

Segmentación de pulmones en imagen CT torácica

Pablo Fernández Pérez

December 26, 2023

1 Esquema global del método.

Para abordar este problema, se ha desarrollado un algoritmo que consta de los siguientes pasos:

1. Conversión de la imagen a escala de grises si es necesario:
En primer lugar, se comprueba si la imagen está en escala de grises. En caso de no ser así, se transforma con `color.rgb2gray` de Scikit-Image.
2. Expansión del histograma de la imagen:
Este paso se realiza para distinguir mejor los distintos objetos de la imagen. Para esta tarea se ha implementado una función que, para realizar el cálculo, toma como valor mínimo de la imagen el más pequeño distinto de 0, puesto que en estas imágenes el negro no forma parte de la región de interés. Cabe mencionar que también se ha barajado la posibilidad de realizar una ecualización o de directamente trabajar con la imagen original, pero ambas opciones fueron finalmente descartadas. La primera porque terminaba dificultando la segmentación al resaltar demasiado las diferencias de intensidades en el interior del pulmón y, la segunda, porque no permitía separar correctamente la tráquea o bronquios principales cuando estaban muy pegados a los pulmones.
3. Segmentación de la imagen:
Como en el contexto de la segmentación de pulmones en imágenes CT torácicas la variación de intensidad de los píxeles es uno de los aspectos más importantes, se ha optado por utilizar el algoritmo de Otsu para encontrar un umbral global óptimo que permita separar los pulmones de otros tejidos. Otra opción podría haber sido utilizar un umbral fijo, pero Otsu calcula el umbral óptimo de forma automática basándose en la distribución de intensidades de la imagen por lo que es más flexible y robusto frente a variaciones. Dicho esto, para proceder con la segmentación, en primer lugar se debe obtener el umbral de Otsu para el área de interés (que está dentro de un círculo encuadrado en la imagen). Esto se consigue calculando una máscara circular para usarla en `filters.threshold_otsu` de Scikit-Image. A partir de este umbral se obtiene la imagen binaria. Es necesario destacar que para realizar la segmentación se resta 0.055 al umbral obtenido. Con esta resta, se ajusta el umbral para que sea ligeramente más restrictivo. Esto puede ser particularmente útil en la segmentación pulmonar para excluir estructuras adyacentes con densidades similares, como la tráquea, que de otra manera, en algunos casos, podían ser erróneamente incluidas en la segmentación.
4. Inversión de la imagen binaria resultante del paso anterior:
Este paso es fundamental para poder detectar posteriormente las componentes conexas. Se realiza con `np.invert` de NumPy.
5. Detección de las componentes conexas:
La detección de componentes conexas nos permitirá posteriormente eliminar los elementos que no se correspondan con los pulmones. Se lleva a cabo con `measure.label` de Scikit-Image.
6. Eliminación de elementos ajenos a los pulmones:
Se lleva a cabo un proceso de filtrado en el que se descartan los objetos de gran tamaño (con un área superior a un valor máximo definido) y aquellos de tamaño reducido (con un área comprendida entre un mínimo y un máximo establecidos). Este paso tiene como objetivo principal eliminar del análisis tanto el fondo de la imagen, que generalmente ocupa una gran superficie,

como la tráquea/bronquios. Para ello, se utiliza `measure.regionprops` de Scikit-Image y se ponen a 0 las regiones mencionadas anteriormente.

