

Universidad de las Ciencias Informáticas

Facultad 7



Selección de algoritmos del estado del arte para la segmentación de imágenes de tomografía computarizada en la cabeza

Trabajo de Diploma para optar por el Título de
Ingeniero en Ciencias Informáticas

Autores: Giselle Yzquierdo Alonso

Jorge Jiménez Luna

Tutor: Ing. Jesmar Fajardo Martín

La Habana, junio de 2011

“Año 53 de la Revolución”

DATOS DE CONTACTO

Tutor principal: Jesmar Fajardo Martín(jefajardo@estudiantes.uci.cu)

Graduado de Ingeniero en Ciencias Informáticas, egresado de la UCI. Posee categoría docente de Instructor. Ha impartido las asignaturas de Introducción a la Programación, Programación I, Programación II e Inteligencia Artificial. Es profesor de la Facultad 7 y se desempeña actualmente como Jefe de Proyecto en el Departamento de Software Médico Imagenológico del Centro de Informática Médica de la Universidad de las Ciencias Informáticas.

DEDICATORIA

A mis padres por el amor y comprensión que siempre me han brindado, por ser mis ejemplos en la vida y porque todo lo que soy se los debo a ellos.

A mi abuela Cuca por su amor, dedicación, y sobre todo por ser una madre más.

A mis hermanos por ser tan maravillosos.

A mis sobrinos por ser motivos de mi inspiración.

A mi Tío Mandy, por su apoyo y confianza en mí.

A mi puchi por ser muy especial en mi vida y enseñarme lo que es el verdadero amor.

Giselle

A mi mamá por ser la mejor de las madres.

Luna

AGRADECIMIENTOS

A Dios que me ha acompañado en todos los momentos de mi vida y ha sabido guiarme hacia los buenos caminos.

A mis padres por ser mi apoyo incondicional, mis guías hacia el camino correcto, ofrecerme amor, educación, confianza y dedicación. Sin ellos, no hubiese podido alcanzar esta meta.

A mi tío Mandy porque siempre estaba a mi lado aunque estuviera lejos, brindando su apoyo, comprensión y consejos.

A mi hermana por ser para mí algo más que una hermana, por estar a mi lado en los momentos que pensé que no podía seguir adelante y ser para mí una personita muy especial.

A mi hermano Yoyi que a pesar de no estar a mi lado siempre lo tengo presente en mi corazón.

A mi novio por ser parte de mi vida, y ser una persona a la cual amo con todas las fuerzas de mi corazón, y sobre todo por estar tantas madrugadas de pie a mi lado, guiándome y apoyándome tratando que esta tesis salga adelante como si fuera de él.

A todos mis amigos por haber estado presente todos estos años, y brindar su apoyo y comprensión. A Vladimir, Merlin, Susuana, y Mary, por siempre brindar su mano amiga. Al igual que a mis buenas amigas Ismelis, Lili y Glenda por su apoyo y consejos.

A mi compañero de tesis por compartir conmigo este sueño y poder lograr juntos la meta deseada.

A todos los profesores y amistades que han logrado de una forma u otra que esta tesis salga adelante. Yerandy, Abel, Gustavo, Adriadna, Eduardo les agradezco por brindar su mano en momentos que necesitaba muchísimo.

A nuestro tutor Jesmar por dedicarnos parte de su tiempo. Giselle

Que esta tesis se haya realizado y terminado ha sido debido al esfuerzo y ánimo de mucha gente para la que debo y quiero tener unas palabras de justo agradecimiento.

Antes que nada quiero dar gracias a dios por haberme dado la fuerza y valor para poder llegar al final de mi carrera.

A mi mamá por su apoyo incondicional, cariño y comprensión. Por su sacrificio constante para darme una vida mejor, por sus consejos a los cuales les debo el haber llegado hasta el final, por ser una mujer única.

Todo lo que soy o algún día seré se lo debo a mi familia ellos son lo más importante para mi. Gracias por su ayuda, apoyo incondicional y consejos.

A mis compañeros del aula, apartamento y laboratorio por apoyarme y alentarme siempre que lo he necesitado.

Quiero agradecer a Pepe, Tony, Modesto, Pardo y Joel por dejar de ser mis amigos y convertirse en mis hermanos.

Abel por siempre estar dispuesto a aguantarme y ayudarme con mis problemas de última hora.

A mi tutor por dedicarnos parte de su tiempo.

A mi compañera de tesis por su comprensión y paciencia, sin ella esta tesis nunca se hubiera realizado.

Luna

RESUMEN

La segmentación de imágenes de Tomografía Computarizada (TC) en la cabeza tiene gran utilidad en el diagnóstico y seguimiento de muchas patologías. Con la realización de este trabajo se busca una segmentación más exacta y tiempos de procesamientos menores, por lo que se realiza un estudio de las diferentes técnicas de segmentación que existen en la actualidad.

Como resultado de la investigación se proponen cuatro algoritmos para la segmentación en imágenes de tomografía computarizada en la cabeza, que utilizan distintas combinaciones de técnicas como son los modelos deformables, agrupamiento, crecimiento de regiones, redes neuronales y algoritmos genéticos. De los cuatro algoritmos propuestos son seleccionados dos, el GVF Snake utilizado para la detección de tumores y el algoritmo Crecimiento de Regiones para identificar la masa encefálica y el cráneo.

Se realizan pruebas de segmentación a los algoritmos seleccionados y se demuestra el error en cada uno de los casos. Para la validación de estos algoritmos se utiliza la herramienta Matlab 7.6, la cual es una herramienta ideal para el procesamiento de imágenes digitales, y puede solucionar los problemas técnicos de computación más rápido que los lenguajes de programación tradicionales.

Los algoritmos seleccionados proveerán al departamento de SWMI los métodos necesarios para complementar los módulos de reconstrucción 3D, permitiendo a los especialistas un mejor análisis y diagnóstico de la región que desee analizar.

Palabras claves: Preprocesamiento, Reconstrucción 3D, Segmentación.

TABLA DE CONTENIDOS

INTRODUCCIÓN	1
CAPÍTULO 1. FUNDAMENTACIÓN TEÓRICA.....	5
1.1. SISTEMAS DE COMUNICACIÓN Y ARCHIVADO DE IMÁGENES (PACS)	5
1.2. ESTÁNDAR DICOM (DIGITAL IMAGING AND COMMUNICATIONS IN MEDICINE).....	5
1.3. TOMOGRAFÍA COMPUTADA (TC)	7
1.4. SEGMENTACIÓN DE IMÁGENES	8
1.5. ESTADO DEL ARTE A NIVEL INTERNACIONAL.....	14
1.6. ESTADO DEL ARTE A NIVEL NACIONAL.....	15
1.7. HERRAMIENTAS.....	16
CAPÍTULO 2. ALGORITMOS SELECCIONADOS PARA LA SEGMENTACIÓN DE IMÁGENES DE TOMOGRAFÍA COMPUTARIZADA EN LA CABEZA.....	19
2.1. NIVELES DE DENSIDAD DE LOS DIFERENTES TIPOS DE TEJIDOS.....	19
2.2. PREPROCESO EN LAS IMÁGENES A SEGMENTAR.....	21
2.3. GRADIENT VECTOR FLOW (GVF) SNAKE	22
2.4. SEGMENTACIÓN POR UMBRAL DE OTSU Y EXPECTATION-MAXIMIZATION (EM).....	24
2.5. CRECIMIENTO DE REGIONES	26
2.6. OPTIMIZACIÓN DEL MÉTODO DE REDES NEURONALES DE HOPFIELD COMBINADO CON ALGORITMOS GENÉTICOS.....	27
CAPÍTULO 3. SOLUCIONES Y RESULTADOS	32
3.1. EVALUACIÓN DE LOS ALGORITMOS PROPUESTOS.....	32
3.2. EVALUACIÓN DEL ALGORITMO GVF SNAKE EN UN CORTE DE UNA TAC CRANEAL.....	32
3.3. EVALUACIÓN DEL ALGORITMO CRECIMIENTO DE REGIONES EN UN CORTE DE UNA TAC CRANEAL	36
CONCLUSIONES	40
RECOMENDACIONES.....	41
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	42
GLOSARIO DE TÉRMINOS	47

ANEXOS	49
ANEXO 1	49
ANEXO 2	49
ANEXO 3	50

INTRODUCCIÓN

Durante las últimas décadas las Tecnologías de la Informática y las comunicaciones han ocasionado un gran impacto en la medicina, desde una cita médica hasta el quirófano. Son usadas en diversas líneas dentro del ámbito sanitario, como son el entrenamiento virtual de médicos y paramédicos, en teleconsultas, en la tomografía axial computarizada, en ecografías tridimensionales, en la obtención de imágenes para diagnóstico como la resonancia magnética, todas estas con un gran factor de seguridad y precisión. Esto implica además del desarrollo tecnológico, una nueva forma de trabajar, una actitud y una tendencia al trabajo virtual con el fin de mejorar la atención de la salud tanto en los consultorios médicos como en los hospitales.

El creciente desarrollo y proliferación de las tecnologías de adquisición de imágenes médicas está revolucionando cada día. Estas imágenes juegan un rol importante en el diagnóstico y tratamiento de enfermedades, debido a que permiten que se obtenga información vital observando el interior del cuerpo humano. El procesamiento de Imágenes mediante Resonancia Magnética (MRI), Tomografía Computarizada (CT), Mamografía Digital y otras modalidades, proveen un medio efectivo de delinear la anatomía de un sujeto. Estas tecnologías han incrementado enormemente el conocimiento de anatomías y patologías para la investigación médica, y son un componente crítico en la planificación de diagnósticos y tratamientos.

La tomografía axial computarizada (TAC) o también conocida como tomografía computada (TC), es tal vez la técnica más sofisticada en la aplicación de los rayos X en el ámbito de la medicina. (1) Una tomografía computarizada (TC) no es más que un procedimiento de diagnóstico médico que utiliza rayos X generalmente con un sistema informático acoplado el cual permite obtener imágenes radiográficas en secciones progresivas de la zona del organismo estudiada, y si es necesario, imágenes tridimensionales de los órganos o estructuras orgánicas.

Las imágenes obtenidas del TC permiten analizar las estructuras morfológicas internas de las diferentes partes del organismo, lo cual facilita el diagnóstico de hemorragias internas, fracturas, tumores o infecciones en los distintos órganos. Ofrece una información completa y revelan mayores detalles que los exámenes convencionales de radiología.

A partir de estas imágenes adquiridas del TC se utilizan algoritmos de segmentación para revelar información específica, y facilitar una amplia definición de la zona que se va analizar. Estos algoritmos

tienen varias aplicaciones biomédicas de tratamiento de imágenes. Los métodos para realizar las segmentaciones varían ampliamente dependiendo de la aplicación, tipo de la imagen, y otros factores, como el ruido, volúmenes parciales y movimientos en la imagen, los cuales pueden tener consecuencias significativas en el desempeño de los algoritmos de segmentación. (2)

Con el aumento en tamaño, número, y acumulación de imágenes médicas se ha hecho necesario el uso de aplicaciones para facilitar el procesamiento y análisis de las mismas. Actualmente Cuba dispone de modernos equipos de tomografía axial computarizada, resonadores magnéticos, eco-cardiográficos, video endoscópicos, entre otros., la explotación eficiente de estos equipos requiere disponer de una tecnología conocida mundialmente como PACS (Picture Archiving and CommunicationSystem), sistemas de software y hardware capaces de almacenar las imágenes generadas por los equipos imagenológicos, procesarlas, visualizarlas y transmitir las hacia otros puntos dentro o fuera de las instituciones de salud a través de redes digitales de comunicación. (3) Estos sistemas se rigen por el estándar DICOM (Digital Imaging and Communications in Medicine) el cual facilita la integración de tecnologías imagenológicas procedentes de distintos fabricantes.

El Departamento de Software Médico Imagenológico (SWMI), perteneciente al Centro de Informática Médica (CESIM) de la Universidad de las Ciencias Informáticas (UCI), desarrolló el sistema alas PACS, para la lectura, visualización, transmisión y almacenamiento de imágenes médicas. Estas funciones se agrupan en módulos, especializados en realizar cada una de ellas.

