

# Modelagem 3D de imagens tomográficas de nódulos pulmonares para auxílio ao diagnóstico

Leno M. Lisboa<sup>1</sup>, Dra. Susana M. Iglesias<sup>1</sup>,  
Dr. Paulo E. Ambrósio<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Estadual de Santa Cruz (UESC)  
Campus Soane Nazaré de Andrade – 45.662-900 – Ilhéus – BA – Brasil

leno.matos@hotmail.com, {smiglesias, peambrosio}@uesc.br

**Abstract.** *The lung cancer is the world cancer death leader, also, is the leader in malignant form appearance. The computer assisted diagnosis (CAD) is a powerful tool for lung images medical analysis that can support the early detection, essential for diagnosis process. The computed tomography (CT) obtains two and three-dimensional images with high quality that can be used in lung cancer diagnosis. Nevertheless, the lung nodule segmentation is a complex step in the CAD process due to the lung's or the nodule structure. In this work we present different approaches for lung tomographic image segmentation using simple characteristics as area and grayscale. For testing our methodology, the Lung Image Database (LIDC-IDRI) was used and we obtain good results.*

**Keywords:** *Lung nodules. Computerized Tomography. Computer-Aided Diagnosis. Image Processing. Segmentation.*

**Resumo.** *O câncer de pulmão é o líder das mortes por câncer no mundo, e também é o primeiro na ocorrência da forma maligna. Sua identificação em estágio inicial aumenta a probabilidade de cura e sobrevida dos pacientes. Por essa razão, o processo de diagnóstico é de fundamental importância. A interpretação de imagens médicas pode ser uma tarefa extremamente importante e a tecnologia se converte em uma ferramenta muito valiosa para auxiliar no processo de análise de imagens de diversas patologias incluindo nódulos pulmonares. O presente trabalho segmenta imagens tomográficas tridimensionais dos nódulos pulmonares, utilizando técnicas de limiar (thresholding) em conjunto com a construção de um modelo dos nódulos.*

**Palavras-chave:** *Nódulos pulmonares. Segmentação. Tomografia computadorizada. Diagnóstico Assistido por Computador. Processamento de imagens.*

## 1. Introdução

O câncer de pulmão é o líder mundial de falecimentos para mortes causadas por câncer, matando cerca de 1.6 milhões de pessoas por ano [Gallagher 2017]. O número de óbitos deve-se, entre outras causas, à falta de observação dos sintomas para a detecção nos estágios iniciais. Desta forma, um diagnóstico em estágio inicial eleva as chances de êxito para o tratamento e fornece melhora para a qualidade de vida dos pacientes.

Como um componente necessário para a elaboração do diagnóstico, as imagens médicas digitais começaram a ser amplamente utilizadas e entre elas destaca-se a tomografia computadorizada *CT* (*Computerized Tomography*), pois apresenta alta sensibilidade e resolução podendo ser aplicada na localização de lesões pulmonares. Para auxiliar

a análise em imagens raiográficas, aplicações conhecidas como Diagnóstico Auxiliado por Computador *CAD* (*Computer-Aided Diagnosis*) são utilizadas.

O *CAD* é construído com base em técnicas de processamento de imagens médicas, onde a separação da área de interesse, a extração de características e a classificação dos objetos são os principais fatores que influenciam o sucesso da análise realizada computacionalmente [D. Dance, S. Christofides, M. Maidment 2014]. A etapa responsável por realizar a divisão da imagem em diferentes regiões é denominada segmentação [Gonzales and Woods 2010], procedimento essencial durante o processamento de imagens.

### **1.1. Problema**

O processo de segmentação dos nódulos pulmonares é uma das etapas mais complexas do *CAD* [Nithila and Kumar 2016], onde a técnica utilizada pode apresentar real diferença na obtenção de um diagnóstico coerente ao problema apresentado, melhorando o grau de recuperação e qualidade de vida do paciente. O objetivo do *CAD* é melhorar a precisão e a consistência dos diagnósticos médicos pelo suporte computacional [Ferreira Junior et al. 2016]. Desta forma faz-se necessário a construção de um método adequado para o processamento das imagens obtidas da *CT*, para auxiliar o médico para a qualificação do tipo de câncer e tratamento, diminuindo o grau de incerteza e otimizando os processos de análise dos nódulos.

