

# Estudo sobre quantificação e classificação dos tecidos biológicos em imagens tomográficas a partir de histogramas

## Study about quantification and classification of biological tissues in tomographic images from histograms

Rafael T. F. Souza<sup>1</sup>, Diana R. Pina<sup>2</sup>, Altamir S. Teixeira<sup>2</sup>, Ney Lemke<sup>1</sup>, Joel Mesa Hormaza<sup>1</sup>, Matheus Alvarez<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Física e Biofísica do Instituto de Biociências da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Botucatu (SP), Brasil.

<sup>2</sup>Departamento de Doenças Tropicais e Diagnóstico por Imagem do Hospital das Clínicas da Faculdade de Medicina de Botucatu da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Botucatu (SP), Brasil.

### Resumo

Foi proposto um algoritmo para a determinação da espessura equivalente de tecidos biológicos pela remoção de gaussianas de histogramas. Esse algoritmo classifica os diferentes tecidos biológicos por meio de histogramas, construídos a partir de exames tomográficos no formato DICOM, e calcula a espessura média desses tecidos. Os resultados encontrados mostraram-se coerentes com a literatura, apresentando discrepâncias de até 21,6% relativas ao tecido ósseo, analisado para o fantoma antropomórfico (RANDO). Esses resultados permitem a utilização dessa metodologia em tecidos vivos, para a construção de fantasmas homogêneos de tórax, de pacientes recém-nascidos e lactentes, que serão usados posteriormente no processo de otimização de imagens radiográficas pediátricas.

**Palavras-chave:** classificação; tecidos; tomografia computadorizada por raios X.

### Abstract

An algorithm for determining the equivalent thickness of biological tissue by the removal of Gaussian from the histograms was proposed. This algorithm classifies the different biological tissues using histograms, constructed from CT scans in DICOM format and calculates the average thickness of these tissues. The founded results show to be coherent with literature, with discrepancies of up to 21.6% on the bone, and analyzed for the anthropomorphic phantom (RANDO). These results allow the use of this method in living tissues for the construction of chest homogeneous phantoms of newborn and suckling patients, which are subsequently used in the optimization process of pediatric radiographic images.

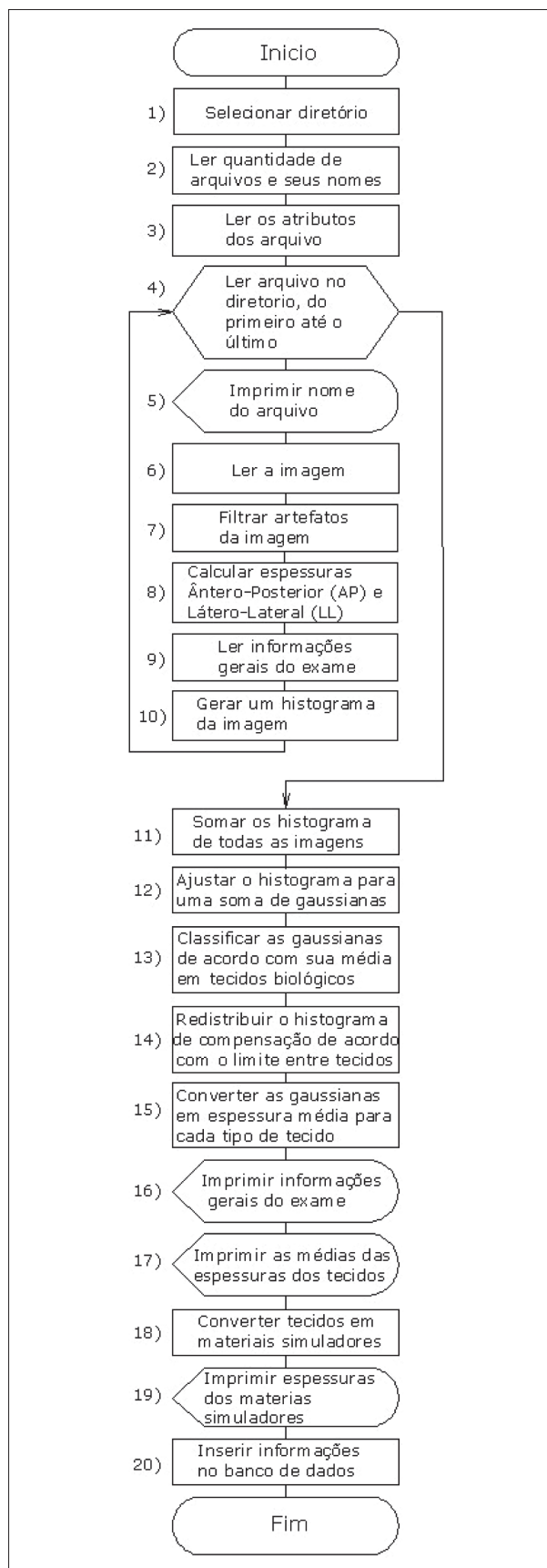
**Keywords:** classification; tissues; x-ray computed tomography.