Este sistema carece de funcionalidades que reconstruyan de manera tridimensional los estudios de una Tomografía Computarizada, teniendo en cuenta que una reconstrucción en volumen partiendo de imágenes no segmentadas, no emite información necesaria para el diagnóstico del especialista. Este cuenta con la representación de los cortes en un plano determinado teniéndose solamente una información explícita de cada uno de estos cortes, por lo que el especialista tiene que imaginar el carácter tridimensional de estructuras y lesiones. Realizar este tipo de reconstrucción tridimensional, implica el trabajo con imágenes que estén debidamente segmentadas para lograr separar las estructuras anatómicas a analizar. Sin embargo, se desconocen algoritmos de segmentación adecuados que permitan el desarrollo de la reconstrucción tridimensional.

Después de analizar la situación antes expuesta se define como **Problema a resolver:**

¿Cómo segmentar estructuras anatómicas en imágenes de tomografía computarizada de la cabeza?

Se define como **Objeto de estudio**: Algoritmos de segmentación en imágenes médicas digitales, enmarcado en el **Campo de acción**: Algoritmos de segmentación para el reconocimiento de estructuras anatómicas en imágenes médicas.

Para resolver el problema presentado se plantea el siguiente **Objetivo general**:

Seleccionar algoritmos del estado del arte para la segmentación de imágenes de tomografía en la cabeza.

Para dar cumplimiento al objetivo anteriormente planteado se identificaron las siguientes **Tareas de la investigación**:

1. Evaluar tendencias actuales en el campo de segmentación de imágenes médicas para la reconstrucción 3D.
2. Valorar las herramientas que se pueden emplear para la validación de los algoritmos propuestos.
3. Identificar patrón de agrupamiento en los algoritmos según el área.
4. Hacer un análisis valorativo acerca de algoritmos que se pueden utilizar en las diferentes regiones de una imagen adquirida mediante una TAC.
5. Identificar algoritmo de segmentación para distintas regiones de la cabeza.
6. Identificar significado del valor de UH de acuerdo a los valores de densidad.
7. Hacer un análisis valorativo acerca de algoritmos de segmentación de acuerdo al nivel de UH presentado.
8. Agrupar resultados e identificar estándar para empleo de resultados.
9. Validar algoritmos mediante pruebas prácticas.

El presente trabajo cuenta con 3 capítulos estructurados de la siguiente forma:

Capítulo 1: Fundamentación Teórica.

En este capítulo se aborda sobre la fundamentación teórica del tema a tratar y los conceptos fundamentales para una correcta comprensión del tema. Se analizan los principales métodos para la segmentación de imágenes médicas digitales, además de un estudio del estado del arte de los sistemas existentes que utilizan diferentes técnicas y métodos de segmentación. Se realiza una valoración de la herramienta a utilizar.

Capítulo 2: Algoritmos de Segmentación de imágenes de tomografía computarizada en la cabeza.

En este capítulo se realiza un análisis a los algoritmos propuestos para segmentar las distintas regiones anatómicas en imágenes de TC de la cabeza, y se explica la importancia del preprocesamiento a la imagen antes de ser segmentada. Además se identifican los niveles de densidad en unidades de Hounsfield y su ventaja a la hora de realizar los algoritmos de segmentación.

Capítulo 3: Soluciones y Resultados

En este capítulo se expone y se analizan los resultados de las pruebas realizadas a los algoritmos GVF Snake y Crecimiento de Regiones en la segmentación de imágenes médicas de tomografía computarizada para la cabeza.

CAPÍTULO 1. FUNDAMENTACIÓN TEÓRICA

En este capítulo se realiza un estudio de los principales métodos de segmentación utilizados en imágenes médicas digitales y se destacan cada una de las características principales de ellos. Además se realiza un análisis al estado del arte de los sistemas existentes que utilizan diferentes técnicas y métodos de segmentación y de la herramienta que se va a utilizar.

1.1. Sistemas de Comunicación y Archivado de Imágenes (PACS)

Los sistemas de Comunicación y Archivado de Imágenes (**PACS**) consisten en un grupo de equipos y redes dedicados al almacenamiento, recuperación, distribución y presentación de imágenes médicas.

El funcionamiento básico de un PACS es el siguiente:

Una máquina creadora de imágenes (CT, MRI, Rayos X, etc.), llamada "modalidad", genera una imagen, introduce la información de la prueba y del paciente en la cabecera y la envía al PACS.

El PACS recibe la imagen, extrae la información de la cabecera, almacena parte de esa información y archiva la imagen en alguna ubicación por él conocida.

Cuando un médico desee ver esa imagen, se conectará al PACS mediante un visor de imágenes, realizará una consulta y pedirá las imágenes deseadas.

Un PACS puede estar compuesto por uno o varios servidores, junto con uno o varios dispositivos de almacenamiento, todos ellos actuando como un conjunto. Los servidores son los que proveen de información a los clientes exclusivos del PACS, que están constituidos por una PC con su correspondiente programa cliente y con monitores de gran resolución. Estos sistemas PACS se rigen por el estándar DICOM (Digital Imaging Communication on medicine). (4)

1.2. Estándar DICOM (Digital Imaging and Communications in Medicine)

Digital Imaging and Communications in Medicine (DICOM) es un grupo de estándares que se utiliza para el manejo, almacenamiento, y transmisión de la información de imágenes médicas digitales.

El estándar se ha desarrollado para encontrar las necesidades que fabricantes y usuarios tienen con el equipamiento de imagen médica para la interconexión de dispositivos. (5)

El protocolo de comunicación es un protocolo de aplicación que utiliza TCP/IP para comunicarse entre sistemas. Los ficheros DICOM se pueden intercambiar entre dos entidades que sean capaces de recibir datos de imágenes y de paciente en formato DICOM. Permite la integración de escáneres, servidores, estaciones de trabajo, impresoras y electrónica de red de múltiples fabricantes dentro de un sistema PACS.

Está orientado a objetos, usa el modelo entidad-relación, cada entidad se identifica con una clase, cada instancia es un objetivo y está definido por un conjunto de atributos. Las clases se asocian mediante Clases de Servicio que identifican los papeles de las entidades. SOP (Service-Object Pair) describe las distintas informaciones y operaciones para una clase de servicio, puede haber más de un SOP por clase de servicio, para cada uno de estos SOP se define un IOD (Information Object Definition), cada clase SOP es definido con uno o más IODs que son combinados con uno o más servicios, la parte de información de una clase SOP es definida en los IODs.

Un IOD es una colección de partes de información relacionada, obtenida de las entidades de los modelos, dependiendo del contexto definido por la Clase de Servicio, un IOD consiste en una entidad de información única llamada IOD normalizado (normalized IOD) o una combinación de entidades de información llamada IOD compuesto (composite IOD), estos últimos vienen especificados por diagramas propios. Los IOD proporcionan a las entidades de aplicación que se comunican una base común para la información que se intercambia.

Formato de los datos

- La transmisión consiste en un flujo de elementos de datos, cada uno formado por cuatro campos:
- Tag: Es un par ordenado de números de 16 bits codificados en hexadecimal. El primero de ellos hace referencia al Grupo, mientras el segundo se refiere al elemento. Identifica los atributos, el par(grupo, elemento).
- Value Representation (VR): Es una cadena de dos caracteres que especifica el tipo de dato que se leerá en el Value Field.
- Value Length: Entero de 16 o 32 bits, dependiendo de VR, indica la longitud, el valor FFFFFFFFH indica longitud desconocida.
- Value Field: Aquí se encuentra un número par de elementos conteniendo el/los valor/es. Es el dato propiamente dicho, cuya índole está determinada por los campos anteriores. (6)

Formato de imágenes DICOM

- Tiene una primera parte que es una cabecera con información sobre la imagen: identificación del paciente, modalidad, tabla LUT, número de bits por píxel, etc.
- Una segunda parte con los datos de las diferentes imágenes, normalmente en formato RAW o JPEG.
- La información es almacenada siguiendo el esquema base del estándar: grupo, elemento, longitud y contenido.

1.3. Tomografía Computada (TC)

La exploración por Tomografía Computada (TC) es en un examen médico el cual utiliza técnicas no invasivas que ayuda a los médicos a diagnosticar y tratar enfermedades. Dispone de un equipo de rayos X especial con computadoras sofisticadas para lograr producir múltiples imágenes o visualizaciones del interior del cuerpo, dichas imágenes pueden imprimirse examinarse o transferirse en un monitor de computadora. (7)

Los estudios obtenidos por una Tomografía Computarizada (TC) ofrecen información más detallada sobre lesiones en la cabeza, derrames, tumores cerebrales, y otras enfermedades en el cerebro que las radiografías convencionales (rayos X).

La TC es un método que prefieren los médicos para diagnosticar distintas clases de cáncer, ya que la imagen le permite al mismo confirmar la presencia de un tumor, medir su tamaño, precisar su ubicación y el alcance que tiene sobre los tejidos cercanos que pueden verse afectados por el tumor. Es un examen que juega un papel importante en la detección, diagnóstico y tratamiento de enfermedades vasculares que pueden conducir a derrames cerebrales, insuficiencias renales y la muerte.

El examen mediante TC se utilizan comúnmente para:

- Detectar tumores cerebrales.
- Estadificar, planear y administrar debidamente los tratamientos de radiación para tumores así como medir la respuesta a la quimioterapia.
- Identificar rápidamente lesiones en los pulmones, cabeza, corazón y vasos, el hígado, los riñones, el intestino u otros órganos internos en casos de trauma.

- Un coágulo de sangre o derrame sanguíneo dentro del cerebro.
- Guiar biopsias y otros procedimientos tales como drenajes de abscesos y tratamientos de tumores mínimamente invasivos.
- Planificar y evaluar los resultados de la cirugía, tales como trasplantes de órganos.
- Detectar lesiones cerebrales y fracturas del cráneo en pacientes con lesiones en la cabeza.

1.4. Segmentación de imágenes

La segmentación de imágenes es uno de los procesos más complejos y de mayor relevancia dentro del procesamiento digital de imágenes y la visualización médica. Se define como la partición de una imagen en regiones constituyentes no solapadas, las cuales son homogéneas con respecto a alguna característica como una intensidad o una textura. Si el dominio de la imagen está dado por I , entonces el problema de segmentación consiste en determinar el conjunto $S_k \subset I$ cuya unión es la imagen I completa. Por lo tanto, el conjunto que conforma la segmentación debe satisfacer:

$$i = \bigcup_{k=1}^K S_k$$

Donde $S_k \cap S_j = \emptyset$ para $k \neq j$, y cada S_k está conectado. Idealmente, un método de segmentación encuentra aquellos conjuntos que corresponden a distintas estructuras o regiones anatómicas de interés en la imagen.

(2)

Existen varios métodos de segmentación de imágenes médicas los cuales se dividen en varias categorías: Métodos de Umbralización, Crecimiento de Regiones, Clasificadores, Agrupamiento (Clustering), Modelos Deformables, Guiados por plantillas y Redes Neuronales. Se pueden considerar como método de clasificación de píxeles los de umbralización, clasificación y agrupamiento.

Cada una de estas técnicas fue creada separadamente, sin embargo se utilizan frecuentemente múltiples técnicas en conjunto con otras para resolver diferentes problemas de segmentación.

1.4.1. Segmentación por Umbralización

Este método consiste en segmentar imágenes escalares creando una partición binaria de las intensidades de las imágenes. Una umbralización trata de determinar un valor de intensidad, llamado umbral que separa las clases deseadas. La segmentación se logra agrupando todos los píxeles con mayor intensidad al umbral en una clase, y todos los otros píxeles en otra clase. Cuando existen más de un valor umbral a esto se le llama proceso multiumbralización.

La umbralización es una técnica efectiva para obtener la segmentación de imágenes donde estructuras diferentes tienen intensidades contrastantes u otras características diferenciables. Generalmente la umbralización es el paso inicial de una secuencia de operaciones de procesamiento de imágenes. Su principal desventaja es que en su forma más simple sólo se generan dos clases y por lo tanto no se puede aplicar a imágenes multicanal, además usualmente no toma en cuenta las características espaciales de la imagen, es sensible al ruido y en regiones que contienen intensidades heterogéneas. Estos factores corrompen el histograma de la imagen, haciendo la separación más difícil. (Ver [Anexo1](#)).

Algunos de los algoritmos más conocidos están basados en histograma entre los que se encuentran:

Umbralización bimodal: Se calcula el histograma, se suaviza y se calcula el umbral como el valor valle entre las dos agrupaciones de datos (normalmente fondo y objeto).

Umbralización por porcentajes (P-Tile): Si se tiene información a priori del número de píxeles del objeto, el umbral se calcula como el valor que hace que el objeto tenga dicho número o su mayor aproximación.