## **2. Materiais e Métodos**

Para a realização deste trabalho foi utilizado o repositório *Lung Image Database Consortium and Image Database Resource Initiative (LIDC-IDRI)*, disponível em <https://wiki.cancerimagingarchive.net/display/Public/LIDC-IDRI>, é uma plataforma pública disponível a comunidade, fornece uma coleção de imagens médicas assim como informações de registro de nódulos pulmonares. O repositório fornece além da coleção de imagens tomográficas que foram diagnosticadas com câncer pulmonar, um conjunto de anotações com marcações sobre a dimensão, localização e outros dados sobre as lesões encontradas nas imagens. A comunidade internacional utiliza dos dados disponíveis para o desenvolvimento, treinamento e validação de métodos *CAD* para a detecção e diagnósticos de câncer pulmonar.

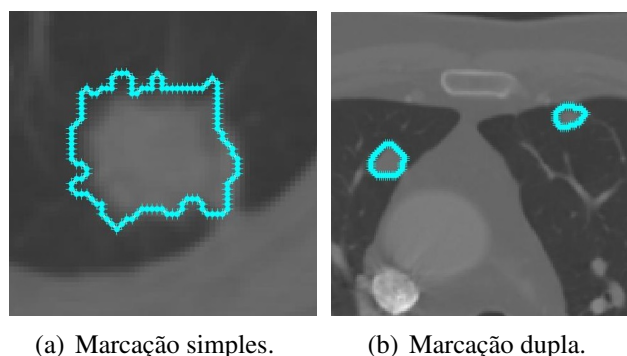
### **2.1. Marcação dos Especialistas**

Este processo foi realizado em duas etapas pela base de dados para identificar todos os nódulos pulmonares em cada *CT* sem a necessidade de um consenso forçado entre os especialistas. Na primeira fase, chamada de leitura cega, cada radiologista revisa de forma independente cada *CT* e realiza marcações das lesões classificando-as segundo seu diâmetro. Na segunda fase, chamada de leitura não cega, cada radiologista revisa de forma independente suas próprias marcações, e em anonimato as marcações dos demais especialistas, procurando fechar o diagnóstico final. Os arquivos associados do casos registram os resultados das duas etapas.

### **2.2. Reprodução das Marcações**

Para uma análise inicial, foi observada a documentação fornecida na base de dados do *LIDC-IDRI*, e um *script* foi desenvolvido em *MATLAB*, através do qual é possível reproduzir as marcações dos especialistas. A reprodução é realizada com base nas coordenadas

fornecidas na documentação contida em cada registro de *CT*, utilizando-se de estruturas montadas com polígonos que são sobrepostos sobre as imagens onde o nódulo, ou nódulos, foram detectados pelos radiologistas, como pode ser observado na Figura 1(a), e os casos em que são registrados mais de um nódulo, como observado na Figura 1(b).



**Figura 1. (a) LIDC-IDRI-0001 com marcação do primeiro especialista e (b) LIDC-IDRI-0003 com marcação de 2 nódulos pelo quarto especialista. Fonte: Dados da pesquisa**

