RMSD medi per il confronto dei metodi marker-based delle traiettorie della caviglia in ambiente asciutto

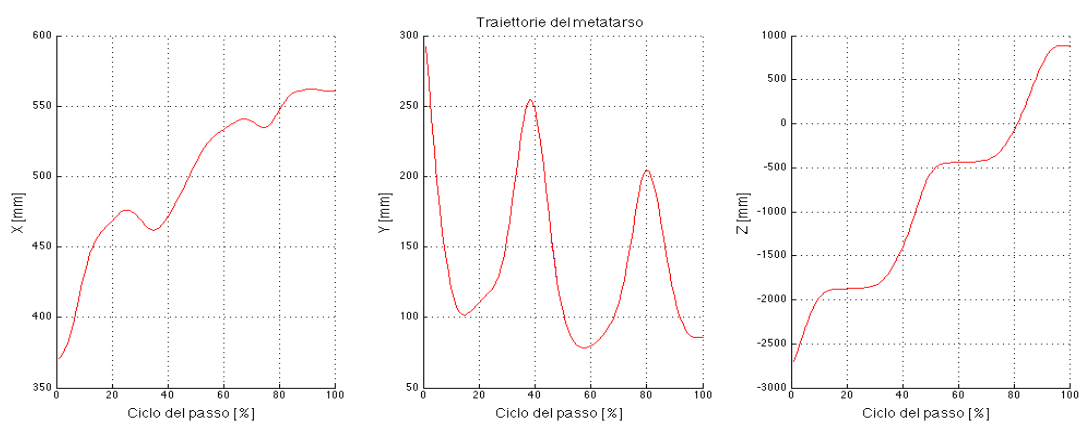


Figura 4.3.5: Traiettorie del metatarso in ambiente asciutto

|                 | X      | Y      | Z      |
|-----------------|--------|--------|--------|
| A.L. - C.A.S.T. | 0,0020 | 0,0020 | 0,0016 |

Tabella 4.43: RMSD medi per il confronto dei metodi marker-based delle traiettorie del metatarso in ambiente asciutto

### Angoli articolari

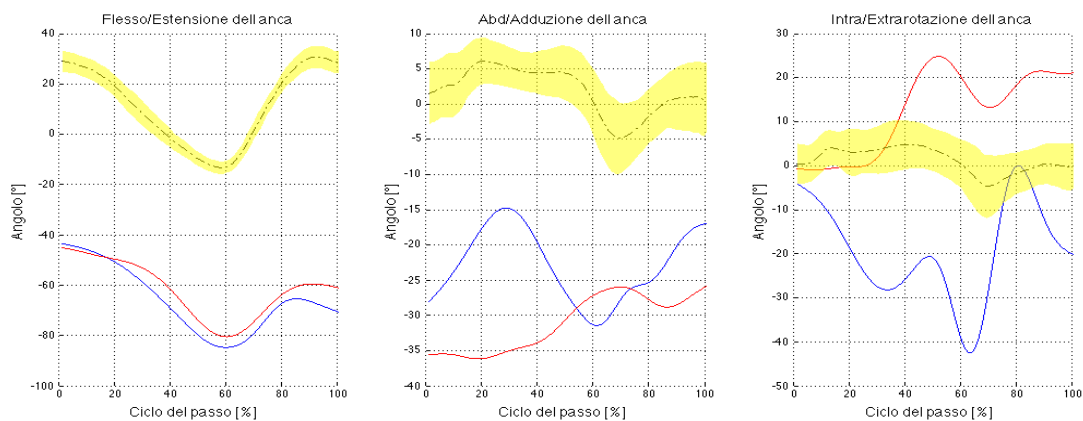


Figura 4.3.6: Andamento degli angoli articolari dell'anca in ambiente asciutto

|                        | <i>Flesso/Estensione</i> | <i>Abduzione/Adduzione</i> | <i>Intra/Extrarotazione</i> |
|------------------------|--------------------------|----------------------------|-----------------------------|
| <i>A.L. - C.A.S.T.</i> | 3,3045                   | 6,5644                     | 22,4159                     |

Tabella 4.44: RMSD medi per il confronto dei metodi marker-based degli angoli dell'anca in ambiente asciutto

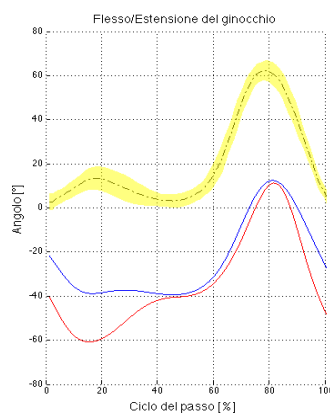


Figura 4.3.7: Andamento degli angoli articolari del ginocchio in ambiente asciutto

|                        | <i>Flesso/Estensione</i> | <i>Abduzione/Adduzione</i> | <i>Intra/Extrarotazione</i> |
|------------------------|--------------------------|----------------------------|-----------------------------|
| <i>A.L. - C.A.S.T.</i> | 7,1661                   | -                          | -                           |

Tabella 4.45: RMSD medi per il confronto dei metodi marker-based degli angoli del ginocchio in ambiente asciutto

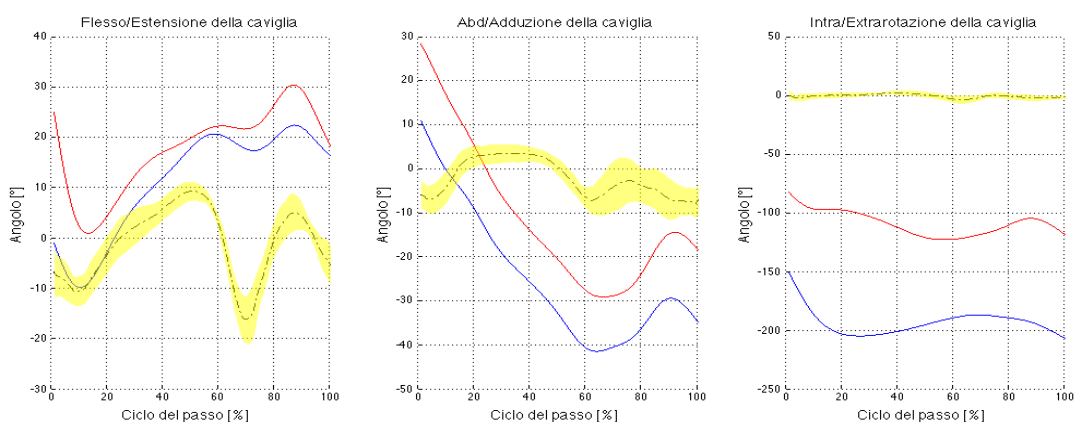


Figura 4.3.8: Andamento degli angoli articolari della caviglia in ambiente asciutto

|                        | <i>Flesso/Estensione</i> | <i>Abduzione/Adduzione</i> | <i>Intra/Extrarotazione</i> |
|------------------------|--------------------------|----------------------------|-----------------------------|
| <i>A.L. - C.A.S.T.</i> | 4,5751                   | 9,6821                     | 59,5658                     |

