

[dx.doi.org/10.17488/RMIB.38.1.9](https://doi.org/10.17488/RMIB.38.1.9)

## Dinámica Pulmonar de Estructuras Anatómicas de Interés en Imágenes 4DCT

### Pulmonary Dynamics of Anatomical Structures of Interest in 4DCT Images

*S. Hernández-Juárez<sup>1</sup>, A. R. Mejía-Rodríguez<sup>1</sup>, E. R. Arce-Santana<sup>1</sup>*

<sup>1</sup>Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de San Luis Potosí (UASLP), S.L.P., México.

#### RESUMEN

El presente trabajo muestra una aplicación del algoritmo Chan-Vese para la segmentación semi-automática de estructuras anatómicas de interés (pulmones y tumor pulmonar) en imágenes de 4DCT de tórax, así como su reconstrucción tridimensional. La segmentación y reconstrucción se realizó en 10 imágenes de TAC, las cuales conforman un ciclo inspiración-espирación. Se calculó el desplazamiento máximo para el caso del tumor pulmonar usando las reconstrucciones del inicio de la inspiración, el inicio de la espiración, y la información del voxel. El método propuesto logra segmentar de manera apropiada las estructuras estudiadas sin importar su tamaño y forma. La reconstrucción tridimensional nos permite visualizar la dinámica de las estructuras de interés a lo largo del ciclo respiratorio. En un futuro se espera poder contar con mayor evidencia del buen desempeño del método propuesto y contar con la retroalimentación del experto clínico, ya que el conocimiento de características de estructuras anatómicas, como su dimensión y posición espacial, ayuda en la planificación de tratamientos de Radioterapia (RT), logrando optimizar las dosis de radiación hacia las células cancerosas y minimizarla en órganos sanos. Por lo tanto, la información encontrada en este trabajo puede resultar de interés para la planificación de tratamientos de RT.

**PALABRAS CLAVE:** Segmentación, Chan-Vese, Dinámica pulmonar, Imágenes 4DCT de tórax.

## ABSTRACT

This paper presents an application of the Chan-Vese algorithm for a semi-automatic segmentation of anatomical structures of interest (lungs and lung tumor) in thorax 4DCT images, as well as its three-dimensional reconstruction. Segmentations and reconstructions were performed in 10 CT images, which conform an inspiration-expiration cycle. The maximum displacement of the lung tumor was calculated using the reconstructions of the beginning of inspiration, beginning of expiration, and the voxel size information. The proposed method was able to successfully segment the studied structures regardless of their size and shape. The three-dimensional reconstruction allow us to visualize the dynamics of the structures of interest throughout the respiratory cycle. In the near future, we are expecting to be able to have more evidence of the good performance of the proposed segmentation approach, and to have feedback from a clinical expert, giving the fact that the knowledge of anatomical structures characteristics, such as their size and spatial location, may help in the planning of radiotherapy treatments (RT), optimizing the radiation dose to cancer cells and minimizing it in healthy organs. Therefore, the information found in this work may be of interest for the planning of RT treatments.

**KEYWORDS:** Segmentation, Chan-Vese, Pulmonary Dynamics, 4DCT thorax images.

### Correspondencia

DESTINATARIO: Aldo R. Mejía-Rodríguez  
INSTITUCIÓN: Facultad de Ciencias, Universidad  
Autónoma de San Luis Potosí (UASLP)  
DIRECCIÓN: Av. Chapultepec #1570, Privadas del  
Pedregal, C.P. 78295, San Luis Potosi, S.L.P., México  
CORREO ELECTRÓNICO: armero83@gmail.com,  
aldo.mejia@uaslp.mx

### Fecha de recepción:

14 de agosto de 2016

### Fecha de aceptación:

24 de noviembre de 2016

## INTRODUCCIÓN

La imagenología médica es una de las herramientas más poderosas en el ámbito clínico debido a su capacidad de mostrar información anatómica y funcional del cuerpo humano, la cual puede ser utilizada para el diagnóstico de enfermedades y la evaluación o seguimiento de tratamientos médicos mediante el análisis de estructuras anatómicas de interés como pueden ser huesos, estructuras sanas o afectadas por un tumor (pulmones, cerebro, próstata, etc.), o el mismo tumor<sup>[1]</sup>. Por ejemplo, en Radioterapia (RT) los pacientes sometidos a un tratamiento de radiación para cáncer normalmente presentan pérdida en el volumen del tumor y de los órganos sanos a su alrededor (órganos en riesgo), lo cual provoca una disminución en la funcionalidad de dichos órganos como efecto secundario de la terapia. Es por ello que el conocimiento de características de dichas estructuras, como su dimensión y posición espacial, permite generar la planificación del tratamiento logrando optimizar la dosis de radiación hacia el tumor y minimizar aquella absorbida por órganos sanos<sup>[2]</sup>.

Uno de estos tratamientos es la Tomoterapia, el cual entrega radiación ionizante de alta energía de manera modulada, siendo capaz de crear distribuciones de dosis muy fuertes en torno a los volúmenes objetivo (tumores). Para SU práctica, son necesarias las exploraciones previas; sin embargo, durante la radiación, los pacientes pueden sufrir cambios anatómicos significativos debidos a procesos fisiológicos, como el caso de los pulmones que pueden modificar considerablemente su volumen y forma debido a los movimientos causados por la respiración (ciclo inspiración-espriación)<sup>[3]</sup>.

Como consecuencia directa, existen discrepancias entre la distribución de la dosis planificada y la dosis real<sup>[4]</sup>, lo cual incrementa la importancia de analizar y estudiar los cambios anatómicos de los pulmones durante el ciclo respiratorio para focalizar la dosis de radiación correspondiente mejorando así la eficiencia del tratamiento.

Para el análisis de estructuras anatómicas de interés en tratamientos de RT uno de los pasos más críticos y complicados

es la extracción de dichas estructuras mediante un proceso de segmentación. Este proceso de segmentación puede ser realizado tanto de manera manual por un experto clínico (lo cual conlleva una gran cantidad de tiempo y esfuerzo), o por algoritmos de segmentación. En la literatura es posible encontrar diferentes algoritmos de segmentación de imágenes basados en: intensidad (niveles de gris) de los píxeles o voxels de la imagen, por umbralización, por características espaciales, conjuntos difusos, entre otros<sup>[5,6,7]</sup>.

