

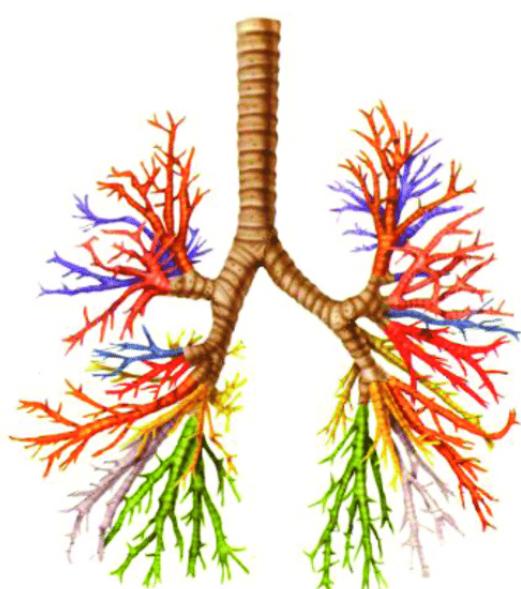
ESERCITAZIONE 6 22/04/2021 (Analisi albero polmonare)

L'analisi dell'albero polmonare è importante in pazienti con insufficienza respiratoria, nei quali per varie patologie si può avere un restringimento del lume bronchiale o una stenosi dei tratti terminali dell'albero. In un soggetto normale le dimensioni delle varie componenti dell'albero sono quelle in figura.

Attraverso immagini CT ad alta risoluzione è possibile misurare nel singolo paziente la struttura e le dimensioni dell'albero e verificare la presenza di patologie.

	Generation	Diameter, cm	Length, cm	Number	Total cross-sectional area, cm ²	
conducting zone	trachea	0	1.80	12.0	1	2.54
	bronchi	1	1.22	4.8	2	2.33
		2	0.83	1.9	4	2.13
	bronchioles	3	0.56	0.8	8	2.00
		4	0.45	1.3	16	2.48
	terminal bronchioles	5	0.35	1.07	32	3.11
		16	0.06	0.17	6×10^4	180.0
transitional and respiratory zones	respiratory bronchioles	17				
		18				
		19	0.05	0.10	5×10^5	10^3
	alveolar ducts	T ₃ 20				
		T ₂ 21				
		T ₁ 22				
	alveolar sacs	T 23	0.04	0.05	8×10^6	10^4

A questo scopo è necessario ricavare la struttura dell'albero per verificare la lunghezza dei vari tratti (seconda colonna della tabella) e misurare il diametro dei vari tratti (prima colonna della tabella).



Una demo di un software di questo tipo è visibile a https://www.youtube.com/watch?v=y0CB6Ko_QF4.

Questo tipo di software si basa su operazioni di segmentazione dell'albero bronchiale e di estrazione della struttura dell'albero attraverso algoritmi di skeletonization.