Tabella 4.46: RMSD medi per il confronto dei metodi marker-based degli angoli della caviglia in ambiente asciutto

### 4.3.2 Confronto tra le tecniche marker-based e markerless in ambiente acquatico

Per contraddistinguere i differenti metodi, nonché i due differenti protocolli, si sono sfruttati colori diversi: nero per il markerless, rosso per il protocollo C.A.S.T. e in blu il protocollo Anatomical Landmark.

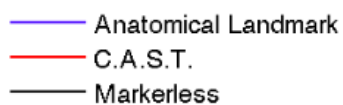


Figura 4.3.9: Legenda dei grafici dei risultati della tecnica marker-based e markerless in acqua

Traiettorie centri articolari

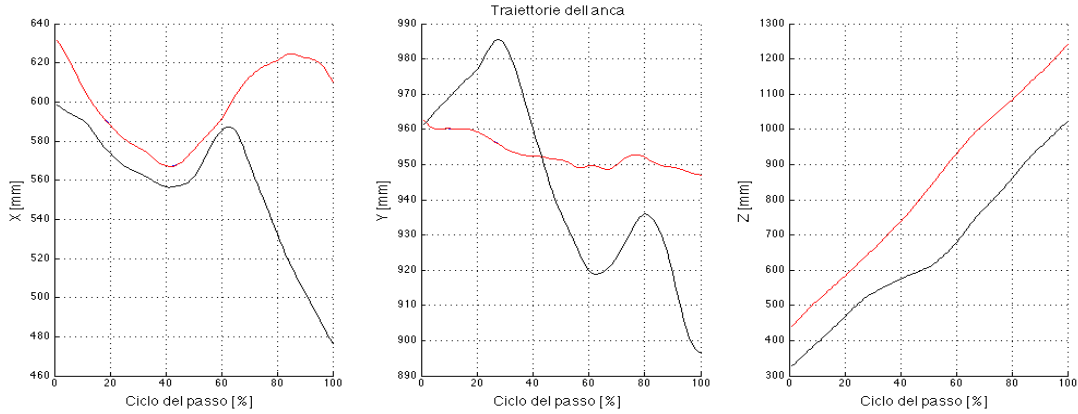


Figura 4.3.10: Traiettorie dell'anca in acqua

|                       | X      | Y      | Z       |
|-----------------------|--------|--------|---------|
| A.L. - C.A.S.T.       | 0,0013 | 0,0013 | 0,0011  |
| A.L. - Markerless     | 4,2298 | 1,6960 | 13,5247 |
| C.A.S.T. - Markerless | 4,2299 | 1,6960 | 13,5249 |

Tabella 4.47: RMSD medi per il confronto dei metodi marker-based e markerless delle traiettorie dell'anca in acqua

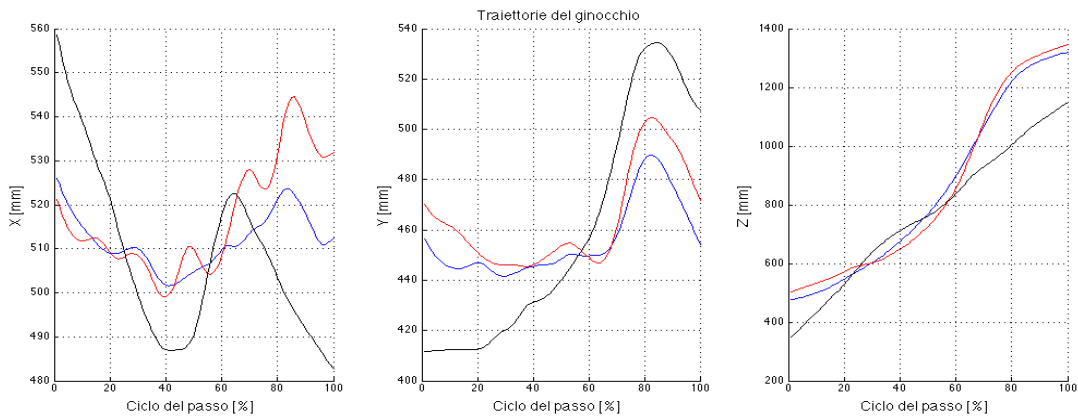


Figura 4.3.11: Traiettorie del ginocchio in acqua

|                       | X      | Y      | Z      |
|-----------------------|--------|--------|--------|
| A.L. - C.A.S.T.       | 0,7281 | 0,7602 | 2,0972 |
| A.L. - Markerless     | 1,2574 | 2,3505 | 8,4212 |
| C.A.S.T. - Markerless | 1,8048 | 2,2431 | 9,7039 |

Tabella 4.48: RMSD medi per il confronto dei metodi marker-based e markerless delle traiettorie del ginocchio in acqua