### 3. Processamento das Imagens

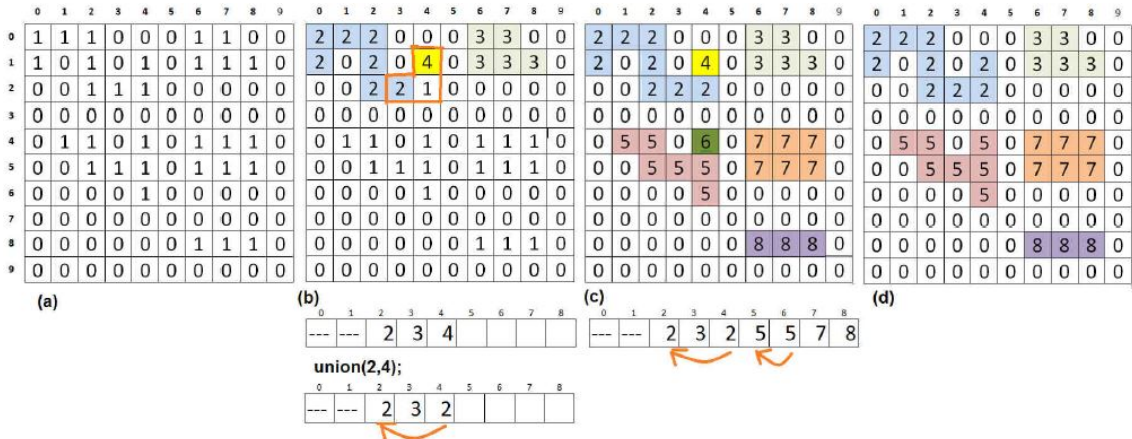
Neste trabalho o processamento das imagens foi dividido em três etapas. A primeira etapa, as imagens originais foram binarizadas com base em três métodos distintos de *thresholding*, o método de limiar *Minimum Cross Entropy Thresholding* proposto por [Li and Tam 1998], o método de limiar *Minimum Error Thresholding* proposto por [Kittler and Illingworth 1986] e o método Otsu de [Smith et al. 1979]. A segunda etapa, foram utilizados dois métodos de segmentação.

#### 3.1. Segmentação

No primeiro método as imagens foram segmentadas utilizando o método desenvolvido em [MENDONÇA 2016], em conjunto com as marcações originais realizadas pelos especialistas em conjunto o método de limiar *Min. Cross Entropy*, o método de limiar *Min. Error*. O algoritmo desenvolvido é baseado em [Fricke 2004], classificado como um algoritmo do tipo *Union-Find* por se utilizar da função  $union(x,y)$  para informar a equivalência de segmento entre  $x$  e  $y$ , e a função  $find(y)$  para obter o rótulo representado atualmente e, pela transitividade da equivalência da função  $union(x,y)$  utilizada,  $find(x)$  retorna a mesma resposta [Jayanti and Tarjan 2016].

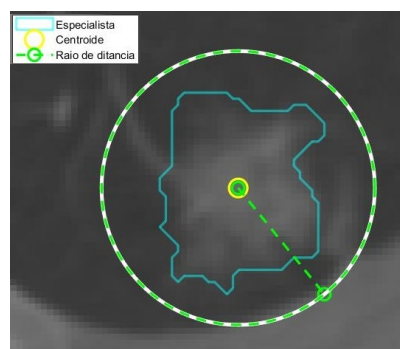
Rótulos temporários são criados e relacionados em um vetor e a posição representa o rótulo e o valor da posição representa a relação com os demais rótulos. De forma posterior, a função  $union(x,y)$  relaciona os segmentos, referenciando um segmento a outro ao mudar o vetor de relacionamento. Desta forma, os rótulos inclusos em  $union()$  apresentam mesmo retorno após a função  $find()$ . O algoritmo otimiza o processamento com a utilização de menos recursos de memória o procedimento utiliza apenas duas imagens binárias e em escala de cinza e a abordagem tridimensional é realizada. Os *pixels* são analisados, cada *pixel* com o número 1 é atribuído um rótulo temporário e sua vizinhança é analisada, se o mesmo se encontra cercado por vizinhos iguais a 0 a ele é atribuído um novo rótulo.

Caso apresente algum vizinho diferente de 0 a ele será atribuído o rótulo que representa o segmento do vizinho encontrado. Caso a *pixel* apresente mais de um vizinho, o rótulo de um dos vizinhos é utilizado, por meio da função *find()*, e havendo divergência nos rótulos vizinhos a função *union()* é utilizada para garantir a equivalência dos rótulos, pois representam um mesmo segmento, ilustração realizada na Figura 2.



