

Algorytm segmentacji obrazów medycznych 3D przy wykorzystaniu operatorów morfologicznych oraz indeksacji metodą rozrostu

Streszczenie. Niniejszy artykuł przedstawia nowy algorytm segmentacji obrazów 3D narządów wewnętrznych człowieka skomponowany z wykonywanych szeregowo znanych algorytmów wstępnego przetwarzania obrazów 3D. Nowatorstwo algorytmu polega na właściwym wyborze algorytmów przetwarzania, kolejności ich realizacji i parametrów z jakimi były realizowane. Działanie algorytmu porównano z algorytmem progowania wraz z indeksacją co wykazało jego zdecydowaną przewagę.

Abstract. This paper describes a new algorithm composed of serially performed known initial 3D image processing algorithms for segmentation of 3D images of internal human organs. The novelty of the algorithm is the right choice of processing algorithms, the order of their execution and parameters of which have been implemented. Working of algorithm was compared with working of thresholding algorithm with indexation and showed its definite advantage. A new algorithm for segmentation of 3D images of internal human organs

Słowa kluczowe: segmentacja 3D, operatory morfologiczne, tomografia komputerowa, rezonans magnetyczny, algorytm rozrostu

Keywords: 3D segmentation, morphology operators, computer tomography, magnetic resonance „flood fill” algorithm

Wstęp

Obecnie stosowanie techniki obrazowania medycznego pozwalają na tworzenie obrazów trójwymiarowych na podstawie serii obrazów dwuwymiarowych. Jako techniki pozyskiwania takich obrazów można wyróżnić: tomografię komputerową [1,2] (która polega na wykonaniu serii zdjęć rentgenowskich ciała z różnych pozycji specjalnym aparatem a następnie rekonstrukcji obrazu 3D na podstawie tych zdjęć), rezonans magnetyczny [2] (wykorzystujący jądrowy rezonans magnetyczny jąder wodoru występujących w wodzie w żywych tkankach organizmu), PET [2] (pozytonowa tomografia emisyjna – pacjent otrzymuje izotopy promieniotwórcze). Obrazy takie można interpretować (i przetwarzać) jako serię odrębnych obrazów 2D (przekrojów) lub jako jeden obraz trójwymiarowy składający się z tzw. wokseli (trójwymiarowych pikseli posiadających kształt prostopadłościanu i przypisanych im wartości liczbowych). W niniejszej pracy do ilustracji działania opracowanego algorytmu segmentacji obrazów 3D użyto obrazów 3D pochodzących z tomografii komputerowej oraz rezonansu magnetycznego.

Segmentacja obrazów medycznych 3D jest obecnie jednym z rozwijających się trendów badawczych w zakresie zastosowań wizji komputerowej w medycynie. Jednym z zastosowań praktycznych segmentacji 3D jest tworzenie możliwie jak najbardziej dokładnych modeli 3D narządów wewnętrznych człowieka na podstawie obrazów medycznych 3D pozyskanych z tomografii komputerowej lub rezonansu magnetycznego. Model będący wynikiem segmentacji umożliwia interaktywną wizualizację danego narządu w trzech wymiarach, co jest przydatne w dydaktyce i diagnostyce medycznej. Taki model można również wydrukować na drukarce 3D. W przypadku segmentacji

obrazów medycznych poprawność segmentacji oceniana jest przez lekarza anatoma.

Oryginalnym wynikiem przedstawionym w artykule jest nowy algorytm segmentacji obrazów 3D skomponowany z wykonywanych szeregowo znanych algorytmów wstępnego przetwarzania obrazów 3D. Nowatorstwo algorytmu polega na właściwym wyborze algorytmów przetwarzania, kolejności ich realizacji i parametrów z jakimi były realizowane. W artykule przedstawiono wyniki segmentacji uzyskane z wykorzystaniem opracowanego algorytmu dla przykładowych danych z tomografu komputerowego oraz rezonansu magnetycznego.