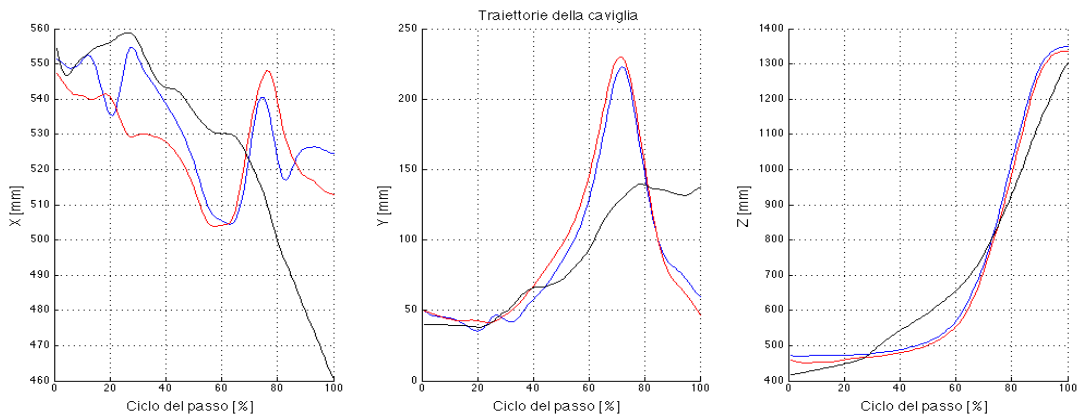


Figura 4.3.12: Traiettorie della caviglia in acqua

|                       | X      | Y      | Z      |
|-----------------------|--------|--------|--------|
| A.L. - C.A.S.T.       | 0,7570 | 0,6793 | 1,2655 |
| A.L. - Markerless     | 1,7690 | 2,7695 | 5,2946 |
| C.A.S.T. - Markerless | 1,8926 | 3,2568 | 5,0204 |

Tabella 4.49: RMSD medi per il confronto dei metodi marker-based e markerless delle traiettorie della caviglia in acqua



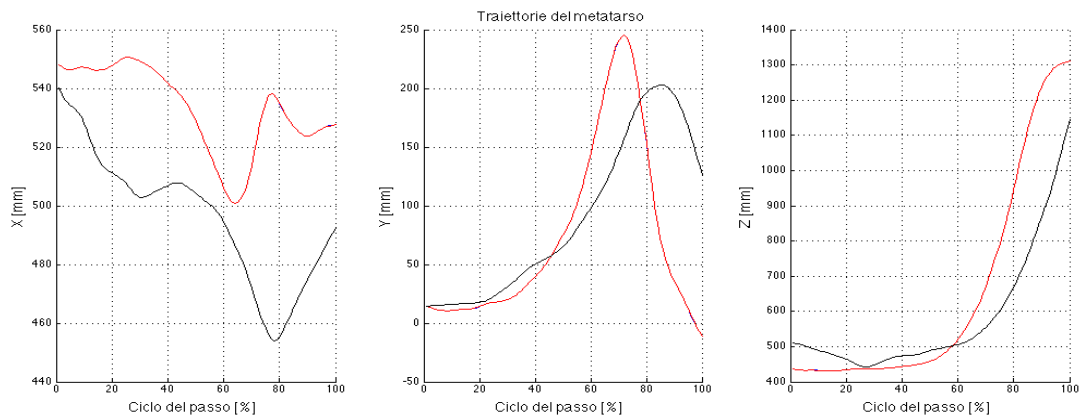


Figura 4.3.13: Traiettorie del metatarso in acqua

|                              | <i>X</i> | <i>Y</i> | <i>Z</i> |
|------------------------------|----------|----------|----------|
| <i>A.L. - C.A.S.T.</i>       | 0,0019   | 0,0021   | 0,0015   |
| <i>A.L. - Markerless</i>     | 2,9616   | 5,0858   | 11,4954  |
| <i>C.A.S.T. - Markerless</i> | 2,9616   | 5,0855   | 11,4954  |

Tabella 4.50: RMSD medi per il confronto dei metodi marker-based e markerless delle traiettorie del metatarso in acqua

### Angoli articolari

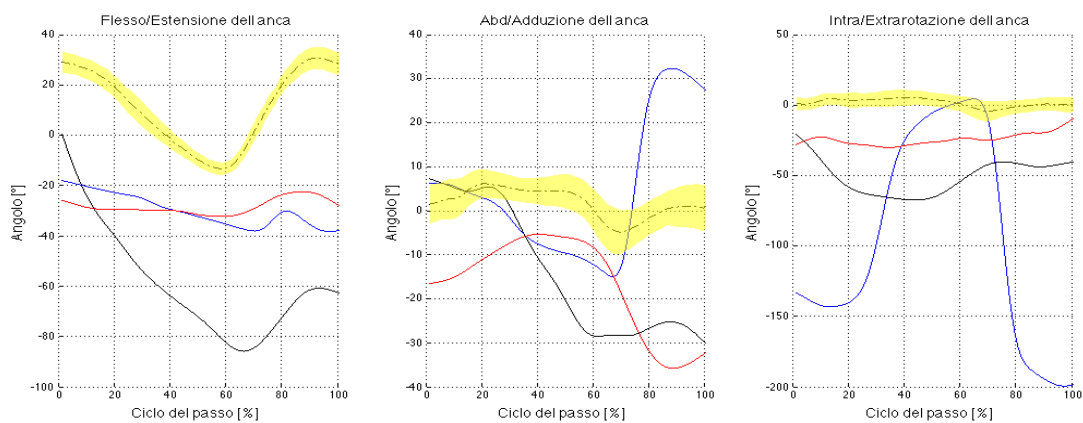


Figura 4.3.14: Andamento degli angoli articolari dell'anca in acqua

|                              | <i>Flesso/Estensione</i> | <i>Abduzione/Adduzione</i> | <i>Intra/Extrarotazione</i> |
|------------------------------|--------------------------|----------------------------|-----------------------------|
| <i>A.L. - C.A.S.T.</i>       | 4,4327                   | 15,9945                    | 59,4628                     |
| <i>A.L. - Markerless</i>     | 21,5374                  | 13,6780                    | 57,1383                     |
| <i>C.A.S.T. - Markerless</i> | 23,7988                  | 8,4368                     | 18,9451                     |

Tabella 4.51: RMSD medi per il confronto dei metodi marker-based e markerless degli angoli articolari dell'anca in acqua

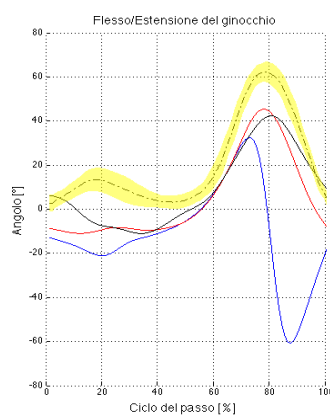


Figura 4.3.15: Andamento degli angoli articolari del ginocchio in acqua

|                              | <i>Flesso/Estensione</i> | <i>Abduzione/Adduzione</i> | <i>Intra/Extrarotazione</i> |
|------------------------------|--------------------------|----------------------------|-----------------------------|
| <i>A.L. - C.A.S.T.</i>       | 11,9541                  | -                          | -                           |
| <i>A.L. - Markerless</i>     | 14,7933                  | -                          | -                           |
| <i>C.A.S.T. - Markerless</i> | 3,8229                   | -                          | -                           |