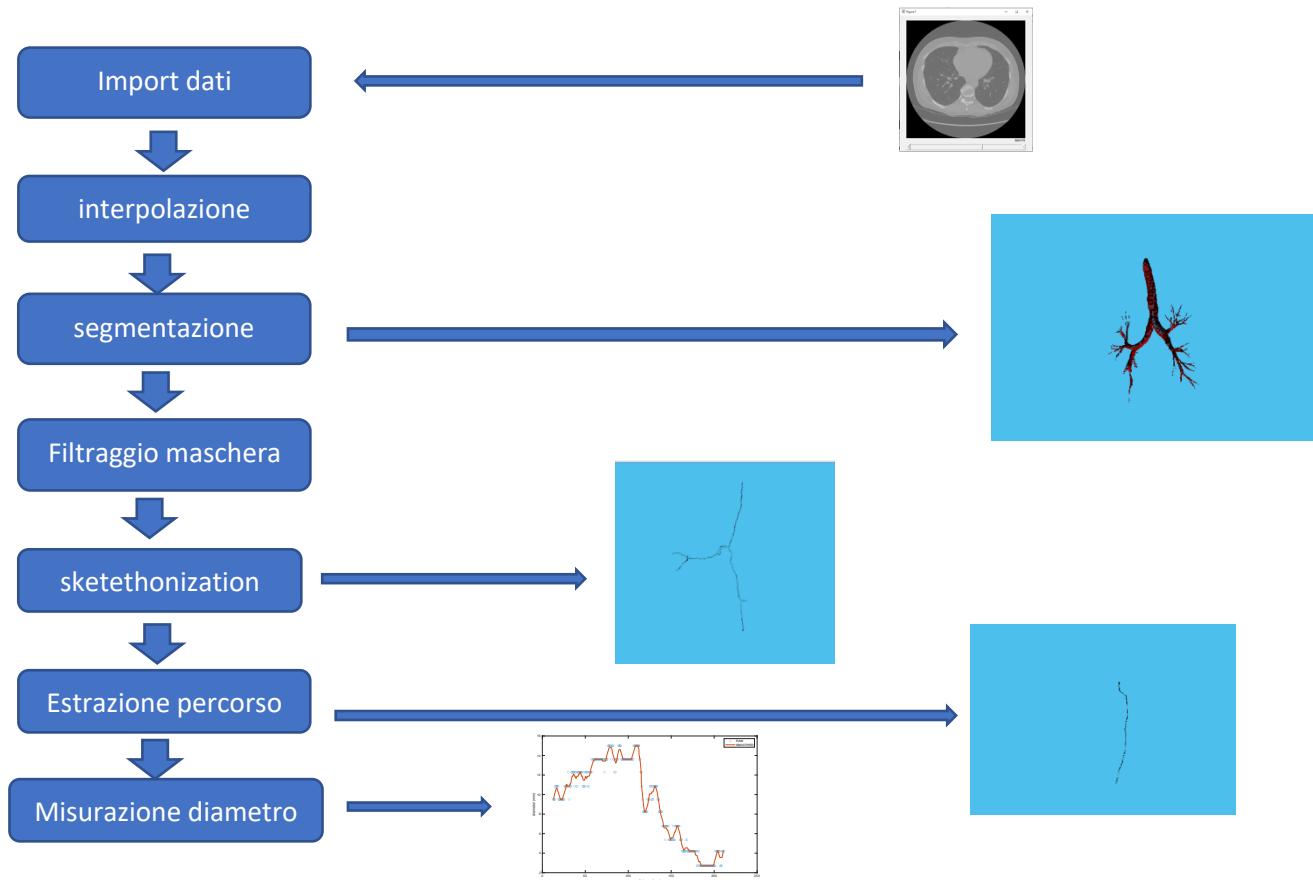
L'esercitazione prevede lo sviluppo di una versione semplificata del software.

In particolare vogliamo ottenere due obiettivi:

- Estrarre dall'immagine l'albero bronchiale (quindi il lume dei bronchi)
- Misurare il diametro dell'albero scendendo lungo i bronchi.

Naturalmente faremo delle ipotesi semplificative rispetto alle tecniche effettivamente utilizzate nei software clinici. In particolare le immagini fornite coprono solo la prima biforcazione.

La flow chart del software sarà costituita da una serie di blocchi del tipo:

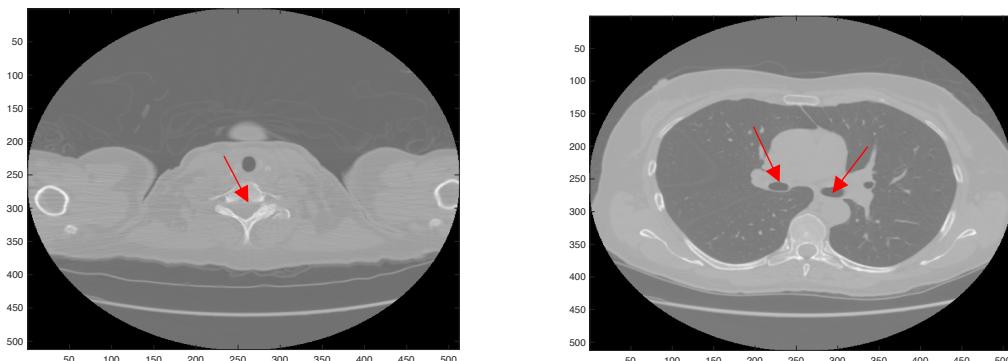


Il set di dati utilizzato proviene dal Cancer Imaging Archive (<https://www.cancerimagingarchive.net/>), una repository di dati biomedici anonimizzati che possono essere utilizzati liberamente a scopi di ricerca. I dati sono "labelati" da operatori esperti e quindi possono anche costituire una base di conoscenza per la validazione di algoritmi di analisi dell'immagine. Nel nostro caso utilizziamo le immagini di un paziente dello studio LIDC-IDRI (<https://wiki.cancerimagingarchive.net/display/Public/LIDC-IDRI>) dedicato all'identificazione dei noduli polmonari. Nel nostro caso invece l'obiettivo è studiare l'albero bronchiale del paziente.