Podział algorytmów segmentacji obrazów

Algorytmy segmentacji obrazów 2D [3,4] i 3D [4,5,6] dzielą się na:

- 1) Algorytmy bazujące na woksela (ang. *voxel based algorithms*):
 - a. Progowanie (najczęściej dwoma progami)
 - b. Klasteryzacja ze względu na jasności punktów
- 2) Algorytmy bazujące na regionach (ang. *region based algorithms*)
 - a. Segmentacja przez rozrost obszarów (ang. *region growing*)
 - b. Segmentacja przez łączenie obszarów (ang. *region merging*)
 - c. Segmentacja przez podział obszarów (ang. *region splitting*)
- 3) Algorytmy bazujące na krawędziach (ang. *edge based algorithms*), przykładowym takim algorytmem jest segmentacja wododziałowa [7] (ang. *watersheed*)
- 4) Algorytmy bazujące na modelach (ang. *model based algorithms*), przykładami takich algorytmów są: metoda zbiorów poziomicowych (ang. *level set method*) [8],

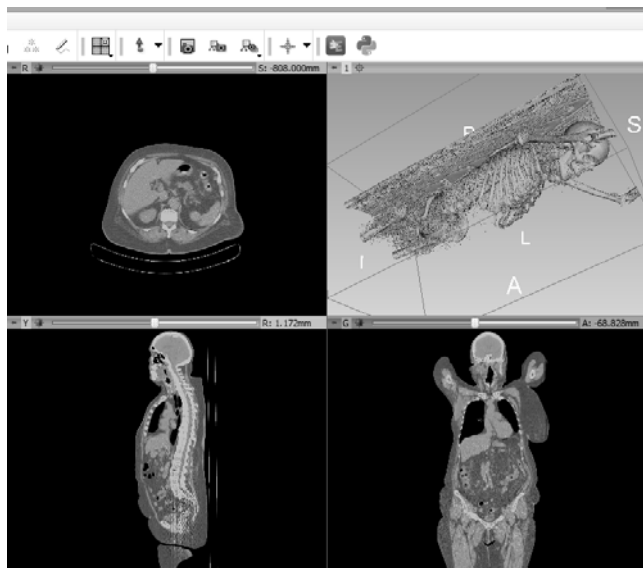
kontur aktywny (ang. *active contour*) [9,10] w którym model matematyczny konturu rozszerza się i wypełnia przestrzeń (w wersji 2D), natomiast w wersji 3D model matematyczny bryły rozszerza się i wypełnia przestrzeń. Jest to jeden z najbardziej złożonych obliczeniowo algorytmów segmentacji obrazów.

Oprogramowanie 3D Slicer

Aby można było rozpocząć badania nad algorytmami segmentacji 3D obrazów medycznych niezbędne były następujące funkcjonalności:

- wczytywania obrazów zapisanych w formacie DICOM,
- przeglądania tych obrazów w postaci przekrojów a także przeglądania cząstkowych wyników segmentacji uzyskanych przy użyciu podstawowych algorytmów przetwarzania i segmentacji obrazów 3D (np. progowanie, filtracja, operacje morfologiczne),
- generowania modelu 3D na podstawie segmentacji.

Wymienione funkcjonalności posiada oprogramowanie 3D Slicer, które oprócz funkcji wczytywania, przeglądania i przetwarzania obrazów 3D oraz generowania modeli posiada własny interpreter języka *Python* w którym można przechwycić obraz 3D wczytany do programu, oraz przetworzyć go i zapisać z powrotem do programu. Dostępne są też biblioteki dla języka *Python* umożliwiające m. in. podstawowe algorytmy przetwarzania obrazów 2D jak i 3D takie jak: *VTK (Visualisation Toolkit)*, *SimpleITK* (okrojona wersja *Insight Segmentation and Registration Toolkit (ITK)*). Biblioteki te są napisane w języku *C++*, co gwarantuje ich wysoką wydajność.



Rys. 1. Model kości utworzony w programie 3D Slicer na podstawie etykietyzacji powstałej poprzez progowanie za pomocą dwóch progów.