Tabella 4.52: RMSD medi per il confronto dei metodi marker-based e markerless degli angoli articolari del ginocchio in acqua

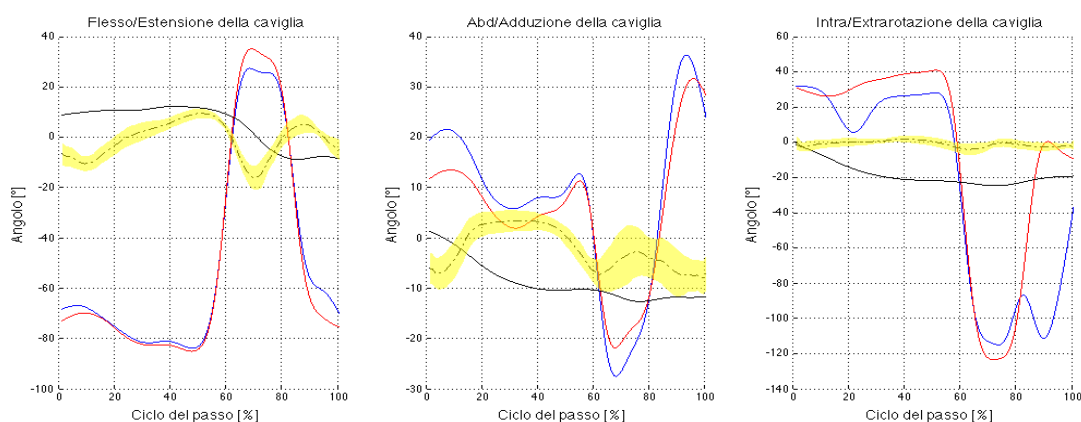


Figura 4.3.16: Andamento degli angoli articolari della caviglia in acqua

|                              | <i>Flesso/Estensione</i> | <i>Abduzione/Adduzione</i> | <i>Intra/Extrarotazione</i> |
|------------------------------|--------------------------|----------------------------|-----------------------------|
| <i>A.L. - C.A.S.T.</i>       | 2,2930                   | 2,9425                     | 15,7230                     |
| <i>A.L. - Markerless</i>     | 44,5743                  | 14,0500                    | 35,8805                     |
| <i>C.A.S.T. - Markerless</i> | 46,7670                  | 11,2791                    | 34,5451                     |

Tabella 4.53: RMSD medi per il confronto dei metodi marker-based e markerless degli angoli articolari della caviglia in acqua

## 4.4 Discussione dei risultati

La valutazione dei risultati si basa sul calcolo dell'RMSD medio calcolato tra due serie di dati.

Dai grafici riguardanti le traiettorie dei punti di repere anatomico ricavati con il protocollo Anatomical Landmark, del paragrafo 4.1 e del paragrafo 4.2, si notano delle interruzioni. Queste interruzioni sono dovute alla mancanza delle coordinate bidimensionali, del punto interessato, necessarie per la triangolazione dei dati; pertanto non sempre è stato possibile ricavare un indice

di precisione medio tra coppie di traiettorie dei punti di repere anatomico. Questo tipo di problema è stato riscontrato in particolare per il protocollo Anatomical Landmark (vedi le seguenti tabelle 4.14, 4.15, 4.16, 4.17, 4.18, 4.2, 4.3 e 4.5), difatti la visibilità dei marker è stata spesso ostruita dal movimento delle braccia e delle gambe durante la prova di cammino, mentre per il protocollo C.A.S.T. questo tipo di problema è stato meno rilevante.

A prescindere dalla precisione e dall'accuratezza dei dati ottenuti, è importante far notare la notevole differenza dei punti per i quali è stato possibile ricostruire le traiettorie 3D con i due protocolli: dei ventisei punti di repere anatomico seguiti è stato possibile ricostruire solamente il 53,85% per il protocollo Anatomical Landmark (il 100% del il bacino, il 25% del femore, il 50% della gamba e il 37,5% del piede), mentre per quanto riguarda il protocollo C.A.S.T. le percentuali sono più alte, infatti è stata possibile effettuare la ricostruzione del 76,92% dei punti di repere anatomico (il 100% del bacino, il 75% del femore, l'87,5% e il 50% del piede). Questi risultati confermano quanto già riscontrato nel lavoro di S. Ceccon et al. riportato in [43].

Per quanto riguarda l'analisi di ripetibilità inter-operatore (paragrafo 4.1) in corrispondenza delle traiettorie dell'epicondilo mediale (RLE) e laterale destro (RME), è stato riscontrato un elevato RMSD medio. Questo risultato è dovuto al fatto che il secondo operatore ha individuato i marcatori dei cluster in modo discontinuo, e questo è confermato dai grafici dove si possono notare delle irregolarità sulle traiettorie (figure 4.1.16, 4.1.17, 4.1.21, 4.1.20 e 4.1.18). Per contestualizzare gli RMSD medi ottenuti, si riportano di seguito

i confronti relativi al secondo operatore presenti nelle tabelle 4.14, 4.19, 4.15, 4.18 e 4.16 con i relativi valori di minimo e massimo degli RMSD da cui sono state ricavate le medie:

| <i>C.A.S.T. op. 1 - C.A.S.T. op. 2</i> |          | <i>Minimo</i> | <i>Medio</i> | <i>Massimo</i> |
|--|----------|---------------|--------------|----------------|
| <i>RLE</i>                             | <i>X</i> | 0,1061        | 8,8590       | 63,0342        |
|  | <i>Y</i> | 2,8024        | 10,9553      | 34,6635        |
|  | <i>Z</i> | 0,1625        | 7,4231       | 17,7453        |
| <i>RLM</i>                             | <i>X</i> | 0,2949        | 8.8955       | 57,4668        |
|  | <i>Y</i> | 0,0078        | 3.8587       | 46,2351        |
|  | <i>Z</i> | 0,0340        | 7.8587       | 72,1025        |
| <i>RME</i>                             | <i>X</i> | 0,0762        | 12,0175      | 49,0446        |
|  | <i>Y</i> | 0,4712        | 7,1575       | 28,3598        |
|  | <i>Z</i> | 0,0367        | 6,3731       | 15,3617        |
| <i>RMM</i>                             | <i>X</i> | 0,1057        | 8.7162       | 54,5777        |
|  | <i>Y</i> | 0,0432        | 3.3824       | 41,7774        |
|  | <i>Z</i> | 0,1153        | 8.1403       | 67,4721        |
| <i>RTT</i>                             | <i>X</i> | 0,2175        | 7.6630       | 14,2207        |
|  | <i>Y</i> | 0,0099        | 3.7955       | 26,1380        |
|  | <i>Z</i> | 0,0023        | 1.7081       | 15,0970        |

