

Una procedura per l'analisi numerica del tessuto polmonare in immagini CT

Massimo Chimenti¹, Enrico Fantini¹, Massimo Miniati², Simonetta Monti²

1. Istituto di Scienza e Tecnologie dell'Informazione "Alessandro Faedo"
2. Istituto di Fisiologia Clinica

Nota Interna febbraio 2008

Abstract

The paper describes the software developed for a numerical evaluation of CT thorax images, aiming to the characterization of the pulmonary tissue...

The procedure, implemented in Microsoft Windows, consists on two programs.

The program Parenchima processes the images obtained in the examination of a patient in order to detect both lungs in each image; given a photometric threshold, the program detects the blobs contained in the pulmonary areas and produces the blob list whit position and shape features.

The program Estrai processes the blob list obtaining a set of global parameters that quantifies the overall area of the pulmonary tissue in the processed images, the overall area of the pixels with luminance values less than the selected threshold and the distributions of blob area and shape values.

The paper report an application study where the implemented procedure has been used to process images obtained by patients affected by emphysema: the study shows that the procedure can be used as diagnostic tool in routine applications.

Sommario

Il lavoro descrive il software sviluppato per una valutazione numerica d'immagini CT ricavate dalla scansione assiale del torace, orientata alla caratterizzazione del tessuto polmonare.

La procedura è realizzata in ambiente Microsoft Windows e consiste in due programmi.

Il programma Parenchima elabora le immagini ricavate nell'esame di un paziente e individua in ciascuna di esse i polmoni; in base ad una soglia fotometrica il programma individua le blob contenute nell'area di ogni polmone e fornisce una lista di tutte le blob con le caratteristiche di posizione e di forma ad esse associate.

Il programma Estrai elabora la lista e fornisce un insieme di parametri globali che quantificano l'area complessiva del tessuto polmonare nelle immagini elaborate,

l'area complessiva con valore di luminanza inferiore alla soglia e la distribuzione delle caratteristiche di ampiezza o di forma delle blob.

Il lavoro riporta un'applicazione della procedura, in cui sono state elaborate immagini di pazienti con enfisema: i risultati dello studio mostrano che la procedura può essere impiegata come ausilio diagnostico in applicazioni di routine.

Indice

Introduzione.....	4
Impostazioni di progetto.....	5
Descrizione generale della procedura.....	6
Segmentazione.....	7
Blob analysis.....	7
Parametri generali primari.....	8
Parametri generali secondari.....	8
Descrizione dei programmi.....	9
Funzionalità del programma <i>Parenchima</i>	9
Selezione della sequenza e definizione dei parametri di elaborazione.....	9
Ciclo di elaborazione.....	10
Correzione artefatti.....	13
Statistica dei valori fotometrici.....	16
Rappresentazione delle blob.....	17
Dati d'uscita.....	17
Funzionalità del programma <i>Estrai</i>	19
Opzione area.....	20
Opzione compactness.....	22
Opzione BIVAR.....	22
Esempio di applicazione.....	23
Popolazione esaminata.....	23
Dati d'uscita.....	25
Analisi univariata.....	29
Skewness.....	29
Frazione di blob.....	29
Area media delle blob.....	30
Densità di blob.....	30
Classificazione.....	31
Analisi bivariata.....	35
Abbinamento di parametri.....	35
Confronto con la valutazione PG.....	37
Conclusioni.....	38
Riferimenti.....	39

Introduzione

La malattia ostruttiva polmonare cronica (COPD) è una condizione caratterizzata da ostruzione scarsamente reversibile o non reversibile al flusso aereo espiratorio dovuta alla combinazione di due meccanismi: aumento delle resistenze al flusso secondario a malattia delle piccole vie aeree (<2 mm in diametro) e perdita delle forze di ritorno elastico dovuta ad enfisema polmonare. La diagnosi di COPD viene posta mediante esame spirometrico. Tale indagine, tuttavia, non consente di diagnosticare o escludere con certezza enfisema polmonare. Poiché l'enfisema è un'alterazione strutturale del polmone, il suo riconoscimento necessita dell'impiego di tecniche che consentano di esaminare la struttura e non la funzione polmonare. La tomografia computerizzata ad alta risoluzione (HRCT) è la tecnica d'immagine più accurata per la diagnosi in vivo di enfisema polmonare: impiegando i parametri opportuni, le regioni enfisematose vengono visualizzate come aree di ridotta attenuazione.

La presenza e l'estensione di tali regioni possono essere valutate con l'ausilio di procedure di elaborazione d'immagini, basate sull'analisi dei valori fotometrici dei pixel che costituiscono un'immagine CT.

La base di quest'approccio è costituita dalla scelta di un'opportuna soglia di valori fotometrici, che dipende a sua volta dalle modalità di costruzione delle immagini TC: per un'indagine accurata si devono infatti tener presenti diversi fattori, che determinano la relazione tra valori di quantizzazione dei pixel e densità dei tessuti [1, 2].

Le tecniche d'elaborazione numerica si sono comunque dimostrate utili anche per la valutazione dell'enfisema in immagini CT [3]. E' stata quindi sviluppata una procedura d'ausilio alla diagnosi e alla valutazione quantitativa di enfisema polmonare su scansioni CT ad alta risoluzione (HRCT) del torace, che è in grado di fornire un insieme di parametri che caratterizzano la quantità, la forma e la distribuzione delle aree di ridotta attenuazione presenti nelle scansioni assiali di un paziente.

La procedura è stata progettata in modo da poter essere impiegata sia in applicazioni di studio, sia in applicazioni diagnostiche di routine.

Impostazioni di progetto

La procedura doveva essere in grado di elaborare immagini costituite da sezioni CT trasverse, ottenute in sessioni di esame toracico di vari pazienti.

Le immagini CT sono il risultato di un algoritmo di ricostruzione che produce matrici di valori della densità dei tessuti nel piano di scansione; gli elementi della matrice, definiti in unità HU, sono trasformati in valori di luminanza L per ottenere immagini a livelli di grigio: le differenti strutture da esaminare sono osservabili scegliendo in modo opportuno differenti finestre (vedi figura 1).

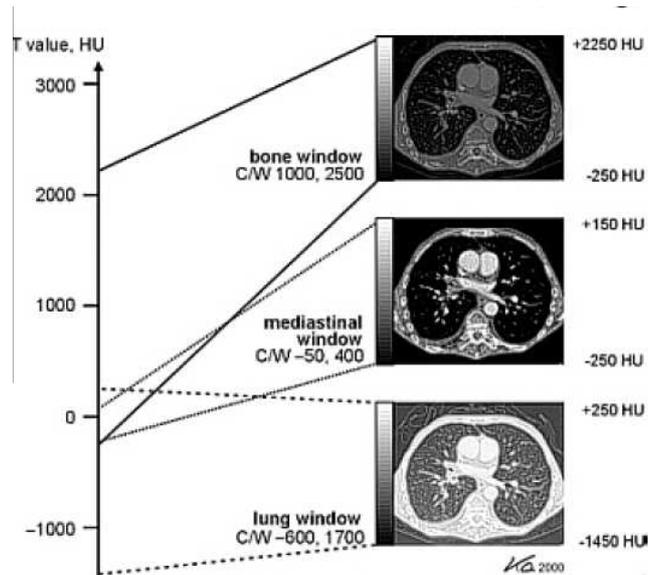


Figura 1. Livelli di quantizzazione HU e finestre di rappresentazione. C = centro. W = larghezza della finestra.

Descrizione generale della procedura

Lo scopo dell'analisi automatica delle immagini CT del torace è l'individuazione delle aree di ridotta attenuazione, indicative di enfisema polmonare: per ottenere questo risultato si compie un'elaborazione che tiene conto dei valori di luminanza dei pixel.

Infatti, nell'immagine CT i tessuti che circondano il polmone (ossa, muscoli, grasso) hanno una densità maggiore di quello polmonare (vedi figura 2): si può quindi determinare il contorno dell'area polmonare usando un'opportuna soglia di luminanza, determinata in base ai valori tipici dei tessuti, e successivamente usare un'altra soglia per individuare in quest'area i pixel con bassa densità, indicativa di ridotta attenuazione.

In questo modo si possono calcolare l'area del parenchima, data dal numero di pixel individuati con la prima soglia, e l'area con bassa densità, data dal numero di pixel individuati con la seconda soglia: questi valori non sono completamente indicativi, in quanto dipendono dall'anatomia del paziente e dal numero d'immagini ricavate durante l'esame, e si ricava quindi un parametro più efficace, dato dal rapporto tra le due aree (RAI, Relative Attenuation Index).

Ulteriori informazioni possono essere ottenute considerando le relazioni di adiacenza dei pixel con bassa luminanza: usando la tecnica di blob analysis si possono individuare gli aggregati di pixel adiacenti (blob) e analizzando le posizioni e le dimensioni delle blob si può caratterizzare la struttura dell'area a bassa densità nel parenchima.

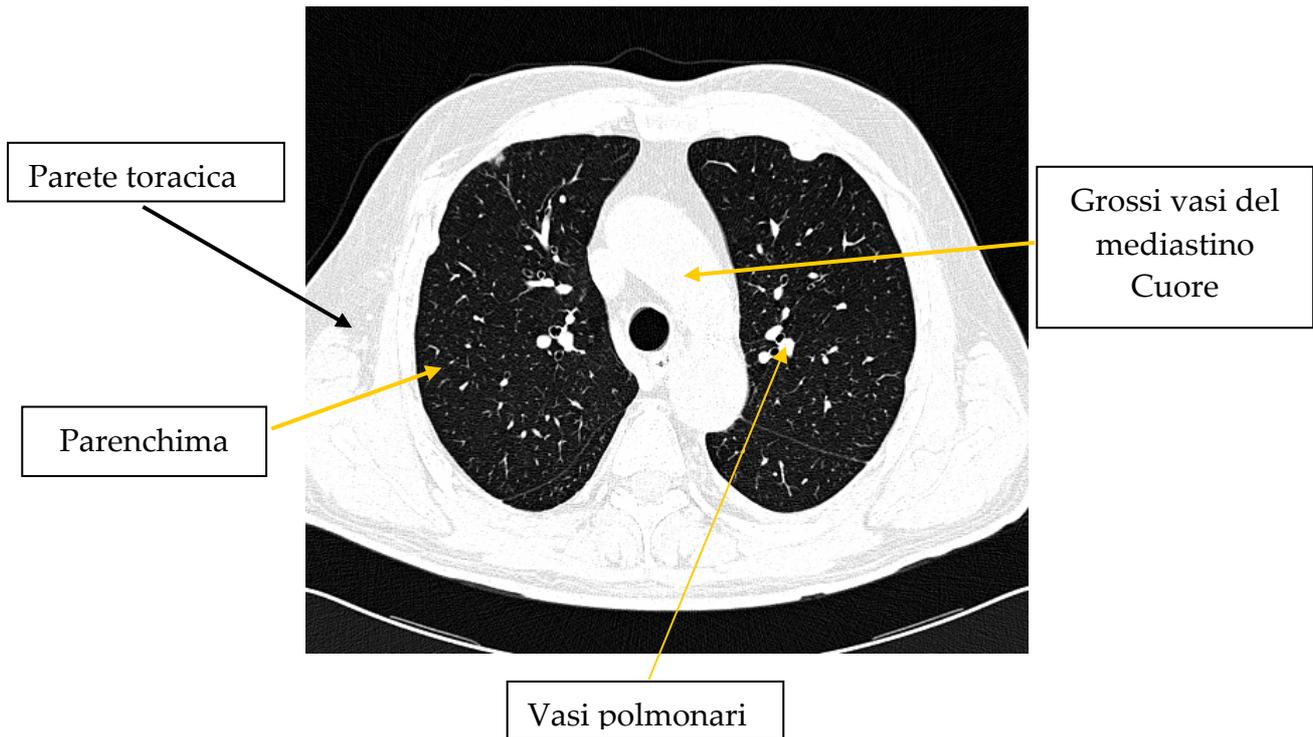


Figura 2. Esempio d'immagine da elaborare.

In base alle precedenti considerazioni è stata sviluppata una procedura che elabora l'insieme delle immagini d'ingresso ottenute nell'esame di un paziente e restituisce un insieme di parametri. La procedura è costituita dalle seguenti fasi.

Segmentazione

In questa fase, usando una soglia S in ciascun'immagine s'individuano due regioni d'interesse (ROI), costituite rispettivamente dai pixel p_{ij} del parenchima polmonare destro e sinistro. I vasi interni al polmone sono esclusi dal calcolo dell'area del parenchima $A_p = \dim \{ p_{ij} \}$.

Blob analysis

In questa fase, in ciascun'immagine s'individuano nelle ROI determinate in precedenza le blob costituite dai pixel connessi b_{ij} che hanno un valore minore o eguale ad una soglia S_b (vedi figura 3).