**Figura 2. Ilustração bidimensional da varredura com o vetor relacionamento, (a) imagem não rotulada, (b) vizinhos com rótulos diferentes encontrados, (c) final da primeira passagem e (d) final da segunda passagem. Fonte: [MENDONÇA 2016]**

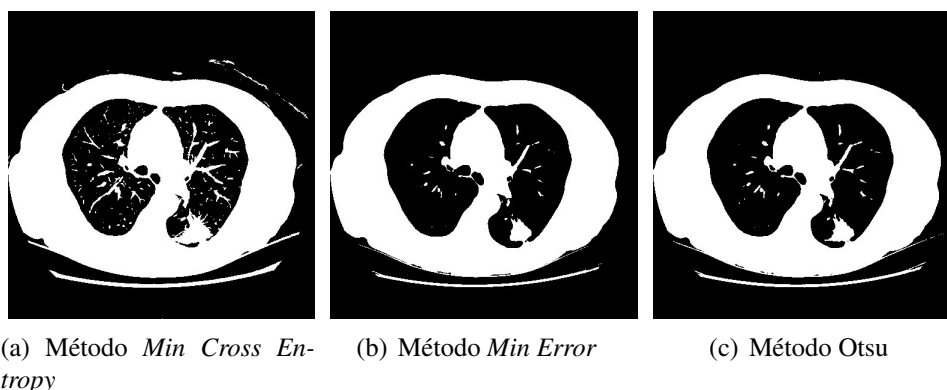
No segundo método, as imagens originais foram segmentadas com a realização de uma marcação própria e a utilização do limiar pelo método Otsu, utilizando a marcação original como semente para um centroide e um raio formado com a distância euclidiana entre os *pixels* mais distantes e o centroide, formado posteriormente uma circunferência como demonstrado na Figura 3 ao fim da seção.



**Figura 3. Exemplo da criação de uma pré-mascara para uma imagem. Com o contorno realizado pelo algoritmo de marcação em ciano, o centroide em amarelo e a pré-mascara em verde. Fonte: Dados da pesquisa**

Na ultima etapa, as imagens 2D segmentadas são utilizadas para análise, as fatias são empilhadas e é construído um modelo 3D dos nódulos. O processo de construção e segmentação das imagens é realizado delimitando um número de fatias das imagens onde é detectado a presença câncer pelos especialistas.

Foi observado que, todos os métodos apresentam variações tanto entre as fatias da *CT* quanto entre os registros dos pacientes. A representação na forma visual, apresentadas pelos três métodos, são importantes para que o processamento da imagem possa determinar os objetos relevantes na segmentação. Na figura 4 é apresentado um exemplo da segmentação com os três métodos escolhidos.



**Figura 4.** *LIDC-IDRI-0001* (a) binarizada pelo método *Min Cross Entropy*, (b) binarizada pelo método *Min Error*, (c) binarizada pelo método *Otsu*. Fonte: Autoria própria.

#### 4. Resultados

A avaliação foi realizada com base na comparação dos resultados obtidos e as informações já delimitadas pelos especialistas, que analisaram as mesmas imagens de forma técnica. Utilizando a comparação dos perímetros e área demarcadas originalmente pelos especialistas e os perímetros e áreas segmentadas pelos três métodos. Frisando que, para a base de dados utilizada, são fornecidas somente as informações dos 30 primeiros casos com a confirmação de diagnóstico que podem ser utilizadas como material de análise e validação.

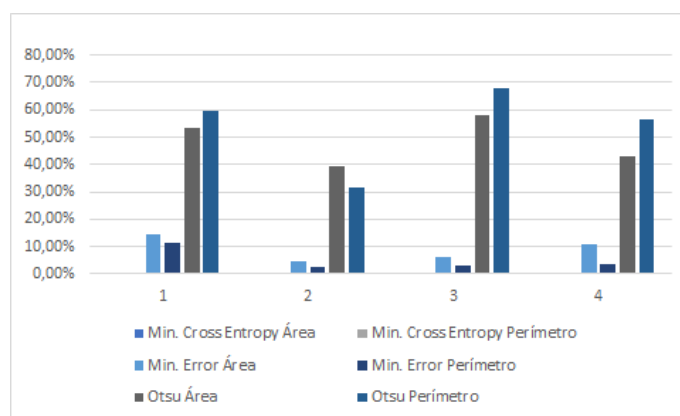
Como observado na Tabela 1 e a Figura 5 os valores de área e perímetro pelo método proposto por Li ou *Min. Cross Entropy* é o que mais se aproxima do valores demarcados pelos especialistas, seguido pelo método *Min. Error* o valor que mais se distanciam são os com o limiar de Otsu, comportamento que se repete no decorrer das imagens analisadas.