Tabella 4.54: RMSD minimo, massimo e medio calcolati tra le traiettorie dei punti di repere anatomico del 1° e del 2° operatore ricavate con il protocollo C.A.S.T.

| <i>C.A.S.T. op. 2 - C.A.S.T. op. 3</i> |          | <i>Minimo</i> | <i>Medio</i> | <i>Massimo</i> |
|--|----------|---------------|--------------|----------------|
| <i>RLE</i>                             | <i>X</i> | 0.1603        | 14,0729      | 78,9621        |
|  | <i>Y</i> | 1,8913        | 10,2103      | 32,9918        |
|  | <i>Z</i> | 0,1211        | 9,7749       | 26,1870        |
| <i>RLM</i>                             | <i>X</i> | 0,0637        | 12.0601      | 73,8312        |
|  | <i>Y</i> | 0.9250        | 8.6828       | 51.2711        |
|  | <i>Z</i> | 0.0301        | 7.9387       | 65.2683        |
| <i>RME</i>                             | <i>X</i> | 0.0150        | 10.0615      | 69.4739        |
|  | <i>Y</i> | 0.1728        | 7.2644       | 28.1680        |
|  | <i>Z</i> | 0.0743        | 9.5572       | 26.6257        |
| <i>RMM</i>                             | <i>X</i> | 0.0818        | 13.6552      | 76.3706        |
|  | <i>Y</i> | 0.5163        | 9.0203       | 26.3895        |
|  | <i>Z</i> | 0.0402        | 10.7214      | 62.3706        |
| <i>RTT</i>                             | <i>X</i> | 0.0059        | 11.8425      | 26.3895        |
|  | <i>Y</i> | 4.6322        | 9.4431       | 25.5240        |
|  | <i>Z</i> | 2.2817        | 7.6782       | 27.8042        |

Tabella 4.55: RMSD minimo, massimo e medio calcolati tra le traiettorie dei punti di repere anatomico del 2° e del 3° operatore ricavate con il protocollo C.A.S.T.

Per quanto riguarda il confronto intra-operatore, i valori medi di RMSD (Tabelle 4.1 e 4.2) degli stessi punti di repere sono anch'essi elevati, ma in questo caso non sono presenti delle irregolarità simili nel grafico. Purtroppo questi risultati dimostrano l'elevata incertezza nel ricostruire le traiettorie dell'epicondilo mediale e laterale destro da *tracking* a video, come per altro avviene anche in stereofotogrammetria (Chiari et al. [11, 12, 13]). Un simile risultato mette in evidenza come nell'applicazione del metodo C.A.S.T. risulti cruciale il posizionamento dei cluster per calibrare i punti di repere anatomico del femore. I marker del cluster del femore sono stati disegnati direttamente sulla cute in modo da formare un rombo. Poiché il cluster spazia

su una zona ampia di tessuto molle, è probabile che durante il movimento, il cluster cambi forma. A questo artefatto si è ovviati in fase di ricostruzione con l'applicazione del metodo che utilizza la *Singular Value Decomposition* (SVD) alla stima dei cluster come suggerito nel lavoro di U. Della Croce et al. [12]. Di conseguenza le discrepanze notate sulle traiettorie dei punti di repere anatomico, si propagano pure sulle traiettorie dei centri articolari e sugli angoli, ma in modo minore dato che l'errore manuale del *video tracking* è attenuato nella fase di elaborazione dei dati. Siccome l'angolo è una variabile meno sensibile alle sorgenti di errore nell'analisi di ripetibilità per poter comprendere meglio l'entità degli errori è buona norma osservare le traiettorie 3D dei marker.

Per quanto riguarda le traiettorie dei punti di repere anatomico relativi al protocollo Anatomical Landmark del terzo operatore si può osservare che le *feature* hanno posizioni completamente differenti, questo spiega il perché l'RMSD medio risulti molto elevato. Poiché si tratta dei punti di repere della caviglia, ovvero l'apice distale del malleolo mediale e laterale destro, si pone l'attenzione sull'influenza dell'esperienza dell'operatore nella digitalizzazione manuale delle *feature* in *gait analysis*. I primi due operatori sono esperti per quanto riguarda il *tracking* di *feature* da immagini video nel contesto dell'analisi del passo, mentre il terzo operatore è esperto nelle operazioni di *tracking* con marker in stereofotogrammetria e non di *tracking* di *feature* da immagini video per questo preciso compito. Da qui si deduce, appunto, la difficoltà nell'inseguire visivamente movimenti veloci che non si è abituati a

vedere. Nella fase di *swing* del ciclo del passo (paragrafo 2.5), il piede compie una serie di movimenti, quali la rotazione e la flessione della caviglia, veloci e difficili da osservare. Tuttavia questo problema non si verifica solamente con il terzo operatore nell'analisi di ripetibilità.

Per quanto riguarda il confronto tra i protocolli utilizzati nell'analisi marker-based spiccano delle differenze consistenti per quanto riguarda il confronto tra il protocollo Anatomical Landmark e il protocollo C.A.S.T. ottenute con il metodo di triangolazione SVD. Per quanto riguarda invece il paragone che coinvolge i risultati dello stesso confronto, ma ottenuti con il metodo di triangolazione lineare, si riporta un errore medio minimo. Come nel calcolo di ripetibilità l'errore riscontrato negli angoli articolari è, in rapporto, minore rispetto a quello osservato nelle traiettorie dei centri articolari e dei punti di reperi anatomico.

