

Software de apoyo al análisis radiológico de tomografías axiales computarizadas

Alumnos: León Díaz Raúl Alberto, Osnaya Gómez Alexis Alan,
Ríos López José Alberto, Santiago Nieves Edgar Augusto.

Directores: Edgardo Franco Martínez, Jorge Luis Rosas Trigueros.

Escuela Superior de Cómputo I.P.N. México D.F.

Tel. 5729-6000 ext. 52000 E-mail: esantiago1300@alumno.ipn.mx.

Resumen: Este Trabajo Terminal propone el desarrollo de una herramienta de software para el análisis de estructuras internas del cuerpo humano. Mediante la aplicación de técnicas de análisis de imagen y algoritmos de clasificación, a la información obtenida a partir de una imagen DICOM (Digital Imaging Communication in Medicine), la cual es resultado de una TAC (Tomografía Axial Computarizada), se hace una reproducción de la densidad de los tejidos encontrados, con el fin de facilitar al médico y radiólogo la interpretación de estos estudios y reduciendo así el margen de error causado por el hombre.

Palabras clave: Análisis de imagen, Clustering, Densidad de tejidos, Segmentación, Tomografía axial computarizada.

I. Introducción

La TC (Tomografía Computarizada) es hoy en día una parte esencial del diagnóstico radiológico. Esta modalidad de imagen médico ha ido perfeccionando a través de los años y a lo largo de distintas generaciones. Comenzó

llamándose tomografía computarizada, posteriormente pasó a emplearse el término TAC (Tomografía Axial Computarizada), haciendo referencia al término axial; esto proviene de que la adquisición de la imagen se realiza por medio de cortes axiales del objeto [1].

Las TAC's son representadas media el formato DICOM (Digital Imaging and Communication in Medicine), el cual es el estándar para la representación de imágenes médicas digitales. DICOM provee las herramientas necesarias para la representación precisa usada en el diagnóstico y procesamiento de datos en imágenes. DICOM no es solamente una imagen o un formato de archivo es un protocolo de transferencia, almacenamiento y exhibición de datos, el cual es construido y diseñado para convertir todos los aspecto funcionales de la medicina contemporánea [2].

Uno de los métodos de análisis de imagen más utilizados es la segmentación, dentro de este, encontramos diversas técnicas que permiten un mejor análisis. En la segmentación de imágenes se analizan los datos transmitidos en la imagen y se hace una división de la información obtenida en

sus partes para obtener hasta un nivel de subdivisión en el que se aíslan las regiones u objetos de interés, con el fin de separar el formato y obtener la datos más relevantes y generar información de calidad [3].

El “clustering” es un nombre genérico para una variedad de métodos matemáticos, cientos de ellos, que pueden ser usados para encontrar qué objetos en un conjunto son similares. Por ejemplo, si nosotros reunimos un conjunto de piedras de la orilla de un arroyo, dados sus atributos de tamaño, forma y color, y acomodamos piedras similares en una pila, estaríamos físicamente implementando un análisis de “cluster”. Cada pila de piedras similares sería un “cluster” [4].

Los métodos matemáticos de “clustering” realizan esto matemáticamente. En lugar de acomodar los objetos reales, estos métodos modifican los objetos como información. Objetos con descripciones similares son matemáticamente agrupados en un “cluster”. De hecho si hiciéramos “clustering” a un conjunto de piedras físicamente, y después lo hiciéramos mediante métodos ya propuestos, deberíamos obtener esencialmente el mismo conjunto de “clusters” [4].

La imagenología médica, considera un conjunto de modalidades de adquisición de imágenes ya indicadas, las cuales se diferencian en cuanto a la naturaleza de los principios físicos involucrados en el proceso de adquisición. Adicionalmente existen diferencias en cuanto a la aplicación médica. Las modalidades más comunes de imagenología médica son los rayos X, la tomografía computarizada, la resonancia magnética nuclear y la imagenología por ultrasonidos [5].