### Introdução

Por mais de 60 anos, diversos materiais simuladores de tecidos biológicos tem sido utilizados para a construção de fantasmas<sup>1</sup>. Fantasmas são estruturas constituídas por materiais que possuem características de absorção e espalhamento da radiação de forma análoga aos tecidos biológicos<sup>2</sup>. Os fantasmas têm sido aplicados em radioterapia e radiologia diagnóstica para investigação dos efeitos dosimétricos da radiação em tecidos irradiados e circunvizinhos<sup>3</sup>, bem como para otimização de imagens radiográficas de tórax, crânio em perfil para pacientes adultos típicos e pacientes com diferentes espessuras<sup>2,4</sup>.

Um pré-requisito para a construção de fantasmas é a quantificação das espessuras médias dos tecidos biológicos presentes no livre caminho médio do feixe de raios X e a equivalência destes em espessura de materiais simuladores. A literatura apresenta trabalhos nos quais foram utilizados algoritmos para segmentação automática de tecidos biológicos, a partir de imagens tomográficas<sup>5,6</sup>. Esses algoritmos são denominados classificadores de tecidos e trabalham com a segmentação de pixels na imagem através de sua textura<sup>6</sup>. Para a grande maioria desses algoritmos, o objetivo é diferenciar uma imagem de CT em alguns órgãos ou tecidos como: aorta, gordura, rim, fígado, pulmão, músculo, baço e osso trabecular<sup>7</sup>.

**Correspondência:** Rafael Toledo Fernandes de Souza – Departamento de Física e Biofísica do Instituto de Biociências de Botucatu da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Campus de Botucatu – Distrito de Rubião Júnior, s/n – CEP 18618-970 – CAIXA POSTAL: 510 – Botucatu (SP), Brasil – e-mail: rafael@ibb.unesp.br



**Figura 1.** Fluxograma do algoritmo que converte espessura de tecidos biológicos em materiais simuladores pela remoção de gaussianas do histograma

Alguns trabalhos mostram a diferenciação de tecidos a partir de algoritmos capazes de criar máscaras através de densidades óticas em imagens de CT. Outros ainda trabalharam com algoritmos capazes de criar histogramas de escala de cinza para cada tipo de tecido, a partir de diferentes valores de densidade ótica, bem como informações tridimensionais (3-D) de uma dada vizinhança de pixels na imagem<sup>8</sup>. Os diferentes tipos de órgãos ou tecidos classificados por esses algoritmos são: pulmão, átrio, sangue, gordura, osso, músculo, pele, rim, ar, fígado, baço, esôfago, tecido mole, ventrículos esquerdo e direito, líquido, estômago, pâncreas, grandes vasos, tecido conjuntivo, papilas, intestino, fluido intestinal e medula óssea<sup>8</sup>.

Trabalhos sobre a quantificação das espessuras médias de tecidos biológicos têm sido realizados a partir de imagens tomográficas com o auxílio de grades contendo células de 1,0 cm<sup>2</sup>. Nesses sistemas, a distinção dos tecidos é realizada a partir das densidades óticas dos diferentes tipos de tecidos em cada célula e a quantificação como o comprimento médio de uma linha de células contendo o mesmo tipo de tecido ao longo de um dos eixos ordenados (x, y)<sup>4</sup>.

A literatura apresenta, em sua maioria, metodologias para segmentação de tecidos em pacientes adultos, existindo uma lacuna para a segmentação e quantificação de tecidos biológicos pediátricos.

Dessa forma, este trabalho teve por objetivo desenvolver um algoritmo classificador e quantificador de tecidos, baseado na distribuição normal dos números de CT, das estruturas anatômicas encontradas no livre caminho médio do feixe de raios-X. Este estudo se faz necessário como uma medida preliminar para a construção de fantasmas pediátricos para região do tórax de recém nascidos e lactentes, a serem utilizados no processo de otimização de imagens pediátricas em trabalhos futuros.