Nella sezione 4.3.2 inerente al confronto diretto tra tecnica markerless e marker-based in ambiente acquatico emerge subito come il metodo markerless si avvicini di più alle fasce di normalità rispetto al metodo basato sui marcatori. Questo si traduce in termini statistici per mezzo degli elevati valori di RMSD medio (vedi le tabelle 4.51, 4.52 e 4.53), che relazionano i due protocolli marker-based con il metodo markerless.

Tale differenza è apprezzabile anche nelle traiettorie dei centri articolari, dove le traiettorie dei due protocolli procedono in modo pressoché identico, (nelle tabelle 4.47, 4.48, 4.49 e 4.50) e gli RMSD medi presentano variazioni dell'ordine del millimetro, mentre nella seconda e la terza riga delle tabelle



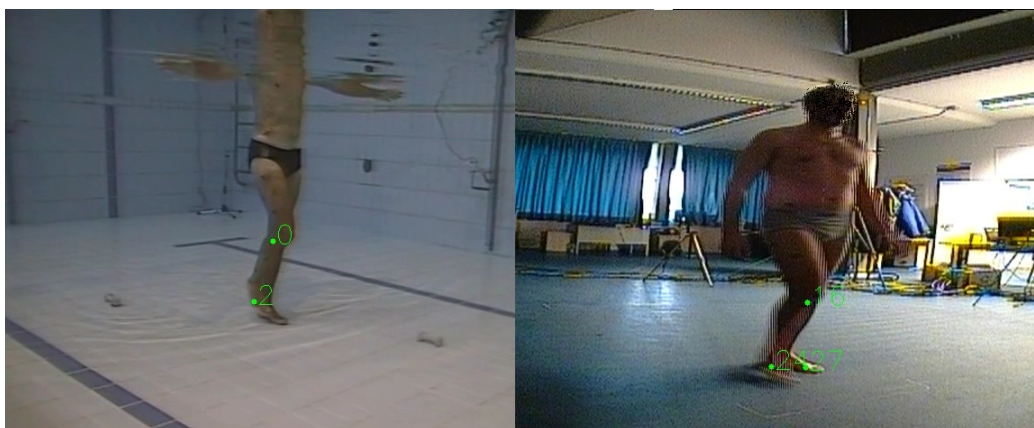


Figura 4.4.1: Immagini delle sequenze di acquisizione in acqua (a sinistra) e a secco (a destra)

appena citate, nel confronto con il markerless si hanno variazioni di alcune decine di millimetro. Tuttavia gli angoli dell'anca e del ginocchio del metodo C.A.S.T. si avvicinano di più agli angoli ricavati con la tecnica markerless contrariamente a quanto accade per il secondo protocollo.

Per quanto riguarda l'analisi dei dati ottenuti dalle acquisizioni a secco (sezione 4.3.1), le discrepanze tra i due metodi marker-based appaiono ridotte. Infatti da un'analisi dei grafici relativi agli angoli articolari si è appurato che buona parte degli angoli, generati con il protocollo Anatomical Landmark, appaiono coerenti con le relative fasce di normalità, al contrario di quanto accade in acqua.

Da un'osservazione accurata dei dati, dato che i cicli del passo si riferiscono allo stesso soggetto, è possibile notare che il soggetto stesso ha adottato strategie di cammino differenti nelle due diverse prove: nella prova di cammino in acqua il soggetto ha compiuto una flessione dell'anca e del ginocchio



Figura 4.4.2: Esempio di sottrazione dello sfondo di un'immagine: a sinistra è rappresentato il monitoraggio di un punto del cluster della gamba destra in ambiente asciutto, a destra è rappresentata la segmentazione dello stesso frame

minore rispetto a quella a secco. Per quanto riguarda gli angoli articolari caviglia gli angoli rilevati sono molto instabili. Infatti dalla figura 4.4.1 si notano chiaramente le difficoltà nel distinguere i punti relativi alla prima (RVM) e la quinta (RIM) testa metatarsale del piede e questo spiega le incongruenze nella stima degli angoli che da essi derivano con la tecnica marker-based considerata. Per l'appunto, come illustrato in figura 4.4.2, è evidente la differenza della qualità dei dati elaborati.

# Capitolo 5

## Conclusioni

L'obiettivo del presente lavoro di tesi è stato lo sviluppo di un metodo appropriato per consentire il confronto tra due tecniche di analisi del cammino in acqua, markerless e marker-based. L'oggetto scelto per il confronto è stato il pattern tempovariante delle traiettorie 3D dei centri articolari, delle traiettorie dei relativi angoli articolari. Entrambe le tecniche sfruttano la registrazione di sequenze video ottenute per mezzo di telecamere subacquee calibrate e sincronizzate tra loro.

La prima tecnica consiste nel disegnare sulla cute del soggetto dei marcatori in particolari punti di repere anatomici, secondo due protocolli di analisi del cammino, nella fattispecie il C.A.S.T. (Cappozzo 1995) e lo IOR-Gait (Leardini 2007, qui chiamato Anatomical Landmark). La ricostruzione delle traiettorie 3D nel caso marker-based avviene attraverso una procedura di *automatic tracking di feature*, della quale viene verificata l'affidabilità attraverso

so l'esecuzione di un'analisi di ripetibilità inter-operatore e intra-operatore, che ha permesso di mettere in luce gli aspetti più cruciali di questa tecnica. La seconda tecnica non richiede una preparazione particolare del soggetto e si basa sulla ricostruzione del volume del soggetto operando una proiezione delle sagome ottenute durante la sottrazione dello sfondo delle immagini (applicando l'algoritmo sviluppato da Corazza et al. 2006 nella versione [41]).

La caratteristica principale del metodo proposto per il confronto tra la stima della cinematica articolare eseguita tramite le due tecniche, è quella di utilizzare le medesime acquisizioni simultaneamente acquisite con le stesse telecamere. Al fine di agevolare il confronto all'interno di questa tesi si è sviluppato un algoritmo per la visualizzazione delle traiettorie 3D tramite i software specifici per l'analisi stereofotogrammetrica. Questo ha consentito di poter elaborare i dati attraverso i codici precedentemente sviluppati presso il Laboratorio di Bioingegneria del Movimento del Dipartimento d'Ingegneria dell'Informazione di Padova e quindi di consentire il confronto diretto tra i due metodi a partire dallo stesso calcolo dei *range* articolari. Il metodo di confronto adottato si è basato poi sul calcolo dell'RMSD medio tra coppie di angoli articolari sui tre piani e tra coppie di traiettorie di centri articolari (sempre 3D).

