

# Tumores Cerebrais: uma viagem pelo cérebro

Isabel P. Chaves, Maria Silva, Tiago Monteiro

Departamento de Física, Instituto Superior de Engenharia do Porto

Porto, Portugal

1140915@isep.ipp.pt, 1131291@isep.ipp.pt, 1131198@isep.ipp.pt

6 de Janeiro de 2017

## Resumo

*Um tumor pode ser definido como um crescimento incontrolado de células que, dependendo da sua localização pode afetar diferentes funcionalidades de cada indivíduo, sendo a ressonância magnética a técnica de eleição para o diagnóstico desta patologia. Os algoritmos propostos para a segmentação das imagens em estudo serviram o seu propósito, embora não sejam uma alternativa 100% eficaz, visto que apresentam uma margem de erro de 1.8% para a imagem estudada. Em suma, a solução proposta acaba por ser uma forma razoável de isolamento de um tumor cerebral, no entanto, não é capaz de substituir um profissional de saúde qualificado pois existe uma margem de erro e esta poderá influenciar o diagnóstico final.*

## 1 Introdução

O cérebro é a parte mais desenvolvida do encéfalo. Este está dividido em duas partes: os hemisférios cerebrais esquerdo e direito, interligados entre si pelo corpo caloso, situado na parte inferior da fissura inter-hemisférica. Cada hemisfério possui uma fina camada externa, o córtex cerebral. Situada debaixo do córtex cerebral está uma abundante camada de substância branca, contendo feixes de axónios neuronais mielinizados, o que lhe confere a aparência branca.

### 1.1 Tumores Cerebrais

Um tumor é um aumento anormal de um tecido ou de uma região do corpo humano. Posto isto é possível afirmar que existem dois tipos de tumor: benigno (sendo este uma massa anormal não cancerosa, contém células normais, cresce muito lentamente e não metastisa), e maligno (contém células cancerosas e crescem muito rapidamente envolvendo os tecidos vizinhos). [1]

Em 2010, o número de tumores cerebrais e no sistema nervoso central (SNC), no sexo masculino foram igual 435 novos tumores, enquanto que no sexo feminino

foram detetados cerca de 317. Tendo aparecido 4 novos casos de tumores malignos desta gama em crianças com idade inferior a 1 ano. Neste ano, também se verificou uma subida acentuada no número de novos casos do grupo etário dos 50-54 para o grupo etário dos 55-59. [2]

## 1.2 Diagnóstico

Os tumores cerebrais raramente são hereditários, e muitas vezes é possível detetar-se uma função anormal do cérebro quando se realiza um exame físico, mas para se estabelecer o diagnóstico devem ser utilizados outros procedimentos. Todos os tipos de tumores do cérebro são visíveis numa tomografia axial computadorizada (TAC) ou numa ressonância magnética (RM), as quais se podem medir com precisão o tamanho e a localização do tumor. [3] Quando um tumor cerebral aparece numa TAC ou numa RM, efetuam-se exames complementares para determinar o seu tipo exato.

Tradicionalmente a segmentação de imagens médicas é um processo manual, bastante demorado, o que requer uma elevada experiência por parte do médico. Sendo assim este método depende da perceção do profissional de saúde sobre a superfície que pretende extrair. [4] Logo, tal implica que a escolha de um método de segmentação apropriado é de extrema importância para a patologia em estudo.

Neste contexto, o presente projeto visa o processamento de imagens médicas com o intuito de extrair a massa correspondente ao tumor para, posteriormente, calcular o seu volume e compreender um pouco a sua forma morfológica. Assim como a validação do método elaborado através da comparação do resultado final com o resultado de uma segmentação manual.

Posto isto o relatório encontra-se estruturado da seguinte forma: a) na secção 2 é referido as imagens utilizados e explicados os algoritmos utilizados, de forma a melhor compreensão sobre o funcionamento dos mesmos; b) na secção 3 são apresentados os resultados obtidos por ambas as segmentações e são comparados os valores de volume obtidos; c) na secção 4 são retiradas algumas conclusões sobre o processo em estudo.