W programie 3D Slicer [11,12] można w prosty sposób tworzyć modele 3D na podstawie obrazów medycznych bez konieczności programowania. Aby utworzyć taki model należy wczytać obraz 3D (serię obrazów w postaci plików DICOM), następnie w opcji edycji wybrać etykietę i za pomocą suwaków wybrać 2 progi określające przedział jasności wokseli, które mają być oznaczone etykietą i na końcu uruchomić proces tworzenia modelu 3D na podstawie zaetykietowanych wcześniej wokseli. Podczas zmieniania progów za pomocą suwaków można na żywo obserwować zmianę etykietywania na przekrojach obrazu 3D co pomaga w ustaleniu właściwych progów. Po utworzeniu modelu można go oglądać w specjalnym oknie które umożliwi manipulację w trzech wymiarach (obrót, przesunięcie, powiększenie / pomniejszenie). Model

utworzony w taki sposób jednak nie posiada wartości użytkowej w medycynie, ponieważ nie jest jednolitą bryłą ale składa się z różnych mniejszych elementów należących często do różnych narządów.

Aby można było tworzyć modele 3D o jakości akceptowalnej przez lekarza konieczne są bardziej zaawansowane algorytmy segmentacji niż przedstawiony powyżej (którego wyniki widoczne są na ilustracji 1) działający na zasadzie progowania jasności wokseli. Jednym z takich algorytmów jest algorytm opisany w niniejszej publikacji. Proces tworzenia modelu 3D powinien być wtedy poprzedzony uzyskaniem obrazu binarnego segmentacji danego narządu.

Algorytm indeksacji obrazów 3D metodą rozrostu

Aby wydzielić jednolity obszar dla danego narządu wykorzystano algorytm rozrostu [13] w wersji 3D. Został on zaimplementowany w języku *Python*. Algorytm rozrostu (ang. *flood fill*) działający na obrazie binarnym polega na tym, że rozpoczynając indeksację od pewnego punktu (tzw. „ziarna”) algorytm rekurencyjnie przegląda jego niezaindeksowane sąsiedztwo wypełniając je numerem indeksu. W praktyce aby zapobiec wyczerpaniu stosu nie używa się rekurencji natomiast nowe punkty dodaje się wirtualnego stosu i przetwarza się je w pętli. W ten sposób możemy wypełnić jednolity obiekt wydzielony w obrazie binarnym wewnątrz którego to obiektu ustawiono „ziarno”. Aby zaindeksować wszystkie obiekty występujące w obrazie binarnym należy wywołać ten algorytm dla każdego kolejnego niezaindeksowanego punktu (czyli kolejnego znanego obiektu, ponieważ algorytm w poprzednim wywołaniu zaindeksuje już wszystkie punkty poprzednio znanego obiektu) przy czym przy każdym kolejnym jego wywołaniu zwiększać numer bieżącego indeksu o 1. Jednak w badaniach opisanych w tym artykule skupiono się na segmentacji pojedynczego obiektu.

Opracowany algorytm segmentacji obrazów

Podczas serii badań opracowano oryginalny algorytm segmentacji obrazów 3D w którym użyto progowanie, operatory morfologiczne [13,14] (erozja i dylatacja) oraz indeksację metodą rozrostu [13]. Wszystkie wykorzystane do implementacji algorytmu segmentacji podstawowe algorytmy przetwarzania obrazów są w wersji 3D i pochodzą z bibliotek *VTK* [15] oraz *SimpleITK* [16].