Dai dati ottenuti dalla ricostruzione delle traiettorie dei centri articolari 3D è emerso come il metodo C.A.S.T. consenta di ricostruire le traiettorie per un maggior numero di frame e quindi di permettere la ricostruzione dell'intero ciclo del passo, al contrario del metodo Anatomical Landmark.

Questo conferma quanto già dimostrato da S. Ceccon et al. in [43], in quanto grazie al metodo C.A.S.T. è possibile sopperire maggiormente alla presenza di occlusioni che prevengono l'identificazione dei punti di repere attraverso il loro *tracking* diretto. Questo grazie alla possibilità di ricostruire le traiettorie dei centri articolari a partire dal *tracking* di cluster di marker opportunamente posizionati in zone maggiormente visibili [44].

Per quanto riguarda il calcolo della ripetibilità i risultati confermano la maggior attendibilità del metodo C.A.S.T. che viene influenzato in maniera minore dall'abilità del singolo operatore che effettua la procedura di *tracking*.

I risultati relativi al confronto tra gli angoli articolari e le fasce di normalità (ottenute presso il laboratorio in un lavoro precedente di Sawacha et al. [43]) hanno permesso di concludere che il metodo C.A.S.T. e l'approccio markerless sono i più indicati per la stima della cinematica articolare degli arti inferiori in ambiente acquatico.

Le criticità principali riscontrate in questo studio possono essere riassunte nella difficoltà di impostazione dei parametri durante la procedura di sottrazione dello sfondo per quanto riguarda la tecnica markerless, e le difficoltà nel rilevare le posizioni dei marker durante l'operazione di *video tracking*. Tutto ciò è dovuto alla cattiva illuminazione e alla presenza di riflesso in ambiente acquatico. Non a caso nella tecnica basata sui marcatori, il vantaggio del protocollo C.A.S.T., per il quale l'identificazione dei punti di repere avviene per mezzo di un insieme di cluster, ha permesso di ottenere delle traiettorie complete rispetto al secondo protocollo.

È chiaro che un impiego maggiore di telecamere ad alta risoluzione e frequenza di acquisizione, potrebbe aumentare il grado di precisione di entrambe le tecniche. Inoltre va considerato che i risultati presentati in questa tesi sono limitati ad un unico soggetto, pertanto per poter essere confermati necessitano dell'applicazione del metodo ad un più ampio numero di soggetti.







# Bibliografia

- [1] A. Menache, *Understanding Motion Capture For Computer Animation*, Morgan Kaufmann, 2011
- [2] R. Parent, *Computer Animation: Algorithms and Techniques*, Morgan Kaufmann, 2001
- [3] A. Cappello, A. Cappozzo, P.E. di Prampero, *Bioingegneria della Postura e del Movimento*, Pàtron Editore, 2003
- [4] V. Medved, *Measurement of Human Locomotion*, CRC Press, 2000
- [5] E. Muybridge, *Animals in Motion*, 1899
- [6] E. Muybridge, *The Human Figure in Motion*, 1901
- [7] R. Baker, *The History of Gait Analysis Before the Advent of Modern Computers*, Gait & Posture, 2007
- [8] L. Mündermann, S. Corazza, T. P Andriacchi, *The Evolution of Methods For the Capture of Human Movement Leading to Markerless Motion Capture for Biomechanical Applications*, Journal of NeuroEngineering and Rehabilitation, 2006
- [9] G. Johansson - *Visual Perception of Biological Motion and A Model For it's Analysis*, Perception & Psychophysics, 1973

- [10] D. Roetenberg, H. Luinge, P. Slycke, *Xsens MVN: Full 6DOF Human Motion Tracking Using Miniature Inertial Sensors*, Xsens Technologies, 2013
- [11] L. Chiari, U. Della Croce, A. Leardini, A. Capozzo, *Human Movement Analysis Using Stereophotogrammetry - Part 2: Instrumental Errors*, Gait & Posture, 2004
- [12] L. Chiari, U. Della Croce, A. Leardini, A. Capozzo, *Human Movement Analysis Using Stereophotogrammetry - Part 3: Soft Tissue Artifact Assessment and Compensation*, Gait & Posture, 2004
- [13] L. Chiari, U. Della Croce, A. Leardini, A. Capozzo, *Human Movement Analysis Using Stereophotogrammetry - Part 4: Assessment of Anatomical Landmark Misplacement and It's Effects on Joint Kinematics*, Gait & Posture, 2004
- [14] K. Byron, L. Pham, J. Situka, K. Kopecky, S. Zhang, *Markerless Motion Tracking*, Iowa State University, 2009
- [15] E. Ceseracciu, Z. Sawacha, S. Fantozzi, M. Cortesi, G. Gatta, S. Corazza, C. Cobelli, *Markerless Analysis of Front Crawl Swimming*, Journal of Biomechanics by Elsevier, 2011
- [16] S. Corazza, L. Mündermann, A. M. Chaudhar, T. Demattio, C. Cobelli, T.P. Andriacchi, *A Markerless Motion Capture System to Study Musculoskeletal Biomechanics: Visual Hull and Simulated Annealing Approach*, Annals of Biomedical Engineering, 2006
- [17] L. Mündermann, S. Corazza, Ajit M. Chaudharia, T. P. Andriacchia, A. Sundaesand, R. Chellappa, *Measuring Human Movement for Biomechanical Applications Using Markerless Motion Capture*, 2006
- [18] T. Leo, G. Rizzolatti, *Bioingegneria della Riabilitazione*, Pàtron Editore, 1987