Estos métodos buscan obtener un buen balance entre precisión, robustez al ruido y el tiempo de cómputo. En particular el factor ruido es de vital importancia para las imágenes médicas, ya que siempre está presente y puede ser de diferentes tipos, dependiendo de la tecnología de imagenología utilizada para su adquisición, de la patología presente en el paciente, de movimientos internos de procesos fisiológicos, entre otros factores, por lo que definir un algoritmo estándar de segmentación para imágenes médicas sigue siendo un problema abierto.

En<sup>[8]</sup> se presenta una evaluación cuantitativa del desempeño de los algoritmos clásicos de segmentación de K-means y Otsu (métodos utilizados ampliamente en ámbito clínico), y un algoritmo basado en el método de Chan-Vese, para la segmentación de estructuras anatómicas de interés con formas complejas (como son pulmones y tumores) en imágenes médicas de Tomografía Axial Computarizada (TAC); en este trabajo se mostró que los tres métodos estudiados tienen un buen desempeño para la segmentación de estructuras de gran tamaño (como son los pulmones), sin embargo, el algoritmo basado en el método de Chan-Vese fue el más robusto y preciso para la segmentación del tumor (en comparación con la segmentación realizada de manera manual por un experto clínico). Por esa razón, en este trabajo se plantea el uso de este método de contornos activos para la segmentación de los pulmones y de un tumor pulmonar en imágenes médicas de TAC en 4D (4DCT)<sup>[9]</sup>, es decir, un conjunto de imágenes volumétricas adquiridas en periodos de tiempo específicos del ciclo respiratorio.

Por tal motivo, el objetivo de este trabajo es segmentar el volumen correspondiente a las estructuras de interés de los pulmones y un tumor pulmonar para poder obtener información que pudiera ser útil para la planificación de un tratamiento de RT, relacionada con la dinámica de estas estructuras a lo largo del ciclo

respiratorio. Adicionalmente, como complemento de la segmentación de las imágenes en 4DCT, en este trabajo se propone el uso de herramientas de reconstrucción y visualización tridimensional para tener una representación más clara de los cambios que suceden durante el ciclo respiratorio.

## METODOLOGÍA

El método de Chan-Vese ha probado ser muy útil para lograr la segmentación de diversos objetos o estructuras anatómicas en imágenes con gran cantidad de ruido, o donde los bordes de los objetos de interés no están bien definidos. Existen en la literatura trabajos en los que se utiliza el método de Chan-Vese para la segmentación de estructuras anatómicas como; intestino delgado y vasos sanguíneos, como también en el ámbito industrial para la extracción de carburadores, llantas y entre

otras piezas automotrices [10, 11, 12]. En general, el algoritmo de Chan-Vese es un método de segmentación en donde se busca la minimización de un funcional de energía. En este trabajo se utiliza como base la propuesta original del método desarrollada en [13], para realizar nuestra implementación extendiendo el método clásico, que funciona con imágenes en 2D, para trabajar con imágenes volumétricas y obtener la segmentación de los pulmones y el tumor pulmonar en 3D.

### Fundamento Teórico - Algoritmo de Chan-Vese

Para la descripción del método de Chan-Vese, se puede asumir que una imagen  $I$  esta conformada por dos regiones de intensidades homogéneas diferentes, en este caso  $I^i$  e  $I^o$ , en donde el objeto a detectar está representado por la región  $I^i$ , es decir, el área que pertenece al objeto, la cual esta delimitada por una curva  $C$ ; mientras que  $I^o$  es el área que no pertenece al objeto. El funcional de energía se puede definir tomando en consideración la región  $I^i$ , como el área dentro de la curva ( $C_{in}$ ) e  $I^o$  como la región que esta por fuera de la curva ( $C_{out}$ ), de la forma siguiente:

$$F_1(C) + F_2(C) = \int_{C_{in}} |I - C_1|^2 dx dy + \int_{C_{out}} |I - C_2|^2 dx dy \quad (1)$$

donde  $C$  es una curva variable y las constantes  $C_1$  y  $C_2$  corresponden al valor promedio de la intensidad de los píxeles de la imagen  $I$  dentro y fuera de la curva  $C$ . Cuando la curva  $C$  esta por fuera del área de interés se tiene que  $F_1(C) > 0$  y  $F_2(C) \approx 0$ , mientras que si  $F_1(C) \approx 0$  y  $F_2(C) > 0$  son los casos en donde la curva esta dentro del área. Dicho esto, la

minimización del funcional de energía ocurre cuando la curvatura esté delineando el contorno del objeto a segmentar, es decir, cuando  $F_1(C) \approx 0$  y  $F_2(C) \approx 0$ . A este modelo se añaden algunos términos de regularización como la longitud de la curva  $C$ , y el área dentro de  $C$ , definiendo ahora el funcional de energía que se muestra a continuación:

$$F(C_1, C_2, C) = \mu \cdot Longitud(C) + v \cdot Area(adentro(C)) + \lambda_1 \int_{C_{in}} |I - C_1|^2 dx dy + \lambda_2 \int_{C_{out}} |I - C_2|^2 dx dy, \quad (2)$$

en donde  $\mu \geq 0$ ,  $v \geq 0$  son parámetros de regularización constantes y  $\lambda_1, \lambda_2 > 0$  parámetros de peso constantes dependientes de la imagen  $I$ . Bajo este principio, la curva  $C$  se representa por medio de una curva de nivel cero de una función Lipschitz ( $\phi$ ) utilizando con-

$$H(\phi) = \begin{cases} 1 & \text{si } \phi > 0 \\ 0 & \text{si } \phi < 0. \end{cases} \quad (3)$$

La derivada de  $H(\phi)$  es la función delta de Dirac ( $\delta_\epsilon$ ), la cual se puede aproximar por:

$$\delta_0 = \frac{\epsilon}{\pi(\epsilon^2 + \phi^2)} \quad (4)$$

es decir,  $\delta_0$  es la aproximación a la función delta de Dirac, cuando  $\epsilon$  tiende cero. Partiendo de lo anterior, el funcional de energía puede escribirse como:

$$F(C_1, C_2, \phi) = \mu \int \delta_0 |\nabla \phi| dx dy + v \int H(\phi) dx dy + \lambda_1 \int |I - C_1|^2 H(\phi) dx dy + \lambda_2 \int |I - C_2|^2 (1 - H(\phi)) dx dy. \quad (5)$$

Manteniendo  $\phi$  fijo y minimizando la energía de  $F(C_1, C_2, \phi)$  con respecto a las constantes  $C_1$  y  $C_2$ , éstas se pueden escribir en términos de  $\phi$ :

$$C_1(\phi) = \frac{\int I \cdot H(\phi) dx dy}{\int H(\phi) dx dy} \quad C_2(\phi) = \frac{\int I \cdot (1 - H(\phi)) dx dy}{\int (1 - H(\phi)) dx dy} \quad (6)$$