**Tabela 1. Relatório de resultados para *LIDC-IDRI-0001***

LIDC-IDRI-0001		Original			Min. Cross Entropy		Min. Error		Otsu	
Especialista	Marcações	Fatia	Área	Perímetro	Área	Perímetro	Área	Perímetro	Área	Perímetro
1	40 - 47	43	970	134	969	134,184	829	118,926	1486	213,644
2	40 - 46	43	891	125,295	891	125,295	850	122,4	1243	164,883
3	40 - 47	43	884	119,257	884	119,257	828	115,75	1398	200,362
4	39 - 47	43	933	121,465	933	121,465	831	116,983	1336	190,332

Notado que o corpo humano não é uniforme e as técnicas de limiarização apresentam variação de acordo com os corpos estudados.

O método de *Min. Cross Entropy* que utiliza entropia mínima cruzada, para localizar o ponto de corte pela minimização da entropia cruzada entre a imagem original e a segmentada, apresenta de uma forma geral, melhores resultados em comparação com os demais métodos.



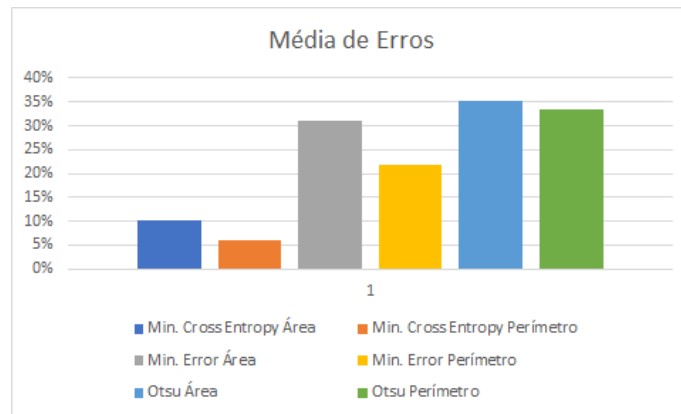
**Figura 5. Erros de área e perímetro de cada método para a marcação de cada um dos quatro especialista para o primeiro registro. Fonte: Dados da pesquisa.**

O *Min. Error* com o segundo melhor resultado, considera a limiarização como um problema de classificação, onde o limiar é obtido de forma estatística. O método Otsu apresenta os resultados que mais se afastam das marcações originais, o algoritmo se diferencia pois busca maximizar a variância interclasse, mesmo valor que minimiza a variância intraclasse e fornece o limiar ideal.

**Tabela 2. Erro médio geral para todos os registros analisados.**

MÉDIA DE ERROS					
<i>Min. Cross Entropy</i>		<i>Min. Error</i>		Otsu	
Área	Perímetro	Área	Perímetro	Área	Perímetro
10%	6%	31%	22%	35%	33%

Observado que para todos os registros analisados a média de erro fornecida por Li não é superior a 10% enquanto o método do *MinError(I)* apresenta média de erro geral de 30% e Otsu a média de erro para todos os registros superiores a 30% a Tabela 2 e a Figura 6 apresentam a média dos erros para todos os registros computados.

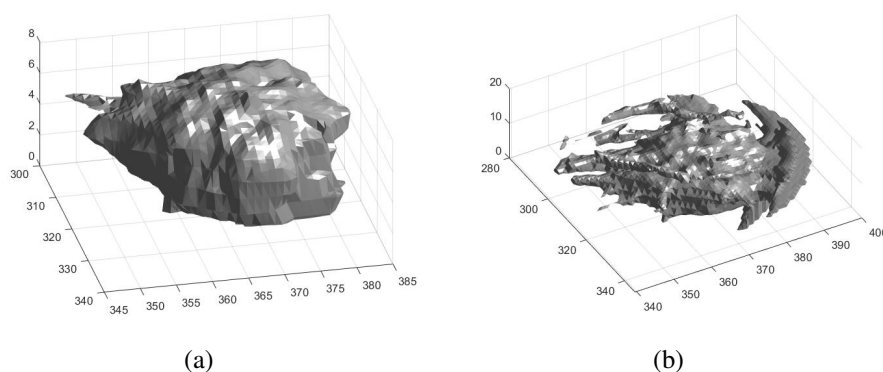


**Figura 6. Erros de área e perímetro de cada método para a marcação de cada um dos quatro especialistas para todos os registros avaliados. Fonte: Dados da pesquisa**