## Material e métodos

Foi desenvolvido um algoritmo computacional, capaz de ler cada corte axial da imagem tomográfica no formato DICOM (Digital Imaging and Communication in Medicine) e realizar a quantificação e distinção de tecidos biológicos presentes no livre caminho médio do feixe de raios X.

Nesse procedimento foi estimada a espessura média de tecidos biológicos ao atravessar um tórax de um paciente pediátrico, na faixa etária em estudo. A seguir essas espessuras foram convertidas em materiais simuladores, para a construção de fantasmas pediátricos. A validação dos resultados do algoritmo, desenvolvido neste estudo, foi realizado em imagens de pacientes adulto e padrão<sup>9</sup>.

As tarefas executadas por esse algoritmo são apresentadas em um fluxograma, na Figura 1.

Os tecidos biológicos foram classificados por meio de histogramas, os quais apresentaram a quantidade de pixels por número de Computed Tomographic (CT) – grau de enegrecimento da imagem medido em Hounsfield Unit

(HU), em: tecido ósseo (compacto e esponjoso), tecido mole (muscular, nervoso e conjuntivo), tecido adiposo e pulmonar (ar, bronquíolos e alvéolos).

Esses histogramas foram ajustados com base em funções gaussianas, as quais possibilitam maior precisão para os dados obtidos<sup>10</sup>. Os ajustes foram feitos tomando como parâmetro o número de CT de referência para cada tecido, o qual apresenta a maior quantidade de pixels em cada curva, e a partir da qual é possível obter os valores de desvio padrão ( $\sigma$ ) das gaussianas<sup>10</sup>.

O algoritmo, desenvolvido neste estudo foi escrito e executado utilizando o aplicativo Mathematica. Este algoritmo é capaz de ler o nome de todos os arquivos, dentro de um diretório do sistema operacional e armazená-los. A seguir, para cada imagem presente no diretório indicado, o algoritmo filtra artefatos (mesa do tomógrafo, tecidos não biológicos envolvidos no paciente etc), conta e quantifica o tamanho dos pixels (em milímetros) e apresenta histogramas (número de pixels x intervalo de números de CT para cada tecido). A área diretamente abaixo das curvas apresentadas pelos histogramas representa a quantidade total de pixels para cada tecido avaliado, considerando o número de CT de referência. Considerando este fato, as áreas abaixo de cada curva foram convertidas em espessuras médias de seus respectivos tecidos biológicos e removidas do histograma.

A remoção das gaussianas do histograma do exame original gera um segundo histograma (histograma de compensação), onde há regiões superestimadas (pixels “negativos”) e subestimadas (pixels não abrangidos pela soma de gaussianas). Essas regiões são redistribuídas entre os tecidos biológicos, considerando intervalos de números de CT que levam em conta as médias e os desvios padrões obtidos durante o ajuste das distribuições gaussianas. A redistribuição das “sobras” do histograma de compensação se faz necessária como forma de compensação das regiões superestimadas e subestimadas, pois deste modo a quantificação dos tecidos biológicos se torna mais coerente. Os limites dos intervalos de número de CT entre dois tecidos A e B são calculados pela equação 1:

$$L_{A,B} = \mu_A + \frac{(\mu_B - \mu_A) \cdot \sigma_A}{\sigma_A + \sigma_B} \quad (1)$$

Em que:

- $L_{A,B}$ : limite entre os tecidos A e B
- $\mu_A$ : média da gaussiana do tecido A
- $\sigma_A$ : desvio padrão da gaussiana do tecido A
- $\mu_B$ : média da gaussiana do tecido B
- $\sigma_B$ : desvio padrão da gaussiana do tecido B

Desse modo, a redistribuição do histograma de compensação é apresentada na Figura 2, onde os tecidos biológicos estão representados pelos números: tecido pulmonar (1), tecido adiposo (2), tecido mole (3) e tecido ósseo (4).

Para finalização deste processo, os tecidos biológicos (ósseos, moles e ar) foram então quantificados em espessuras médias e convertidos respectivamente em materiais

simuladores (alumínio, lucite e ar) para cada fatia tomográfica avaliada. Neste estudo foi considerado a energia efetiva do feixe de raios X em 70keV, sendo esta a energia efetiva para um feixe de raios X em equipamentos tomográficos<sup>11</sup>.

A validação do método foi realizada a partir de imagens tomográficas do tórax do fantoma antropomórfico radiation analog dosimetry (RANDO), o qual simula um paciente adulto e padrão<sup>9,12,13</sup>. A validação está sendo realizada, utilizando o RANDO, uma vez que as espessuras de tecidos biológicos e materiais simuladores, para o homem adulto e padrão, são conhecidas<sup>12,13</sup>.