Por otro lado, para poder minimizar el funcional (5) en términos de la función  $\phi$  se define su primera variación por medio de la ecuación de Euler-Lagrange.

$$\frac{dF}{d\phi} = \nabla F = \delta_0(\phi) \left[ -\mu \cdot \nabla \left( \frac{\nabla \phi}{|\nabla \phi|} \right) + v + \lambda_1 (I - C_1)^2 - \lambda_2 (I - C_2)^2 \right] \quad (7)$$

Para la parte práctica e implementación del algoritmo, se utiliza la versión discreta de la ecuación (7) logrando así, la delimitación del objeto a segmentar a

juntos de nivel, quedando la función de energía en términos de  $\phi$ . Por otra parte, los signos que toma ésta función pueden ser representados por medio de la función Heaviside,  $H(\phi)$ :

Utilizando estas consideraciones, la ecuación de diferencias se puede escribir de la forma siguiente:

través de la evolución de la curva. Utilizando el descenso de gradiente, se introduce una variable artificial con respecto al tiempo de la siguiente manera:

$$\frac{d\phi}{dt} = -\nabla F = \frac{\phi^{t+1} - \phi^t}{\Delta t}, \quad (8)$$

En esta versión del método Chan-Vese se debe tomar en cuenta el número de iteraciones ( $n$ ) y el tiempo entre

$$\phi^{n+1} = \phi^n - \nabla F \cdot \Delta t \quad (9)$$

cada una de estas ( $\Delta t$ ). La forma discreta de la minimización del funcional de energía se muestra a continuación:

### Implementación del Algoritmo de Segmentación de Chan-Vese en 3D

En este trabajo se realizaron modificaciones al modelo descrito en la sección anterior para poder realizar las segmentaciones de las estructuras de interés de forma volumétrica. Es decir, se modificaron las funciones de energía descritas

anteriormente para trabajar a lo largo de los tres ejes cartesianos ( $x, y, z$ ), es decir, que las funciones son generalizadas para trabajar en todo el dominio de las imágenes. La función de energía del modelo se describe como sigue:

$$F(C_1, C_2, S) = \mu \cdot Area(S) + v \cdot Volumen(adentro(S)) + \lambda_1 \int_{Sin} |I - C_1|^2 d\Omega + \lambda_2 \int_{Sout} |I - C_2|^2 d\Omega \quad (10)$$

en donde  $S$  es la superficie variable,  $Sin$  es el dominio de la región interna del objeto,  $Sout$  la región externa y  $\Omega$  representa el dominio de la imagen. La primera parte de la función hace referencia a los términos de regularización considerados, en este caso el área de la superficie y el volumen interino de la superficie, los cuales fueron adecuados para trabajar con el dominio de la función de energía.

Los otros términos describen el movimiento de expansión por parte de la superficie cuando esta se encuentra adentro del área u objeto; y el movimiento de contracción cuando se encuentra por fuera del objeto. Siendo  $\phi$  el nivel cero que representa el contorno activo, el funcional propuesto para ser minimizado es el siguiente:

$$F(C_1, C_2, \phi) = \mu \int_{\Omega} \delta(\phi) |\nabla \phi| d\Omega + v \int_{\Omega} H(\phi) d\Omega + \lambda_1 \int_{\Omega} |I - C_1|^2 H(\phi) d\Omega + \lambda_2 \int_{\Omega} |I - C_2|^2 (1 - H(\phi)) d\Omega \quad (11)$$

Una vez derivado el funcional anterior con respecto al termino  $\phi$  (para lograr su minimización) por medio de la ecuación de Euler-Lagrange, la ecuación de diferencias resultante se puede escribir de igual manera como la ecuación (7). Con el fin de lograr la delimitación del objeto de interés a través de la evolución de la superficie, también se utiliza la versión discreta de la ecuación de diferencias considerando el número de itera-

ciones y el tiempo entre cada iteración, tal y como se muestra en la ecuación (9). Para facilitar la implementación del algoritmo propuesto descrito anteriormente, en la ecuación (7) se consideró que  $\delta_0(\phi) = 1$  y  $v = 0$  basándonos en pruebas realizadas en [13], además de una actualización con el fin de calcular el signo del conjunto de nivel cero de la función, dando lugar a la siguiente expresión:

$$\phi^{n+1} = \phi^n + \Delta t \left[ \mu \cdot \nabla \left( \frac{\nabla \phi}{|\nabla \phi|} \right) - \lambda_1 (I - C_1)^2 + \lambda_2 (I - C_2)^2 \right] \quad (12)$$

Los valores de los términos  $\lambda_1$  y  $\lambda_2$  de la expresión anterior, se calcularon a partir de las intensidades de los voxels dentro y fuera de la curva. Para lograr este objetivo, se calcularon los umbrales de los pulmones y el tumor pulmonar a partir de la información de la imagen original utilizando el método de Otsu [7], implementado en MatLab® por medio de la función `multi-thresh`, la cual nos regresa el umbral que nos permite diferenciar los objetos o áreas de interés, en este caso los pulmones o el tumor, respecto del fondo. Una vez determinados los umbrales, se obtuvieron las varianzas de aquellos valores de la imagen que superarán dichos umbrales (fondo), como también del caso contrario, en donde los valores corresponden a alguna de las estructuras anatómicas deseadas. Así, los valores de  $\lambda$ 's se obtienen calculando el inverso de las varianzas obtenidas.

Adicionalmente, como curva inicial en ambos casos se utilizó todo el conjunto de máscaras resultantes de una previa segmentación de las imágenes con el método de K-means, el cual es un método que se basa en el agrupamiento de clusters representados con una media ponderada de píxeles denominada centroides. El fundamento principal del algoritmo es definir K centroides (uno para cada grupo de datos de interés) dentro de la imagen a procesar [6]. Para esa inicialización, se utilizó la función `kmeans` de MatLab®, en la cual se debe especificar el número de clusters que se desean obtener. En este caso se definieron 2 clusters, lo cual permitió diferenciar la estructura anatómica de

interés (pulmones o tumor pulmonar) de la demás información de la imagen (fondo y otras estructuras).