Ogni blob è definita da caratteristiche che ne individuano la forma (area e compattezza) e la posizione (coordinate del centroide).

L'area complessiva delle blob è $A_b = \dim \{ b_{ij} \}$.

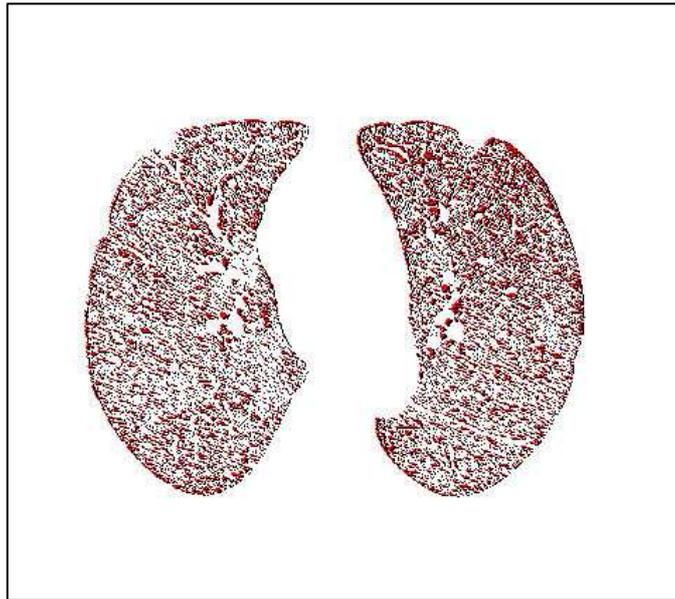


Figura 3. Esempio d'individuazione di blob nelle aree polmonari.

Al termine dell'elaborazione dell'insieme d'immagini la procedura fornisce i seguenti parametri:

Parametri generali primari

- A_p = area complessiva del parenchima (in pel)
- A_b = area complessiva delle blob (in pel)
- N_b = numero complessivo delle blob trovate nel parenchima

Parametri generali secondari

- frazione di blob: $RAI = \frac{A_b}{A_p}$
- area media delle blob: $m_b = \frac{A_b}{N_b}$
- densità delle blob: $D_b = \frac{N_b}{A_p}$

La procedura fornisce inoltre le seguenti statistiche.

- istogramma dei valori di ampiezza delle blob, ottenuto suddividendo l'intervallo di valori in classi d'eguale ampiezza e calcolando la popolazione di ciascuna classe; momenti di vario ordine (valor medio, varianza, skewness e kurtosis) calcolati sull'istogramma di ampiezza
- istogramma dei valori caratterizzanti la forma delle blob (roughness, compactness); momenti calcolati sull'istogramma di forma.

La procedura calcola inoltre la regressione lineare tra le ampiezze e le forme di un insieme di blob.

Descrizione dei programmi

La procedura è attualmente composta dal programma *Parenchima*, che individua il parenchima e le blob in esso contenute, ed il programma *Estrai*, che analizza i dati forniti da *Parenchima* e fornisce i parametri ricavati dalle immagini d'ingresso.

Il software è stato sviluppato in ambiente Microsoft Windows, impiegando le librerie Matrox MIL.

Funzionalità del programma *Parenchima*

Il software è dotato di un'interfaccia grafica per la rappresentazione d'immagini ed il controllo delle operazioni da compiere.

Il processo accetta in ingresso le immagini CT contenute in file DICOM, e raggruppate in una cartella per ciascun paziente.

Selezione della sequenza e definizione dei parametri di elaborazione

Nella schermata iniziale (vedi figura 4) l'utente seleziona nella finestra *Input* la cartella d'immagini da elaborare; il software seleziona la finestra definita da $C = -512$, $W = 1024$: le immagini da elaborare sono quindi definite da matrici di 512×512 pixel, quantizzate con 10 bit.

L'interfaccia mostra il numero d'immagini contenute nella cartella e ne rappresenta le icone.

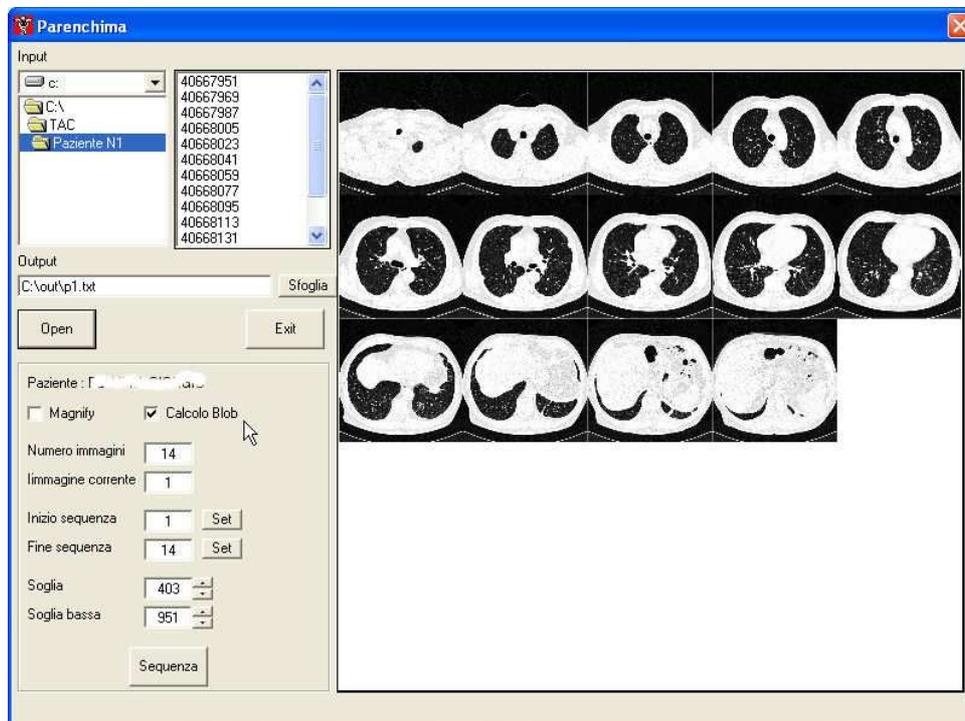


Figura 4. Rappresentazione delle icone della cartella d'immagini selezionata.

Le singole immagini possono essere rappresentate a scala intera mediante selezione con doppio click (vedi figura 5); il comando *Magnify* consente di ottenere un ulteriore

ingrandimento per individuare dettagli d'interesse. Il sottoinsieme d'immagini da elaborare è selezionato mediante i campi *Inizio sequenza* e *Fine sequenza*.

Per convenzione, nella parte sinistra dell'immagine si ha il polmone destro e in quella destra il polmone sinistro; le coordinate immagine sono definite dal sistema di riferimento con origine in alto a sinistra: le x crescono da sinistra a destra, le y dall'alto in basso.

Una volta impostati i valori di *Soglia* S_a e *Soglia bassa* S_b si avvia l'elaborazione mediante il tasto *Sequenza*.

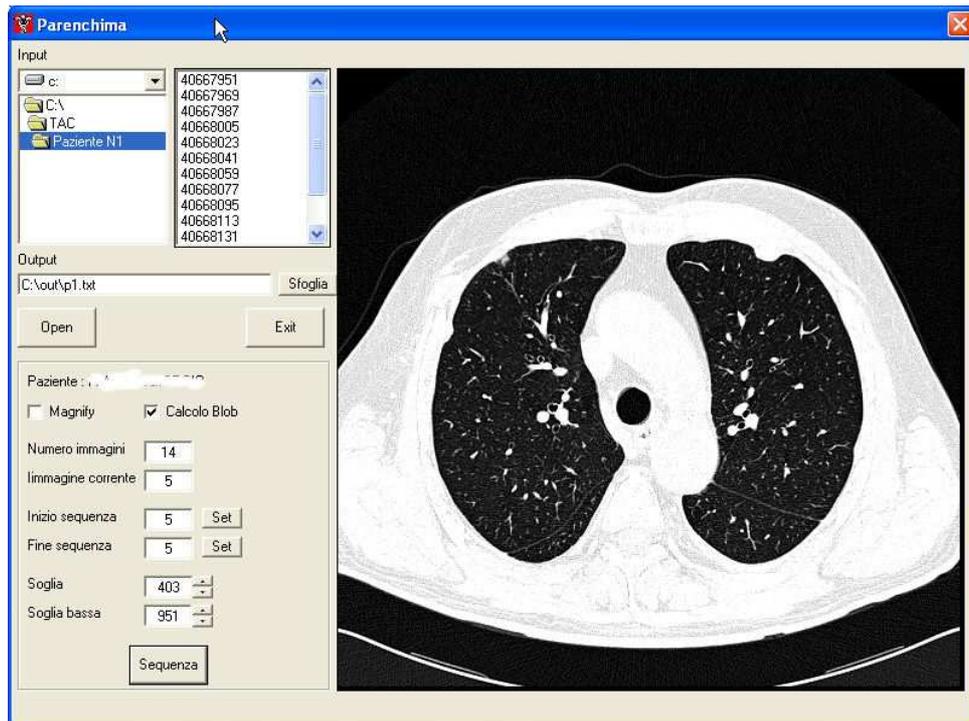


Figura 5. Rappresentazione di un'immagine a scala intera.

Ciclo di elaborazione

Si ha quindi un ciclo in cui l'interfaccia mostra l'immagine corrente e la elabora all'attivazione del tasto *Processa* (vedi figura 6).

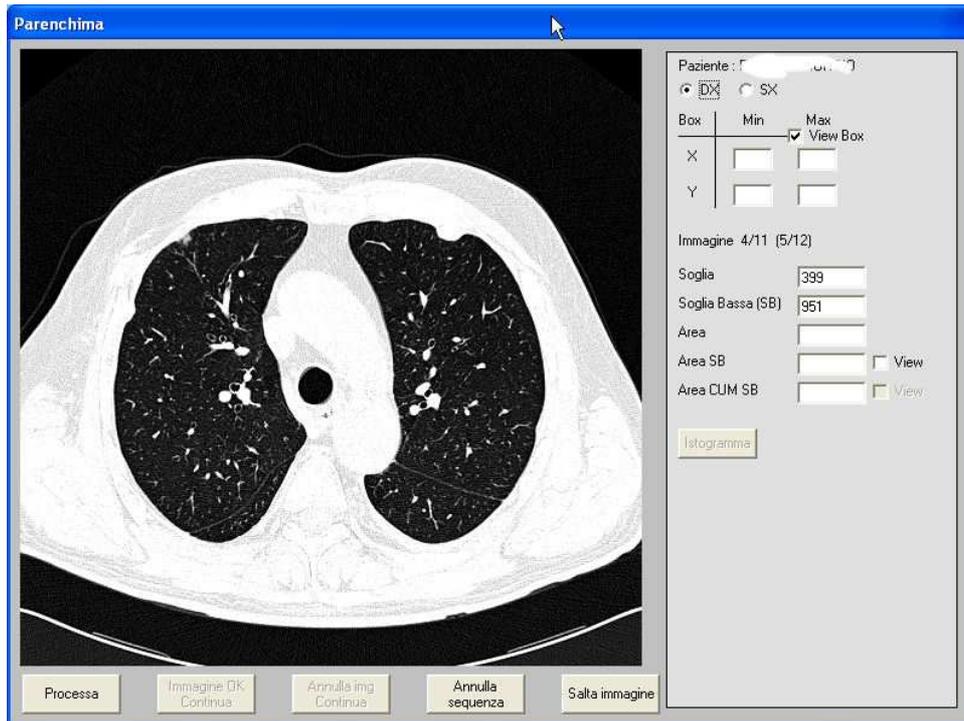


Figura 6. Immagine corrente del ciclo di elaborazione.

In base al valore soglia S_a il processo individua il polmone, il rettangolo ad esso circoscritto (Box) e isola i vasi interni all'area polmonare (vedi figure 7 e 8).