7. Obtención de la máscara de los pulmones:
Se obtiene la máscara poniendo a 1 las zonas que no son 0 en la imagen que se ha obtenido en el paso anterior.
8. Aplicación de operaciones de cierre y apertura: En primer lugar se realiza un cierre no muy agresivo simplemente para asegurarnos de que cada pulmón tiene una única etiqueta y así poder separarlos. Se hace utilizando un disco de tamaño 7, con `morphology.binary_closing` y `morphology.disk` de Scikit-Image. A continuación, aplicamos también una apertura para asegurarnos de que los pulmones no se han unido tras el cierre. Se hace utilizando un disco de tamaño 1, con `morphology.binary_opening`.
9. Separación de los pulmones.
Para poder trabajar mejor con los pulmones, se ha optado separarlos. El motivo reside en evitar que se puedan llegar a unir al aplicar alguna de las operaciones siguientes. Para esto, en primer lugar, etiquetamos de nuevo las regiones con `measure.label` y obtenemos las regiones con `measure.regionprops`. Una vez hecho esto, creamos dos nuevas imágenes: una que incluirá la región correspondiente al primer pulmón y otra que contendrá la correspondiente al segundo.
10. Aplicación de una operación de cierre más agresiva a ambos pulmones.
Se trata de otro paso de vital importancia, dado que permite incluir los nódulos pegados a los bordes de los pulmones. En esta ocasión se usa un disco de tamaño 25.
11. Relleno de los posibles huecos en los pulmones debido a elementos de mayor densidad.
Este paso nos permite asegurarnos de que no queda ningún hueco negro dentro de la máscara de los pulmones. Para hacerlo, en primer lugar se encuentran los contornos en la imagen binarizada con `findContours` y posteriormente se rellenan los huecos en cada objeto con `drawContours` de OpenCV.
12. Delimitación de los bordes de los pulmones en la imagen original.
Por último, se marcan en rojo los bordes de los pulmones sobre la imagen original. Para esto, en primer lugar se obtiene de nuevo una máscara incluyendo los dos pulmones. A continuación, se obtienen las coordenadas de los bordes con `measure.find_contours`. Finalmente, se convierte la imagen a color con `color.gray2rgb` y con un bucle se van marcando los bordes.

2 Evaluación.

Para evaluar el algoritmo de segmentación de pulmones desarrollado, en primer lugar, se han creado siete imágenes que se corresponden con la máscara binaria "ideal" para cada una de las imágenes proporcionadas. Cabe recalcar que, para una mejor evaluación, lo ideal hubiera sido que un experto se hubiese encargado de la delimitación de las regiones correspondientes a los pulmones.

Posteriormente, se han empleado una serie de métricas para evaluar la segmentación a partir de la máscara creada tras aplicar el algoritmo y la "ideal". Estas métricas son:

- Precisión: Mide la proporción de píxeles correctamente identificados como parte de los pulmones (verdaderos positivos) sobre el total de píxeles identificados como pulmones (verdaderos y falsos positivos). En el contexto de la segmentación pulmonar, una alta precisión indica que el algoritmo minimiza los falsos positivos, es decir, evita etiquetar erróneamente áreas que no son parte de los pulmones.
- Sensibilidad (o Recall): Evalúa la proporción de verdaderos positivos sobre el total de píxeles reales de los pulmones (verdaderos positivos y falsos negativos). Una alta sensibilidad es crucial en aplicaciones médicas para asegurar que el algoritmo no omita áreas relevantes de los pulmones, lo que podría ser crítico en el diagnóstico y análisis clínico.

- Similitud: Combina precisión y sensibilidad en una única métrica, proporcionando un balance entre ambas. Es particularmente relevante en la segmentación médica, ya que un algoritmo debe ser tanto preciso (minimizando falsos positivos) como sensible (minimizando falsos negativos) para ser clínicamente útil.
- Coeficiente de Similitud de Dice (DSC): Esta métrica es independiente del tamaño de las imágenes. Un valor alto indica que la segmentación del algoritmo se acerca mucho a la segmentación ideal, lo cual es fundamental en aplicaciones médicas para garantizar la fiabilidad de los resultados.
- Distancia media cuadrática propuesta (FOM): La FOM considera la distancia entre los bordes segmentados por el algoritmo y los bordes ideales. En la segmentación pulmonar, donde la precisión del contorno de los pulmones es crucial para aplicaciones como la detección de nódulos o anomalías, una FOM alta indica que el algoritmo es efectivo no solo en identificar los píxeles correctos, sino también en delinear con precisión los bordes de los pulmones.