II. Metodología

El software de apoyo al análisis radiológico de tomografías axiales computarizadas constara de tres módulos principalmente: decodificación, tratamiento, visualización.

- Decodificación: El sistema necesita como dato de entrada la ruta de una

carpeta que contenga archivos en formato DICOM, en este módulo decodificara la información accediendo a varios campos contenidos en el archivo enfocándonos en la matriz de densidades que nos proporciona este archivo.

- Tratamiento: Este módulo se dividirá en 4 sub-módulos que son: umbralización, segmentación, clasificación y análisis. Permitirá aplicar cualquiera de los tratamientos a la imagen anteriormente comentados.
- Visualización: El sistema desplegara la información obtenida a partir del primer módulo de dos maneras, en 2D y en 3D. Para el caso de 2D se mapea la matriz UH a una escala de grises para finalmente asignarlo a cada pixel en una matriz de 512 x 512 y en el caso de 3D se utiliza la herramienta VTK que a partir de un archivo DICOM reconstruye la imagen en 3D.

Entrando más a fondo al módulo de tratamiento se detallarán los cuatro submódulos que lo componen a continuación:

Umbralización: La umbralización es un procedimiento simple pero efectivo para segmentar imágenes en las cuales diferentes estructuras tienen intensidades contrastantes u otras características cuantificables. A menudo la partición de la imagen se genera en interacción con el usuario aunque también existen métodos automatizados.

La umbralización a menudo es utilizada como la primera de las operaciones en una secuencia de procesamiento de imágenes. Se ha aplicado en mastografías digitales, en las cuales usualmente hay presentes dos clases de tejidos –sanos y con tumores.

Su principal limitación, es que en su forma más simple, sólo se generan dos clases y no se puede aplicar a imágenes multicanales. Además, la umbralización comúnmente no toma en cuenta las características espaciales de la imagen. Esto causa que sea sensible a las inhomogeneidades de ruido e intensidad, lo cual puede pasar en la resonancia magnética. Ambos sucesos corrompen de manera significativa el

histograma de la imagen haciendo más difícil la separación. Por estas razones, se han propuesto variaciones a la umbralización clásica aplicada en imágenes médicas basadas en intensidades y conectividad.

Clasificación: Los métodos clasificadores son técnicas de reconocimiento de patrones que buscan una partición a una característica espacial dada por una imagen usando datos con etiquetas conocidas. Una característica espacial es un rango de espacio de cualquier función de una imagen, siendo la característica espacial más común las intensidades de la imagen. Todos los píxeles con sus características asociadas son agrupados en una clase en el lado izquierdo de la partición. Los clasificadores son conocidos como métodos supervisados ya que requieren de datos entrenados que son segmentados manualmente y se usan como referencia para segmentar automáticamente nuevos datos. Hay muchas maneras en la cual los datos entrenados puedan ser aplicados a métodos clasificadores. Un clasificador simple es el clasificador de vecino más cercano, en el cual cada píxel es clasificado en la misma clase donde están los datos entrenados con la intensidad más cercana. [6]

Los dos métodos utilizados para clasificar regiones dentro de la tomografía axial computarizada fueron:

1. **KMeans:** En el clustering de K-medias, particiona una colección de datos en k números de grupos de datos. Clasifica un conjunto de datos ya dados en k números de clúster desarticulados. El algoritmo de K-medias es separado dos fases. En la primer fase se calcula el centro k y en la segunda fase se traslada cada punto al clúster en el cual tiene el centro más cercano desde su respectivo punto de dato. Hay diferentes métodos que definen la distancia entre el centro más cercano y uno de los métodos más utilizados es la distancia Euclidiana. Una vez que el agrupamiento ya se realizó se recalcula un nuevo centro para cada clúster y basado en ese centro, una nueva distancia Euclidiana es calculada entre cada centro y cada punto y asigna los puntos al clúster que tiene la mínima

distancia Euclidiana. Cada clúster en la partición es definido por sus objetos miembros y por su centro. El centro de cada clúster es el punto en el cual la suma de distancias de todos los objetos en el clúster es minimizada. Por lo tanto K-medias es un algoritmo iterativo en el cual se minimiza la suma de las distancias de cada objeto hacia el centro del clúster.