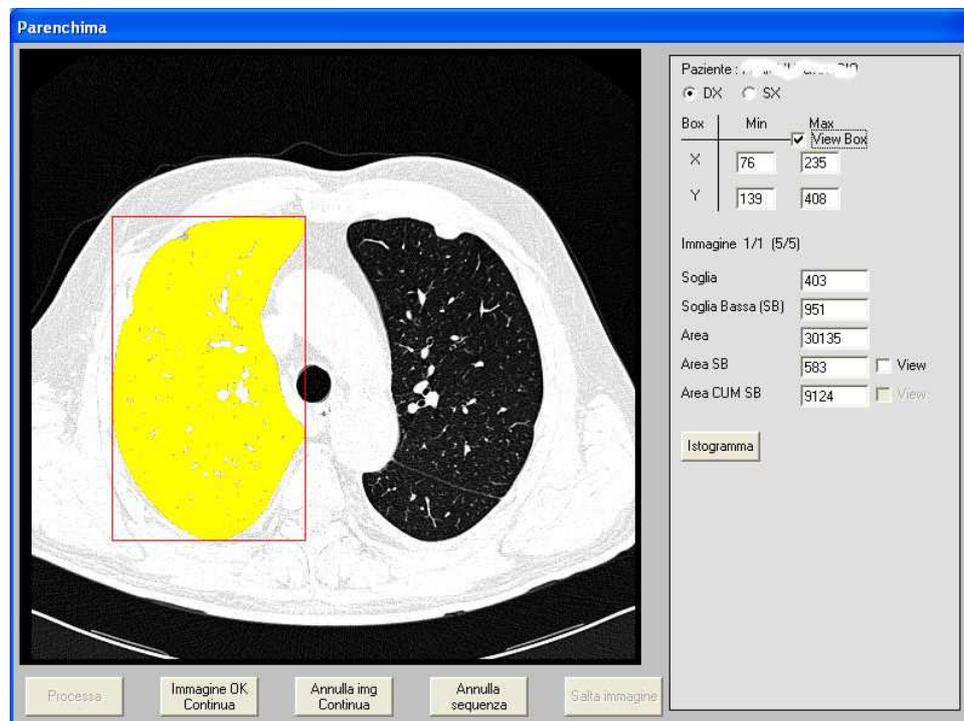


Figura 7. Risultato dell'individuazione del parenchima nel polmone destro.

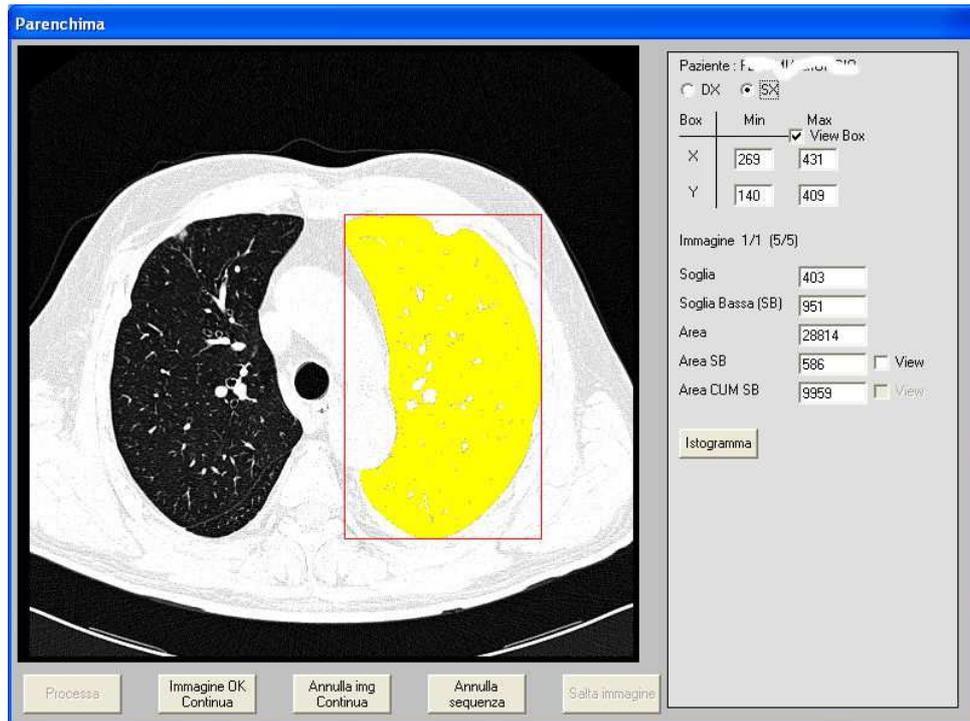


Figura 8. Risultato dell'individuazione del parenchima nel polmone sinistro.

L'interfaccia mostra i risultati dell'elaborazione in forma grafica e numerica. Il box è rappresentato con un rettangolo rosso ed i pixel del parenchima sono colorati in giallo.

I valori numerici indicano:

- Box x min = coordinata x del vertice alto-sinistra del box
- Box y min = coordinata y del vertice alto-sinistra del box
- Box x max = coordinata x del vertice basso-destra del box
- Box y max = coordinata y del vertice basso-destra del box
- Area = valore dell'area del parenchima
- Area Sb = numero dei pixel con valore di luminanza $L = S_b$
- Area Sb cum = numero dei pixel con valore $L \leq S_b$

I pixel di Area Sb o Area Sb cum possono essere rappresentati graficamente mediante colorazione blu, usando gli adiacenti campi di selezione *View*.

I pixel appartenenti al parenchima sono individuati mediante un'analisi di tipo scan line.

In ogni riga dell'immagine, definita da $y = y_i$ con $1 \leq i \leq 512$, il programma individua in base al valore S la coordinata x_1 del bordo sinistro del parenchima e la coordinata x_2 del bordo destro e calcola la run length $l(i) = (x_2 - x_1) \leq 512$; se la riga incontra dei vasi che hanno un valore di luminanza $> S$ (vedi figura 9) vengono determinate più run length.

Al termine della scansione, il numero complessivo di pixel del parenchima è dato dalla somma delle lunghezze delle run length e di conseguenza l'area del parenchima non comprende i vasi polmonari.

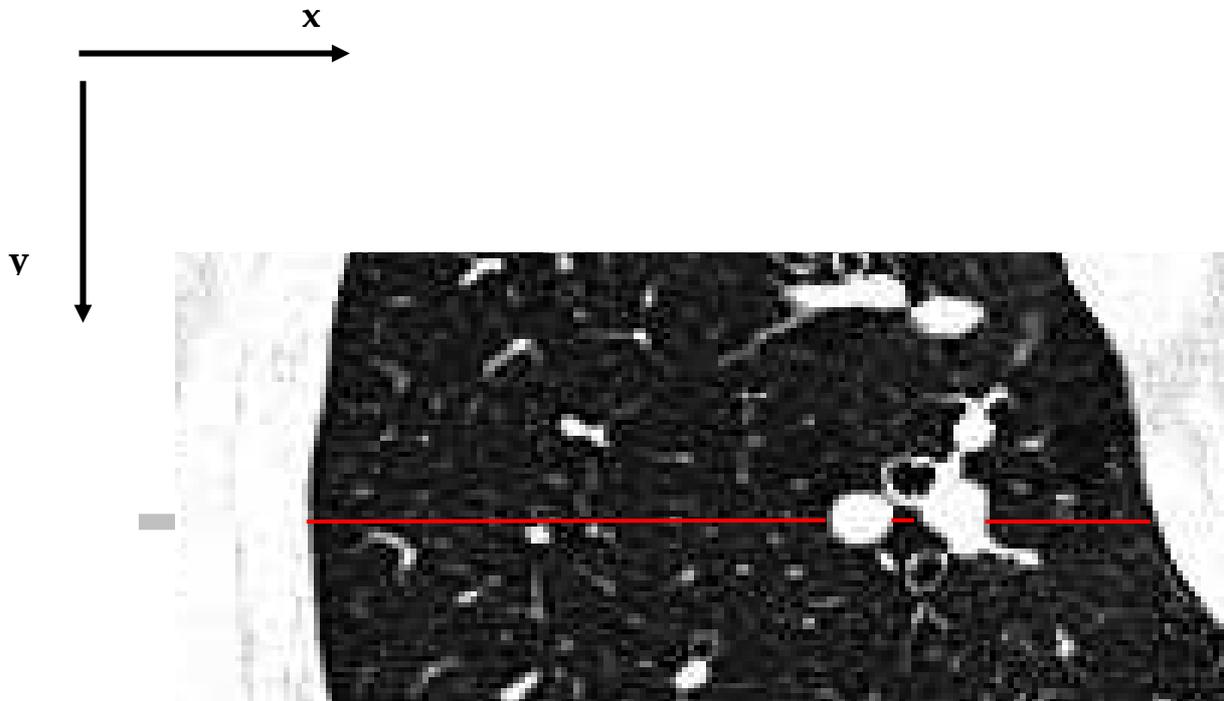


Figura 9. Determinazione dei pixel del parenchima mediante elaborazione scan line.

Correzione artefatti

Il programma esegue un controllo sul numero di aree parenchimali individuate in ogni immagine, sulla loro posizione e sulle loro dimensioni: nel caso in cui non siano individuate due aree con dimensioni maggiori di una soglia preimpostata, il programma dà all'operatore la possibilità di accettare o rifiutare il risultato dell'elaborazione.

Le figure seguenti mostrano la situazione in cui le due aree sono unite da almeno un pixel con valore di luminanza inferiore al valore S_a . In questo caso (vedi figura 10), il programma individua una sola area parenchimale nell'immagine, disegna un solo box che circonda entrambi i polmoni ed apre una finestra di editing che contiene tre pulsanti ed un puntatore a pannello.



Figura 10. Individuazione di una sola area parenchimale.

Se l'operatore ritiene che l'immagine non sia processabile, tramite il pulsante *Annulla modifiche* può ritornare alla schermata iniziale del ciclo di elaborazione dell'immagine (vedi figura 6): in questa schermata si può eliminare l'immagine dalla sequenza, o eliminare l'intera sequenza.

Altrimenti, tramite il puntatore, l'operatore può tracciare una riga col massimo valore di luminanza, al fine di separare i polmoni (vedi figura 11). In caso di tracciatura errata è possibile ripristinare l'immagine iniziale tramite il pulsante *Ricarica immagine*; se la tracciatura è ritenuta corretta, mediante il pulsante *Accetta modifiche* l'operatore invia l'immagine modificata al programma.

Il programma elabora l'immagine corretta e rappresenta i nuovi risultati; se la correzione ha avuto effetto, il programma individua i due polmoni (vedi figura 12) e prosegue nel processo, altrimenti ripresenta un'ulteriore finestra di editing.

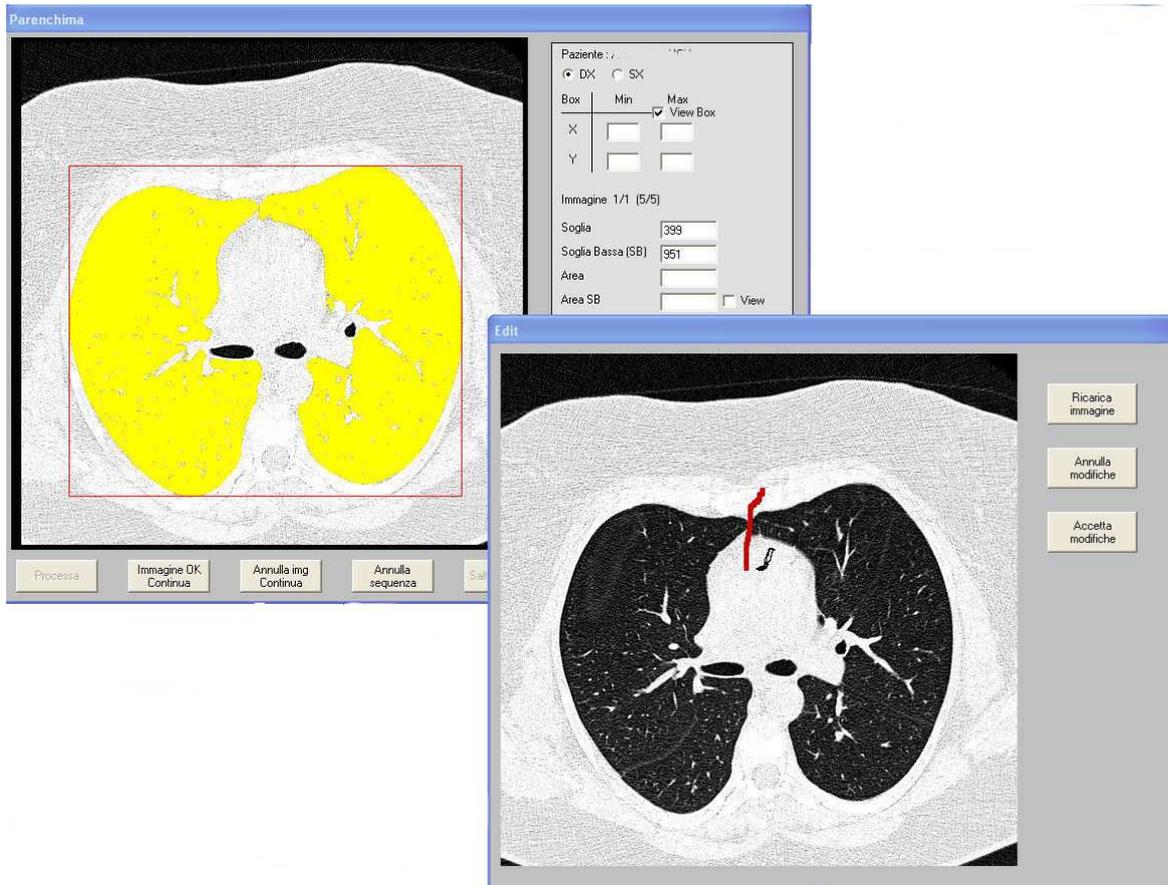


Figura 11. Correzione manuale dei dati dell'immagine mediante pennello.