## Resultados

As Figuras 3, 4 e 5 ilustram, respectivamente, os histogramas obtidos para exames de tórax de um paciente pediátrico com um mês de vida, um adulto típico padrão e para o fantoma antropomórfico RANDO.

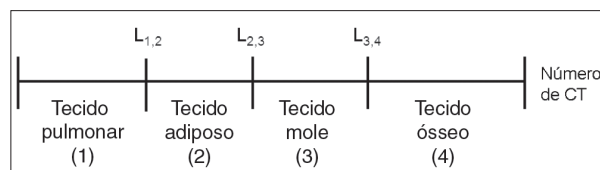


Figura 2. Distribuição dos tecidos biológicos no histograma de compensação.

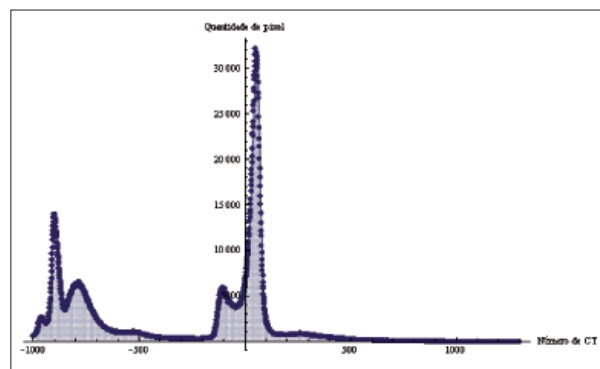


Figura 3. Histograma de um exame tomográfico da região do tórax de um paciente com um mês de vida.

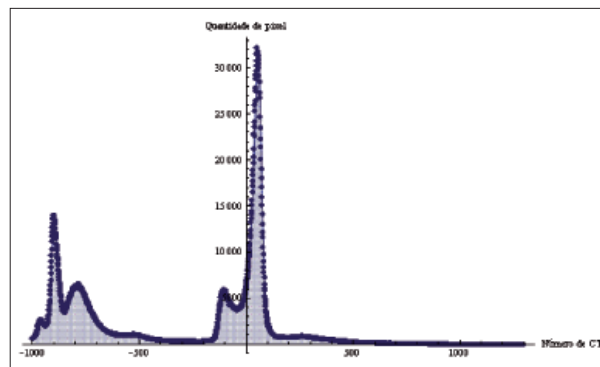


Figura 4. Histograma de um exame tomográfico da região do tórax de um adulto típico padrão.

A Tabela 1 apresenta o resultado da quantificação dos tecidos ósseo, mole e ar para o fantoma antropomórfico RANDO. Esta relaciona os valores obtidos neste estudo com os valores apresentados pela literatura<sup>4</sup>.

### Discussão e conclusões

Os histogramas ilustrados nas Figuras 3 e 4 mostram que é possível distinguir os tecidos ósseo, mole, adiposo, pulmonar e ar a partir de exames tomográficos de tórax. Com base na literatura, é possível identificar estes tecidos a partir do número de CT de referência, o qual representa a quantidade máxima de pixels em cada distribuição avaliada<sup>10,14</sup>.

Segundo a literatura, o número de CT de referência para o ar está em torno de -1000; para o pulmonar, entre -500 e -200; para o tecido adiposo, entre -140 e -20; para tecido mole, entre 20 e 100 e para tecido ósseo, entre 200 e 400<sup>10,14</sup>. A avaliação dos histogramas das Figuras 3 e 4 permitem verificar que os resultados obtidos estão coerentes com os encontrados na literatura, e dessa forma poderão ser utilizados para a quantificação de tecidos biológicos.

A etapa preliminar à quantificação de tecidos vivos foi realizada no fantoma antropomórfico RANDO.

O histograma apresentado na Figura 5 mostra os diferentes materiais simuladores de tecidos biológicos para o RANDO. Neste é possível distinguir os tecidos ósseo, mole e adiposo (resina epóxi) e pulmonar, com seus respectivos números de CT de referência. Segundo a literatura, o número de CT de referência para o ar está em torno de -1000; para o pulmonar, entre -500 e -200; para o

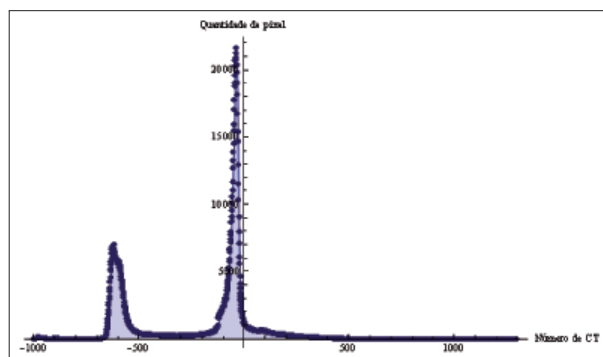


Figura 5. Histograma de um exame tomográfico da região do tórax do RANDO.