Para todas las segmentaciones realizadas, los parámetros  $\mu$  y  $\Delta t$  tuvieron un valor de 0.1. En la segmentación de los pulmones, las constantes  $C_1$  y  $C_2$  fueron calculadas con el promedio de los píxeles de todo el volumen tomando en cuenta cuándo  $\phi \geq 0$  y  $\phi < 0$  respectivamente; mientras que para el caso de la segmentación del tumor, el cálculo de las constantes se llevó a cabo con la ayuda de un subvolumen, en donde solo era posible delimitar los píxeles del objeto, facilitando así la ubicación del área en donde se encontraba la estructura.

Finalmente, el número de iteraciones utilizadas para la segmentación de los pulmones y el tumor fueron establecidas en 10 y 5 respectivamente. Estos valores fueron definidos mediante una prueba de consistencia de segmentación, en donde se buscó cual era el número mínimo de iteraciones necesarias para obtener una segmentación que defiriera en menos de 1 % respecto de una segmentación generada con un número máximo de 100 iteraciones.

Dadas las características del método propuesto, en cada iteración del algoritmo se utiliza todo el volumen de las imágenes, lo que hace que las operaciones de la función discreta del algoritmo se realicen de forma tridimensional, obteniendo de esta manera la evolución de una superficie. En resumen, la evolución del algoritmo implementado de segmentación se puede plantear utilizando la siguiente estrategia:

1. Inicializar  $\phi^n$  con la máscara inicial.
2. Calcular  $C_1$  y  $C_2$ .
3. Resolver la ecuación  $\phi^{n+1} = \phi^n + \Delta t [-\lambda_1(I - C_1)^2 + \lambda_2(I - C_2)^2]$ .
4. Actualizar  $\phi^{n+1}$ , con el fin de lograr el ajuste del signo de la curva de nivel cero.
5. Resolver el término faltante en la ecuación (12),  $\nabla \left( \frac{\nabla \phi}{|\nabla \phi|} \right)$ .
6. Realizar los pasos anteriores hasta obtener un valor de  $\phi$  estacionario.

**GRÁFICO 1: Estrategia para la evolución del algoritmo implementado.**



## Imágenes 4DCT de Tórax

Para el análisis del algoritmo de Chan-Vese se seleccionó un conjunto de imágenes 4DCT de tórax, obtenido de la base de datos de la institución Léon Bérard Cancer Center y por el Biomedical Imaging Research Laboratory (CREATIS lab) en Lyon, Francia [9], en donde es posible observar estructuras pulmonares junto con sus características internas (ramificaciones bronquiales) y un tumor pulmonar de gran tamaño,

localizado en el pulmón derecho. Este conjunto de datos en 4D está conformado por 10 imágenes de TAC que fueron adquiridas a un paciente en diferentes fases del ciclo respiratorio, es decir, un ciclo inspiración-espriación es dividido en 10 imágenes de TAC. Cada una de las imágenes de TAC tienen un tamaño de 475 x 335 x 123 voxeles, con una dimensión del voxel de 0.98 mm x 0.98 mm x 2.00 mm.

### Análisis Cuantitativo del Desempeño del Método de Segmentación

Para validar la precisión de las segmentaciones volumétricas obtenidas con el algoritmo implementado basado en el método de Chan-Vese, se analizaron las diferencias entre los contornos resultantes de dicho algoritmo y los contornos validados por un experto clínico. Estos contornos fueron obtenidos siguiendo la estrategia propuesta en [14] para el caso de la estructura de los pulmones, y de forma manual utilizando el software MIPAV [15] para el caso del tumor pulmonar. Las diferencias fueron cuantificadas mediante el cálculo de índices de precisión utilizados en el ámbito médico para el análisis de estructuras de interés [2], entre los que se pueden encontrar: el coeficiente de similitud

dice (DICE), la distancia simétrica media entre contornos (DSM), y el porcentaje de distancias mayores a la dimensión del voxel (%DMDV) [16].

El índice DICE es una medida de precisión global, específicamente de traslape entre las estructuras a comparar, el cual puede tener valores entre 0 (ausencia de coincidencia en las máscaras) y 1, que se traduce en una superposición perfecta entre las estructuras. Dichas estructuras están representadas por máscaras binarias generadas a partir de los contornos obtenidos en las segmentaciones. El cálculo del índice DICE se realiza de la siguiente manera:

$$DICE = 2 \frac{\#(A \cap B)}{\#A + \#B} \quad (13)$$

En este caso, se calcula la intersección entre las máscaras binarias A y B (máscaras a comparar), y # representa la cardinalidad de los conjuntos.

La DSM es el valor medio del cálculo de todas las distancias Euclidianas existentes entre los puntos de dos contornos ( $C_A$  y  $C_B$ ), y se estima de la siguiente manera:

$$DSM = \frac{1}{C_A + C_B} \left( \sum_{p_A \in C_A} d(p_A, C_B) + \sum_{p_B \in C_B} d(p_B, C_A) \right) \quad (14)$$



donde  $p_A$  y  $p_B$  son los voxeles pertenecientes los contornos  $C_A$  y  $C_B$ , y  $d(p, C)$  es la distancia euclidiana mínima entre los voxeles y el contorno contrario a donde se encuentran. Este índice brinda una medida del error medio (desalineación) presente entre los contornos analizados.

Por último, el índice %DMDV indica el porcentaje de distancias existentes entre contornos que superan un umbral admisible de error establecido, normalmente, se utiliza la dimensión del voxel como umbral, ya que de esta manera se establece un porcentaje de las diferencias perceptibles entre las segmentaciones. Teniendo en cuenta dos conjuntos definidos de la siguiente manera:

$$G_A = \{p_A \in C_A | d(p_A, C_B) > DimVoxel\} \quad (15)$$

$$G_B = \{p_B \in C_B | d(p_B, C_A) > DimVoxel\} \quad (16)$$

donde DimVoxel se refiere al grosor del voxel, el índice %DMDV se puede calcular como:

$$\%DMDV = \frac{\#G_A + \#G_B}{\#C_A + \#C_B} \cdot 100 \quad (17)$$

### Reconstrucción Tridimensional

La reconstrucción de los resultados de ambas segmentaciones (pulmones y tumor) se realizó a través de la graficación de una isosuperficie, por medio de la herramienta ya definida en el software de MatLab®.

Lo anterior consiste en calcular los valores de la superficie de los datos provenientes de un volumen, que en este caso son las máscaras resultantes de las segmentaciones, para después conectar y ajustar esos puntos en los ejes  $x$ ,  $y$ ,  $z$ .