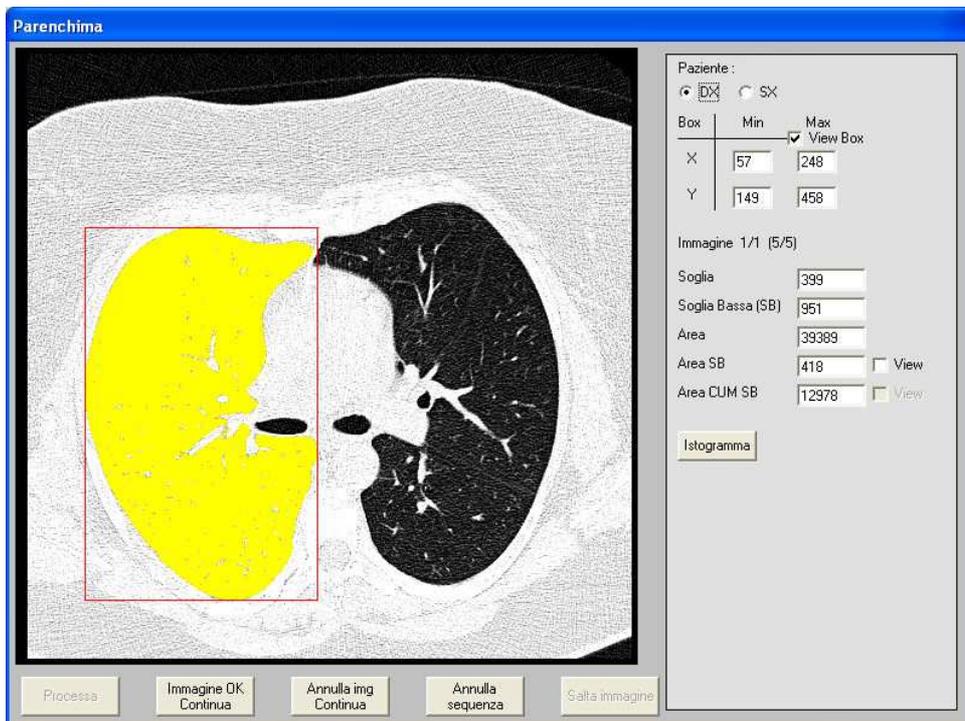


Figura 12. Elaborazione dell'immagine modificata.

Statistica dei valori fotometrici

Mediante il tasto *Istogramma* si ottiene la rappresentazione grafica dell'istogramma dei valori HU dei pixel del parenchima (vedi figura 13), insieme con la statistica calcolata; il processo fornisce anche la rappresentazione dell'istogramma cumulativo (vedi figura 14). I valori HU sono rappresentati sulle scale senza il segno negativo.

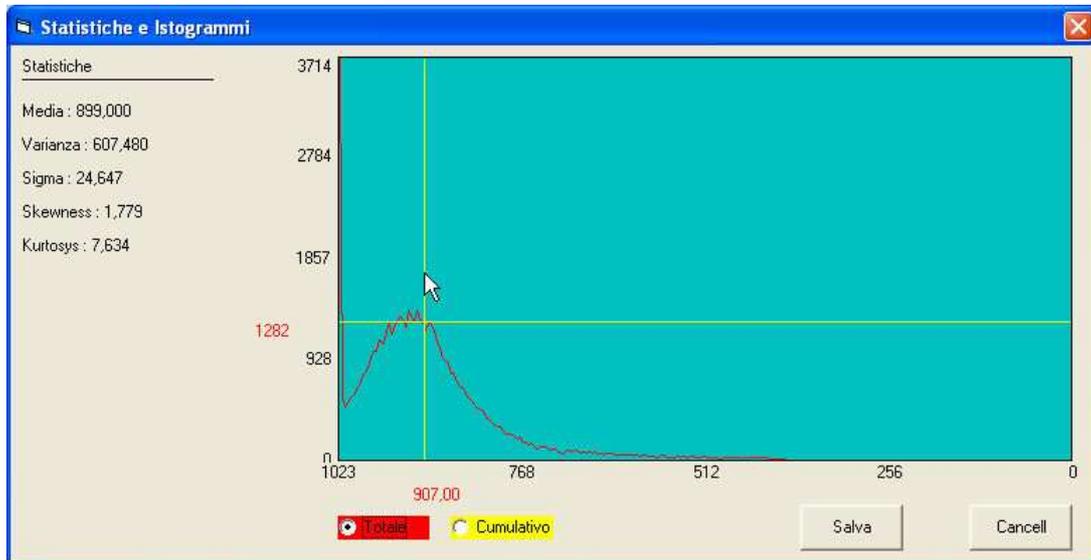


Figura 13. Grafico dell'istogramma dei valori HU dei pixel del parenchima.

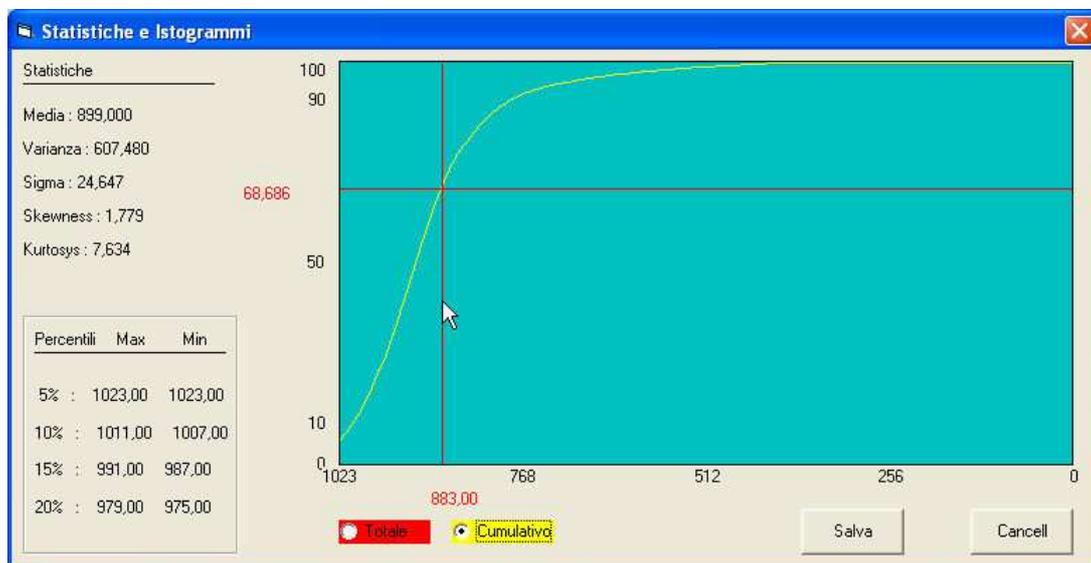


Figura 14. Grafico dell'istogramma cumulativo dei valori HU dei pixel del parenchima.

Rappresentazione delle blob

In base al valore impostato di soglia bassa S_b il programma individua le blob nell'area del parenchima rilevato in precedenza; si possono avere rappresentazioni per ciascun'immagine elaborata (vedi figura 15). L'utente può selezionare la dimensione minima dell'area delle blob da rappresentare.

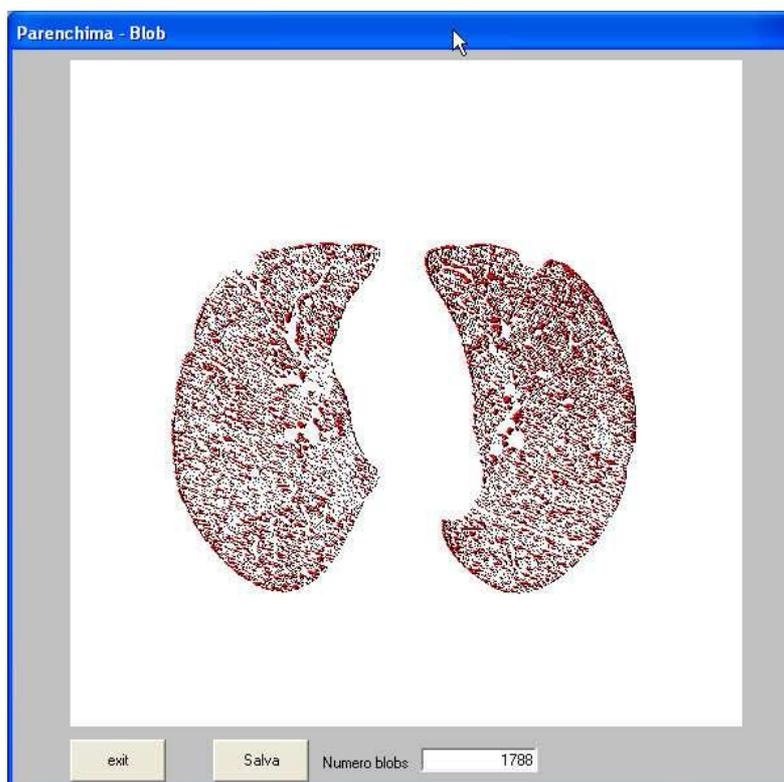


Figura 15. Esempio d'individuazione delle blob nel parenchima.

Dati d'uscita

Il programma fornisce in uscita un file con formato binario il cui nome è costruito in base all'identificativo del paziente ed alla data di elaborazione, secondo la specifica:

B ID paziente gg mm aa oo mm ss .bin

Il file contiene i risultati dell'elaborazione delle immagini selezionate nella cartella del paziente ed i parametri di controllo dell'elaborazione. Il file è costituito da una testata e da una sequenza di blocchi, uno per ciascun'immagine elaborata; ogni blocco è a sua volta suddiviso in due parti, che contengono i dati relativi ai due polmoni.

La struttura del file è mostrata nella tabella 1.

<i>immagine 1</i>		\$EF#Bin\$	
		Dim header	<i>HEADER</i>
		ID paziente	
		N = Num immagini	
		Dim blocco	<i>DATI GENERALI</i>
		Nome file DICOM	
		righe R	
		colonne C	
		Immagine R*C byte	
	<i>parenchima</i>	Dim blocco	<i>DATI BLOCCO</i>
		Soglia S	
		<i>Box x min, y min</i>	<i>POLMONE DX</i>
		<i>Box x max, y max</i>	
		<i>Area parenchima</i>	
		NRD = Num run length	
		<i>run length 1</i>	
		<i>run length 2</i>	
		...	
		<i>run length NRD</i>	
		<i>Box x min, y min</i>	<i>POLMONE SIN</i>
		<i>Box x max, y max</i>	
		<i>Area parenchima</i>	
		NRS = Num run length	
	<i>run length1</i>		
	<i>run length 2</i>		
	...		
	<i>run length NSR</i>		
	<i>blob</i>	Dim blocco	<i>DATI BLOCCO</i>
		NB = Num blob	
		Soglia Sb	
		<i>x, y 1</i>	<i>BLOB 1</i>
		<i>Area 1</i>	
		<i>Compactness 1</i>	
<i>Roughness 1</i>			
<i>x, y 2</i>		<i>BLOB 2</i>	
<i>Area 2</i>			
<i>Compactness 2</i>			
<i>Roughness 2</i>			
...		...	
<i>x, y NB</i>		<i>BLOB NB</i>	
<i>Area NB</i>			
<i>Compactness NB</i>			
<i>Roughness NB</i>			

Tabella 1. File d'uscita del programma *Parenchima*.

Funzionalità del programma *Estrai*

Lo scopo del programma *Estrai* è quello di analizzare i dati generati dal programma *Parenchima* al fine di classificare le blob, calcolate da quest'ultimo, secondo parametri di dimensioni e forma.

Estrai utilizza in ingresso i file d'uscita del programma *Parenchima*.