## 2 Materiais e Métodos

### 2.1 Ferramentas Utilizadas

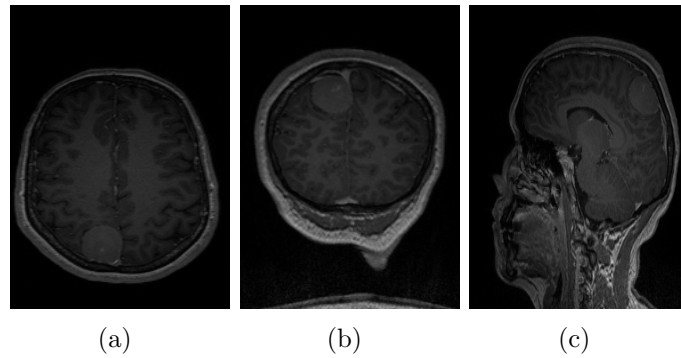
O processamento das imagens foi efetuado com o auxílio das toolkits ITK-SNAP (que permite uma segmentação semi-automática) e todas as imagens utilizadas encontravam-se no formato DICOM e NiFTii (conjunto de classes escritas em C++ para processamento e visualização). Tal deve-se ao facto de que os algoritmos que serão utilizados - descritos na secção 2.3 - encontram-se codificados para tal formato. Tais algoritmos utilizam bibliotecas ITK (*Insight Segmentation and Registration Toolkit*) [5] que manipulam algoritmos de registo e segmentação de dados multi-dimensionais.

## 2.2 Imagens de Ressonância Magnética

As imagens utilizadas para a realização deste projeto foram obtidas numa instituição hospitalar por um aparelho de marca SIEMENS. A instituição cedeu imagens correspondentes a oito exames de ressonância magnética, devidamente anonimizadas, de diferentes pacientes.

As imagens obtidas apresentam um tamanho (*size*) de 248 *pixels* na direção *z*, 248 *pixels* na direção *y* e 168 *pixels* na direção *z*, com um espaçamento (*spacing*) de 1, 1, 1 *mm*, respetivamente.

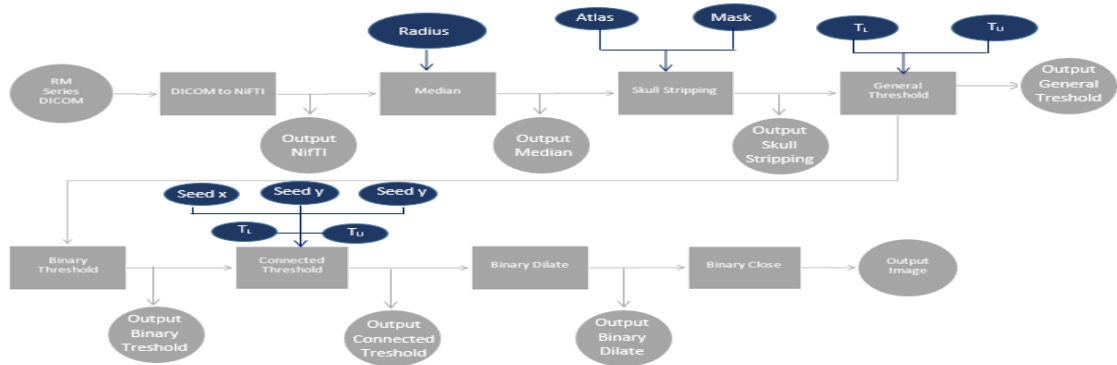
No momento da receção destes ficheiros, o primeiro passo foi determinar quais os conjuntos de imagens mais indicadas para o efeito pretendido. Sendo assim, a figura 1 apresenta um corte de uma imagem de ressonância magnética, em 3 perspetivas diferentes (axial, coronal e sagital), onde se pode visualizar o tumor em estudo.



**Figura 1:** Corte de uma imagem de ressonância magnética onde é possível a visualização do tumor em estudo: (a) Corte Axial, (b) Corte Coronal, (c) Corte Sagital.

## 2.3 Métodos

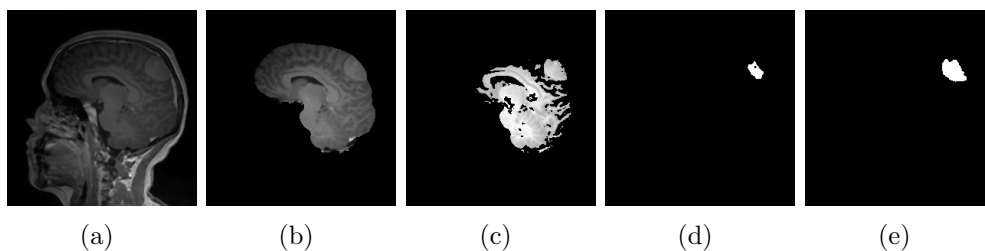
Os filtros utilizados ao longo deste processamento encontram-se apresentados nesta secção conforme a *pipeline* ilustrada na figura 2.