Umbralización por coincidencia de contornos: Se calcula el umbral que hace que coincidan los contornos naturales de la imagen con los producidos por la umbralización.

Método de Otsu: Este método busca el umbral que minimiza la varianza acumulada de cada objeto por separado. (8)

1.4.2. Segmentación por Crecimiento de Regiones

El crecimiento de regiones es una técnica para extraer regiones de la imagen que están conectadas según cierto criterio predefinido. Este criterio puede estar basado en información de intensidades y/o bordes de la imagen. En su forma más simple, este método requiere un punto semilla (*seedpoint*) que es seleccionado manualmente por el usuario, y extrae todos los píxeles conectados a la semilla, que tengan el mismo valor de intensidad. (Ver [Anexo 2](#))

Al igual que la umbralización, por lo general no se utiliza la región creciente solamente en una imagen, sino que se utiliza como parte de un conjunto de operaciones de procesamiento de imágenes, particularmente en la delineación de pequeñas y simples estructuras. Su desventaja principal es que requiere interacción manual para obtener el punto semilla. (2)

1.4.3. Segmentación por Clasificadores

Los métodos clasificadores son técnicas de reconocimiento de patrones que buscan particionar un espacio característico derivado de la imagen usando datos con etiquetas conocidas. Un espacio característico es un rango espacial de cualquier función de la imagen, siendo las intensidades de la imagen el más común de los espacios característicos.

Los clasificadores son conocidos como métodos supervisados debido a que requieren datos de entrenamiento que son segmentados manualmente, para luego ser utilizados en la segmentación automática de nuevos datos. Hay una gran cantidad de maneras en las que los datos de entrenamiento pueden ser aplicados en los métodos de clasificación. Un clasificador simple es el clasificador del vecino más cercano, donde cada píxel es clasificado en la misma clase que el dato de entrenamiento con la intensidad más cercana. Los k vecinos más cercanos (k NN – *k NearestNeighbor*) es una generalización de este método. Otros clasificadores utilizados son la ventana de Parzen y el clasificador de Bayes.

Los clasificadores estándares requieren que la estructura a ser segmentada posea características cuantificables distintas. Debido a que los datos de entrenamiento pueden ser etiquetados, los clasificadores pueden transferir estas etiquetas a los nuevos datos siempre que el espacio característico distinga cada etiqueta lo suficiente. No son iterativos, por lo que son relativamente eficientes computacionalmente y pueden ser aplicados a imágenes multicanal. Una desventaja de los clasificadores es que no obedecen a ningún modelo espacial. Otra desventaja es la necesidad de la interacción manual para obtener los datos de entrenamiento. Los conjuntos de entrenamiento pueden ser adquiridos para cada imagen que requiera segmentación, pero esto puede tomar mucho tiempo y esfuerzo.

1.4.4. Segmentación por Agrupamiento

La segmentación por agrupamiento (clustering), es una familia de clasificadores no supervisados que realizan la clasificación de los datos en base a la propia estructura de los mismos. Esta clasificación se realiza mediante un proceso iterativo que trata de cumplir unos criterios de homogeneidad.

La finalidad del clustering es determinar las agrupaciones intrínsecas de un conjunto de datos sin etiquetar, para ello utiliza algún criterio de homogeneidad que suele basarse en el uso de distancias (generalmente la distancia euclídea). (9)

Existen muchas técnicas de clustering, las más utilizadas en el contexto de la segmentación de imágenes son:

K-medias

Fuzzy C-medias

Mixturas de Gaussianas

Clasificador K-medias (K-Means)

El algoritmo K-medias es una de las técnicas de agrupamiento más populares debido a su sencillez, es llamado el algoritmo de las medias móviles porque en cada iteración se recalculan los centros de las clases. Este algoritmo requiere de un único parámetro, K , definido como el número de agrupamientos que debe encontrar.

La idea principal es definir k centroides (medias representativas de cada clase) para cada una de las clases. Estos centroides se deben posicionar cuidadosamente ya que diferentes inicializaciones pueden llevar a diferentes resultados. La mejor opción suele ser colocarlos lo más alejados posibles unos de otros. El siguiente paso es clasificar todos los datos en la clase del centroide más cercano de acuerdo a la distancia elegida.

A continuación se recalculan las medias de cada agrupación y se vuelven a clasificar los datos. Este proceso se itera hasta que las medias de las clases no cambian o lo hacen por debajo de un determinado umbral. Este algoritmo minimiza una determinada función de coste, en este caso, el error cuadrático medio. Aunque se puede demostrar que el algoritmo k-medias termina en un número finito de pasos, la solución obtenida no tiene porque ser necesariamente la óptima.

FuzzyC-medias

El algoritmo FuzzyC-medias o k-medias borroso es una extensión del k-medias tradicional. La principal diferencia es que en el k-medias cada dato solo puede pertenecer a una única clase mientras que en el

Fuzzy C-medias puede pertenecer a varias clases a la vez, con una probabilidad determinada por las distancias a cada uno de los centroides. Es un método más robusto que el k-medias pero mucho más costoso computacionalmente.

Mixturas Gaussianas

Cuando los datos siguen una distribución conocida se pueden utilizar técnicas basadas en modelos como las mixturas Gaussianas donde los datos se pueden modelar como la suma de un conjunto de distribuciones paramétricas, como por ejemplo las Gaussianas

Una forma de calcular los parámetros de las distribuciones es usando un clasificador de máxima verosimilitud, uno de los algoritmos más utilizados para calcular la mixtura que mejor se ajusta a los datos es el llamado Expectation-Maximization (EM).

El algoritmo EM (Expectation – Maximization, maximización de la esperanza matemática) en su forma general, es una técnica iterativa que maximiza el estimador de verosimilitud de un conjunto de parámetros en modelos estadísticos con datos incompletos. El nombre del algoritmo procede del hecho de que en cada iteración hay un paso de cálculo de la esperanza matemática que aproxima la función de verosimilitud y un paso de maximización a partir de la aproximación anterior.

Propiedades del algoritmo EM:

- El logaritmo natural de la función de verosimilitud es una función cóncava y por tanto todos sus máximos son globales.
- El máximo global es único solo bajo ciertas condiciones.
- Converge monótonamente a un máximo global.
- Si se inicializa con una imagen positiva, cumple la condición de no negatividad.

Además es adecuado para técnicas de paralelización, porque usa todas las incógnitas λ_i y todos los datos ρ_j simultáneamente. En cuanto a las desventajas del algoritmo, las más importantes son el alto coste de cómputo necesario y el lento ritmo de convergencia a una imagen aceptable.

1.4.5. Modelos Deformables

Los modelos deformables están basados en motivaciones físicas, utilizados para delinear bordes de regiones usando curvas o superficies paramétricas cerradas que se deforman bajo la influencia de fuerzas externas e internas. Para delinear el borde de un objeto en la imagen, se debe colocar una curva o superficie cerrada cerca del borde deseado y luego permitirle experimentar un proceso iterativo de relajación. Las fuerzas internas se calculan en el interior de la curva o superficie para mantenerla suave a lo largo de la deformación. Las fuerzas externas son frecuentemente derivadas de la imagen para llevar la curva o superficie hacia la característica de interés deseada.

1.4.6. Guiados por plantilla

Los métodos guiados por plantillas son una poderosa herramienta para la segmentación de imágenes médicas cuando está disponible una plantilla o mapa estándar. El mapa o plantilla es generada por información compilada de la anatomía que requiere segmentación. Este mapa es utilizado como un marco de referencia para segmentar nuevas imágenes. Conceptualmente, los métodos guiados por plantillas son similares a los clasificadores con la excepción de que están implementados en el dominio espacial de la imagen en lugar de en un espacio característico.

Los métodos estándar guiados por plantillas primero encuentran una transformación uno-a-uno que transforma la plantilla de la imagen pre-segmentada a la imagen deseada que requiere segmentación. Este proceso se conoce como una deformación de plantilla. La deformación puede ser realizada usando transformaciones lineales, pero debido a la variabilidad anatómica, frecuentemente se utiliza una aplicación secuencial de transformaciones lineales y no lineales.

Los métodos guiados por plantilla han sido aplicados principalmente en el tratamiento de imágenes de RM del cerebro. Esto es debido a que los métodos guiados por plantilla por lo general se adaptan mejor a la segmentación de estructuras que son estables en toda la población de estudio. (2)

1.4.7. Redes neuronales artificiales

Las Redes Neuronales Artificiales o Artificial Neural Network (ANN) son redes masivamente paralelas de procesamiento de elementos o nodos que simulan el aprendizaje biológico. Cada nodo en una ANN es capaz de llevar a cabo cálculos elementales. El aprendizaje se alcanza a través de la adaptación de pesos asignados a las conexiones entre nodos. Las ANN representan un paradigma para el aprendizaje de las máquinas y pueden ser usadas en una variedad de formas de segmentación de imágenes. El uso que más

se le da en procesamiento de imágenes médicas es el de un clasificador, donde los pesos son determinados usando datos de entrenamiento y luego se utiliza la ANN para segmentar nuevos datos. Las ANN también pueden ser usadas de una manera no supervisada como método de agrupamiento o como modelo deformable.

Debido al gran número de interconexiones utilizadas en una red neural, se puede incorporar fácilmente información espacial en los procedimientos de clasificación. Aunque las ANN son inherentemente paralelas, frecuentemente se implementan en computadores seriales, y esto reduce su potencial computacional. (2)

1.5. Estado del arte a nivel internacional

El procesamiento de imágenes biomédicas se ha convertido en uno de los campos punteros dentro del ámbito de la informática. El objetivo fundamental de todos los proyectos realizados apunta a una mejora en la obtención de información médica, lo que supone una mejora de los diagnósticos y por tanto de su fiabilidad. Todas estas metas pasan por un estudio de las imágenes partiendo de cero. Los campos de aplicación del procesamiento de imágenes médicas son múltiples (reconstrucción, análisis y diagnóstico).

Existe una gran variedad de estructuras en las cuales se usa la segmentación, basado en imágenes de TC, entre las que se encuentran tejido óseo, cerebro, estructuras cardiovasculares, masas torácicas y abdominales, lesiones de columna cervical, estructuras embrionarias, alteraciones del sistema nervioso central (SNC), lesiones viscerales por aplastamiento etc.

Lo que ha traído consigo la creación de diversos algoritmos empleados para reconocer porciones de imágenes en TC, los cuales están basados en disímiles métodos y técnicas. En la actualidad se hallan múltiples software que utilizan diversos algoritmos de segmentación, entre los cuales se encuentran:

El sistema de neurocirugía asistida por ordenador mediante computación de altas prestaciones:

Dicho sistema presenta varios aspectos novedosos entre los que se encuentra la utilización de un algoritmo de reconstrucción volumétrica de la anatomía cerebral con capacidades de computación paralela. Permite la segmentación de estructuras anatómicas. Ha desarrollado y validado un novedoso sistema de segmentación de atlas cerebral. Consta de algoritmos para la detección automática de estructuras complejas y difusas en imágenes TC. Para la segmentación de estructuras no normales utiliza una versión tridimensional del

algoritmo de detección de regiones. Debido a que uno de los problemas de dicho algoritmo es la elevada carga computacional que representa, utiliza un algoritmo en computación paralela sobre entornos.

Realidad Virtual Aplicada a la Optimización de Procesos Quirúrgicos (VirSSPA):

Es un software con un conjunto de herramientas basadas en técnicas de realidad virtual que realiza reconstrucción 3D, entre sus objetivos se encuentra la planificación y la simulación de intervenciones quirúrgicas de cabeza y cuello aunque posteriormente puede ser ampliado a todas las regiones anatómicas. Tiene incorporado diversos algoritmos y técnicas de segmentación basadas en modelos deformables, conocidos como contornos activos (Snake), que permiten un diagnóstico médico más completo.

1.6. Estado del arte a nivel Nacional

Actualmente en Cuba la dependencia tecnológica en el área de visualización médica es muy alta. En los centros hospitalarios, los sistemas de imagenología médica instalados están atados a un proveedor específico de hardware y software, en el cual el médico, radiólogo o técnico se tiene que adaptar a la herramienta y no es la herramienta la que se adapta a las necesidades del médico. Con el objetivo de disminuir y erradicar este problema, se han realizado estudios sobre las funcionalidades de los principales software de visualización que tengan una interfaz gráfica de usuario amigable, altamente funcional, con un elevado nivel de aceptación y usabilidad para los usuarios finales.