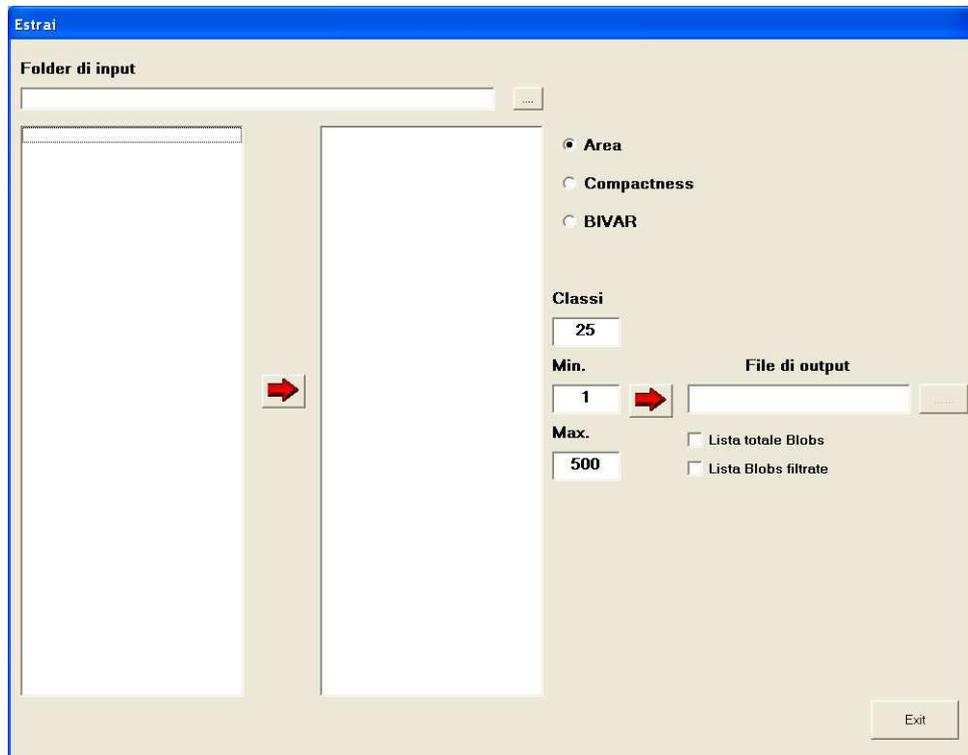


Figura 16. Schermata principale del programma *Estrai*.

Nella figura 16 è rappresentata l'interfaccia di *Estrai* al momento dell'avvio del programma.

Tramite la sezione *Folder di input* è possibile scegliere la cartella che contiene i file da elaborare.

Una volta scelta la cartella, nella lista di sinistra vengono elencati tutti i file presenti il cui nome inizia con la lettera "B" (vedi figura 17).

Successivamente, tramite il pulsante con la freccia rossa posto tra le due liste, si avvia il processo di validazione dei file elencati. Il processo consiste nel controllare se all'inizio del file è registrata una "magic word", nel caso specifico la stringa "\$EF#Bin\$", e se questa è presente il file è considerato valido per l'elaborazione e il suo nome viene aggiunto nella lista di destra (vedi figura 18).

La scelta del tipo di elaborazione viene fatta utilizzando le opzioni disponibili sulla destra dell'interfaccia e denominate *Area*, *Compactness* e *BIVAR*.

In base alla scelta effettuata l'interfaccia si configura in modo da poter ricevere i giusti parametri necessari al tipo di elaborazione richiesto.

Di seguito sono descritte le varie funzionalità.

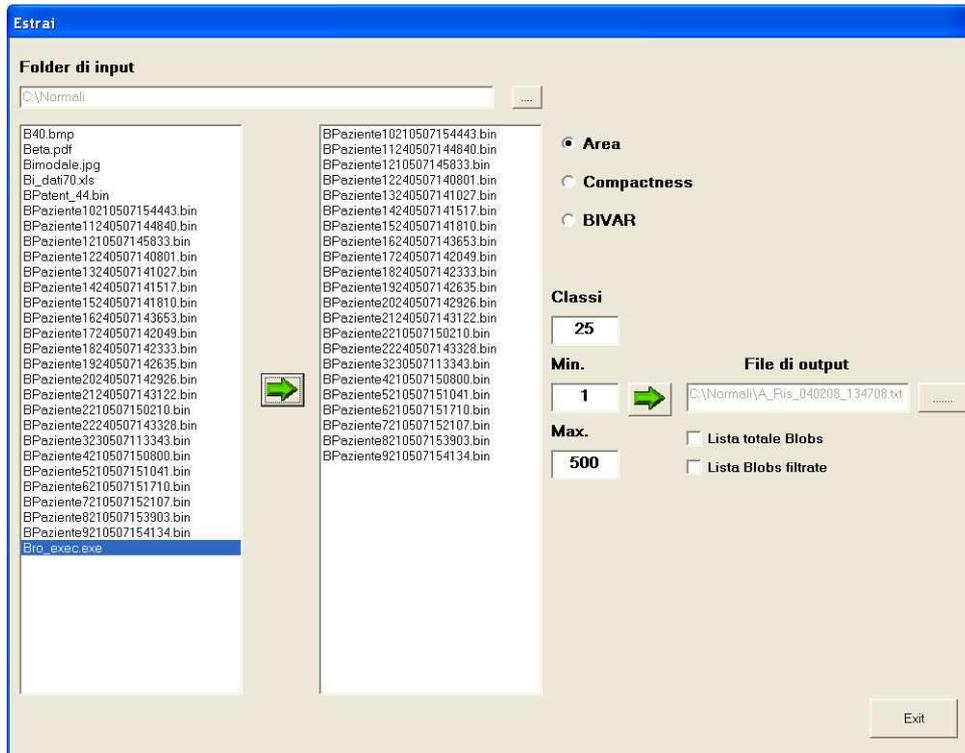


Figura 17. Schermata dopo il controllo di validità dei file.

Opzione area

Quando è selezionato il pulsante *Area*, il programma calcola per ciascun paziente l'istogramma dei valori di area di tutte le blob.

Il processo è condizionato tramite i seguenti parametri:

- *Classi*, che identifica il numero N delle classi in cui dividere i dati
- *Min*, che identifica la dimensione minima dell'area delle blob da elaborare
- *Max*, che identifica la dimensione massima dell'area delle blob da elaborare.

La classe d'appartenenza di ogni blob è calcolata secondo la formula:

$$Classe = areablob \times \frac{N}{Max - Min}$$

Le blob che hanno area minore di *Min* sono poste nella prima classe e quelle che hanno area maggiore di *Max* nell'ultima.

Il programma calcola l'istogramma delle popolazioni, definendo per ciascuna classe la popolazione P_k . Le popolazioni sono trasformate in densità mediante la relazione:

$$D_k = \frac{P_k}{\sum_k P_k}$$

Il programma calcola inoltre i seguenti momenti:

- m_b = valore medio (in pel)
- v = varianza
- sd = deviazione standard
- sk = skewness
- Kurtosys

I valori di area forniti da *Parenchima* ed elaborati da *Estrai* sono espressi in pixel; per ottenere i valori di area e di area media in mm^2 si devono moltiplicare questi valori per il quadrato del valore di risoluzione spaziale (pixel spacing), riportato nel file DICOM di ciascun'immagine.

I risultati dell'elaborazione sono registrati in un file di testo dove, per ogni paziente, sono riportati alcuni dati di carattere generale e i risultati (vedi tabella 2).

ID paziente	DATI GENERALI
<i>Area totale del parenchima</i>	
<i>Area totale delle blob</i>	
<i>RAI</i>	
Num immagini	
<i>Num totale delle blob</i>	
Soglia S	
Soglia Sb	
<i>Media</i>	STATISTICA
<i>Varianza</i>	
<i>deviazione standard</i>	
<i>skewness</i>	
<i>Kurtosys</i>	
N = Numero classi	PARAMETRI DI ELABORAZIONE
Min	
Max	
<i>P1</i>	ISTOGRAMMA POPOLAZIONE ISTOGRAMMA DENSITÀ
<i>D1</i>	
<i>P2</i>	
<i>D2</i>	
...	
<i>PN</i>	
<i>DN</i>	

Tabella 1. Schema del file d'uscita dell'elaborazione Area.

E' inoltre possibile ottenere un file contenente l'elenco di tutte le blob determinate per ciascun paziente (*Lista totale*) ed un file contenente l'elenco delle blob con area nell'intervallo $Min \div Max$ (*Lista blob filtrate*).

Opzione compactness

Quando è selezionato il pulsante *Compactness*, il programma calcola per ciascun paziente l'istogramma dei valori di compactness di tutte le blob, con le stesse modalità descritte in precedenza.

Opzione BIVAR

Quando è selezionato il pulsante *BIVAR*, il programma mostra una nuova schermata che contiene due campi di input per la definizione di *Area* minima e *Compactness* massima (vedi figura 18): in questo modo, dall'insieme delle blob di ciascun paziente si ottiene il sottoinsieme delle blob che soddisfano i requisiti impostati: è quindi possibile ottenere un file contenente l'elenco di tutte le blob determinate per ciascun paziente (*Lista totale*) ed un file contenente l'elenco delle blob con $area > Area$ e $compactness < Compactness$ (*Lista blob filtrate*).

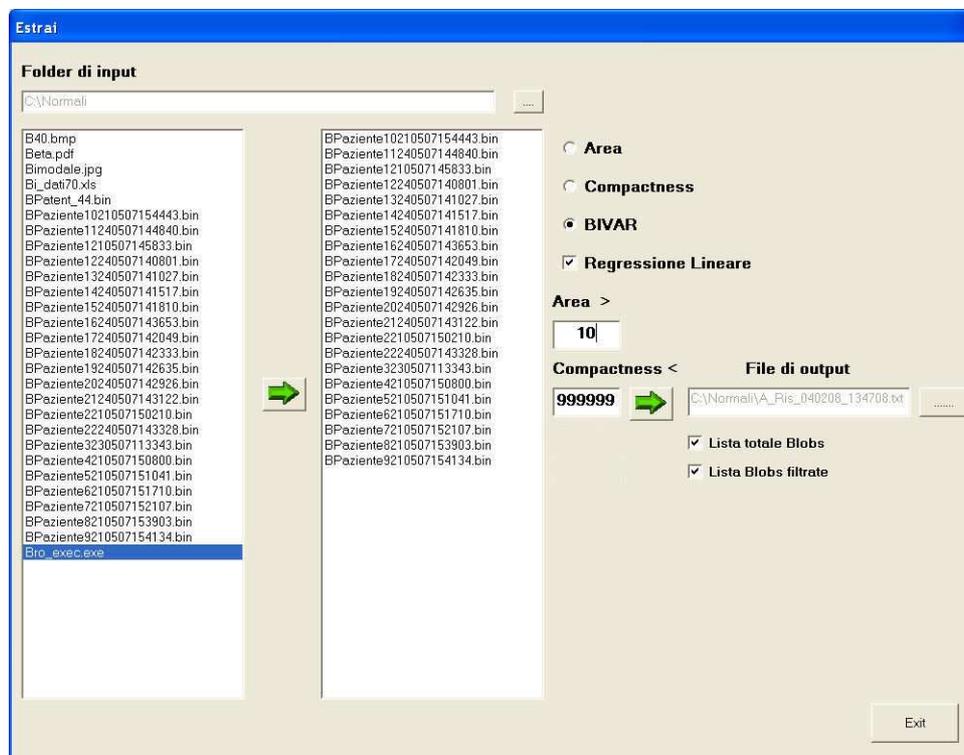


Figura 18. Schermata dell'opzione BIVAR.

Se si seleziona la funzione *Regressione lineare*, il programma calcola la regressione tra i valori di area ed i valori di compactness del sottoinsieme delle blob filtrate; si ha un file d'uscita che contiene per ciascun paziente i seguenti risultati:

- b = coefficiente di regressione
- a = intercetta
- r = coefficiente di correlazione.

Esempio di applicazione

Nell'esempio descritto di seguito le immagini da analizzare sono costituite da sezioni CT traverse ad alta risoluzione (HRCT), ottenute presso II Radiologia di Cisanello con una macchina SIEMENS.S5, dotata del software VA47A.

Le scansioni sono state ottenute in corso di esecuzione di TC torace per scopi diagnostici; la risoluzione spaziale (Pixel Spacing) è stata scelta in modo da ottimizzare il campo di vista.

Mediante la procedura di elaborazione si è selezionato un sottoinsieme d'immagini, escludendo quelle non significative per l'esame da condurre (apici polmonari, recessi costo-frenici); le immagini da elaborare sono definite da matrici di 512×512 pixel. E' stata scelta la finestra di valori HU definita da $C = -512$, $W = 1024$.

Mediante il programma *Parenchima* si sono ricavate le blob nelle immagini selezionate, impostando la soglia per la segmentazione del parenchima $S_p = 399$ e la soglia per la determinazione delle blob $S_b = 951$.

Mediante il programma *Estrai* si è quindi eseguita un'analisi dell'area delle blob, ricavandone la distribuzione.

E' stata quindi eseguita un'analisi dei risultati ottenuti.