En este caso, se reconstruyó cada estructura de forma individual, y además se realizó una graficación de las

dos estructuras en el mismo plano, lo cual permitió observar en conjunto los dos resultados. Para lograr esto, se tuvo que graficar a modo de transparencia la estructura del exterior (pulmones), para poder visualizar el tumor interno.

El término que le da la transparencia a una isosuperficie es *alpha*, cuando éste término tenga un valor más cercano a 0, más traslucido se podrá observar el volumen reconstruido, mientras que en valores cercanos a 1 el volumen tomara una apariencia más opaca.

El valor de *alpha* utilizado para la reconstrucción de los pulmones fue de 0.1, lo que permitió visualizar no solamente el tumor pulmonar, si no además visualizar a detalle las ramificaciones internas de los pulmones.

### Dinámica Pulmonar

El procedimiento de reconstrucción tridimensional se realizó en las diez fases (imágenes de TAC) del ciclo respiratorio disponibles para poder obtener información de la dinámica de las estructuras de interés a lo largo del ciclo respiratorio. En particular, para el caso del tumor pulmonar, se buscó calcular los desplazamientos máximos (en milímetros) en cada eje cartesiano.

Esto es posible de obtener utilizando las reconstrucciones del tumor pulmonar en las fases del inicio de la inspiración y el inicio de la espiración, en conjunto con la información de la dimensión del voxel ( $0.98 \text{ mm} \times 0.98 \text{ mm} \times 2.00 \text{ mm}$ ). Ésta información es de importancia ya que pudiera ser utilizada en la planificación de tratamientos de Tomoterapia.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### Análisis de Definición de Iteraciones

Para determinar el número de iteraciones para las segmentaciones de los pulmones y el tumor pulmonar se realizó un análisis de robustez y consistencia del algoritmo propuesto, en el cual se comparó el resultado de una segmentación utilizando un número máximo de 100 iteraciones, con el resultado de segmentaciones usando iteraciones de 5, 10, 20, ..., hasta 100. Tomando en cuenta lo anterior, la Figura 1 muestra la diferencia de voxeles existente entre el resultado de la segmentación de los pulmones con 100 iteraciones en comparación con el resultado de las demás segmentaciones (desde 5 hasta 100). Adicionalmente, en esta Figura se puede observar una línea roja localizada en el valor de

600 voxeles, lo cual representa que existe una diferencia del 0.01 %. De esta forma, es posible apreciar que las segmentaciones son muy similares (consistentes) sin importar el número de iteraciones utilizadas en un rango entre 5 y 100 iteraciones; sin embargo, se estableció el número de iteraciones a aquel valor que tuviera un error por debajo del 0.01 %, lo cual corresponde con un número de 10 iteraciones para el caso de la segmentación de los pulmones. Para la segmentación del tumor pulmonar se realizó el mismo procedimiento para poder determinar que el número mínimo de iteraciones necesarias para una segmentación consistente fue establecido en 5.

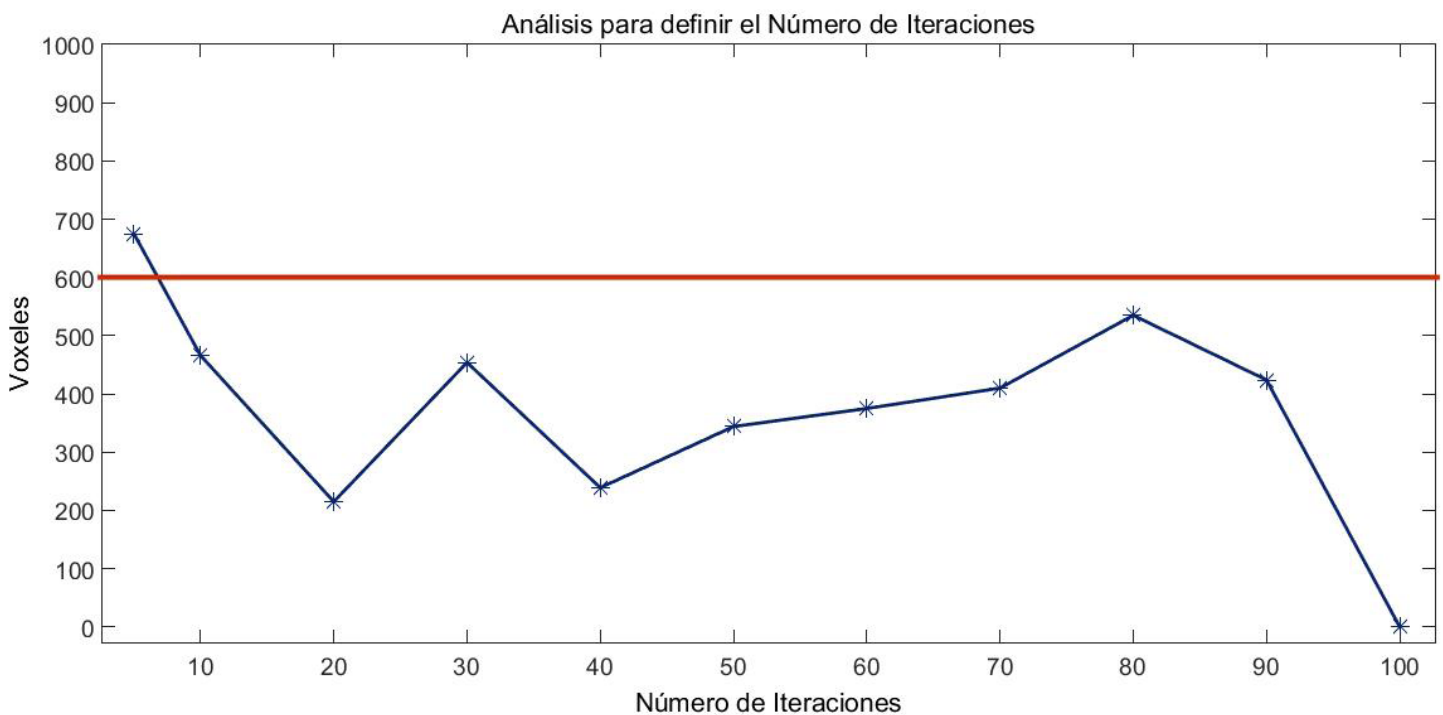


FIGURA 1: Diferencia de voxeles entre segmentaciones utilizando diferente número de iteraciones.