Basado en los estudios antes mencionados se han construido herramientas que a partir de una serie de imágenes DICOM, realicen la reconstrucción y generación de modelos anatómicos 3D, además se han propuesto métodos novedosos de segmentación en imágenes 2D digitales .

Lo que ha facilitado el desarrollo de Sistemas de Realidad Virtual junto a las investigaciones y los avances tecnológicos aplicados al campo de la medicina, muchas empresas, universidades, grupos de investigación y desarrollo están colaborando en pos de estos adelantos. Ejemplos de software que utilizan diferentes algoritmos de segmentación creados en estos centros:

Prototipo de software: Creado en la Facultad de Matemática y Computación, de la Universidad de Oriente el cual permite obtener la segmentación de imágenes médicas de la modalidades de endoscopia y ultrasonido en tumores cerebrales, para lograr la detección de los bordes del tumor. Está basado en modelos deformables, denominados como contornos activos (Snake). (10)

STASSIS: Es una herramienta computacional con un amplio rango de aplicaciones en neurocirugías, creada en el Centro Internacional de Restauración Neurológica (CIREN), contiene múltiples herramientas de procesamiento y análisis de imágenes médicas como son: cálculo de coordenadas estereostáticas, medición de distancias, cálculo de volúmenes, ampliaciones, reconstrucciones 2D y 3D, permite calcular y visualizar blancos y trayectorias así como simular lesiones en tres dimensiones.

VISMEDIC: Es un software de visualización tridimensional de imágenes médicas, creado en la Universidad de la Ciencias Informáticas (UCI). Presenta un conjunto de algoritmos y técnicas que garantizan un correcto pre-procesamiento de las imágenes DICOM como un paso importante dentro de la visualización médica.

Dentro de las técnicas desarrolladas se encuentran la reducción de ruido en las imágenes, aumento del contraste, agudización de detalles, el realce de bordes y contornos así como la homogenización del volumen de datos para lograr una correcta visualización. (11)

1.7. Herramientas

Se selecciona MATLAB (abreviatura de MATrix LABoratory, "laboratorio de matrices") como la herramienta a emplear para la validación de los algoritmos seleccionados. Debido a que es una herramienta poderosa, ideal para el procesamiento de imágenes digitales, con un entorno interactivo para desarrollo de algoritmos, cálculos numéricos, visualización y análisis de datos. Su utilidad proviene de la capacidad de manipular matrices que contienen información sobre la imagen estudiada. El procesamiento de imágenes involucra adquisición de datos, análisis, interpretación y visualización. Además, ha desarrollado y optimizado una gran variedad de rutinas para las tareas de procesamiento de imágenes. (12)

1.7.1. MATLAB 7.6:

MATLAB es un software matemático que ofrece un entorno de desarrollo integrado (IDE) con un lenguaje de programación propio. Está disponible para las plataformas Unix, Windows y Apple Mac OSX.

Entre sus prestaciones básicas se hallan: la manipulación de matrices, la representación de datos y funciones, la implementación de algoritmos, la creación de interfaces de usuario (GUI) y la comunicación con programas en otros lenguajes y con otros dispositivos de hardware. El paquete MATLAB dispone de dos herramientas adicionales que aumentan sus prestaciones: Simulink (plataforma de simulación multi dominio)

y GUIDE (editor de interfaces de usuario - GUI). Además, se pueden ampliar las capacidades de MATLAB mediante las cajas de herramientas (toolboxes) y las de Simulink con los paquetes de bloques (blocksets).

MATLAB dispone en la actualidad de un amplio abanico de programas de apoyo especializado, denominados Toolboxes, que extienden significativamente el número de funciones incorporadas en el programa principal. Estos Toolboxes cubren en la actualidad prácticamente casi todas las áreas principales en el mundo de la ingeniería y la simulación, destacando entre ellos el 'toolbox' de proceso de imágenes, señal, control robusto, estadística, análisis financiero, matemáticas simbólicas, redes neurales, lógica difusa, identificación de sistemas, simulación de sistemas dinámicos, entre otros. Es un entorno de cálculo técnico, que se ha convertido en estándar de la industria, con capacidades no superadas en computación y visualización numérica.

Las funcionalidades de MATLAB se agrupan en más de 35 toolboxes, clasificadas en las siguientes categorías:

- Matemáticas y optimización: Optimization Toolbox, Symbolic Math Toolbox, Partial Differential Equation Toolbox y Genetic Algorithm and Direct Search Toolbox.
- Estadística y análisis de datos: Statistics Toolbox, Neural Network Toolbox, Curve Fitting Toolbox, Spline Toolbox y Model-Based Calibration Toolbox.
- Diseño de sistemas de control y análisis: Control System Toolbox, System Identification Toolbox, Fuzzy Logic Toolbox, Robust Control Toolbox, Model Predictive Control Toolbox y Aerospace Toolbox.
- Procesado de señal y comunicaciones: Signal Processing Toolbox, Communications Toolbox, Filter Design Toolbox, Filter Design HDL Coder, Wavelet Toolbox, Fixed-Point Toolbox y RF Toolbox.
- Procesado de imagen: Image Processing Toolbox, Image Acquisition Toolbox y Mapping Toolbox.
- Pruebas y medidas: Data Acquisition Toolbox, Instrument Control Toolbox, Image Acquisition Toolbox, SystemTest, OPC Toolbox y Vehicle Network Toolbox.
- Biología computacional: Bioinformatics Toolbox y SimBiology.
- Modelado y análisis financiero: Financial Toolbox, Financial Derivatives Toolbox, Datafeed Toolbox, Fixed-Income Toolbox y Econometrics Toolbox.

- Desarrollo de aplicaciones: MATLAB Compiler, Spreadsheet Link EX (para Microsoft Excel), MATLAB Builder NE (para Microsoft .NET Framework) y MATLAB Builder JA (para Java).
- Informes y conexión a bases de datos: Database Toolbox y MATLAB ReportGenerator. (12)

En este capítulo se llega a la conclusión de que en la actualidad se cuenta con varias técnicas de segmentación de imágenes médicas las cuales juegan un papel fundamental en el desarrollo de los algoritmos de segmentación, facilitando una reconstrucción de la imagen de manera correcta, permitiendo un diagnóstico satisfactorio. Se realizó un estudio de los principales sistemas que existen a nivel nacional e internacional que utilizan algoritmos de segmentación, donde estos sistemas no cuentan con una única técnica de segmentación sino con el conjunto de varias de ellas. Se describe la herramienta a usar, y de esta forma se dejan definidas las bases para la validación de los algoritmos a seleccionar.

CAPÍTULO 2. ALGORITMOS SELECCIONADOS PARA LA SEGMENTACIÓN DE IMÁGENES DE TOMOGRAFÍA COMPUTARIZADA EN LA CABEZA

Este capítulo aborda sobre los algoritmos seleccionados para la segmentación en imágenes de TC en la cabeza, las características de cada uno de ellos y el por qué de ser seleccionados, además del preprocesamiento que se debe aplicarle a la imagen antes de realizar la segmentación. Se realiza un análisis de los niveles de densidad en unidades de Hounsfield y su ventaja a la hora de realizar dichos algoritmos.

2.1. Niveles de densidad de los diferentes tipos de tejidos

Los equipos modernos poseen una capacidad de 4.096 tonos de gris, que representan los diferentes niveles de densidad en Unidades de Housfield (UHs). La densidad del agua se ha establecido arbitrariamente en 0 UH y la del aire en -1000 UH. El monitor puede representar un máximo de 256 tonos de gris, mientras que el ojo humano sólo es capaz de discriminar aproximadamente 20. Dado que las densidades de los tejidos humanos se extienden por un rango (una ventana) bastante estrecho del espectro total, es posible seleccionar una determinada ventana para representar la densidad del tejido que interese. El nivel de densidad media o centro de la ventana debería situarse lo más cerca que sea posible del nivel de densidad del tejido que se desea examinar. El pulmón con su elevado contenido en aire, se estudiará mejor ajustando la ventana a un nivel bajo de UH, mientras que los huesos requerirían un ajuste a niveles altos. (13)

Se debe tener en cuenta que la escala de grises consta de un número superior a 4.000 unidades HU, por lo que se debe representar de forma que el más denso (tenga una unidad HU más alta) y se aproxime al blanco, mientras que el menos denso (unidad HU baja) se aproxime al negro.

El ojo humano no es capaz de distinguir más de 40 escalones de grises aproximadamente, por lo tanto, si ve 100 unidades HU con la misma tonalidad de gris, creerá que todo lo que está en el rango entre 0 y 100 es de la misma materia, lo cual es grave; ya que para nuestra vista será lo mismo cartílago, hígado, intestino, etc.

Existe un truco para que esto no ocurra así, representar en escalones de gris, solamente la parte de la escala que nos interesa. Supongamos que se quiere mostrar en el monitor la parte correspondiente al rango

Selección de algoritmos del estado del arte para la segmentación de imágenes de tomografía computarizada en la cabeza

Capítulo 2

entre 0 y +80. El gris medio corresponderá al 40; por encima de 80 todo será blanco y por debajo de 0 todo será negro.

Este truco de la ventana es algo ambiguo, ya que sólo dice qué cantidad de unidades vamos a ver en escalones de gris, pero no nos dice en qué zona de nuestra escala está situado. El centro o nivel de ventana, o lo que es lo mismo el gris medio, nos va a indicar en qué valor HU se encuentra la mitad de la ventana. (14)

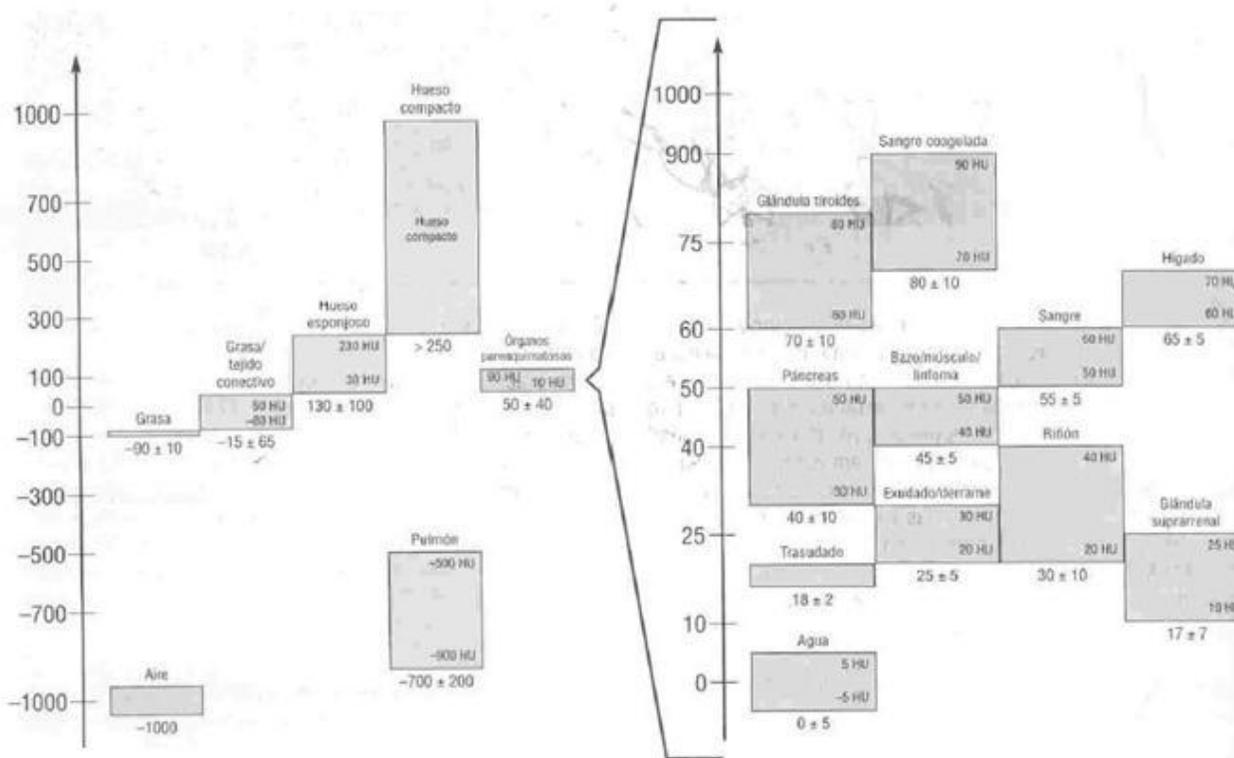


Tabla 2.1.a Densidad de todos los tejidos

Tabla 2.1.b Densidad de órganos parenquimatosos y fluidos

Región	Ventana	Centro
Base de Cráneo	240	35
Cerebro	120	35
Abdomen	400	35
Columna Dorso Lumbar	450	40
Orbita	240	35
Pulmón	400	700
Pelvis	450	40
Hígado/Páncreas	350	40
Columna Cervical	350	40
Silla Turca	240	35
Oído Interno	4000	300
Extremidades	350	40
Abdomen Pediátrico	240	35

Tabla 2.2 Valores estándar de ventana y centro

Los niveles de densidad a la hora de realizar la segmentación serían muy útiles pues modificando el nivel y la amplitud de la ventana, se adapta la escala de grises al área anatómica o objeto de la exploración, lo que permite ver con mayor contraste un órgano o tejido aunque se oculte otro y a la hora de segmentar lo que quedaría es delimitar la región a analizar.