Popolazione esaminata

Le immagini da elaborare sono state ricavate dall'esame di tre gruppi di pazienti, così definiti:

gruppo	tipo	elementi
A	normali	22
B	COPDe-	15
C	COPDe+	23

Le scansioni CT sono state esaminate da due osservatori indipendenti per la presenza di aree di ridotta attenuazione ed alterazioni dei vasi polmonari indicativi di enfisema. La gravità della malattia è stata espressa mediante un punteggio non parametrico compreso tra 0 (assenza di enfisema) e 100, ottenuto applicando il metodo del picture grading (PG), proposto in origine per la valutazione anatomo-patologica di enfisema e successivamente adattato alle immagini CT. Secondo questo metodo, un punteggio ≤ 5 è indicativo di enfisema non significativo, un punteggio compreso tra 10 e 30 indica enfisema di grado lieve, un punteggio tra >30 e 50 enfisema moderato, ed infine un punteggio compreso tra >50 e 100 enfisema severo.

Le tabelle 2, 3, 4 riportano le valutazioni dei pazienti dei tre gruppi.

caso	diagnosi	PG
1	NORMAL	0
2	NORMAL	0
3	NORMAL	0
4	NORMAL	0
5	NORMAL	0
6	NORMAL	0
7	NORMAL	0
8	NORMAL	0
9	NORMAL	0
10	NORMAL	0
11	NORMAL	0
12	NORMAL	0
13	NORMAL	0
14	NORMAL	0
15	NORMAL	0
16	NORMAL	0
17	NORMAL	0
18	NORMAL	0
19	NORMAL	0
20	NORMAL	0
21	NORMAL	0
22	NORMAL	0

Tabella 2. Valutazione dei componenti del gruppo A.

caso	diagnosi	PG
1	COPDe-	0
2	COPDe-	0
3	COPDe-	0
4	COPDe-	0
5	COPDe-	0
6	COPDe-	0
7	COPDe-	0
8	COPDe-	5
9	COPDe-	0
10	COPDe-	0
11	COPDe-	5
12	COPDe-	5
13	COPDe-	0
14	COPDe-	5
15	COPDe-	0

Tabella 3. Valutazione dei componenti del gruppo B.

caso	diagnosi	PG
1	COPDe+	20
2	COPDe+	90
3	COPDe+	50
4	COPDe+	85
5	COPDe+	60
6	COPDe+	40
7	COPDe+	37.5
8	COPDe+	30
9	NORMAL	35
10	COPDe+	45
11	COPDe+	25
12	COPDe+	40
13	COPDe+	60
14	COPDe+	50
15	COPDe+	50
16	COPDe+	80
17	COPDe+	35
18	COPDe+	37.5
19	COPDe+	90
20	COPDe+	60
21	COPDe+	25
22	COPDe+	70
23	COPDe+	40

Tabella 4. Valutazione dei componenti del gruppo C.

Dati d'uscita

Nelle tabelle 5 ÷ 7 sono riportati i seguenti parametri, ottenuti elaborando le immagini dei tre gruppi di pazienti:

- PS = pixel spacing, in cm
- M = numero d'immagini elaborate per ciascun caso
- A_p = area complessiva del parenchima, espressa in cm^2 utilizzando il relativo PS
- A_b = area complessiva delle blob, espressa in cm^2 utilizzando il relativo PS
- m_b = area media delle blob su tutte le immagini elaborate per ciascun paziente, in mm^2 , calcolata mediante il rapporto tra A_b ed N_b
- D = densità, espressa in blob/ mm^2 , calcolata mediante il rapporto tra N_b e A_p
- sk = skewness, calcolato per un istogramma su 100 classi, con aree da 1 a 1000 pixel.

caso	PS	M	A_p	A_b	N_b	RAI	m_b	D	sk
1	0.585	10	2314.34	797.11	23004	0.344	3.47	0.099	27.4
2	0.660	11	2945.43	508.86	36525	0.173	1.39	0.124	44.1
3	0.654	11	2756.86	816.95	28374	0.296	2.88	0.103	27.3
4	0.644	10	2854.55	629.97	38559	0.221	1.63	0.135	31.0
5	0.556	10	2200.18	644.23	30835	0.293	2.09	0.140	26.1
6	0.664	9	2678.54	728.73	30366	0.272	2.40	0.113	26.7
7	0.664	10	2485.79	704.57	26124	0.283	2.70	0.105	26.1
8	0.664	9	2227.60	494.05	27684	0.222	1.78	0.124	23.3
9	0.585	11	2322.76	633.96	28282	0.273	2.24	0.122	36.9
10	0.683	10	2820.50	819.37	29300	0.291	2.80	0.104	26.2
11	0.585	10	2194.38	380.14	31235	0.173	1.22	0.142	74.5
12	0.585	10	2057.93	459.56	31611	0.223	1.45	0.154	22.9
13	0.605	10	2179.48	480.14	34032	0.220	1.41	0.156	28.9
14	0.625	10	2403.85	686.14	29442	0.285	2.33	0.122	44.1
15	0.609	10	2377.81	555.90	28336	0.234	1.96	0.119	16.1
16	0.585	10	1759.02	342.92	27936	0.195	1.23	0.159	16.4
17	0.527	10	1950.75	666.27	20155	0.342	3.31	0.103	31.7
18	0.644	10	2698.26	964.39	20233	0.357	4.77	0.075	25.9
19	0.556	9	1492.71	244.20	25239	0.164	0.97	0.169	34.7
20	0.585	10	2329.14	642.40	29508	0.276	2.18	0.127	38.6
21	0.546	11	1960.75	431.11	30024	0.220	1.44	0.153	32.8
22	0.664	10	2811.26	357.30	28946	0.127	1.23	0.103	27.4
media					28898	0.249	2.13	0.125	44.1

Tabella 5. Risultati del gruppo A (normali).

caso	PS	M	A _p	A _b	N _b	RAI	m _b	D	sk
1	0.546	10	1850.77	242.02	27946	0.131	0.87	0.151	55.3
2	0.597	9	1639.44	513.13	18432	0.313	2.78	0.112	20.8
3	0.667	11	3506.84	1055.18	34126	0.301	3.09	0.097	23.0
4	0.654	10	2790.83	962.07	21114	0.345	4.56	0.076	16.8
5	0.693	12	3219.03	1136.36	22207	0.353	5.12	0.069	19.1
6	0.644	11	3094.37	1039.01	27225	0.336	3.82	0.088	22.8
7	0.658	8	1222.09	161.06	14276	0.132	1.13	0.117	60.4
8	0.585	10	2048.39	450.89	26488	0.220	1.70	0.129	23.4
9	0.703	9	2556.76	792.37	20052	0.310	3.95	0.078	22.3
10	0.644	10	2513.40	749.30	28275	0.298	2.65	0.112	25.5
11	0.644	10	2641.49	884.05	22994	0.335	3.84	0.087	20.5
12	0.582	11	2914.06	828.02	31349	0.284	2.64	0.108	20.9
13	0.546	12	2262.43	585.89	27008	0.259	2.17	0.119	23.1
14	0.664	11	2702.53	669.92	27210	0.248	2.46	0.101	28.9
15	0.546	11	1693.15	263.92	22143	0.156	1.19	0.131	24.6
media					24723	0.268	2.80	0.105	24.8

Tabella 6. Risultati del gruppo B (COPD-).

caso	PS	M	A _p	A _b	N _b	RAI	m _b	D	sk
1	0.664	10	3044.55	995.05	27217	0.327	3.66	0.089	21.1
2	0.644	13	5441.25	3642.80	14734	0.669	24.72	0.027	10.6
3	0.605	11	2713.41	828.71	23720	0.305	3.49	0.087	15.9
4	0.703	12	4185.93	2535.70	8038	0.606	31.55	0.019	10.3
5	0.613	11	3258.98	1716.01	7285	0.527	23.56	0.022	8.3
6	0.537	13	2874.51	967.84	28871	0.337	3.35	0.100	16.1
7	0.703	10	3507.43	1370.00	16213	0.391	8.45	0.046	13.5
8	0.605	12	2633.83	396.68	24904	0.151	1.59	0.095	32.0
9	0.664	11	3019.24	982.42	26250	0.325	3.74	0.087	18.5
10	0.585	9	1850.14	703.80	12612	0.380	5.58	0.068	13.9
11	0.615	12	2977.40	1077.11	22121	0.362	4.87	0.074	13.7
12	0.527	11	2646.44	905.42	24858	0.342	3.64	0.094	13.5
13	0.648	12	2812.12	1466.21	7258	0.521	20.20	0.026	8.7
14	0.669	12	3643.03	1478.64	17814	0.406	8.30	0.049	11.3
15	0.644	12	3205.98	1501.12	10918	0.468	13.75	0.034	10.9
16	0.654	12	4133.11	2252.69	7228	0.545	31.17	0.017	9.6
17	0.656	11	2684.44	1018.26	15419	0.379	6.60	0.057	14.7
18	0.585	13	3286.58	1178.76	21854	0.359	5.39	0.066	12.5
19	0.527	12	3266.26	1972.48	9053	0.604	21.79	0.028	8.8
20	0.644	9	2320.34	943.64	13556	0.407	6.96	0.058	16.5
21	0.654	11	3645.03	1466.52	19531	0.402	7.51	0.054	15.0
22	0.664	11	2824.55	1318.52	9802	0.467	13.45	0.035	10.6
23	0.664	12	4347.68	1525.18	32360	0.351	4.71	0.074	17.3
media					17457	0.419	11.22	0.057	14.1

Tabella 7. Risultati del gruppo C (COPD+).

Le figure 19÷21 mostrano i grafici Box-Whisker delle popolazioni dei livelli degli istogrammi delle aree delle blob, ottenuti con le seguenti impostazioni:

- area min = 0
- area max = 20
- classi = 20

Gli istogrammi di tutti e tre i gruppi sono asimmetrici ed hanno una popolazione che decresce al crescere della classe; l'ultima classe ha una popolazione maggiore di quelle immediatamente precedenti, poiché in essa sono accumulate le blob con area maggiore del parametro area max.

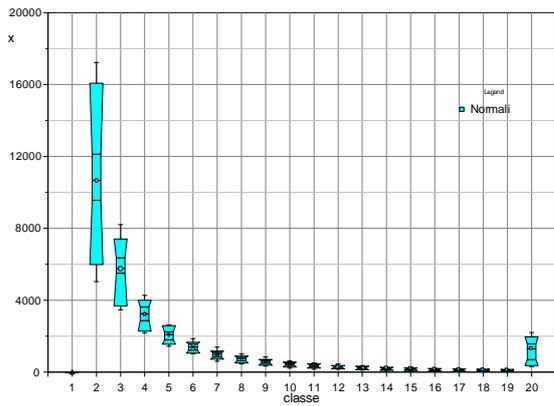


Figura 19. Distribuzione dei valori di area nel gruppo A (normali).

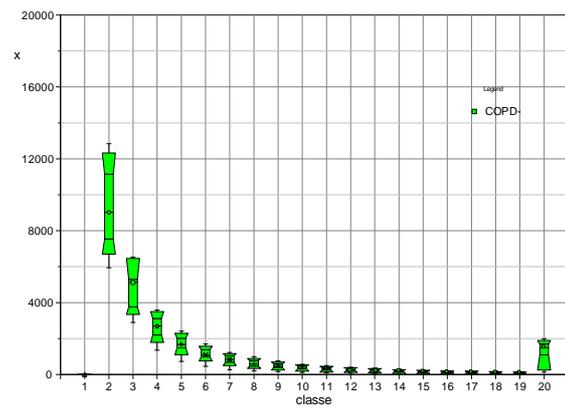


Figura 20. Distribuzione dei valori di area nel gruppo B (COPD-).

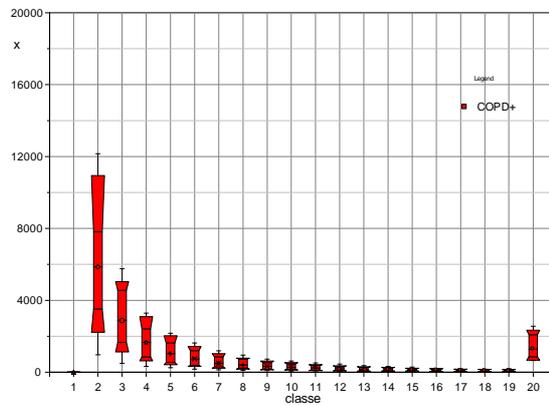


Figura 21. Distribuzione dei valori di area nel gruppo C (COPD+).

La figura 22 riporta la media degli istogrammi delle densità di popolazione di ciascun gruppo.