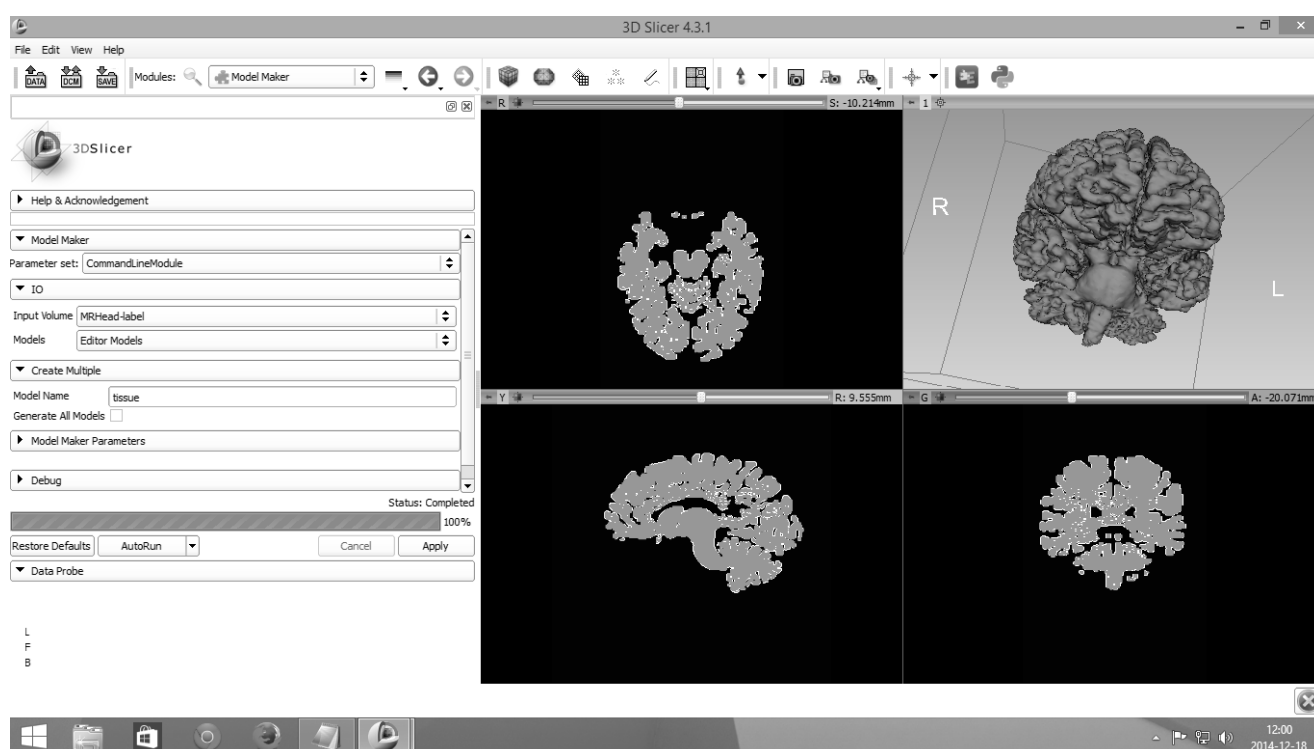
Algorytm ten składa się z następujących kroków (wszystkie kroki obejmują przetwarzanie obrazu w trzech wymiarach):

- 1) Binarystacja obrazu z dolnym i górnym progiem (które są ustalane eksperymentalnie w zależności od narządu człowieka) i zapisanie jej wyniku (spowoduje to uzyskanie bardziej szczegółowego obrazu binarnego narządu ale nie nadającego się do indeksacji).
- 2) Filtracja obrazu wejściowego (który został zapamiętany przed operacją progowania) za pomocą filtru medianowego 3D
- 3) Binarystacja przefiltrowanego obrazu z dolnym i górnym progiem (spowoduje to uzyskanie mniej szczegółowego obrazu binarnego narządu ale bardziej nadającego się do indeksacji)
- 4) Operacja erozji 3D obrazu binarnego uzyskanego w poprzednim kroku (operacja ta spowoduje odłączenie się obiektu, którego segmentacji dokonujemy od innych obiektów)
- 5) Indeksacja obiektu narządu za pomocą algorytmu rozrostu 3D, która wymaga podania punktu (tzw. „ziarna”) od którego rozpocznie się indeksacja
- 6) Operacja dylatacji 3D wykonana na zaindeksowanym i wyodrębnionym obiekcie
- 7) Operacja logiczna AND pomiędzy obrazem binarnym uzyskanym w poprzednim kroku (po dylatacji) a

obrazem binarnym uzyskanym w punkcie 1. Operacja ta spowoduje usunięcie wszystkich innych obiektów a jednocześnie zachowanie szczegółów obiektu (które uległy rozmyciu poprzez filtrację oraz operacje morfologiczne).

W powyższym algorytmie występują operacje morfologiczne erozji i dylatacji pomiędzy którymi wpleciono indeksację. Takie wywołanie erozji i dylatacji (oczywiście bez indeksacji) nazywa się w wizji komputerowej operacją otwarcia obrazu (pod warunkiem, że do erozji i dylatacji użyje się takiego samego elementu strukturalnego). W przypadku opracowanego algorytmu tak jednak nie jest. Do operacji dylatacji (która jest wykonywana na końcu użyto większego elementu strukturalnego niż do operacji erozji z tego względu, że operacja erozji służy tu do odcięcia obiektu od reszty (aby było możliwe jego wydzielenie za pomocą algorytmu indeksacji) natomiast operacja dylatacji służy tu do powiększenia obiektu do takich rozmiarów aby nie był mniejszy od obiektu rzeczywistego. Do eksperymentów opisanych w niniejszym artykule użyto