2.2. Preproceso en las imágenes a segmentar

En los diferentes estudios publicados referentes a la segmentación de imágenes médicas se han utilizado aproximaciones muy diversas. Es difícil abstraer un diseño común para todas ellas, sin embargo, estas aproximaciones suelen ajustarse a un esquema similar.

Para lograr una adecuada segmentación en las imágenes médicas se debe realizar un preproceso que ayude a eliminar el ruido existente en la misma y, especialmente, a mejorar el contraste y realzar las regiones de la imagen de mayor interés. La finalidad principal del preproceso es aumentar las diferencias entre las anomalías y el tejido sano, y eliminar artefactos causados principalmente por los rayos duros.

El preprocesado incluido en el algoritmo, aun aumentando notablemente el rango dinámico de las regiones de interés dentro de la imagen, y por tanto optimizando su resolución y la divergencia entre los diferentes

niveles de gris de las diferentes regiones, no consigue que el tratamiento pueda tener en cuenta únicamente el nivel de gris. Será necesario atender a parámetros y, en general, será necesaria también la intervención del facultativo, que marcará, de nuevo, una serie de parámetros iniciales que nos permitan determinar la región definitiva.

Se utilizan diferentes filtros para el preprocesamiento respecto al tipo de estudio y a la estructura anatómica que se desea observar, para las imágenes de tomografía en la cabeza es factible utilizar un filtro Gaussiano permitiendo así obtener como salida una imagen suavizada, de esta forma se obtiene como resultado una segmentación más optimizada.

A la hora de realizar la segmentación de las imágenes médicas en la región de la cabeza requiere en ocasiones de técnicas específicas que consigan distinguir correctamente la región anatómica. Desde un punto de vista técnico, los niveles de gris de una imagen TAC que contenga distintos tipos de estos tejidos no son lo suficientemente divergentes como para que el proceso de segmentación de los mismos pueda utilizar esta característica, el nivel de intensidad de la imagen, como único parámetro válido.

A continuación se presenta los algoritmos seleccionados para segmentar correctamente tejidos óseos, blandos y tumores, que sin la utilización de estos algoritmos difícilmente podrían ser determinados.

2.3. Gradient Vector Flow (GVF) Snake

Se ha considerado interesante desarrollar dicho algoritmo debido a su efectividad en la segmentación de tumores. El cual se basa en el concepto de modelo deformable y se genera a partir de la idea de adaptar dinámicamente contornos o superficies siguiendo propiedades físicas como la elasticidad, suavidad y dureza.

Por su gran robustez y eficiencia, los modelos deformables o Snake parecen aplicables en la totalidad de los casos, sin embargo, presentan grandes limitaciones en imágenes donde la forma de los contornos de los objetos de interés presenta concavidades pronunciadas, característica presente en las imágenes médicas, y en la inicialización del modelo que debe ser cercano a los bordes a segmentar. Kass y Terzopoulos (15) fueron los primeros en proponer con efectividad el concepto de modelo deformable

El GVF-Snake propuesto por Xu y Prince (16) permite resolver estos dos problemas, pues al extender el valor del gradiente de la imagen como un campo vectorial sobre la misma, posibilita el movimiento del Snake

aunque el mismo se haya inicializado lejos de la frontera real, o existan concavidades en el borde que se desea segmentar.

A continuación se realiza una breve descripción del Snake tradicional y luego los pasos necesarios para realizar su optimización a través del GVF Snake.

Snake Tradicional

El Snake tradicional es una curva donde $X(s) = [x(s), y(s)]$, $s \in [0, 1]$, que se mueve a través del dominio espacial de una imagen para minimizar la función de energía.

$$E \equiv \int_0^1 E_{in}(X(s)) + E_{ext}(X(s)) ds \quad (I)$$

Donde $E_{in}(X(s)) = \frac{1}{2}[\alpha|X'(s)|^2 + \beta|X''(s)|^2]$, es el interior de la energía que proporciona suavidad al contorno, α y β son parámetros de ponderación que controlan la tensión y la rigidez del Snake respectivamente. E_{ext} es la energía de la imagen calculada la cual empuja al Snake hacia los objetos deseados. Una solución final se obtendrá por el mínimo de energía total del Snake que deberán cumplir las Euler ecuación.

$$\alpha X''(s, t) - \beta X''''(s, t) - \nabla E_{ext} = 0 \quad (II)$$

El Snake se realiza de forma dinámica considerando la función de tiempo de la siguiente manera:

$$X_t(s, t) = \alpha X''(s, t) - \beta X''''(s, t) - \nabla E_{ext} \quad (III)$$

El término $X_t(s, t)$ desaparece cuando la solución $X(s, t)$ estabiliza, entonces se adquiere el contorno del objeto.

Pasos para realizar el algoritmo GVF Snake

Se define como un campo vectorial:

$V(x, y) = [u(x, y), v(x, y)]$ que minimiza la función de la energía.

$$\varepsilon = \iint \mu(u_x^2 + u_y^2 + v_x^2 + v_y^2) + |\nabla f|^2 |V - \nabla f|^2 dx dy \quad (IV)$$

Donde f es el mapa de bordes que se deriva del uso del detector de borde en la imagen original con un complejo núcleo gaussiano, y μ es un parámetro de regularización que rigen la solución entre el primer término y el segundo término en el integrando.

Usando el cálculo de variaciones, el campo de GVF puede ser obtenido por la solución de las siguientes ecuaciones de Euler-Lagrange:

$$\mu \nabla^2 u - (u - f)_x (f_x^2 + f_y^2) = 0 \quad (VA)$$

$$\mu \nabla^2 v - (v - f)_y (f_x^2 + f_y^2) = 0 \quad (VB)$$

Donde ∇^2 es el operador laplaciano, en una región homogénea el segundo término de cada ecuación es cero, porque el gradiente de $f(x, y)$ es cero. Por lo tanto dentro de una región los campos GVF se interpolan en los límites de la región, lo que refleja una especie de competencia entre los vectores de contorno.

La ecuación (6A) y (6B) puede ser resuelta por el tratamiento de u y v en función del tiempo t . Para mayor comodidad pueden ser reescritas de la siguiente manera:

$$u_t(x, y, t) = \mu \nabla^2 u(x, y, t) - b(x, y)u(x, y, t) + c^2(x, y) \quad (VIa)$$

$$v_t(x, y, t) = \mu \nabla^2 v(x, y, t) - b(x, y)v(x, y, t) + c^2(x, y) \quad (VIb)$$

Donde:

$$b(x, y) = f_x(x, y)^2 + f_y(x, y)^2$$

$$c^2(x, y) = b(x, y)f_x(x, y)$$

$$c^2(x, y) = b(x, y)f_y(x, y)$$

Después de calcular el campo GVF, se toma la fuerza externa y se aplica en la fórmula iterativa (III) utilizada en el Snake tradicional. Usando el cálculo iterativo, se puede encontrar soluciones cuando la variable tiempo está llegando a un estado estacionario.

2.4. Segmentación por Umbral de Otsu y Expectation-Maximization (EM)

Se ha tenido en cuenta este algoritmo pues combina diferentes técnicas para la segmentación de imágenes del cerebro, la mayoría de los trabajos realizados para la segmentación del cerebro hacen uso de un solo

algoritmo para todas las regiones. Sin embargo, en este caso, se opta por diferentes métodos para la segmentación de las diferentes partes del cerebro.

El sistema hace particiones de las imágenes de TC de la cabeza en tres regiones que son calcificaciones, el líquido cefalorraquídeo (LCR) y cerebro. Dicho algoritmo consta de dos fases, la primera fase consiste en dividir el LCR y el cerebro, para la segmentación de dicha fase se aplicó el algoritmo Expectation-Maximization (EM). La segunda fase es la identificación de las calcificaciones en la cual se utilizó la segmentación por umbral. (17)

El algoritmo Expectation-Maximization (EM) es un algoritmo de estimación estadística utilizado para encontrar la máxima verosimilitud de estimaciones de los parámetros en modelos probabilísticos. Ha obtenido relevancia especialmente en los casos de imágenes donde la información contenida está afectada de un alto porcentaje de error. Por lo que es lógico el interés que ha despertado en los especialistas en el área de las imágenes médicas que deben determinar la presencia de pequeñas lesiones.

Debido a que las calcificaciones suelen ser regiones muy brillantes en imágenes cerebrales, las regiones de interés (ROI) pueden ser segmentadas por umbralización. Los métodos de umbralización automática son ampliamente utilizados debido a sus ventajas de implementar y simples en ahorro de tiempo. El algoritmo de Otsu es uno de los métodos de umbral de uso frecuente en varios campos ya que ha desarrollado una selección del umbral óptimo. Debido a su simplicidad y eficiencia el algoritmo de Otsu fue utilizado como estimador de umbral en este trabajo.

Procedimiento para segmentar el LCR y el cerebro:

- I. Para los valores iniciales de la máxima verosimilitud los parámetros son medios, covarianzas y mezcla pesos.
- II. En espera (E) paso, uso de la densidad de probabilidad en función de una distribución de Gauss para calcular el grupo de probabilidad para cada píxel. La multivariada función de Gauss de densidad condicional se escribe como:

$$f_i(x|\theta_i) = \frac{1}{(2\pi)^{\frac{d}{2}} |\Sigma_i|^{\frac{1}{2}}} \exp \left[-\frac{1}{2} (x - \mu_i)^t \Sigma_i^{-1} (x - \mu_i) \right]$$

$$\theta_i = (\mu_i, \Sigma_i), |x$$

Donde x es una función d -dimensional, μ_i es el vector de medias y $\Sigma_i, |\Sigma_i|, \Sigma_i^{-1}$ es una matriz de covarianza d -por- d su determinante e inversa, respectivamente.

- III. En la maximización de (M) paso, uso de la probabilidad valores obtenidos en el E-paso para volver a estimar los medios, covarianzas y pesos de mezcla.
- IV. Repita el E-paso en (II) y M-paso en (III).

El algoritmo termina cuando la diferencia entre la probabilidad de registro de la iteración anterior y la iteración actual cumple con la tolerancia.

Procedimiento para localizar la calcificación

Algoritmo:

Paso1: Calcule el histograma.

Paso2: Calcule el Umbral óptimo.

$$\sigma_B^2(k^*) = \max \sigma_B^2(k).$$

Paso3: Calcule un nuevo histograma para $i \geq k^*$.

Paso4: Vaya al paso 2.

2.5. Crecimiento de Regiones

Dicho algoritmo es propuesto debido a la sencillez, efectividad del enfoque y a que se ajusta a nuestra comprensión sobre los conceptos semánticos y el mecanismo de percepción de los ojos humanos, es robusto, rápido con un procedimiento de segmentación fácil de usar. Suele emplearse para la selección de regiones homogéneas en las imágenes, tales como cráneo o tumores de bajo grado.

El algoritmo basado en crecimiento de regiones requiere empezar por una semilla de la región (típicamente uno o más píxeles) que está considerado dentro del objeto a ser segmentado. Los píxeles vecinos dentro de esta región son evaluados para determinar si ellos podrían también ser considerados parte del objeto, si es así, son agregados a la región, y el proceso continúa mientras haya píxeles nuevos que se pueden agregar a dicha región. (18) Este algoritmo varía dependiendo del criterio que se desea usar para decidir si un píxel podría ser incluido en la región o no, y de la estrategia que se emplee para visitar los píxeles vecinos.

Un criterio simple para incluir píxeles en un crecimiento de región es evaluar el valor de intensidad dentro de un intervalo específico. El algoritmo Connected Threshold está basado sobre un intervalo de valores de intensidades proporcionados por el usuario, se debe introducir valores por abajo (Lower) y arriba (Upper) del umbral, y luego el algoritmo incluye todos los píxeles cuyas intensidades estén dentro del intervalo.