- [19] J. Perry, *Analisi del Movimento*, Elsevier, 2005
- [20] A. Cappozzo, F. Catani, U. Della Croce, A. Leardini, *Position and Orientation in Space of Bones During Movement: Anatomical Frame Definition and Determination*, *Clinical Biomechanics*, Vol. 10, p. 171-178, 1995
- [21] J. Bray, *Markerless Based Human Motion Capture: A Survey*, Master's Thesis - Department Systems Engineering Brunel University, 2001
- [22] A. Mantoan, *Underwater Gait Analysis: A Markerless Approach*, Thesis - University of Padua, 2011
- [23] E. Ceseracciu, *New Frontiers of Markerless Motion Capture: Application to Swim Biomechanics and Gait Analysis*, Master's Thesis - University of Padua, 2011
- [24] M. Donati, *3D Reconstruction of The Human Skeleton During Motion*, Ph.D. Thesis - University of Bologna, 2006
- [25] E. S. Grood, W. J. Suntay, *A Joint Coordinate System For Clinical Description of Three Dimensional Motion: Application To The Knee*, *Journal of Biomechanical Engineering*, Vol. 105, p. 136-144, 1983
- [26] J.M. Lavest, G. Rives, J.T. Lapresté, *Dry Camera Calibration for Underwater Applications*, *Machine Vision and Applications*, 2003
- [27] C. Tomasi, T. Kanade, *Detection and Tracking of Point Features. Shape and Motion from Image Streams: a Factorization Method. Part III*, Technical Report, 1991
- [28] Jean-Yves Bouguet, *Camera Calibration Toolbox for Matlab®* ([http://www.vision.caltech.edu/bouguetj/calib\\_doc/](http://www.vision.caltech.edu/bouguetj/calib_doc/)), 2010
- [29] A. Fusiello, E. Trucco, T. Tommasini, V. Roberto, *Improving Feature Tracking with Robust Statistics*, *Pattern Analysis & Applications*, 1999

- [30] A. Leardini, Z. Sawacha, G. Paolini, S. Ingrosso, R. Nativo, M. G. Benedetti, *A New Anatomically Based Protocol for Gait Analysis in Children*, Gait & Posture, 2007
- [31] R.B Davis III, S. Ounpuu, D. Tyburski, J.R. Gage, *A Gait Analysis Data Collection and Reduction Technique*, Human Movement Science, 1991
- [32] M.E. Harrington, A.B. Zavatsky, S.E.M. Lawson, Z. Yuan, T.N. Theologis, *Prediction of the Hip Joint Centre in Adults, Children, and Patients With Cerebral Palsy Based on Magnetic Resonance Imaging*, Journal of Biomechanics by Elsevier, 2006
- [33] G. Wu, Frans C.T. Van Der Helm, H.E.J. (DirkJan) Veeger, M. Makhsous, P. V. Roy, C. Anglin, J. Nagels, A. R. Karduna, K. McQuade, X. Wang, F. W. Werner, B. Buchholz, *ISB Recommendation on Definitions of Joint Coordinate System of Various Joints for the Reporting of Human Joint Motion - Part I: Ankle, Hip, and Spine*, Journal of Biomechanics by Elsevier, 2005
- [34] D.C. Brown, *Close Range Camera Calibration*, DBA Systems, 1971
- [35] B. D. Lucas, T. Kanade , *An Iterative Image Registration Technique with an Application to Stereo Vision*, 1981
- [36] J. Shi, C. Tomasi. *Good Features to Track*, IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR94) Seattle, 1994
- [37] A. Laurentini, *The Visual Hull Concept for Silhouette-Based Image Understanding*, IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 1994
- [38] A. Bottino, A. Laurentini, *A Silhouette Based Technique for the Reconstruction of Human Movement*, 2000

- [39] L. Mündermann, S. Corazza, T. P. Andriacchi, *Markerless Motion Capture through Visual Hull, Articulated ICP and Subject Specific Model Generation*, IEEE Conference on computer vision and pattern recognition, 2007
- [40] G. Sommer, K. Daniilidis, *Computer Analysis of Images and Patterns*, CAIP, 7th International Conference, 1997
- [41] S. Corazza, E. Gambaretto, L. Mündermann, T. P. Andriacchi, *Automatic Generation of a Subject Specific Model for Accurate Markerless Motion Capture and Biomechanical Applications*, IEEE Transactions on biomedical engineering, 2010
- [42] L. Sudarsky, *Geriatrics: Gait disorders in the elderly*, 322:1441-1446, N Engl J Med, 1990
- [43] Z. Sawacha, G. Guarnieri, G. Cristoferi, A. Guiotto, *Diabetic Gait and Posture Abnormalities: A Biomechanical Investigation Through Three Dimensional Gait Analysis*, Clinical Biomechanics, 24(9):722-728, 2009
- [42] E. Ceseracciu, Z. Sawacha, S. Del Din, S. Ceccon, S. Corazza, C. Cobelli, *Comparison of markerless and marker-based motion capture technologies through simultaneous data collection during gait*, Gait and Posture, Volume 30, Suppl 1, Pp.14-15, 2009
- [43] S. Ceccon, E. Ceseracciu, Z. Sawacha, G. Gatta, M. Cortesi, C. Cobelli, S. Fantozzi, *Application of CAST technique to 3D motion analysis of front crawl swimming*, J Sports Sci. 31(3):276-87, 2012
- [44] A. Cappozzo, A. Cappello, U. Della Croce, F. Pensalfini, *Surface-marker cluster Design Criteria for 3D Bone Movement Reconstruction*, IEEE Trans Biomed Eng, 44(12):1165-74, Dec 1997



# Ringraziamenti

*Desidero ringraziare il mio relatore Prof. Claudio Cobelli e in particolare la mia correlatrice Prof.ssa Zimi Sawacha per avermi accolto come tesista e per la sua generosa disponibilità nell'avermi seguito durante la stesura della tesi.*

*Ringrazio tutte le ragazze del Laboratorio di Bioingegneria del Movimento del Dipartimento di Ingegneria dell'Informazione dell'Università di Padova, la Dott.ssa Fabiola Spolaor, l'Ing. Alessandra Scarton, l'Ing. Alice Mantoan, l'Ing. Annamaria Guiotto e il tecnico Martina Negretto.*

*Ringrazio l'Ing. e amico Alberto Rigato per avermi consigliato di svolgere la tesi presso il laboratorio di Bioingegneria del Movimento e per avermi aiutato durante la prima parte di questo lavoro.*

*Ringrazio tutti gli amici universitari e non, con cui ho condiviso momenti unici e indimenticabili.*

*Un grazie di cuore ai miei genitori,*

*Nerella e Bruno,*

*che mi sono sempre stati vicini nei momenti più difficili e mi hanno sempre supportato durante questo lungo percorso di studio.*