#### 4.1. Modelagem 3D

A construção do modelo 3D dos nódulos foi realizado de duas formas, o primeira modelo baseada na superfície das estruturas dominantes da imagem segmentada com as marcações do especialistas, com os métodos de limiar de Li e *Min. Error* utilizando somente as fatias marcadas pelos mesmos e a segunda forma com a marcação automatizada realizada no segundo método descrito no terceiro parágrafo da seção 2 e a extrapolação das fatias marcadas em cinco fatias anteriores à primeira e cinco posteriores à última fatia.

Ambos os modelos implementados necessitam passar por avaliação de especialistas da área médica para averiguação sobre a qualidade e relevância dos nódulos segmentados e suas características para diagnóstico ou para aplicação ao meio educacional para a qualificação de estudantes de área da saúde.



**Figura 7. (a) modelo 3D criado com base na marcação estrita dos especialistas e (b) modelo 3D criado com limiar Otsu e extrapolação da marcação dos especialistas em 5 fatias superiores e posteriores. Fonte: Autoria própria.**

## 5. Conclusão

Para as técnicas de limiarização de *Min. Cross Entropy* e *Min. Error* em conjunto com a segmentação de [MENDONÇA 2016], foi observado que para a maior parte dos registros

a área e perímetros dos nódulos nos resultados é inferior a área demarcada originalmente. Para o método de Otsu, de forma geral, apresenta área e perímetro maior, abrangendo de forma mais ampla não só o nódulo mas a região próxima.

As técnicas de segmentação 2D e os modelos 3D obtidos apresentam resultados e características diferentes. Entretanto existe a necessidade de uma análise médica para a verificação sobre a qualidade de cada método, pois valores de métricas podem se apresentar diferentes e as características visuais podem aparecer de forma mais ricas para os métodos que apresentam resultados mais fora do estabelecido pela base de dados.

Considerando os resultados é possível sugerir como possíveis trabalhos futuros o a utilização de outras técnicas de limiarização em conjunto com outras abordagens, com a possibilidade de utilização de redes neurais, aprendizado de máquina ou técnicas de aprendizado profundo, para a aplicação buscando o aprimoramento.

## Referências

- D. Dance, S. Christofides, M. Maidment, I. M. (2014). *Diagnostic Radiology Physics: A handbook for teachers and students*.
- Ferreira Junior, J. R., Oliveira, M. C., and de Azevedo-Marques, P. M. (2016). Cloud-Based NoSQL Open Database of Pulmonary Nodules for Computer-Aided Lung Cancer Diagnosis and Reproducible Research. *Journal of Digital Imaging*, 29(6):716–729.
- Fricke, T. (2004). The hoshen-kopelman algorithm. Acesso: 2018-06-26.
- Gallagher, J. (2017). Novo tratamento contra câncer de pulmão pode dobrar sobrevida de pacientes , diz estudo. pages 1–6.
- Gonzales, R. and Woods, R. (2010). *Processamento Digitais de Imagens*.
- Jayanti, S. and Tarjan, R. (2016). A randomized concurrent algorithm for disjoint set union.
- Kittler, J. and Illingworth, J. (1986). Minimum error thresholding. *Pattern Recognition*, 19(1):41–47.
- Li, C. H. and Tam, P. K. (1998). An iterative algorithm for minimum cross entropy thresholding. *Pattern Recognition Letters*, 19(8):771–776.
- MENDONÇA, R. S. (2016). *Caraterização de Argamassas Leves Usando Processamento Tridimensional de Imagens e Processamento Paralelo*. Master's thesis, UNIVERSIDADE ESTADUAL DE SANTA CRUZ.
- Nithila, E. E. and Kumar, S. S. (2016). Segmentation of lung nodule in CT data using active contour model and Fuzzy C-mean clustering. *Alexandria Engineering Journal*, 55(3):2583–2588.
- Smith, P., Reid, D. B., Environment, C., Palo, L., Alto, P., and Smith, P. L. (1979). *A Threshold Selection Method from Gray-Level Histograms*. C(1):62–66.