El algoritmo crecimiento de regiones utilizado es semi-automático ya que no es automático ni manual totalmente, debido a que el usuario debe elegir el punto de semilla e introducir el intervalo de intensidades de la zona a analizar

En este algoritmo cada píxel se visita sólo una vez por lo que el procesamiento es muy rápido. En una imagen ruidosa, si se selecciona un píxel no representativo de la región, no se obtendrá una buena muestra representativa de los valores de los píxeles de la región.

2.6. Optimización del método de redes neuronales de Hopfield combinado con algoritmos genéticos.

Este algoritmo combina el método de redes neuronales de Hopfield con algoritmos genéticos (GA) y el análisis de texturas para lograr la segmentación de la imagen de un tumor en TC, es propuesto debido a que las redes neuronales de Hopfield es uno de los métodos más novedosos en el campo del procesamiento de imágenes médicas.

Comparado con los medios convencionales tienen varias ventajas importantes, entre las que se incluyen la robustez frente al ruido, su capacidad para filtrarse por pequeñas variaciones en los patrones de intensidad de entrada y son aplicables a la mayoría de las regiones anatómicas.

Pasos para realizar el algoritmo (19)

- **Adquirir muestras de entrenamiento de redes neuronales.**

Para mejorar la eficiencia de la segmentación seleccionamos la Región de Interés de Cuantificación (ROI) antes de adquirir muestras de entrenamiento de modo que la imagen del tumor está involucrada en la ROI. De esta manera el objeto de la segmentación está restringido dentro de la ROI.

- **Selección y cálculo del parámetro de caracteres de la textura**

Se seleccionan tres parámetros que es la derivación de la Matriz de ocurrencia de escala de grises:

Uniformidad:

$$H = \sum_m \sum_n \frac{p(m, n)}{1 + |m - n|} \quad (I)$$

Energía:

$$E = \sum_m \sum_n p^2(m, n) \quad (II)$$

Matriz diagonal

$$E = \sum_m \sum_n \sqrt{0.5|m - n|p(m, n)} \quad (III)$$

Donde m y n se pueden utilizar como los valores de gris en los parámetros de coordenadas.

En general, el carácter de un píxel es considerado como el carácter de píxeles que es el centro de la región rectangular (Fig. 2.1). Porque el valor de gris de los píxeles es relativamente uniforme en el mismo órgano, y diferente en distintos órganos, por lo que determinar y calcular la zona rectangular de textura se obtienen características de textura más estables.

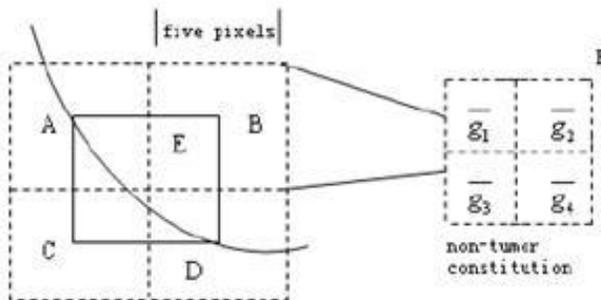


Figura 2.1 Cálculo del carácter de textura

En primer lugar, se dividen las cinco regiones rectangulares (A, B, C, D, E) de la Figura 2.1 en cuatro sub-región y, a continuación:

- Calcular el valor medio de la escala de grises para cada píxel en cada sub-región, que es de g1, g2, g3, g4.
- Calcular la uniformidad H en cada región rectangular:
 $H = |(g1 + g2) - (g2 + g3)| + |(g3 + g4) - (g1 + g2)|$.
- Calcular el valor del carácter de la textura de la región rectangular con el valor mínimo de H, que es considerada como la función de la textura de este píxel.

- **Uso de redes neuronales para la segmentación de imágenes**

Red de Hopfield es un tipo de retroalimentación de redes neuronales. Cada neurona pasará su propia producción a otras neuronas a través del valor vinculado. Al mismo tiempo, cada neurona recibe el mensaje que se transmite a las demás.

Cada estado de la red Hopfield define una energía E, cuando un nervio de la red varía según el estado de la red el cambio y la función E de energía disminuirá. De esta manera el estado de equilibrio del modelo de Hopfield corresponde extremadamente a la entrada de energía E en función del espacio de estado. Con el fin de superar las deficiencias de la red de Hopfield las cuales convergen con facilidad en la solución de óptimos locales, surge el algoritmo optimizado que combina algoritmos genéticos y redes neuronales.

Los algoritmos genéticos son métodos de adaptación de optimización basada en principios de evolución natural. Cada individuo en grupos genéticos es una solución de espacio de optimización de búsqueda, que se codifica para la forma de genes. El grupo genético inicial es por lo general producido por el método aleatorio. Para la adopción del algoritmo genético se debe determinar el método de codificación, para formar el grupo inicial, la selección de la función de la adaptabilidad y la escala de grupo genético, cruzamiento, la tasa de mutación y así sucesivamente.

- **Ecuación iterativa de la red neuronal de Hopfield:**

$$C_{ij} \frac{dU_{ij}}{dt} = -\frac{U_{ij}}{R_{ij}} + \sum_{k=1}^M \sum_{l=1}^N W_{ij,kl} V_{kl} + B_{ij} \quad (IV)$$

Donde V_{ij} es la salida de la neurona (i, j) y U_{ij} es la entrada de neurona (i, j). $W_{ij,kl}$, denota el peso del coeficiente relacionado con la neurona (i, j) la neurona (k, l). B_{ij} se denota fuera de rango, U_0 es constante C_{ij} , y R_{ij} es el parámetro auto-definido.

Donde: $V_{ij} = g \left[\frac{U_{ij}}{U_0} \right] = \frac{1}{2} \left[1 + \tan h \frac{U_{ij}}{U_0} \right] \quad (V)$

La función de energía de las redes neuronales de Hopfield expresa:

$$\sum_{i=1}^M \sum_{j=1}^N \sum_{k=1}^M \sum_{l=1}^N W_{ij,kl} V_{ij} V_{kl} - \sum_{i=1}^M \sum_{j=1}^N V_{ij} B_{ij} + \sum_{i=1}^M \sum_{j=1}^N \int_0^{V_{ij}} g^{-1}(V) dV \quad (VI)$$

Las redes neurales de Hopfield es un sistema estable, mientras que $C_{ij} > 0$ y

$$W_{ij,kl} = W_{kl,ij} \quad \forall i, k \in [1, M] \& j, l \in [1, N] \frac{dE}{dt} \leq 0$$

La entrada y salida de la ecuación de estado de cada neurona convergen en un estado estable.

- **Parámetros de codificación**

Los parámetros de codificación que utiliza generalmente es la codificación binaria y codificación de número real. La codificación utilizada en este caso es la binaria, la cual es la que hace que el carácter de textura de los píxeles sea presentada por un valor de cierta variable expresada por número binario. La longitud de la cadena del número binario depende de la precisión de la solución.

- **Optimización del método de redes neuronales de Hopfield combinado con GA**

En el proceso iterativo de la red de Hopfield, se inicializa el estado de la salida de cada neurona, las muestras de tumores de formación y las muestras no tumorales tienen una Región de objeto de Interés (ROI) de todos los sectores, se envían estos píxeles de carácter de textura a la ecuación para calcular el valor de entrada de cada neurona y el estado de salida del próximo cálculo de la ecuación y a continuación, se regresa a la etapa de entrada del cálculo de cada neurona hasta lograr la convergencia, luego se procede a optimizar la red de Hopfield.

A continuación en el proceso de comparación la función de energía de la red de Hopfield, compara el vector de carácter regional de textura en la ecuación de la red de Hopfield iterativo. La función de energía de este vector calculado se inicializa después de la convergencia, si éste es menor que la codificación como estado de salida de la neurona, se sustituye la red neuronal de Hopfield a la reducción de la función de energía en la red entera de los nervios. Por el contrario, entra en un proceso iterativo de la ecuación hasta que la energía y la reducción de la función del algoritmo terminen.

La capa de entrada de la red neuronal establece cinco nodos, que corresponden con el vector de características de textura, la producción del valor corresponde con la región de clasificación. La formación del tumor que se muestra es de 0.9, las muestras de formación no tumoral es de 0,1. Cuando las redes neuronales de Hopfield convergen, es decir, después de la finalización de la formación, se identifican todos los píxeles de la ROI. Si los resultados del sistema de salida son menores o iguales al valor del umbral de

píxeles, los píxeles no están en la región tumoral. Si los resultados del sistema de producción son mayores que los valores del umbral de píxeles, los píxeles están en la región tumoral.

En este capítulo se presentan cuatro propuestas de algoritmos de segmentación, de ellos solo dos han sido escogidos para su validación debido a la extensa y precisa descripción de las bases matemáticas y teóricas, por lo que se desarrollaran como posibles alternativas: el algoritmo Crecimiento de Regiones y el GVF Snake.

El algoritmo Crecimiento de Regiones tiene como ventaja su sencillez a la hora de la implementación, sin perder por ello efectividad en la segmentación, es un algoritmo con bajo costo computacional y de fácil interacción con el usuario. En el caso de GVF Snake fue seleccionado por su gran efectividad en la segmentación de regiones heterogéneas, su costo computacional es aceptable. Sus principales ventajas respecto a otros algoritmos es que permite la segmentación de contornos suaves, evita la sobre-segmentación que ocurre en otras técnicas, obtiene un modelo del objeto a segmentar y permite una buena segmentación en imágenes de baja calidad. Se analizaron los niveles de densidad de todos los tejidos, los cuales son útiles para visualizar las zonas anatómicas de interés mejorando la segmentación de la región de interés.

CAPÍTULO 3. SOLUCIONES Y RESULTADOS

En este capítulo son expuestos los resultados de las pruebas realizadas a los algoritmos GVF Snake y Crecimiento de Regiones para la segmentación de imágenes médicas de tomografía computarizada para la cabeza, realizando un análisis donde se puede observar la eficiencia y la deficiencia de cada uno en particular. Para las pruebas que se muestran se usaron un grupo de imágenes obtenidas del Tomógrafo y fueron realizadas en una PC Intel Pentium 4 a 3.00GHz de frecuencia y 512 MB de memoria RAM con sistema operativo Windows XP Service Pack 3.

3.1. Evaluación de los algoritmos propuestos.

Para medir cuantitativamente el comportamiento de los algoritmos, se realizó un cálculo de dos indicadores: **False Acceptance Rate (FAR)** o tasa de falsos positivos y **False Rejection Rate(FRR)** o tasa de falsos negativos.

$$FAR = \frac{FP}{VN + FP} \qquad FRR = \frac{FN}{VP + FN}$$

Donde:

VP: Cantidad de píxeles verdaderos positivos o sea los píxeles que si pertenecen al objeto de segmentación y el algoritmo lo confirma.

VN: Cantidad de píxeles verdaderos negativos o sea píxeles que no pertenecen al objeto de segmentación y el algoritmo lo confirma.

FP: Cantidad de píxeles falsos positivos o sea aquellos píxeles que no se encuentran en la imagen ideal pero que resultaron clasificados por el algoritmo.

FN: Cantidad de píxeles falsos negativos o sea los píxeles que corresponden al objeto de interés en la imagen ideal pero no fueron detectados por el algoritmo.

3.2. Evaluación del algoritmo GVF Snake en un corte de una TAC craneal

En las siguientes tablas se demuestran los resultados obtenidos por el algoritmo GVF Snake para la segmentación de tumores en imágenes cerebrales del cuerpo humano y el valor de los indicadores que se utilizaron para evaluar los resultados. En las imágenes se observa un contorno inicial el cual selecciona el usuario, definido mediante el color azul, y el resultado de la segmentación que es delimitado por el color

rojo. El verde significa la trayectoria del contorno inicial hasta la zona segmentada. La segmentación se aplica utilizando un rango que varía entre 5 y 50 iteraciones. Para la inicialización del contorno se debe tener en cuenta que debe ser cercana a los bordes a segmentar.

Contorno inicial		Resultado de la segmentación		
				
FP	FN	FPR	FNR	Error
158	27	0,00124207977	0,0281837154	0.0294257961

Tabla3.1 Resultado de la prueba 1al algoritmo GVF-Snake.