**Figura 2:** Pipeline utilizada no processamento de imagens cerebrais em ressonância magnética.

Esta *pipeline* foi elaborada com base nos exercícios realizados na aula e aprofundada consoante os objetivos a que o grupo se propôs. Procedendo-se à análise das imagens selecionadas, foi encontrada uma falha logo na sua fase inicial, quando se procedeu à passagem das imagens do formato *DICOM* (.dcm) para o formato *VTK* (.vtk). Tal falha foi verificada quando se procedia ao estudo da imagem apresentada na 1 pelo ITK-SNAP, tendo sido validado que as imagens sofriam de uma rotação que não era verificada pelo algoritmo seguinte, o *Skull Stripping* [6].

Através da *pipeline* apresentada na Figura 2 foi possível obter-se as imagens presentes na Figura 3. Esta apresenta as imagens obtidas com os vários filtros (mediana, *skull stripping*, *general threshold*, *connected threshold*, *binary dilate*, respetivamente), mostrando os vários estados da extração do tumor na mesma *slice*.



**Figura 3:** a) mediana, b) *skull stripping*, c) *general threshold*, d) *connected threshold*, e) *binary dilate*

### 2.3.1 Pré-processamento

O pré-processamento é consistido pelo uso de 2 filtros distinto: *DICOM to NiFTI* e *Median*. Inicialmente, procedeu-se à conversão das imagens DICOM para o formato NiFTI, de forma a ser possível o processamento através dos algoritmos propostos na *pipeline* presente na figura 2. Este algoritmo também permite a extração de informação útil para o processamento da imagem, como por exemplo, o tipo de contraste usado na imagem, o tipo de aquisição, a frequência da imagem, o valor do campo magnético utilizado (3T), assim como a orientação e a posição da imagem em relação ao paciente. O uso do filtro *median* teve como objetivo a remoção do ruído *salt and pepper* provenientes do campo magnético, como forma de se obter uma suavização da imagem, permitindo o realce de características de interesse. Este algoritmo, dado um determinado raio, alinha de forma crescente os *pixels* dessa região por intensidade, o que faz com que atribua ao *pixel* central o valor da mediana *median* dessa região.

### 2.3.2 Skull Stripping

O terceiro algoritmo utilizado, foi o correspondente ao *SkullStripping* [6]. Este algoritmo utiliza dois atlas (*atlasmask.mha* e *atlasImage.mha*) de forma a que, por comparação, retire as ossadas do crânio deixando apenas a massa cinzenta. No entanto, foi necessário modificar a componente *AnatomicalOrientation* dos ficheiros *AtlasImage.mha* e *AtlasMask.mha*, para o formato ASL (*Anterior*, *Superior* e *Lateral*) de forma a aplicar este algoritmo corretamente com a imagem inicial, caso

contrário, o algoritmo eliminaria porção da massa cinzenta, devido à orientação da máscara.

Este algoritmo apenas é eficaz para as imagens da modalidade de ressonância magnética.

### 2.3.3 General Threshold

Nesta fase de análise da imagem foi utilizado um algoritmo que se baseia na segmentação por limiar. Tendo sido necessário escolher dois valores de intensidade de *pixels* do tumor da imagem, com auxílio à ferramenta ITK-SNAP. É necessário um especial cuidado na escolha dos valores de *Threshold*,  $T_L$  e  $T_U$ , visto que os *pixels* com intensidades fora desse intervalo sofrem alterações, passam a intensidade zero. Enquanto que os restantes mantêm-se inalterados.

### 2.3.4 Binary Threshold

Este algoritmo contém um filtro que transforma a imagem na sua forma binária alterando os valores de *pixel*. O utilizador define dois valores de *Threshold* ( $T_L$  e  $T_U$ ) e se o valor da intensidade do *pixel* se encontrar dentro do intervalo definido  $[T_L; T_U]$ , à saída esse *pixel* terá o valor de intensidade igual a 1 (*Inside Value*). Enquanto que se o valor de intensidade do *pixel* se encontra fora do intervalo definido este terá à saída valor 0 (*Outside Value*).

### 2.3.5 Connected Threshold

Este algoritmo baseia-se na segmentação por crescimento de região. Esta segmentação requer que o utilizador, manualmente, escolha a semente central do tumor em estudo. Depois de escolhida, são extraídos todos os *pixels* conectados ao *pixel* central. É de notar que a região de crescimento é muito sensível a ruído, o que faz com que por vezes ocorram extrações de regiões com falhas ("buracos") ou mesmo regiões desconectadas.

### 2.3.6 Binary Dilate e Binary Close

Os filtros *binary dilate* e *binary close* realizam uma operação matemática numa imagem binária, que tem como objetivo implementar um operador sobre a vizinhança de cada *pixel* de entrada. O primeiro permite dilatar a segmentação realizada, e o segundo preenche possíveis falhas que tenham ocorrido no momento da segmentação.