2. **Fuzzy CMeans:** a itera entre las probabilidades posteriores y calcula la máxima probabilidad estimada de la media, covarianzas y coeficientes mezclado de un modelo mixto.

Segmentación: La segmentación en el campo de la visión artificial es el proceso de dividir una imagen digital en varias partes (grupos de píxeles) u objetos. El objetivo de la segmentación es simplificar y/o cambiar la representación de una imagen en otra más significativa y más fácil de analizar. La segmentación se usa tanto para localizar objetos como para encontrar los límites de estos dentro de una imagen. Más precisamente, la segmentación de la imagen es el proceso de asignación de una etiqueta a cada píxel de la imagen de forma que los píxeles que compartan la misma etiqueta también tendrán ciertas características visuales similares. [6]

Los dos utilizados para segmentar una tomografía axial computarizada fueron:

1. **Región Creciente:** El método de región creciente es una técnica para extraer una región de la imagen que esta conectada basada en un criterio predefinido. Este criterio puede estar basado en la intensidad y/o bordes de la imagen. En su forma más simple, la región creciente requiere una semilla que es seleccionada manualmente por el operador y extrae todos los píxeles con el método de región creciente es una técnica para extraer una región de la imagen que está conectada basada en un criterio predefinido. Este criterio puede estar basado en la intensidad y/o bordes de la imagen. En su forma más simple, la región creciente requiere una semilla que es seleccionada manualmente por el operador y extrae todos los

pixeles conectados a la semilla inicial basado en un criterio predefinido conectado a la semilla inicial basado en un criterio predefinido.
[6]

2. **Split and Merge:** Esta técnica intenta solucionar los problemas de ruido y los falsos bordes usando una medida controlada de homogeneidad. El objetivo es segmentar automáticamente la imagen en un mínimo número de regiones que intentan representar áreas de uniformidad, produciendo bordes con características relacionadas con la resolución de la imagen. La alternativa aproximada de región creciente inicia con un valor de semilla e intenta encontrar la extensión de una región local que obedece al criterio de homogeneidad dado por la semilla. Normalmente el algoritmo comienza con la hipótesis de que la imagen completa es una única región, entonces analiza la homogeneidad de la misma (mediante un cierto criterio y propiedades). Si existe homogeneidad, la imagen se encuentra ya segmentada, si no es así, entonces la región es dividida en 4 regiones. Este proceso se repite para cada una de las regiones generadas hasta que el proceso de división no puede llevarse a cabo.
[6]

Análisis: El sistema proporciona un conjunto de herramientas para apoyar al usuario con el análisis de la imagen dándole otra perspectiva de la misma, esta serie de herramientas son (zoom, distancia entre dos puntos, unidad de Hounsfield por pixel, unidad de Hounsfield por región, seleccionar región, rotar 90 grados a la derecha o izquierda, exportar imagen, reconstruir en 3D).

III. Resultados

Se realizó una comparación de los resultados que nos brindan los diferentes módulos con sus respectivos algoritmos sobre una tira de archivos DICOM.

En la figura se muestra una umbralización de la imagen por definición tomando como base la escala de Hounsfield que nos

proporciona diferentes densidades dependiendo el tejido o sustancia como se muestra en la figura 1, en este caso se umbraliza la grasa.

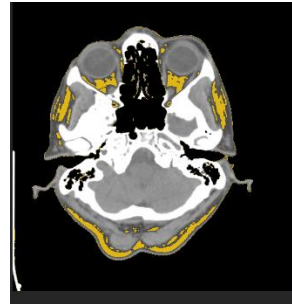


Figura 1: TAC en donde se umbraliza la grasa.