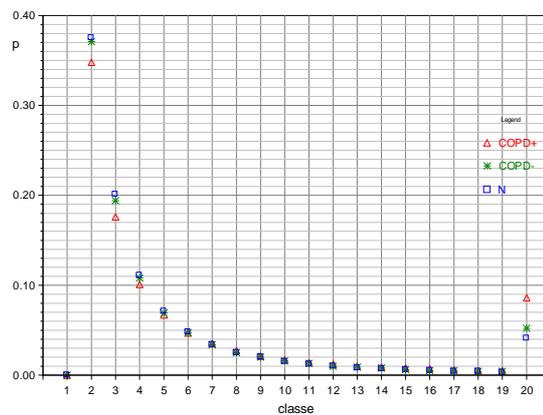


Figura 22. Valori medi normalizzati delle distribuzioni dei tre gruppi.

Si vede che nella classe 20 le densità medie dei gruppi A e B sono circa eguali e sono inferiori a quella del gruppo C.

Analisi univariata

In questa sezione si considerano separatamente i singoli parametri ottenuti.

Skewness

La figura 23 mostra i grafici Box-Whisker dei parametri sk riportati nelle tabelle 5÷7.

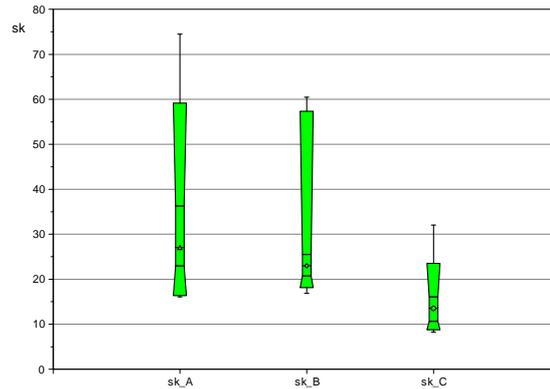


Figura 23. Valori di sk (skewness) per i tre gruppi.

I valori dei gruppi A e B hanno una notevole variabilità e sono praticamente sovrapponibili, mentre per il gruppo C si ha una variabilità contenuta. L'intervallo dei valori di skewness per il gruppo C è parzialmente sovrapposto a quelli degli altri due gruppi.

Frazione di blob

La figura 24 mostra i grafici Box-Whisker dei valori dei parametri RAI riportati nelle tabelle 5÷7.

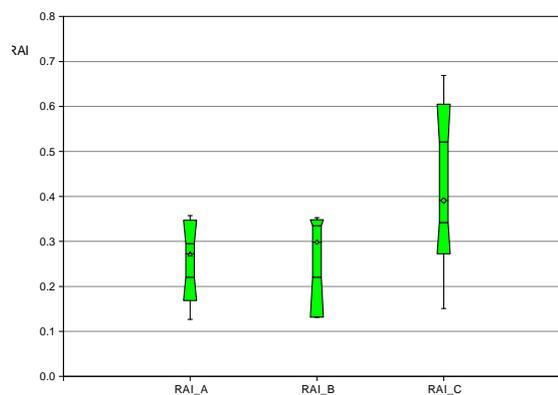


Figura 24. Valori di RAI per i tre gruppi.

I valori di RAI per i gruppi A e B hanno una variabilità simile e sono sostanzialmente sovrapponibili, mentre quelli del gruppo C hanno una variabilità maggiore e sono parzialmente separati dagli altri.

Area media delle blob

La figura 25 mostra il grafico Box-Whisker dei parametri m_b riportati nelle tabelle 5÷7.

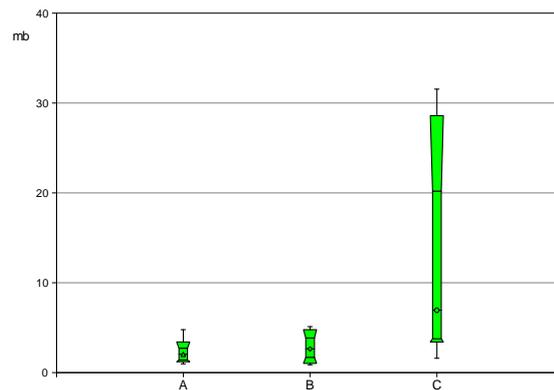


Figura 25. Valori di m_b (area media delle blob) per i tre gruppi.

I valori di m_b per i gruppi A e B hanno una variabilità contenuta e sono sostanzialmente sovrapponibili, mentre quelli del gruppo C hanno una grande variabilità e sono parzialmente separati dagli altri.

Densità di blob

La figura 26 mostra il grafico Box-Whisker dei parametri D riportati nelle tabelle 5÷7.

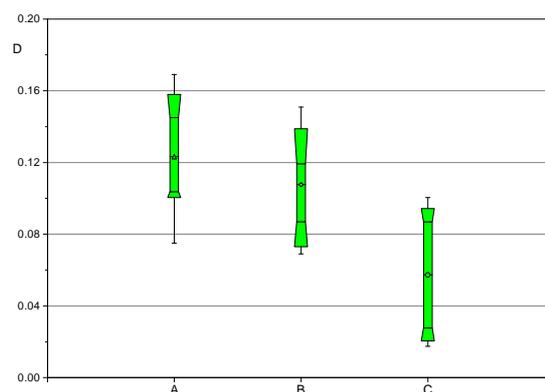


Figura 26. Valori di D (densità di blob) per i tre gruppi.

I valori di D del gruppo B sono simili a quelli di A, quelli di C sono parzialmente separati.

Sulle coppie dei parametri ottenuti dai gruppi A e C sono stati applicati il test di Fisher e il test di analisi della varianza: la tabella 8 riporta i risultati ottenuti.

parametro	Fisher Probabilità	One-Way ANOVA Probabilità
sk	8,96 3,11E-006	30,37 1,87E-006
RAI	3,63 0,004	36,04 3,62E-007
m _b	104,87 1,60E-016	20,28 5,06E-005
D	1,32 0,529	79,16 2,65E-011

Tabella 8. Risultati dei test di confronto tra le coppie di parametri.

Le coppie di insiemi RAI e D hanno varianze simili; si hanno differenze statisticamente significative tra tutte le coppie d'insiemi.

Classificazione

Per ciascuno dei parametri P si è assunto un criterio di classificazione in base ad una soglia di S ottenuta considerando il valore medio m e la deviazione standard σ dei risultati ottenuti per i gruppi A e C. Si è posto:

Regola 1

Se $m(A) < m(C)$ si pone $S = \frac{(m(A) + \sigma(A)) + (m(C) - \sigma(C))}{2}$ e il caso J-esimo è classificato in base alla seguente tabella:

misura	classificazione
$P(j) \leq S$	J negativo
$P(j) > S$	J positivo

Tabella 9. Regola di classificazione 1.

Regola 2

Se $m(A) > m(C)$ si pone $S = \frac{(m(A) - \sigma(A)) + (m(C) + \sigma(C))}{2}$ e il caso J-esimo è classificato in base alla seguente tabella:

misura	classificazione
$P(j) \leq S$	J positivo
$P(j) > S$	J negativo

Tabella 10. Regola di classificazione 2.

Essendo nota a priori la patologia dei casi esaminati si sa per ciascuno di essi se il risultato della classificazione è corretto (Vero Positivo o Vero Negativo) oppure no (Falso Positivo o Falso Negativo); si costruisce quindi la seguente tabella:

	Patologici	Non patologici
positivi	ΣVP	ΣFP
negativi	ΣFN	ΣVN

Tabella 11. Tabella di classificazione del test.

da cui si ricavano le caratteristiche:

- Sensibilità = proporzione di casi patologici risultati positivi = $\frac{VP}{VP + FN}$
- Specificità = proporzione di casi non patologici risultati negativi = $\frac{VN}{VN + FP}$

Nell'esempio riportato si considera come patologia l'enfisema polmonare: l'insieme di casi patologici è quindi costituito dai componenti del gruppo C (23 casi), mentre l'insieme dei casi non patologici è costituito dagli elementi dei gruppi A (normali) e B (COPD senza enfisema), che sono complessivamente 37 casi. I falsi negativi appartengono al gruppo C, i falsi positivi ai gruppi A e B.

La tabella 12 riporta il valor medio e la deviazione standard degli insiemi di parametri sk , RAI, m_b e D ricavati dal gruppo normale e da quello patologico.

	Gruppo A				Gruppo C			
	sk	RAI	m_b	D	sk	RAI	m_b	D
sd	15.43	0.06	0.92	0.02	5.15	0.12	9.42	0.03
media	32.79	0.25	2.13	0.12	14.07	0.42	11.22	0.06

Tabella 12. Statistiche dei parametri estratti dagli elementi dei gruppi A e C.

I valori della tabella sono stati usati per ricavare le quattro soglie mediante le quali sono stati classificati tutti i casi dei tre gruppi esaminati.

Skewness

In questo caso si è applicata la regola di classificazione 2 con soglia $S_1 = 18.29$ e si è ottenuta la seguente tabella:

	Patologici	Non patologici	
positivi	20	3	23
negativi	3	34	37
	23	37	60

Tabella 13. Risultati della classificazione mediante il parametro sk .

Sensibilità = 20/23, Specificità = 34/37

Frazione di blob

In questo caso si è applicata la regola di classificazione 1 con soglia $S_2 = 0.306$ e si è ottenuta la seguente tabella:

	Patologici	Non patologici	
positivi	21	9	30
negativi	2	28	30
	23	37	60

Tabella 14. Risultati della classificazione mediante il parametro RAI.

Sensibilità = 21/23, Specificità = 28/37

Area media delle blob

In questo caso si è applicata la regola di classificazione 1 con soglia $S_3 = 2.42$ e si è ottenuta la seguente tabella:

	Patologici	Non patologici	
positivi	22	14	36
negativi	1	23	24
	23	37	60

Tabella 15. Risultati della classificazione mediante il parametro mb.

Sensibilità = 22/23, Specificità = 23/37

Densità delle blob

In questo caso si è applicata la regola di classificazione 2 con soglia $S_4 = 0.093$ e si è ottenuta la seguente tabella:

	Patologici	Non patologici	
positivi	20	6	26
negativi	3	31	34
	23	37	60

Tabella 16. Risultati della classificazione mediante il parametro D.

Sensibilità = 20/23, Specificità = 31/37

Le tabelle 17 e 18 mostrano i casi erroneamente classificati nei tre gruppi di pazienti. Si nota che la maggior percentuale di errate classificazioni è ottenuta per i casi del gruppo B.

Gruppo A					Gruppo B				
caso	RAI	m _b	D	sk	caso	RAI	m _b	D	sk
1	♦	♦			1				
2					2	♦	♦		
3		♦			3		♦		
4					4	♦	♦	♦	♦
5					5	♦	♦	♦	
6					6	♦		♦	
7		♦			7				
8					8				
9					9	♦	♦	♦	
10		♦			10		♦		
11					11	♦	♦	♦	
12					12		♦		
13					13				
14					14		♦		
15				♦	15				
16				♦					
17	♦								
18	♦	♦	♦						
19									
20									
21									
22									

Tabella 17. Casi risultanti falsi positivi ai singoli test.

Gruppo C				
caso	RAI	m _b	D	sk
1				•
2				
3	•			
4				
5				
6			•	
7				
8	•	•	•	•
9				•
10				
11				
12			•	
13				
14				
15				
16				
17				
18				
19				
20				
21				
22				
23				

Tabella 18. Casi risultanti falsi negativi ai singoli test.

La tabella 19 riassume le caratteristiche di Sensibilità e Specificità dei quattro tipi di test.

test	Sensibilità	Specificità
sk	0.87	0.92
RAI	0.91	0.76
m _b	0.96	0.62
D	0.90	0.84

Tabella 19. Caratteristiche dei test.

Analisi bivariata

Abbinamento di parametri

In questa sezione si considerano le 6 possibili coppie dei parametri RAI, m_b , D e sk ottenuti per i tre gruppi esaminati. Le figure 27 ÷ 32 mostrano i relativi grafici.

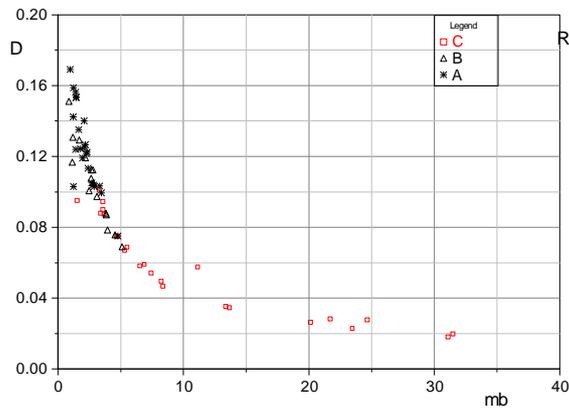


Figura 27. Valori di D e m_b .