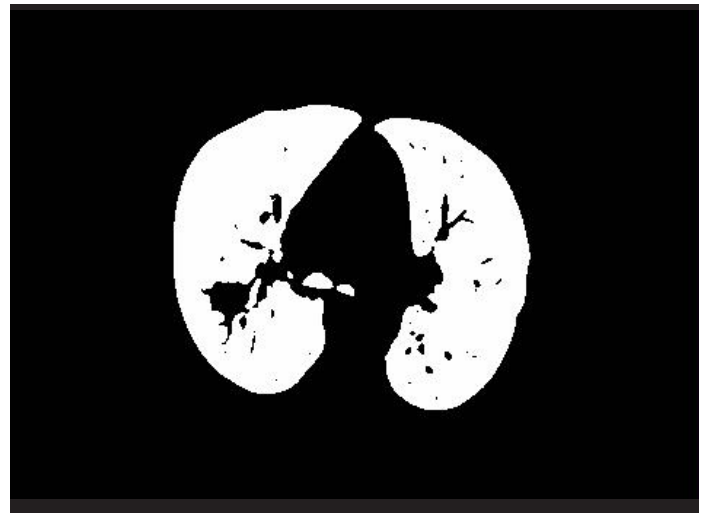
Es importante mencionar que aunque pareciera que el número de iteraciones no parece tener gran impacto en la precisión de la segmentación, se busca el número mínimo de iteraciones para obtener un buen resultado en el menor tiempo posible. Por lo tanto, para el caso de la segmentación tridimensional de los pulmones con 10 iteraciones se tuvo un tiempo de cómputo aproximado de 10 minutos, mientras que para el tumor pulmonar la segmentación tardó 4 minutos con 5 iteraciones. En todos los casos las segmentaciones fueron realizadas en una computadora portátil de gama media (procesador Intel Core i7 @2.5 GHz con 8 GB de memoria RAM).

### Evaluación y Análisis Cuantitativo de las Segmentaciones en 3D

Para la presentación visual de los resultados obtenidos mediante el método propuesto, se utilizó la imagen de TAC en la fase final de la espiración, la cual fue considerada en este trabajo como la imagen de referencia. En la Figura 2 se puede observar un corte central de la imagen de TAC de la imagen, donde se muestran la imagen original (Figura 2(a)) y los resultados de la segmentación de las estructuras utilizando el método propuesto; pulmones (Figura 2(b)) y tumor pulmonar (Figura 2(c)).



a)



b)



c)

**FIGURA 2:** Resultados de la segmentación de las estructuras de interés. (a) Imagen de TAC de pulmón y tumor (fase de referencia); (b) Contorno de los pulmones obtenido por el método propuesto; (c) Contorno de tumor pulmonar obtenido por el método propuesto.

En esta Figura es posible apreciar que el método implementado realiza una buena segmentación de ambas estructuras anatómicas de interés, ya que logra definir de manera eficiente sus contornos. En el caso de los pulmones, el método logra definir el borde externo de los pulmones, y además logra segmentar también sus características internas (ramificaciones bronquiales), que son visibles en Figura 2(a). En cuanto al tumor pulmonar, el algoritmo propuesto logra segmentar adecuadamente la forma compleja de dicha estructura anatómica, pudiendo diferenciar pequeños detalles localizados en la periferia del tumor. Lo anterior refuerza las conclusiones reportadas en [8], es decir, que el método de Chan-Vese es robusto y preciso para la segmentación de estructuras anatómicas de diferentes tamaños y formas.

Para reforzar los resultados del buen desempeño cualitativo mostrado en la Figura 2, la Tabla 1 muestra los resultados provenientes del cálculo de los índices de precisión como complemento cuantitativo de la evaluación de las segmentaciones obtenidas por el método propuesto.

En esta Tabla, se puede verificar el buen desempeño por parte del método implementado en la segmentación de las estructuras de los pulmones y el tumor. Para el índice DICE se encontraron valores cercanos a 1 (por encima de 0.90 para el caso de los pulmones y por arriba de 0.80 para el caso del tumor) lo que demuestra una gran similitud del resultado obtenido con los contornos validados por el experto clínico, si importar la dimensión y forma de las estructuras.

En cuanto el índice de *DSM*, este tiene un valor de error medio de 2.55 *mm* para el caso de los pulmones, el cual puede deberse a los detalles (ramificaciones internas) que el método propuesto es capaz de segmentar y que en la segmentación de referencia no son considerados por el experto clínico. Lo anterior sugiere que mientras más detalles se encuentren en el interior de los pulmones, mayor será el valor de *DSM* y por lo

**TABLA 1: Resultados de índices de precisión para el análisis cuantitativo de las segmentaciones de las estructuras de interés.**

Índices	Estructuras de Interés	
	Pulmones	Tumor
<i>DICE</i>	0.94	0.82
<i>DSM (mm)</i>	2.55	0.41
<i>%DMDV (%)</i>	29.25	0.01

tanto también el valor de *%DMDV*, el cual refleja el porcentaje de distancias mayores a un umbral establecido, que en este caso corresponde a 2 *mm* (grosor del voxel).

Sin embargo, para el caso del tumor, estos dos índices muestran valores muy cercanos a 0, lo que habla de una gran semejanza de los contornos manuales del experto con la segmentación resultante del método propuesto, a tal grado que las diferencias son menores que la dimensión del voxel.

### Reconstrucción Tridimensional

En la Figura 3 se muestran las reconstrucciones tridimensionales de los resultados de las segmentaciones en la fase de referencia, en donde se puede observar de mejor forma la estructura de los pulmones (Figura 3(a)) y del tumor pulmonar (Figura 3(b)). Adicionalmente, se muestra la representación de ambas estructuras tridimensionales en el mismo plano (Figura 3(c)), en donde es posible identificar el tumor de color rojo y los pulmones a modo de transparencia, lo que nos permite observar sus ramificaciones internas.

Estas reconstrucciones nos permiten conocer a detalle las características de las estructuras de interés, como su forma y tamaño, y en el caso del tumor pulmonar, nos permite además visualizar y confirmar su ubicación dentro de los pulmones por medio de la transparencia.