## 2.4 Determinação do Volume do Cérebro

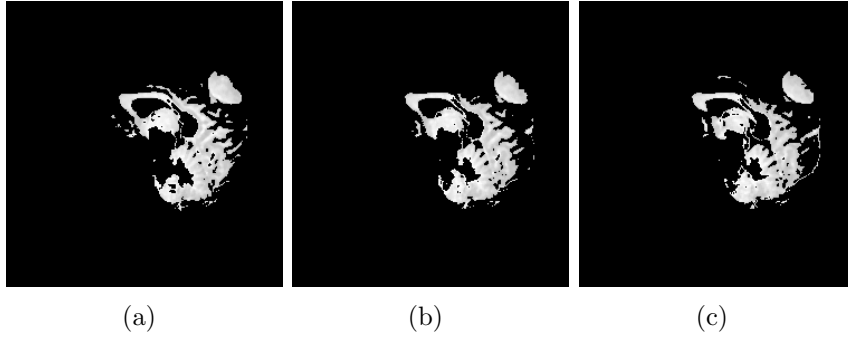
Ao mesmo tempo que se realizou o processamento da imagem inicial (figura 1) através do conjunto de algoritmos explícitos na figura 2, também se procedeu à segmentação manual do tumor em análise. Posteriormente, este volume foi utilizado como volume de referência  $V_{ref}$  e comparado com o volume ( $V$ ) obtido através da segmentação realizada pelos algoritmos selecionados. Com os dois valores foi possível obter-se o desvio relativo através da seguinte equação:

$$desvio = \frac{V - V_{\text{ref}}}{V_{\text{ref}}}$$

### 3 Resultados e Discussão

Após vários testes, verificou-se que a implementação do filtro mediana provocava uma ligeira suavização da imagem (remoção do ruído) o que provocava uma melhor extração do cérebro posteriormente a este filtro. Os raios selecionados para a mediana foram de 1, 1 e 1 *pixel* ao longo das coordenadas  $x$ ,  $y$  e  $z$ , respetivamente.

A extração do tumor propriamente dita não foi um processo relativamente fácil, visto que ao longo de toda a estrutura, que é o cérebro, este continha valores de intensidade de *pixel* muito semelhantes aos valores de intensidade dos mesmos presentes no tumor. Com o filtro *general threshold* não foi possível isolar na perfeição o tumor. Como se pode verificar através da figura 4 ainda existem ligações do tumor com os restantes constituintes do encéfalo.



**Figura 4:** Cortes sagitais consecutivos da imagem de ressonância magnética em estudo, com as coordenadas  $[x,y,z]$ : (a)  $[29;43;87]$ , (b)  $[29;43;86]$  e (c)  $[29;43;85]$ .

Sendo assim, foi necessário o uso do algoritmo *binary threshold* de forma a se binarizar a imagem e reduzir um pouco o conteúdo indesejado para o objetivo final deste processo. Por fim, estes fragmentos foram eliminados através do uso do algoritmo *connected threshold*, para o qual foi escolhida uma semente (manualmente, através do auxílio do *ITK-SNAP*) dentro do tumor. Esta semente permitiu que apenas os pontos conectados, dentro dos limiares estabelecidos, assumissem o valor lógico 1 (branco).

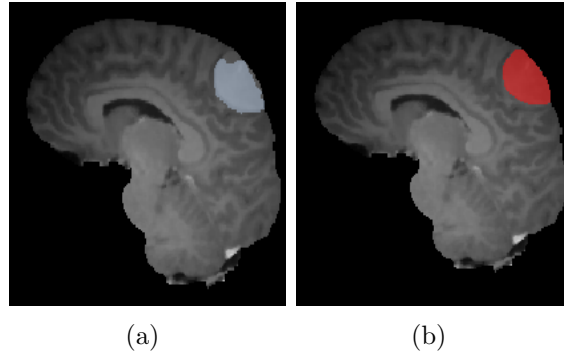
Por norma, para se obter o volume de um corpo numa imagem é necessário que se multiplique o volume em *pixels* pelo volume de um *pixel*, de forma a ser possível obter-se o volume em  $mm^3$ . Posto isto, o volume da segmentação é igual a  $V = 14293 \text{ } mm^3$ , e o valor obtido através da segmentação manual foi de  $V_{\text{ref}} = 14034 \text{ } mm^3$ . Através da expressão matemática apresentada na secção 2.4, obteve-se um desvio percentual relativo de - 1.8%, ou seja, o volume segmentado através do método proposto é superior ao volume determinado pela segmentação manual. Os valores de diâmetro e volume obtidos encontram-se apresentados na tabela 1.