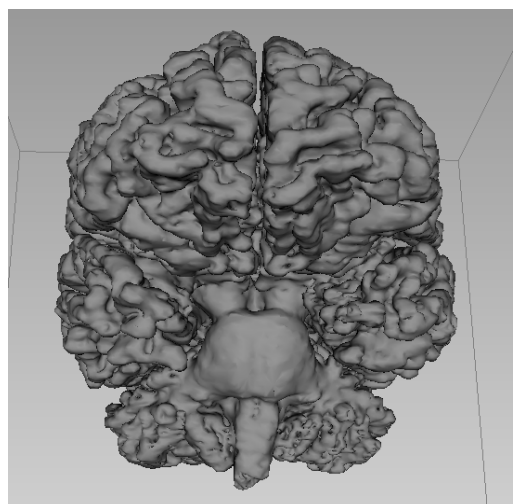
elementów strukturalnych 3D w kształcie kuli o promieniu równym 2 dla erozji i 3 dla dylatacji. Aby mieć pewność że obiekt nie zostanie zniekształcony poprzez filtrację oraz operacje morfologiczne wykorzystano do dylatacji większy element strukturalny, co nie będzie mieć żadnego negatywnego wpływu na ostateczny wynik segmentacji (nie licząc wąskich połączeń pomiędzy danym narzędziem a innymi narzędziami, które to połączenia likwiduje operacja erozji), ponieważ ostatnim etapem jest operacja logiczna *AND* pomiędzy wynikiem tej dylatacji a obrazem binarnym powstałym na niefiltrowanym i nie poddanym operacjom morfologicznym obrazie. Jedynym negatywnym wpływem użycia większego elementu strukturalnego do operacji dylatacji jest wydłużenie połączeń z innymi obiektami o kilka wokseli. Należy w tym miejscu podkreślić, że operacje filtracji i operacji morfologicznych nie wpływają na ostateczny kształt obiektu a jedynie na odcięcie obiektu od innych narzędzi. Sam model zaś tworzony jest na podstawie progowania wykonanego na samym początku działania algorytmu.



Rys. 2. Okno programu 3D Slicer z przekrojami przedstawiającymi obraz binarny po segmentacji (oraz zaetykietowany), a także utworzony model 3D mózgu

Ilustracja 2 przedstawia okno programu *3D Slicer*, gdzie na trzech oknach przekrojów widać przekroje obrazu binarnego 3D powstałego przy wykorzystaniu algorytmu segmentacji opisywanego w niniejszym artykule. Ten obraz binarny jest po zaetykietowaniu, wystarczyło wybrać próg etykietyzacji w programie 3D Slicer pomiędzy wartościami niską (0) i wysoką (500) obrazu binarnego. Wartości wybrano do binaryzacji tak, aby było można obserwować obraz w 3D Slicerze jako barwy czarna i biała (przed etykietyzacją). Po wykonaniu etykietyzacji można uruchomić proces tworzenia modelu. Model taki jest widoczny standardowo w prawym górnym rogu programu, jak również przedstawia go ilustracja 3 (po powiększeniu).

Rys. 3. Model 3D mózgu utworzony w programie 3D Slicer na podstawie segmentacji



Porównanie opracowanego algorytmu z algorytmem progowania wraz z indeksacją

W ramach badań wykonano porównanie opracowanego algorytmu z algorytmem progowania wraz z indeksacją (bez operacji filtracji i morfologii matematycznej). Działanie tego drugiego należy ocenić negatywnie, ponieważ niemożliwe jest wydzielenie podczas segmentacji odrębnych narządów co widać na rysunku 4. Indeksacja tak jak w algorytmie opisanym w niniejszej publikacji zaczyna się od ziarna które trzeba ustawić w dowolnym punkcie mózgu po operacji progowania.