Teniendo en la clasificación dos métodos como lo es KMeans y Fuzzy CMeans en la figura 2 se podrá observar el algoritmo KMeans mientras que en la figura 3 se mostrará el algoritmo Fuzzy CMeans, teniendo los dos un común de 6 centros definidos.

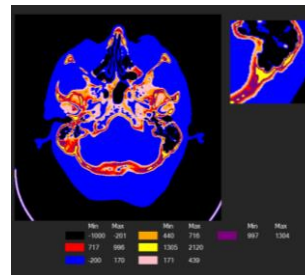


Figura 2: TAC en donde se clasifica con el método de KMeans.

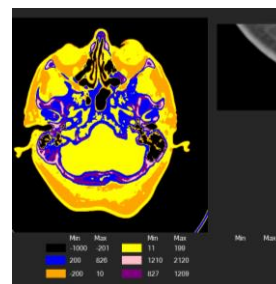


Figura 3: TAC en donde se clasifica con el método de Fuzzy C-Means.

La segmentación ayuda a ver diferentes grupos en la imagen quitando ruido o falsos bordes, en la figura 4 se muestra una segmentación con la técnica de región creciente que es de forma manual ya que se ingresa una semilla inicial y en la figura 5 se

muestra de forma automática con el método de Split and merge.

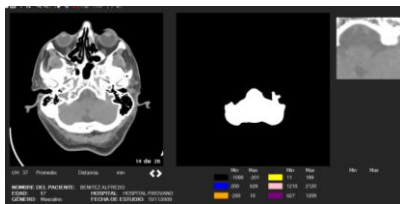


Figura 4: TAC en donde se clasifica con el método de Fuzzy C-Means.

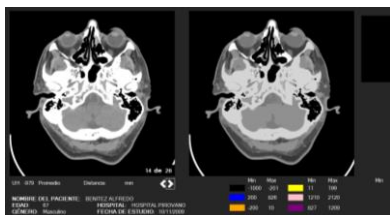


Figura 5: TAC en donde se clasifica con el método de Fuzzy C-Means.

IV. Conclusiones

- El problema a resolver originalmente era poder ampliar las herramientas que tienen los visores actuales de archivos DICOM haciéndolos accesibles a cualquier usuario.
- Un tipo de tratamiento de forma solitaria no da una ventana amplia de interpretación pero al combinar diferentes tipos de tratamientos aplicándose de diferentes formas incrementa la perspectiva que tiene uno al momento de analizar la imagen.
- Los métodos no supervisados pueden dar una segunda opinión ya que estos buscan sin contemplar alguna condición inicial del usuario y puede mostrar detalles que a simple vista no se percatan.
- La propia implementación de los algoritmos sin usar ninguna librería amplía el manejo que podemos tener sobre los datos que, en nuestro caso los tratamientos no se hacen sobre una escala de grises si no sobre las propias unidades de Hounsfield.

Referencias

- [1] Suárez Cuencia, "Desarrollo de un sistema de diagnóstico asistido por computador para detección de nódulos pulmonares en tomografía computarizada multicorte.", Doctorado, Universidad de Santiago de Compostela, facultad de física, 2009.
- [2] O. Pianykh, Digital Imaging and Communications in Medicine (DICOM), 2nd ed. New York: Springer-Verlag, 2012.
- [3] P. Real, "Tema 4: Segmentación de imágenes", 2016. [Online]. Available: <http://alojamientos.us.es/gtocom/pid/tema4.pdf>. [Accessed: 17- Sep- 2016].
- [4] C. Romesburg, Cluster Analysis for Researchers, 1st ed. North Carolina: Lulu Press, 2004, p. 2.
- [5] E. Franco Martínez, "Análisis digital de imágenes tomográficas sin contraste para la búsqueda de tumores cerebrales.", Maestría, Centro De Investigación Y De Estudios Avanzados Del Instituto Politécnico Nacional, Departamento De Computación, 2011.
- [6] D. L. Phalm, C. Xu, and J. L. Prince, "Current methods in medical image segmentation," Annual Review of Biomedical Engineering, vol. 2, p. 315, 2000.