Esta diferença de volumes deve-se ao facto de que quando se sujeita a imagem ao filtro *binary dilate*, este para além de nos permitir dilatar um pouco o interior

**Tabela 1:** Registo dos valores de diâmetro e volume obtidos em *pixels* e em  $mm^3$ . Os valores de volume correspondem ao valor obtido pela segmentação através do método proposto (V) e a segmentação manual ( $V_{ref}$ ).

	Valor em <i>pixel</i>	Valor em $mm^3$
diâmetro no eixo xx	1	1
diâmetro no eixo yy	1	1
diâmetro no eixo zz	1	1
V	14293	14293
$V_{REF}$	14034	14034

da imagem (de forma a conectar os *pixels* no interior da segmentação) este também contabiliza e adiciona à imagem inicial os *pixels* correspondentes à margem do tumor, perdendo, ao mesmo tempo, alguma informação no interior do mesmo. Algo que não seria o suposto, visto que poderá induzir o profissional de saúde em erro. Tais diferenças podem ser visualizadas na figura 5.



**Figura 5:** Comparação dos processos de segmentação no mesmo corte sagital. a) Resultado da segmentação realizada pelo método apresentado; b) Resultado da segmentação manual.

O tempo de processamento do algoritmo proposto depende do processador do equipamento utilizado. Enquanto que num IntelCore i7-4720HQ de 2.60GHz o algoritmo consegue ser processado em 11 minutos, num processador IntelCore i7-4510U de 2.60GHz necessita de 19 minutos para tal. Sendo que o processo mais moroso corresponde ao algoritmo de extração do cérebro (o *skull stripping*). Embora este tempo seja consideravelmente inferior do que o tempo que um profissional de saúde demora a fazer a sua segmentação (aproximadamente 3 horas), este processo ainda pode ser demorado pois tem uma grande dependência do processador da computador a ser utilizado.

## 4 Conclusão

O presente projeto foi elaborado com o objetivo de através de ferramentas de processamento de imagem, segmentar tumores cerebrais de imagens de ressonância magnética, previamente anonimizadas. A segmentação realizada baseou-se nos algoritmos mediana, extração do tecido cerebral, limiar, binarização, região de crescimento e operadores morfológicos. Através da qual foi possível obter certas características do tumor em estudo como o seu volume e morfologia.

Por intermédio da comparação do valor obtido do volume através da segmentação apresentada com o volume da segmentação efetuada manualmente, verificou-se que existe uma diferença de - 1.8%. Esta diferença deve-se ao facto de o volume obtido pela segmentação através de algoritmos é superior ao valor do volume pela segmentação manual.

Tendo em conta que o volume correspondente ao cérebro é igual a  $V = 1470085 \text{ mm}^3$ , é possível afirmar que o tumor ocupa 0.95% do volume total do cérebro.

Em suma, embora o método apresentado não seja uma solução perfeitamente eficaz para se resolver o problema inicial, será certamente um caminho a explorar.

## Referências

- [1] B. T. P. American Brain Tumor Association, *A comprehensive introduction to brain tumors*, vol. 9th ed. 2720 River Road, Suite 146 Des Plaines, Illinois 60018: American Brain Tumor Association, 2010.
- [2] R. O. R. Norte, “Registo oncológico nacional 2010,” *Registo Oncológico Nacional 2010*, apr 2016.
- [3] A. K. et al, “Detection of brain tumor in medical images,” in *Circuits and Systems (SCS), 2009 3rd International Conference on Signals*, IEEE, 2009.
- [4] R. P. Joseph, C. S. Singh, and M. Manikandan, “Brain tumor mri image segmentation and detection in image processing,” *International Journal of Research of Engineering and Technology*, vol. 03, no. 1, pp. 1–5, 2014.
- [5] L. Ibáñez, W. Schroeder, L. Ng, and J. Cates, *The ITK Software Guide*. Kitware, 2003.
- [6] B. S., F. T., and R. M., “A skull-stripping filter for itk,” publication, Institute for Surgical Technology and Biomechanics, University of Bern, 2012.
- [7] N. N. Gopal and M. Karnan, “Diagnose brain tumor through mri using image processing clustering algorithms such as fuzzy c means along with intelligent optimization techniques,” in *Computational Intelligence and Computing Research (ICCIC), 2010 IEEE International Conference*, IEEE, 2010.
- [8] R. R. Laddha and S. A. Ladhake, “A review on brain tumor detection using segmentation and threshold operations,” *International Journal of Computer Science and Information Technologies*, vol. 5, no. 1, pp. 607–611, 2010.