Tras ejecutar el algoritmo podemos observar los resultados, comprobando que es efectivo, cumpliendo con los requisitos establecidos: los nódulos cancerígenos forman parte de la región pulmonar, la tráquea y los bronquios principales se excluyen de la región pulmonar y los pulmones no están unidos entre sí. Además, tras la ejecución obtenemos también los valores para las métricas anteriormente mencionadas, pudiendo comprobar que el algoritmo de segmentación de pulmones muestra un buen rendimiento en todas ellas. A continuación pueden verse los resultados obtenidos para cada una de las imágenes proporcionadas:

Métrica	Imagen 1	Imagen 2	Imagen 3	Imagen 4	Imagen 5	Imagen 6	Imagen 7
Precision	0.9971	0.9964	0.9966	0.9977	0.9985	0.9997	0.9993
Sensibilidad	0.9997	0.9996	0.9927	0.9992	0.9991	0.9882	0.9997
Similitud	0.9979	0.9975	0.9943	0.9983	0.9988	0.9917	0.9994
DSC	0.9984	0.9980	0.9946	0.9984	0.9988	0.9939	0.9995
FOM	0.9648	0.9473	0.9186	0.9587	0.9635	0.9001	0.9795

Table 1: Tabla de resultados

Tomando como base los resultados anteriores, podemos realizar un análisis de los valores obtenidos para las distintas métricas:

- Precisión: Los valores oscilan entre 0.9964 y 0.9997, lo que indica una excelente capacidad del algoritmo para minimizar los falsos positivos. Estos resultados sugieren que el algoritmo es altamente efectivo en identificar con exactitud los tejidos pulmonares, evitando incluir tejidos no pulmonares en la segmentación.
- Sensibilidad: Con valores que varían de 0.9882 a 0.9997, la sensibilidad del algoritmo es igualmente alta. Esto demuestra que el algoritmo es capaz de identificar la gran mayoría de los píxeles pertenecientes a los pulmones, minimizando el riesgo de omitir áreas relevantes, lo cual es vital en aplicaciones médicas.
- Similitud: Los valores de similitud están en el rango de 0.9917 a 0.9994, lo que indica un buen equilibrio entre precisión y sensibilidad. Esta métrica refleja la eficacia general del algoritmo en la identificación precisa de los pulmones.
- Coeficiente de Similitud de Dice: Esta métrica refuerza las conclusiones anteriores, mostrando valores muy altos (promedio cercano al 99.8%), lo que indica una muy buena concordancia entre las segmentaciones del algoritmo y las segmentaciones de referencia.
- Distancia media cuadrática propuesta (FOM): Aunque los valores son ligeramente más bajos en comparación con las otras métricas (rondando el 95% en promedio), siguen siendo altos.

3 Problemas y posibles mejoras.

En la evaluación del algoritmo de segmentación de pulmones, se ha identificado un problema específico en casos como el de la imagen 6, donde se encuentran áreas relativamente grandes de tejido de mayor densidad en las paredes pulmonares. Este escenario presenta un desafío para el algoritmo, ya que el proceso de cierre utilizado para incluir estas regiones en la segmentación de los pulmones no siempre es suficientemente efectivo.

Se ha considerado la posibilidad de implementar un cierre morfológico más agresivo. Sin embargo, esta solución podría tener efectos negativos en otras imágenes, donde un cierre más intenso podría distorsionar la forma de los pulmones, incluyendo en la segmentación zonas que no corresponden a los pulmones. Por lo tanto, se ha optado por mantener un equilibrio en el nivel de cierre, aceptando ciertas limitaciones en casos específicos como el de la imagen 6, para mantener la precisión general en la mayoría de las imágenes.