Rys. 4. Wyniki działania segmentacji algorytmem progowania z podwójnym progiem wraz z indeksacją

Porównanie to zostało wykonane po to aby pokazać cel stosowania operacji morfologicznych i filtracji w opracowanym algorytmie. W przypadku braku tych operacji algorytm indeksacji po progowaniu zaindeksował oprócz obszaru mózgu połączone narządy (wraz z częścią twarzy). Na rysunku 4 nie widać połączenia pomiędzy mózgiem a pozostałą częścią obszaru dlatego, że jest to tylko przekrój obrazu 3D.

Wnioski

Nowy algorytm segmentacji 3D, którego dotyczy niniejsza publikacja, będący oryginalnym wynikiem naukowym wstępnie sprawdził się dla obrazów 3D pochodzących z tomografii komputerowej oraz rezonansu magnetycznego. Dał on dużo lepsze wyniki niż progowanie z podwójnym progiem wraz z indeksacją.

Kolejnym krokiem będzie współpraca z lekarzami która pozwoli ocenić przydatność algorytmu z punktu widzenia lekarzy. Planowane są również badania pozwalające porównać (z pomocą lekarzy) wyniki uzyskane za pomocą tego algorytmu segmentacji 3D z wynikami uzyskanymi za pomocą innych dostępnych algorytmów segmentacji 3D.

Autorzy: dr inż. Łukasz Maciura, Uniwersytet Rzeszowski Katedra Informatyki, ul. Pigońia 1, 35-959 Rzeszów, E-mail: lmaciura@ur.edu.pl; prof. dr hab. inż. Konrad Wojciechowski, Politechnika Śląska, Instytut Informatyki, E-mail: konrad.wojciechowski@polsl.pl

LITERATURA

- [1] Cierniak R., Tomografia komputerowa: Budowa urządzeń CT, Algorytmy rekonstrukcyjne, *Akademicka Oficyna Wydawnicza EXIT*, (2005)
- [2] Cytowski J., Gielecki J., Gola A., Cyfrowe przetwarzanie obrazów medycznych: Algorytmy, Technologie, Zastosowania, *Akademicka Oficyna Wydawnicza EXIT*, (2008)
- [3] Pham D., Xu C., Prince J., CURRENT METHODS IN MEDICAL IMAGE SEGMENTATION, *Annual Review of Biomedical Engineering*, (2000), nr. 2, 315-337
- [4] Skalski A., Zieliński T., Segmentacja i dopasowywanie cyfrowych obrazów medycznych: przetwarzanie nagrań wideoendoskopowych strun głosowych oraz danych tomograficznych zmian rakowych, *Pomiary Automatyka Kontrola*, 54 (2008), nr 6, 330-333
- [5] Hu, Grossberg, Mageras, Survey of Recent Volumetric Medical Image Segmentation Techniques, *Biomedical Engineering*, (2009), 321-346
- [6] Wirjadi O., Survey of 3d image segmentation methods, *Fraunhofer-Institut für Techno- und Wirtschaftsmathematik ITWM*, (2007), nr. 123
- [7] Nieniewski M., Segmentacja obrazów cyfrowych: Metody segmentacji wododziałowej, *Akademicka Oficyna Wydawnicza EXIT*, (2005)
- [8] Rymarczyk T., Sikora J., Tymburski K., Filipowicz S., Segmentacja obrazów rentgenowskich w stomatologii metodą zbiorów poziomowych, *Pomiary Automatyka Kontrola*, 54 (2008), nr 10, 686-689
- [9] Kass M., Witkin A., Terzopoulos D., Snakes: Active contour models, *International Journal of Computer Vision*, (1988), 321-331
- [10] Skalski A., Łągwa J., Kędziarawski P., Kukołowicz P., Analiza kształtu struktur anatomicznych jamy brzusznej dla potrzeb radioterapii nowotworu prostaty, *Pomiary Automatyka Kontrola*, 59 (2013), nr 3, 254-257
- [11] Muschelli J., Zippunikov V., *3D Slicer* (tutorial), Department of Biostatistics Johns Hopkins Bloomberg School of Public Health, (2011)
- [12] <http://www.slicer.org/>
- [13] Wysocki M., Marnik J., Kapuściński T., *Wizja komputerowa, Oficyna Wydawnicza Politechniki Rzeszowskiej*, (2004)
- [14] Gonzales R., Woods R., *Digital Image Processing, Pearson Prentice Hall*, (2008)
- [15] <http://www.vtk.org/>
- [16] <http://www.simpleitk.org/>