Contorno inicial	Resultado de la segmentación
------------------	------------------------------

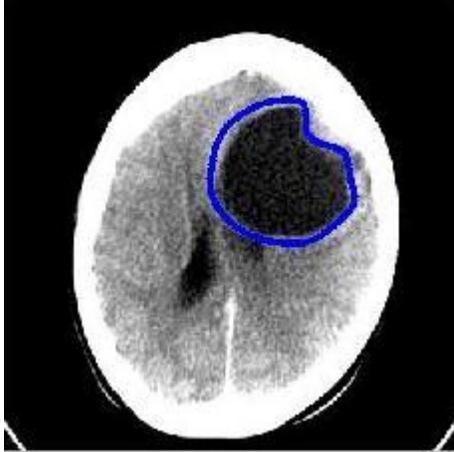
				
FP	FN	FPR	FNR	Error
35	749	0,000291234668	0,09378913	0.0940803662

Tabla 3.2 Resultado de la prueba 2 al algoritmo GVF-Snake.

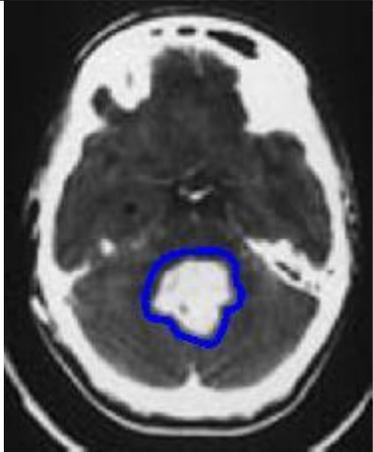
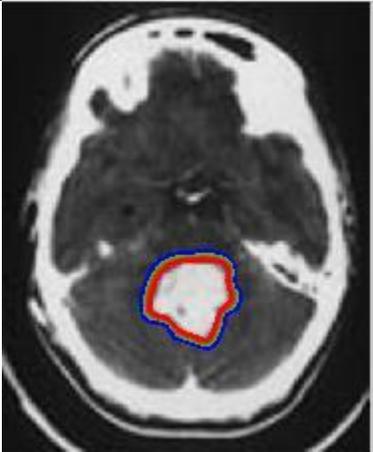
Contorno inicial		Resultado de la segmentación		
				
FP	FN	FPR	FNR	Error
206	131	0,00164609053	0,04339185	0.04503794

Tabla 3.3 Resultado de la prueba 3 al algoritmo GVF-Snake.

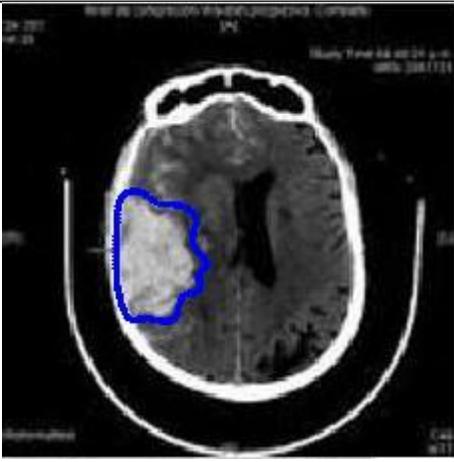
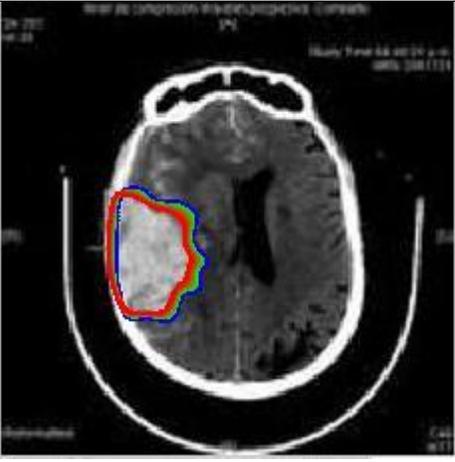
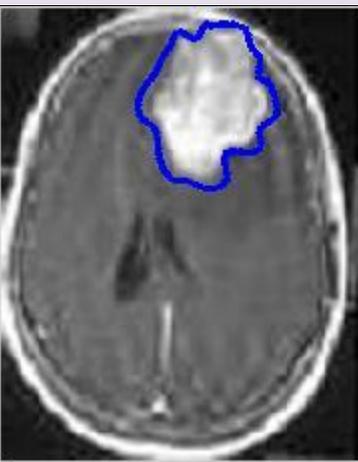
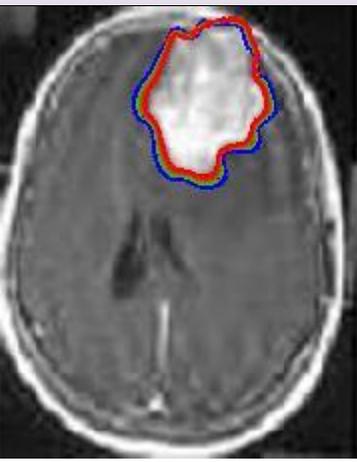
Contorno inicial		Resultado de la segmentación		
				
FP	FN	FPR	FNR	Error
454	285	0,00365389418	0,07283414	0.07648803

Tabla 3.4 Resultado de la prueba 4 al algoritmo GVF-Snake.

Contorno inicial		Resultado de la segmentación		
				
FP	FN	FPR	FNR	Error

715	101	0,0059788106	0,0117784254	0.017757237
-----	-----	--------------	--------------	-------------

Tabla 3.5 Resultado de la prueba 5al algoritmo GVF-Snake.

El error promedio de la aplicación de este algoritmo en imágenes que contienen tumores cerebrales es de 0.05255787386 con una desviación estándar de 0.03201365527.

Se realizaron pruebas para delimitar la masa encefálica con el algoritmo GVF Snake (Ver [Anexo 3](#)) en las cuales se obtuvo una media del error de 0.05015033444 con una desviación estándar de 0.01452903297.

3.3. Evaluación del algoritmo Crecimiento de Regiones en un corte de una TAC Craneal

Para realizar la segmentación del cráneo el usuario debe situar un punto de semilla en la parte que desea segmentar, e introducir el rango de los valores de intensidad que requiere la zona a analizar, por ejemplo si se desea segmentar la parte del cráneo el usuario debe dar un clic encima de la zona craneal y el rango de intensidades introducidos tiene que estar entre 150 a 255, si lo deseado es la segmentación del cerebro o masa encefálica se hace la misma operación pero con un rango de intensidades que varía entre 0 a 150, la zona segmentada se identifica con el color blanco.

En las tablas siguientes se demuestran los resultados obtenidos en las pruebas realizadas al algoritmo Crecimiento de Regiones para la segmentación del cráneo y la masa encefálica, además el valor de los indicadores que se utilizaron para evaluar la efectividad, obteniendo un error promedio de 0.0282759835 con una desviación estándar de 0.0178379265 para el cráneo y para el cerebro un error de 0.0540859082 con una desviación estándar de 0.0254432644.

Imagen original	Cráneo segmentado	Cerebro segmentado
------------------------	--------------------------	---------------------------

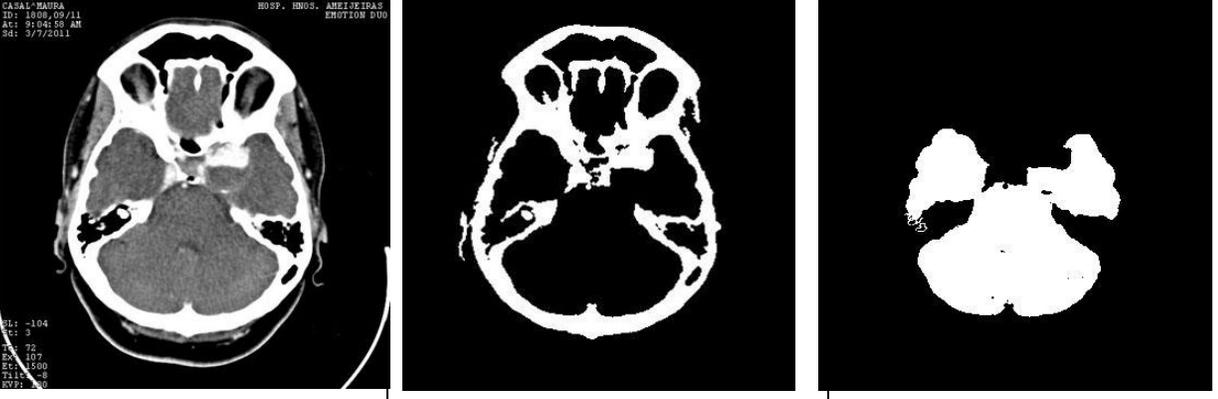
					
	FP	FN	FPR	FNR	Error
Cráneo	3469	384	0,0309516583	0,02387169	0.0548233464
Cerebro	407	199	0,00380462734	0,00955307	0.0133576971

Tabla 3.6 Resultado de la prueba 1 al algoritmo Crecimiento de Regiones.

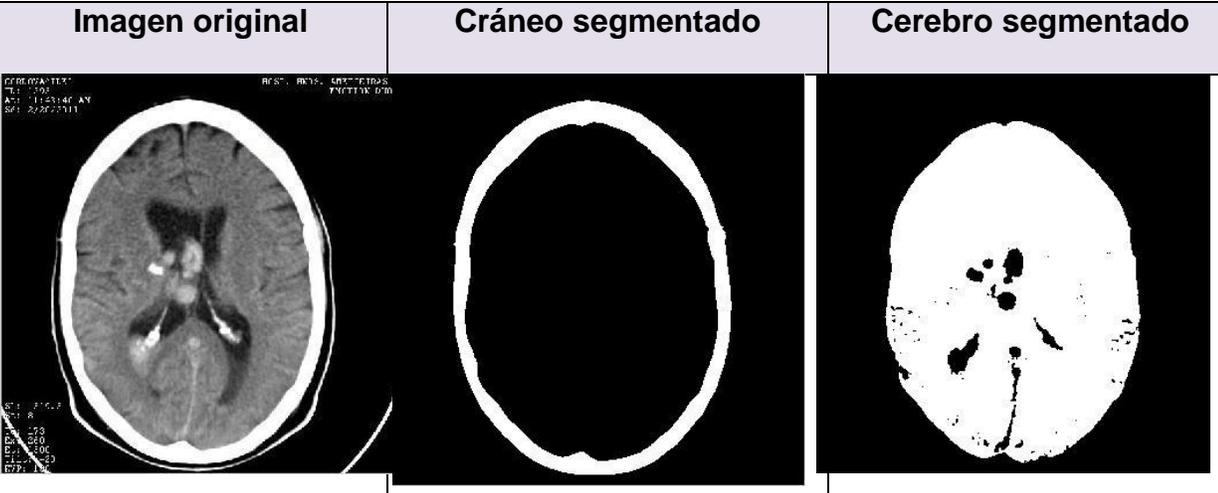
					
	FP	FN	FPR	FNR	Error
Cráneo	1314	0	0,0112261632	0	0.0112261632
Cerebro	2426	896	0,0301831383	0,0191805456	0.0493636839

Tabla 3.7 Resultado de la prueba 2 al algoritmo de Crecimiento de Regiones.

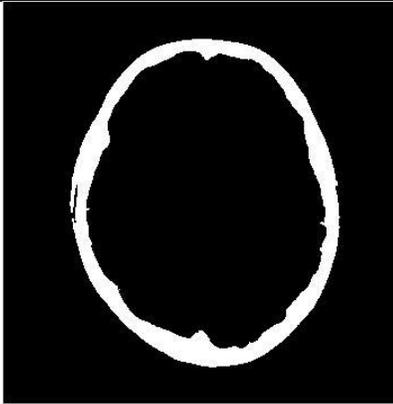
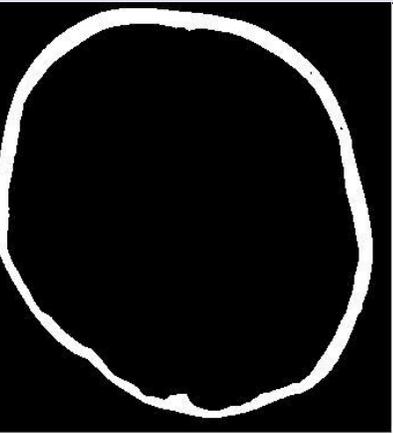
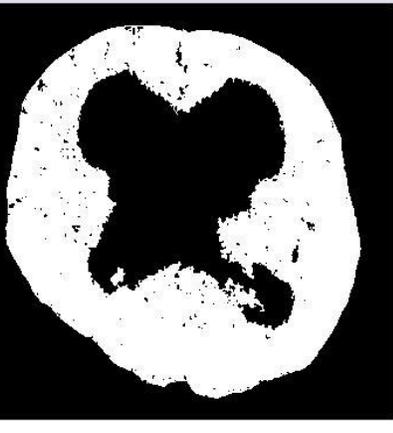
Imagen original		Cráneo segmentado		Cerebro segmentado	
					
	FP	FN	FPR	FNR	Error
Cráneo	3150	75	0,0264641382	0,00821018	0.0346743166
Cerebro	1990	2182	0,0225207377	0,0548227429	0.07734348

Tabla 3.8 Resultado de la prueba 3 al algoritmo Crecimiento de Regiones.