Il set di dati è una immagine 3D del torace composta da 148 slice ognuna memorizzata in un file DICOM. Rispetto al volume originale abbiamo la sezione che comprende solo la trachea e i bronchi. I dati DICOM sono memorizzati come numeri di Hounsfield, per cui per leggere correttamente i dati con il MATLAB bisogna fare riferimento ai campi RescaleSlope ed RescaleIntercept che la funzione dicomread non utilizza correttamente.

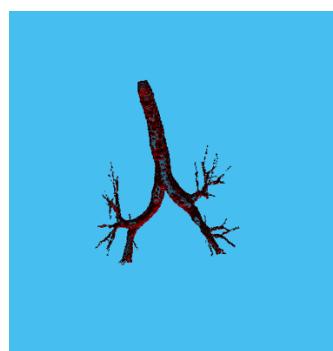
Il volume una volta caricato in un array può essere visualizzato con la funzione ***sliceViewer***.

Scorrendo le slides si individua nella prima la trachea, che esplorando il volume si suddivide nei due rami bronchiali principali. Il segnale all'interno dell'albero bronchiale è quello dell'aria quindi intorno al valore $H = -1000$.



Il volume ottenuto caricando i dati DICOM in generale non sarà isotropo. E quindi necessario verificare se il volume è isotropo (voxel cubici) ed in caso contrario interpolarlo in modo da ottenere dei voxel cubici. L'interpolazione si effettua mantenendo costante il FOV dell'immagine (dimensione voxel x numero voxel nelle tre dimensioni). Tipicamente si pone la dimensione del voxel del volume interpolato pari alla dimensione del pixel (massima risoluzione).

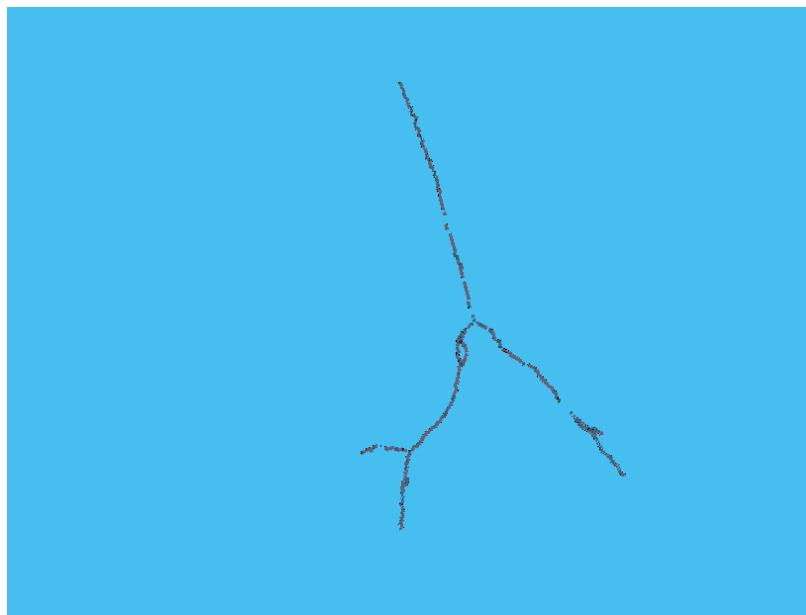
Volendo segmentare il lume dei bronchi, è ragionevole utilizzare un algoritmo di tipo region growing che parta da un seed da definire al livello della trachea. Il MATLAB non implementa l'algoritmo di region growing in 3D, per cui è necessario implementare questa funzione. Come esempio si fornisce la funzione ***regionGrowing3D***. La funzione prende in ingresso l'immagine 3D, la tolleranza dell'algoritmo ed il seed e restituisce la maschera dell'oggetto segmentato. Come si osserva la funzione utilizza come riferimento per il valore di segnale la media del segnale sulla segmentazione effettuata fino ad un certo punto del ciclo. L'intorno può essere definito come un cubo (26 connessioni) o una sfera (6 connessioni). È naturalmente possibile modificare la funzione per ottimizzare le prestazioni. La funzione è lenta (qualche minuto) quindi una volta effettuata la segmentazione è opportuno salvare la maschera in modo da poterla caricare per ottimizzare le operazioni seguenti. Il risultato dell'algoritmo di region growing sarà una maschera del tipo in figura (visualizzazione con ***volumeViewer***):



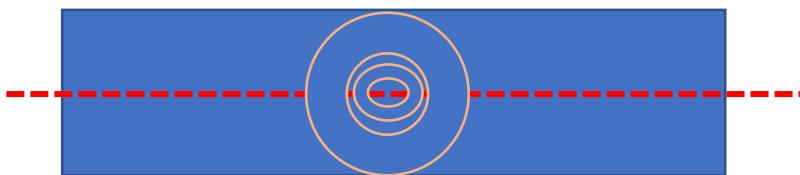
La maschera ottenuta deve essere raffinata attraverso l'uso di filtri che eliminino eventuali "buchi" dovuti alla mancata inclusione di alcuni voxel. Infatti, pixel di background spuri all'interno della maschera farebbero fallire l'algoritmo di skeletonization. La funzione **bwmorph3** implementa alcuni algoritmi di filtraggio, quali 'fill' e 'majority' adatti allo scopo. Oppure si può eseguire un algoritmo di labeling sul background ed identificare i "buchi" nella maschera come tutti i blob tranne il più grande.