### Dinámica Pulmonar

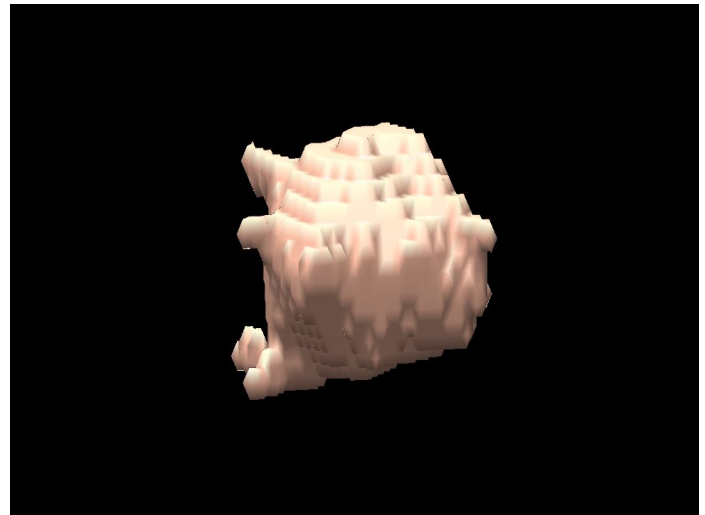
Finalmente, en la Figura 4 se muestran las reconstrucciones de ambas estructuras anatómicas de interés en las diez fases del ciclo respiratorio, en donde se puede observar la fase inspiratoria (Figura 4(a-e)), siendo 4(a) el inicio de la inspiración, y la fase espiratoria (Figura 4(f-j)), que inicia en la 4(f).

Esta Figura nos permite apreciar el desplazamiento generado tanto en los pulmones como en el tumor a causa de la respiración. Para mejorar el detalle en la dinámica del tumor, en esta Figura se agregaron unas guías (líneas de color azul) que permiten comprobar el desplazamiento máximo del tumor sobre el eje  $z$  de 17 cortes transversales, que corresponden a  $34.0\text{ mm}$  (utilizando la información de la dimensión del voxel), entre las fases de inicio de la inspiración e inicio de la espiración. Con respecto al eje  $x$  y al eje  $y$ , el tumor tuvo un desplazamiento menor, de  $2.9\text{ mm}$  y  $3.9\text{ mm}$  respectivamente.

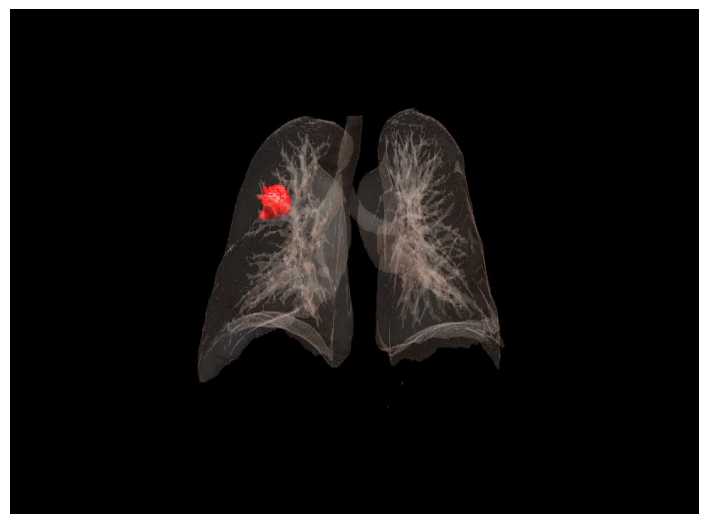
Es importante mencionar que el desplazamiento máximo a lo largo del eje  $z$  era esperado, ya que de forma anatómica al movimiento que genera el diafragma en ese eje es mucho mayor que el desplazamiento de las paredes torácicas a causa de la inspiración y la espiración. Estos resultados confirman la influencia de la respiración en el movimiento de las estructuras anatómicas estudiadas, y los desplazamientos máximos obtenidos podrían ser utilizados en la planificación de tratamientos de Tomoterapia.



a)

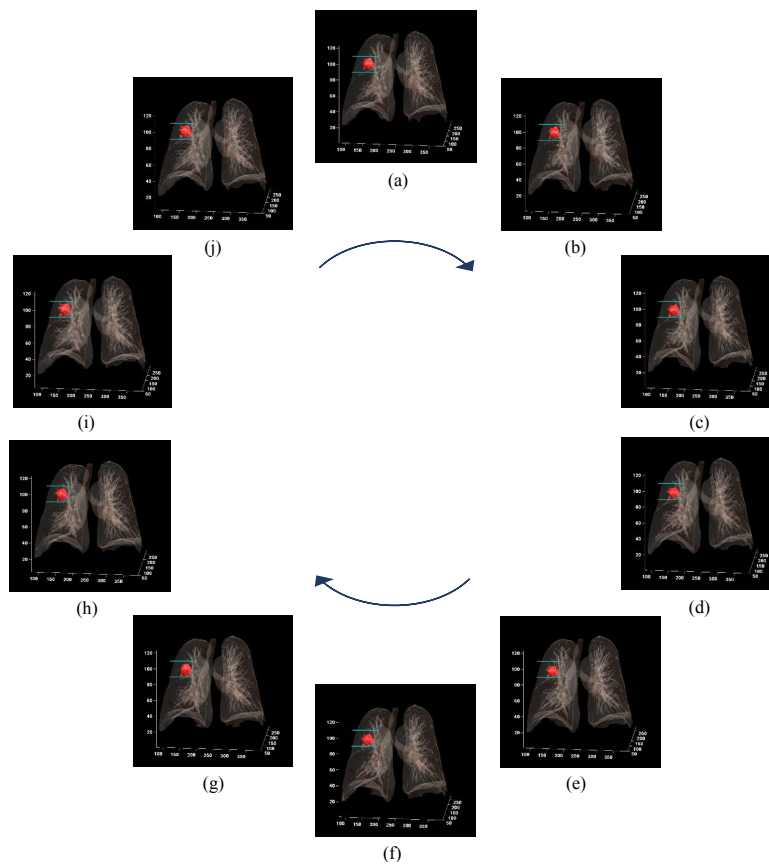


b)



c)

**FIGURA 3:** Reconstrucción tridimensional de las estructuras de interés, (a) Reconstrucción de los pulmones; (b) Reconstrucción en 3D del tumor pulmonar; (c) Reconstrucción de las estructuras de los pulmones y tumor en el mismo plano.



**FIGURA 4:** Reconstrucción tridimensional de las estructuras de los pulmones y tumor pulmonar en las fases del ciclo respiratorio, (a-e) Fase inspiratoria; (f-j) Fase espiratoria. Los ejes x, y, son píxeles y el eje z cortes transversales.