Tabela 1. Espessura de tecidos do RANDO obtidos pelo algoritmo e apresentados na literatura

Tecido	Espessura do tecido	
	algoritmo (mm)	literatura (mm)
Pulmonar	51,69	50
Mole	72,96	74
Ósseo compacto	13,33	17

tecido mole e adiposo (resina epóxi), entre -60 e -30 e para tecido ósseo, entre 100 e 400<sup>13</sup>.

A quantificação dos materiais constituintes do fantoma antropomórfico feita pelo algoritmo, apresentada na Tabela 1, confrontada com os dados da literatura mostram que a maior diferença encontrada foi de 21,6% para o tecido ósseo. Entretanto, a literatura mostra que variações de até 30% em espessura óssea não influenciam de forma significativa na qualidade da imagem radiográfica. Dessa forma, o algoritmo desenvolvido nesse estudo pode ser considerado apropriado para a distinção e quantificação dos tecidos biológicos encontrados no livre caminho médio do feixe de raios X, na região do tórax de pacientes pediátricos.

### Agradecimentos

Ao apoio financeiro da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP).

### Referências

1. Homolka P, Gahleitner A, Prokop M, Nowotny R. Optimization of the composition of phantom materials for computed tomography. *Phys Med Biol.* 2002;47(16):2907-16.
2. Pina DR, Duarte SB, Ghilardi Netto T, Trad CS, Brochi MA, de Oliveira SC. Optimization of standard patient radiographic images for chest, skull and pelvis exams in conventional x-ray equipment. *Phys Med Biol.* 2004;49(14):N215-26.
3. White DR. The formulation of tissue substitute materials using basic interaction data. *Phys Med Biol.* 1997;22(5):889-99.
4. Pina DR, Duarte SB, Morceli J, Ghilardi Netto T. Development of phantom for radiographic image optimization of standard patient in the lateral view of chest and skull examination. *Appl Radiat Isot.* 2006;64(12):1623-30.
5. Oliveira DAB, Albuquerque MP, Macedo MMG, Pina DR, Duarte SB. Calibração de aparelhos de raio-x em imagens de tomografia de crânio e tórax. *Proceedings of the: CMNE/CILAMCE, APMTAC, Portugal;* 2007.
6. Kalinin M, Raicu DS, Furst JD, Channin DS. A classification approach for anatomical regions segmentation. *Proceedings of the IEEE Int. Conf. on Image Processing;* 2005.
7. Susomboon R, Raicu DS, Furst J. Pixel-based texture classification of tissues in computed tomography. *Proceedings DePaul CTI Research Symposium;* 2006.
8. Shrinidhi N, Haynor DR, Wang Y, Jorgenson DB, Bardy GH, Kim Y. An efficient tissue classifier for building patient - specific finite element models from X-ray CT Images. *IEEE Trans Biomed Eng.* 1996;43(3):333-7.
9. Gray JE, Winkler NT, Stears J, Frank ED. *Quality control in diagnostic imaging.* Baltimore University: Park Press; 1983.
10. Goodenough DJ, Stockham C, inventors; Columbia Scientific Inc., assignee. Quantitative computed tomography system. US patent 5068788; 1991.
11. Jessen KA, Shrimpton PC, Geleijns J, Panzer W, Tosi G. Dosimetry for optimisation of patient protection in computed tomography. *Appl Radiat Isot.* 1999;50:165-72.
12. Romeny BMH, Almsick MA. Rapid prototyping of biomedical image analysis applications with Mathematica. [cited 2010 Aug 3]. *MEDICON: Ischia-Naples;* 2004. Available from: <http://yp.bmt.tue.nl/pdfs/4390.pdf>
13. Shrimpton PC, Wall BF, Fisher ES. The tissue-equivalence of the Alderson Rando anthropomorphic phantom for x-rays of diagnostic qualities. *Phys Med Biol.* 1981;26(1):133-9.
14. Troiano M. Visualização de regiões de ativação cerebral por fMRI sobre volumes multimodais. [dissertação]. Paraná: Universidade Federal do Paraná; 2004.