Ottenuta la maschera dell'albero bronchiale, si ottiene la centerline attraverso un algoritmo di skeletonization implementato in MATLAB dalla funzione **bwske1**. Per ottenere uno scheletro più "pulito" è utile l'opzione '*MinBranchLength*' che permette di determinare la minima lunghezza di un braccio dello scheletro. Lo scheletro risultante sarà simile a quello in figura. La funzione ritorna una maschera non nulla dei voxel appartenenti allo scheletro.

Ottenuto lo scheletro la funzione **bwmorph3** permette di elaborarlo. Le opzioni '*clean*', '*fill*', '*remove*' permettono di raffinare la forma dello scheletro. L'opzione '*endpoints*' ritorna i punti terminali dello scheletro, nel nostro caso può essere utilizzata per individuare l'inizio e la fine di un tratto dell'albero bronchiale.



Per la misura del diametro del lume si adopera il metodo della sfera, che viene utilizzato nella caratterizzazione di condotti cavi quali i vasi sanguigni. Nel metodo della sfera si considera il diametro del lume pari al diametro della massima sfera con centro situato nel centro di simmetria del vaso (nel nostro caso definito dallo scheletro) inscrivibile nel vaso stesso. In termini algoritmici la sfera è inscrivibile se tutti i suoi voxel appartengono alla maschera del lume.

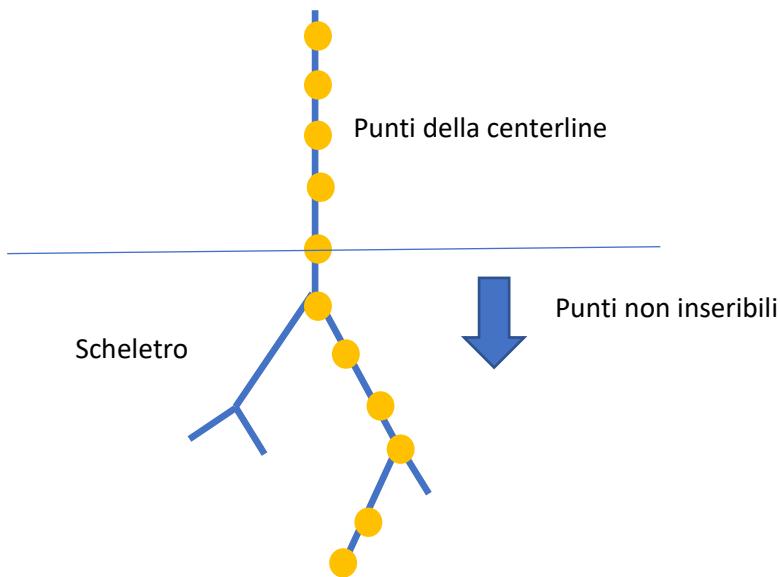


L'algoritmo per ogni punto della 'centerline' prova ad inserire sfere di raggio via via maggiore fino a quando la sfera non oltrepassa la maschera del lume. A quel punto memorizza il diametro dell'ultima sfera inscritta.

Definire la centerline su cui fare la misura per una struttura ramificata come l'albero bronchiale non è banale visto che il numero di percorsi possibili è alto. Di solito si utilizza un approccio simile a quello di Canny per la

costruzione dei contorni dalle maschere in cui si tiene conto della distanza dei punti e della direzione di propagazione. Può essere utile la funzione **strel** che genera un kernel 3D di forma sferica.

Nel nostro caso possiamo semplificare il problema partendo da un ramo terminale dello scheletro (coordinata z alta) ed andare ad includere punti dello scheletro andando a cercare in modo iterativo il punto più vicino e cancellando dalla lista i punti con valore della coordinata z minore di quella del punto inserito.



La variazione del diametro lungo la centerline partendo dalla trachea dovrebbe risultare un grafico di questo tipo, con un diametro della trachea dell'ordine dei 15-18 mm ed un diametro dei bronchi primari dell'ordine dei 10-12 mm.