## CONCLUSIONES

En este trabajo se presentó la implementación de un método de segmentación de contornos activos basado en el algoritmo Chan-Vese para extraer estructuras anatómicas de interés en imágenes 4DCT de tórax. El algoritmo propuesto logra segmentar de manera apropiada tanto pulmones como el tumor pulmonar presente en las imágenes, lo que confirma que el método es capaz de segmentar estructuras de diferentes tamaños y formas. Características específicas de cada estructura anatómica se pueden conocer a detalle por medio de la reconstrucción tridimensional, además de la ubicación de las estructuras de interés (tumor), información que puede ser de gran importancia en tratamientos de Radioterapia y Tomoterapia, en donde se busca minimizar la radiación en los órganos sanos cercanos a las células cancerosas.

Es importante mencionar que los resultados presentados en este trabajo corresponden únicamente a un conjunto de imágenes 4DCT de un sujeto de estudio, por lo tanto, se espera en un futuro poder realizar el mismo procedimiento a una base de datos que contenga más pacientes. Adicionalmente, se buscará realizar comparaciones entre el algoritmo propuesto y otros métodos de segmentación y reconstrucción en el estado del arte de aplicaciones de RT, de tal manera que se pueda contar con mayor evidencia del buen desempeño del algoritmo propuesto. Por último, se espera poder contar con la retroalimentación de físicos médicos para validar el posible uso de la información de los desplazamientos máximos obtenidos en la planificación de tratamientos de Tomoterapia.



## REFERENCIAS

- [1] Aubert G, Kornprobst P. “Mathematical problems in image processing: partial differential equations and the calculus of variations”, *Springer Science and Business Media*, vol. 147, 2006. DOI: <http://dx.doi.org/10.1007/978-0-387-44588-5>
- [2] Faggiano E, Fiorino C, Scalco E, Broggi S, Cattaneo M, Maggiulli E, et al., “An automatic contour propagation method to follow parotid glands deformation during head-and-neck cancer Tomotherapy”, *Physics in Medicine and Biology*, vol. 56, no. 3, pp. 775-791, 2011. DOI: <http://dx.doi.org/10.1088/0031-9155/56/3/015>
- [3] Fox J, Ford E, Redmond K, Zhou J, Wong J, Song DY. “Quantification of Tumor Volume Changes during Radiotherapy for Non-Small-Cell Lung Cancer”, *International Journal of Radiation Oncology Biology Physics*, vol. 74, no. 2, pp. 341-348, 2009. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.ijrobp.2008.07.063>
- [4] Mageras GS, Mechalakos J. “Planning in the IGRT context: closing the loop”, *In Seminars in Radiation Oncology*, vol. 17, pp. 268-277, 2007. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.semradonc.2007.06.002>
- [5] Pal NR, Pal SK. “A review on image segmentation techniques”, *Pattern Recognition*, vol. 26, no. 9, pp. 1277-1294, 1993. DOI: [http://dx.doi.org/10.1016/0031-3203\(93\)90135-J](http://dx.doi.org/10.1016/0031-3203(93)90135-J)
- [6] Chandhok C, Chaturvedi S, Khurshid AA. “An Approach to Image Segmentation using K-means Clustering Algorithm”, *International Journal of Information Technology*, vol. 1, pp. 11-17, 2012. ISSN 2279-008X. Encontrado en: [http://iairs.org/IJIT\\_PAPERS/PAGE%2011%20TO%2017.pdf](http://iairs.org/IJIT_PAPERS/PAGE%2011%20TO%2017.pdf)
- [7] Otsu N. “A Threshold Selection Method from Gray-Level Histograms”, *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics*, vol. 9, no. 1, pp. 62-66, 1979. DOI: <http://dx.doi.org/10.1109/TSMC.1979.4310076>
- [8] Hernandez S, Mejia AR, Arce ER, Scalco E, Rizzo G. “Evaluación Cuantitativa del Desempeño de Métodos de Segmentación Aplicados a Imágenes Médicas para el Análisis de Estructuras Anatómicas de Interés”, *Memorias Congreso Nacional de Ingeniería Biomédica CNIB2015*, no. 2, pp. 374-377, 2015. Encontradas en: <https://issuu.com/alternativeleon/docs/memoriascnib>
- [9] Vandemeulebroucke J, Rit S, Kybic J, Clarysse P, Sarrut D. “Spatiotemporal motion estimation for respiratory-correlated imaging of the lungs”, *In Med Phys*, vol. 38, no. 1, pp. 166-178, 2011. DOI: <http://dx.doi.org/10.1118/1.3523619>
- [10] Jianyuan D, Chongyang H. “3D fast level set image segmentation based on Chan Vese model”, *In 3rd International Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering*, pp. 11-13, 2009. DOI: <http://dx.doi.org/10.1109/ICBBE.2009.5162136>
- [11] Liu L, Zeng L, Luan X. “3D robust Chan-Vese model for industrial computed tomography volume data segmentation”, *Optics and Lasers in Engineering*, vol. 51, no. 11, pp. 1235-1244, 2013. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.optlaseng.2013.04.019>
- [12] He F, Sun Y. “Segmentation of noisy CT volume data using improved 3D Chan-Vese model”, *In 2015 IEEE 7th International Conference on Awareness Science and Technology (iCAST)*, pp. 31-36, 2015. DOI: <http://dx.doi.org/10.1109/ICAWS.2015.7314016>
- [13] Chan TF, Vese LA. “Active Contours Without Edges”, *IEEE Transactions on image processing*, vol. 10, no. 2, pp. 266-277, 2001. DOI: <http://dx.doi.org/10.1109/83.902291>
- [14] Faggiano E, Cattaneo GM, Ciavarrò C, Dell’Oca I, Persano D, Calandrino R, et al., “Validation of an elastic registration technique to estimate anatomical lung modification in Non-Small-Cell Lung Cancer Tomotherapy”, *Radiation Oncology (London, England)*, vol. 6, no. 1, 2011. DOI: <http://dx.doi.org/10.1186/1748-717X-6-31>
- [15] McAuliffe MJ, Lalonde FM, McGarry D, Gandler W, Csaky K, Trus BL. “Medical Image Processing, Analysis and Visualization In Clinical Research”, In: *CBMS ’01: Proceedings of the Fourteenth IEEE Symposium on Computer-Based Medical Systems* Anonymous Washington, DC, USA: *IEEE Computer Society*, pp. 381, 2001. DOI: <http://dx.doi.org/10.1109/CBMS.2001.941749>
- [16] Mejia AR, “Deformable Image Registration for Radiotherapy Monomodal Applications”, *Department of Electronics, Information and Bioengineering, Politecnico di Milano*, Tesis de Doctorado, 2013. Encontrada en: <https://www.politesi.polimi.it/handle/10589/82803>