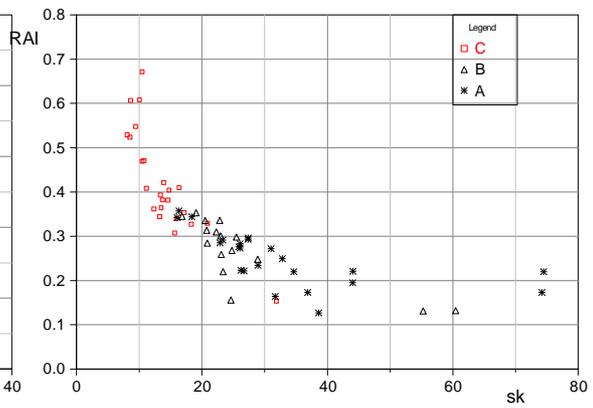


Figura 28. Valori di RAI e sk .

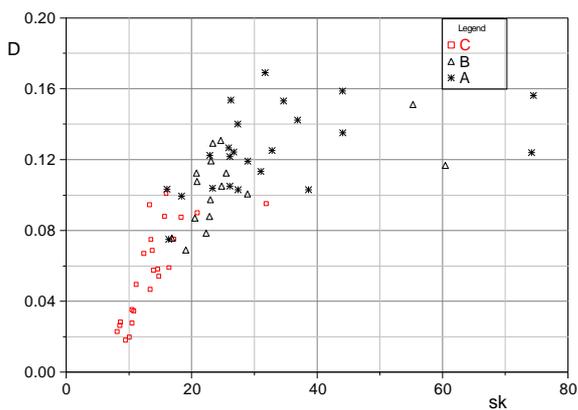


Figura 29. Valori di D e sk .

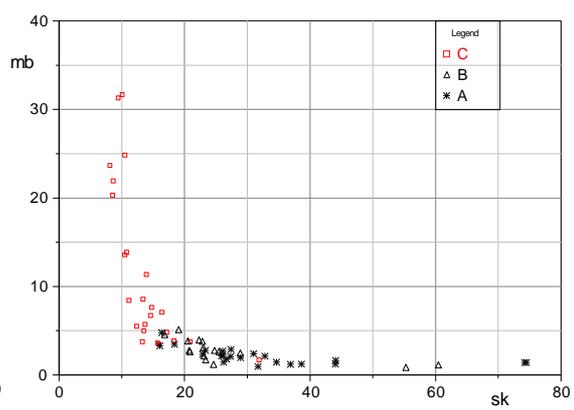


Figura 30. Valori di m_b e sk .

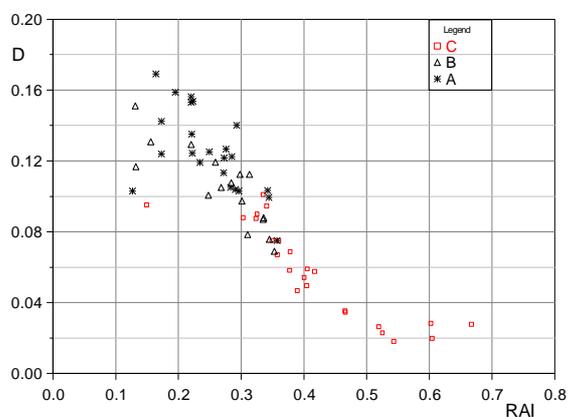


Figura 31. Valori di D e RAI.

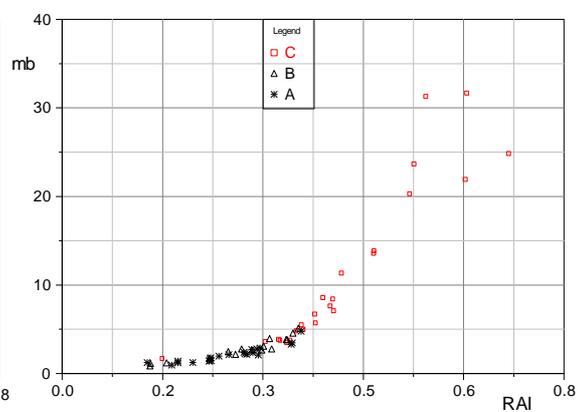


Figura 32. Valori di m_b e RAI

In tutti i piani ottenuti s'individuano regioni occupate prevalentemente da punti relativi ad un gruppo di casi, ma si ha una parziale sovrapposizione di punti relativi a gruppi diversi: in particolare, alcuni punti relativi al gruppo C (COPD+) sono nella regione del piano in cui si addensano i punti relativi al gruppo B (COPD-).

Osservando le figure si vede che le zone occupate dai punti provenienti da casi patologici sono definibili approssimativamente coi seguenti confini:

$$RAI > 0.3$$

$$sk < 20$$

$$m_b > 3$$

$$D < 0.1$$

Questi valori sono in accordo con le soglie determinate nell'analisi univariata.

La tabella 20 riporta i risultati della statistica di correlazione di Pearson tra le possibili coppie di parametri. Le caselle della tabella riportano il valore del coefficiente r ed il valore di probabilità p (piccoli valori di p indicano una correlazione significativa).

	sk	m _b	D
RAI	0.82 1.97E-006	0.90 4.31E-009	-0.88 2.68E-008
sk		-0.66 0.0006	0.74 4.69E-005
m _b			-0.89 1.17E-008

Tabella 20. Correlazione tra i 4 parametri.

I punti definiti da D e m_b sono disposti lungo un'iperbole. Per definizione si ha: $D_b = \frac{N_b}{A_p} = \frac{A_b}{A_p} \frac{1}{m_b}$ e quindi se $\frac{A_b}{A_p} \approx \text{costante}$, $D_b \approx \frac{k}{m_b}$; di conseguenza, alla relazione approssimativamente lineare, almeno in un certo intervallo, tra D e sk corrisponde una relazione iperbolica tra m_b e sk. Un comportamento analogo si ha per le relazioni tra D e RAI e tra m_b e RAI.

Se si considera la classificazione determinata contemporaneamente dai valori dei parametri m_b e sk, dipendenti dalla forma delle blob (non si considera D in quanto esso è abbastanza correlato con m_b), si ottiene la seguente tabella:

	Patologici	Non patologici	
positivi	22	1	23
negativi	1	36	37
	23	37	60

Tabella 21. Risultati della classificazione mediante il parametro m_b.

con Sensibilità = $22/23 = 0.96$, Specificità = $36/37 = 0.97$.

Confronto con la valutazione PG

In questa sezione si esaminano le possibili relazioni tra i 4 parametri ottenuti mediante l'elaborazione d'immagini e la valutazione PG:

Le figure seguenti 33 ÷ 36 i grafici ottenuti considerando il valore PG ed uno dei parametri calcolati per gli elementi del gruppo C.

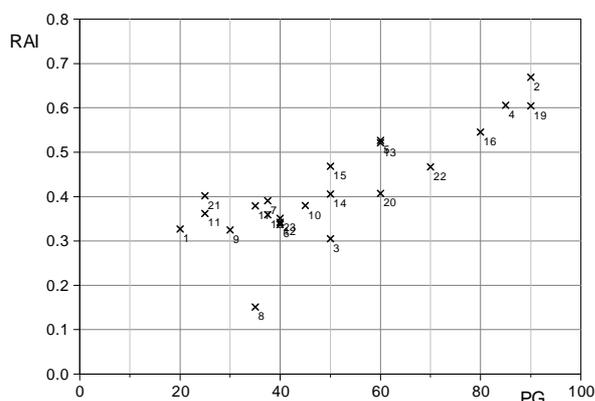


Figura 33. Valori di RAI e PG.

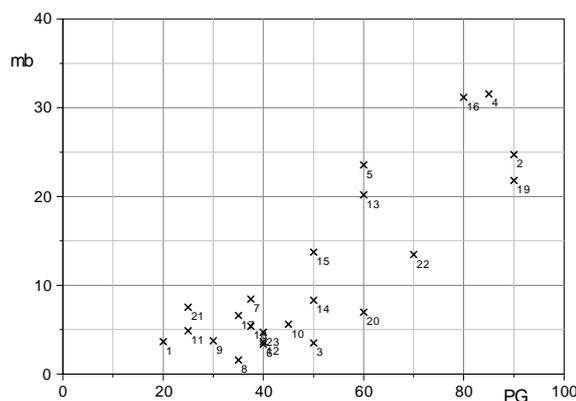


Figura 34. Valori di mb e PG.

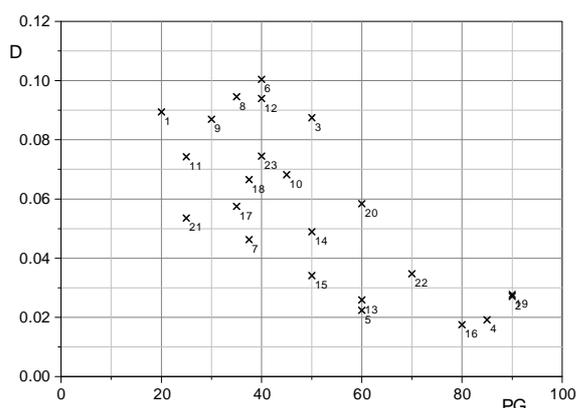


Figura 35. Valori di D e PG.

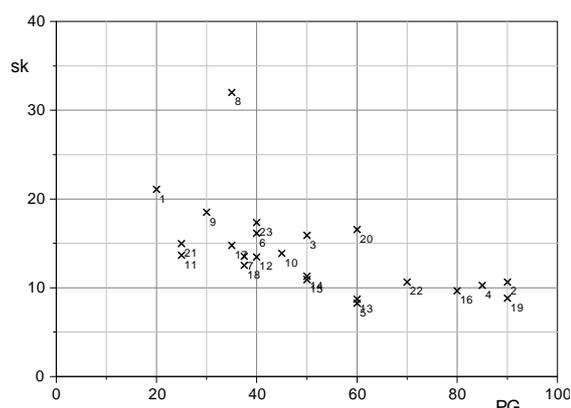


Figura 36. Valori di sk e PG.

All'aumentare della valutazione PG aumentano la misura della frazione di parenchima scura (RAI) e le dimensioni medie delle blob (m_b), mentre diminuiscono la densità di blob (D) e la pendenza dell'istogramma delle ampiezze delle blob (sk): c'è quindi concordanza tra le valutazioni soggettive e le misure oggettive.

La tabella 22 riporta i risultati della correlazione di Pearson tra PG e i 4 parametri.

	RAI	sk	m_b	D
PG	0,83 7,15E-007	-0,58 0,0037	0,84 3,13E-007	-0,75 3,71E-005

Tabella 22. Correlazione tra PG e i 4 parametri.

Si ha una discreta correlazione tra la valutazione PG ed i valori misurati di RAI ed m_b , correlazioni scarse negli altri confronti.

Conclusioni

La procedura sviluppata consente di trattare in modo agevole la gran quantità di dati ottenuti mediante le scansioni CT del torace.

La struttura del software realizzato permette una semplice gestione dei dati d'ingresso e d'uscita ed un agevole controllo delle operazioni di elaborazione.

L'interfaccia utente offre la possibilità di esaminare i risultati dei singoli passi dell'elaborazione, e di ottenere rappresentazioni di tipo pittorico e grafico, utili per il rilevamento di particolari d'interesse.

La procedura può costituire un utile strumento sia in attività di studio, sia nella pratica diagnostica.

Nel primo caso, la procedura può essere impiegata fuori linea su un normale calcolatore; l'utente può valutare la variazione dei risultati ottenuti modificando i parametri che definiscono le elaborazioni, come i valori di soglia impiegati per la segmentazione delle immagini e la determinazione delle blob o le classi di quantizzazione di un parametro, oppure può esaminare la correlazione o la complementarietà dei parametri ricavati. Nell'esempio di applicazione riportato sono state esaminate solo alcune delle caratteristiche associate alle blob, ma il programma allo stato attuale fornisce anche altri risultati; inoltre, l'architettura di progetto consente di aggiungere in modo semplice altri moduli per l'analisi dei dati o per la rappresentazione dei risultati in modo da aumentare la potenzialità della procedura.

Una volta individuati i valori ottimi dei parametri di controllo, si può realizzare una procedura automatica, adatta ad un funzionamento per l'esame di routine delle immagini CT del torace: in questo caso, la procedura può fornire un'indicazione immediata sulla possibile presenza di enfisema e sulla sua estensione.

Riferimenti

- 1) G. K. Kemerink et al. "CT Densitometry of the Lungs: Scanner Performance" J. of Computer Assisted Tomography, vol. 20, n. 1, 1996, pp. 24-33.
- 2) G. K. Kemerink et al. "CT Lung Densitometry: Dependence of CT Number Histograms on Sample Volume and Consequences for Scan Protocol Comparability". J. of Computer Assisted Tomography, vol. 21, n. 6, 1997, pp. 948-954.
- 3) M. Mishima et al. "Complexity of terminal airspace geometry assessed by lung computed tomography in normal subjects and patients with chronic obstructive pulmonary disease". Proc. Natl. Acad. Sci. USA, vol. 96, pp. 8829-8834, Aug. 1999.