Imagen original		Cráneo segmentado		Cerebro segmentado	
					
	FP	FN	FPR	FNR	Error
Cráneo	1064	41	0,009052391	0,00385846035	0.0129108513

Cerebro	1174	3076	0,0157151464	0,0575394221	0.07325457
---------	------	------	--------------	--------------	------------

Tabla 3.9 Resultado de la prueba 4 al algoritmo Crecimiento de Regiones.

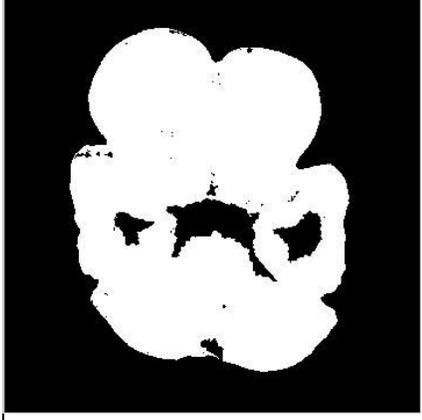
Imagen original		Cráneo segmentado		Cerebro segmentado	
					
	FP	FN	FPR	FNR	Error
Cráneo	3027	6	0,0274065621	0,0003386769	0.02774524
Cerebro	2323	1381	0,03032162	0,0267884862	0.05711011

Tabla 3.10 Resultado de la prueba 4 al algoritmo Crecimiento de Regiones.

En este capítulo, luego de realizar las pruebas a los algoritmos GVF Snake y Crecimiento de regiones se llegó a la conclusión de que para lograr una buena segmentación en imágenes de la cabeza se deben utilizar los dos algoritmos, ya que el GVF Snake es efectivo para lograr identificar tumores en el cerebro y el algoritmo Crecimiento de Regiones cumple con las expectativas a la hora de segmentar la zona craneal y la masa encefálica. Sin dejar resaltar que el algoritmo GVF Snake se le realizaron pruebas y logró delimitar el contorno de la masa encefálica. Se observa además que el algoritmo GVF Snake requiere de un número pequeño de iteraciones para obtener un buen resultado en la segmentación, lo cual significa menos cálculo y una convergencia más rápida.

CONCLUSIONES

Se realizó un amplio estudio teórico sobre las técnicas de Modelos Deformables, Agrupamiento, Crecimiento de Regiones y Redes Neuronales donde se propusieron cuatro algoritmos que las utilizan. De estos se seleccionó el algoritmo Crecimiento de Regiones por su sencillez a la hora de la implementación sin perder por ello efectividad en la segmentación y el algoritmo GVF Snake que a diferencia de otras técnicas evita la sobre segmentación y para las imágenes de baja calidad obtiene un buen resultado además de ser efectivo en regiones heterogéneas.

El algoritmo Crecimiento de Regiones no se ajusta para una buena segmentación de los tumores cerebrales, ya que presentan intensidades heterogéneas y este es utilizado para regiones que contengan intensidades homogéneas como el cráneo y la masa encefálica.

Se realizaron pruebas al algoritmo Crecimiento de Regiones para la segmentación del cráneo y la masa encefálica, las cuales arrojaron resultados satisfactorios obteniendo un 2 y 5 % de error respectivamente.

Al algoritmo GVF Snake se le realizaron varias pruebas para validar la segmentación en imágenes médicas de tumores cerebrales, logrando como resultado un 5% de error. Además delimitó la masa encefálica obteniendo el mismo porcentaje de error.

Los algoritmos propuestos proveerán al departamento SWMI los métodos necesarios para complementar los módulos de reconstrucción 3D, y de esta forma facilitar a los especialistas un mejor análisis y diagnóstico de la región seleccionada.

RECOMENDACIONES

Con el objetivo de enriquecer el trabajo presentado se proponen las siguientes recomendaciones:

Profundizar en los métodos que no fueron implementados para lograr evaluar y demostrar su efectividad en la segmentación de imágenes de tomografía computarizada en la cabeza.

Implementar y probar los algoritmos seleccionados en el marco de desarrollo que adopta el departamento, para ajustarlos en un entorno real sobre el sistema “alas PACS”.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. **Carro, Cecilia Lorena.** *Generación de imágenes tridimensionales en tomografía helicoidal.* 19 de diciembre de 2007.
2. **Coto, Ernesto.** *Métodos de Segmentación de Imágenes Médicas.* 2003.
3. **H.Blanco, A.Vázquez.** <http://cencomed.sld.cu/socbio2007/trabajos/pdf/t104.pdf>.
4. *Ris Pacs Dicom.*
5. **Herranz, Fernando Ballesteros.** *Desarrollo de aplicaciones DICOM para la gestión de imágenes biomédicas.* Octubre 2003.
6. DICOM (Digital Imaging and Communications in Medicine). [En línea] <http://www.fic.udc.es/files/asignaturas/58IB/DICOM-cas.pdf>.
7. radiologyinfo.org. [En línea] <http://www.radiologyinfo.org/sp/info.cfm?pg=bodyct>.
8. **Herrera, José Vicente Manjón.** *Segmentación Robusta de Imágenes de RM cerebral.* Valencia : s.n., 2006.
9. —. *Segmentación Robusta de Imágenes de RM cerebral.* Valencia : s.n., 2006.
10. **Herold García, Silena Escobedo Nicot, Miriela.** Segmentación de imágenes de endoscopia y ultrasonido con modelos deformables. [En línea] abril de 2008. http://www.scielo.org.ve/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1316-48212008000200005&lng=pt&nrm=iso.
11. **Osvaldo Pereira Barzaga, Ernesto Carrasco de la Torre, Yadira Ramírez Rodríguez, Yaima Fiallo Valle.** *VISMEDIC: SISTEMA PARA VISUALIZACIÓN TRIDIMENSIONAL DE ESTRUCTURAS ANATÓMICAS, DIAGNÓSTICO DE PATOLOGÍAS Y PLANIFICACIÓN PRE-OPERATORIA.*
12. mathworks. [En línea] <http://www.mathworks.com..>
13. **Hofer, Matthias.** *Manual practico de TC .*
14. TSID.net. . [En línea] <http://www.tsid.net/tac/fundamentos.htm..>

-
15. **M., Kass, Witkin A. y Terzopoulos D. Snakes.** Active contour models. International Journal of Computer Vision. [En línea] Enero de 1988. <http://dx.doi.org/10..>
 16. **C. Xu, J. Prince.** "Snakes, shapes, and gradient vector flow". s.l. : IEEE Transl. on Images Processing, Vol. 7, 1998, pp. 359-369.
 17. **images, Segmentation of CT head.** *Tong Hau Lee, Mohammad Faizal Ahmad Fauzi and Ryoichi Komiya.*
 18. **López, Job Acevedo.** *DESARROLLO DE APLICACIONES MÉDICAS UTILIZANDO LAS BIBLIOTECAS ITK Y VTK.*
 19. **Xiao-mei Lin, Wei Song.** *Research on Segmentation Algorithm for 3D Medical Image Based on Neural Network.* China.

Bibliografía

1. **Aguayo, Norambuena Arnoldo** Segmentación de objetos en volúmenes de datos por medio de técnicas de contornos deformables. 4 de Mayo de 2010
2. **Alcañiz Mariano, Grau Vicente, Monserrat Carlos, Carmen Juan.** *sistema de neurocirugía asistida por ordenador mediante computación de altas prestaciones.*
3. **ALPKOÇAK, Hakan BULU and Adil.** *Comparison of 3D Segmentation Algorithms for Medical Imaging.*
4. **Álvarez, Cardero Rafael Leodan.** *Localización y segmentación de matrículas de vehículos en imágenes digitales.* 2008.
5. **Barzaga Pereira Osvaldo, De la Torre Carrasco Ernesto, Rodríguez Ramírez Yadira, Valle Fiallo Yaima.** *VISMEDIC: SISTEMA PARA VISUALIZACIÓN TRIDIMENSIONAL DE ESTRUCTURAS ANATÓMICAS, DIAGNÓSTICO DE PATOLOGÍAS Y PLANIFICACIÓN PRE-OPERATORIA.*
6. **Bischof, Rolf Adams and Leanne.** *Seeded Region Growing.* s.l.: IEEE TRANSACTIONS ON PATTERN ANALYSIS AND MACHINE INTELLIGENCE, VOL. 16, NO. 6, JUNE 1994.
7. **Blanco, H.; Vázquez, A.** <http://cencomed.sld.cu/socbio2007/trabajos/pdf/t104.pdf>.
8. **C. Xu, J. Prince.** "Snakes, shapes, and gradient vector flow". s.l.: IEEE Transl. on Images Processing, Vol. 7, 1998, pp. 359-369.
9. **Carballo-Barreda, M., Rodríguez-Rojas, R. y López-Flores, A. Torres-Montoya y G.** *Atlas computarizado para la planificación de neurocirugías estereotácticas funcionales.* Ciudad de la Habana. Cuba: s.n.
10. **Carro, Cecilia Lorena.** *Generación de imágenes tridimensionales en tomografía helicoidal.* 19 de diciembre de 2007.
11. **Coto, Ernesto.** *Métodos de Segmentación de Imágenes Médicas.* 2003.
12. **DICOM** (Digital Imaging and Communications in Medicine). [En línea] <http://www.fic.udc.es/files/asignaturas/58IB/DICOM-cas.pdf>.

13. **Drozdowicz Bartolomé , Bernasconi Guillermo, Reyes Mariano, Saba Fernando, Gonzalo Simón.**Segmentación semiautomática de imágenes de resonancia magnética,basada en redes neuronales artificiales.2005
14. **Fenoll, Ignacio García.***Aportaciones a la Segmentación y Caracterización de Imágenes Médicas 3D.* Sevilla : s.n: ENERO 2010.
15. **Fisterra.**TAC: Tomografía Axial Computarizada. <http://www.fisterra.com/salud/3procedt/tac.asp>. [En línea]
16. **García Herold , Nicot Escobedo Silena, Miriela..** Segmentación de imágenes de endoscopia y ultrasonido con modelos deformables. [En línea] abril de 2008. http://www.scielo.org.ve/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1316-48212008000200005&lng=pt&nrm=iso.
17. **García Herold Silena, Nicot Escobedo Miriela. .** SEGMENTACIÓN DE IMÁGENES MÉDICAS APLICANDO SNAKES . [En línea] <http://cienciapc.idict.cu/index.php/cienciapc/article/view/124/323>.
18. **Herranz, Fernando Ballesteros.***Desarrollo de aplicaciones DICOM para la gestión de imágenes biomédicas.* Octubre 2003.
19. **Hofer, Matthias.***Manual practico de TC .*
20. **Kass M.; Witkin A. y Terzopoulos D. Snakes.**Active contour models. International Journal of Computer Vision. [En línea] Enero de 1988. <http://dx.doi.org/10..>
21. **Lee Hau Tong, Faizal Mohammad, Fauzi Ahmad and Ryoichi Komiya** Segmentation of CT Brain Images Using K-means and EM Clustering.
22. **Lee Hau Tong, Faizal Mohammad, Fauzi Ahmad and Ryoichi Komiya.** Images, Segmentation of CT head.
23. **Lehman, E.** El algoritmo EM
24. **Li Yonghong, Hu Qingmao, Jianhuang Wu, Zhijun Chen.** A hybrid approach to detection of brain hemorrhage candidates from clinical head CT scans.
25. **López, Job Acevedo.***DESARROLLO DE APLICACIONES MÉDICAS UTILIZANDO LAS BIBLIOTECAS ITK Y VTK.*

-
26. **Manjón ,Herrera José Vicente.***Segmentación Robusta de Imágenes de RM cerebral.* Valencia : s.n., 2006.
27. **Mathworks.** [En línea] <http://www.mathworks.com..>
28. **Méndez, Flores Alejandro; Ramírez Gómez Eduardo.**Tutorial sobre Redes Neuronales Celulares. Aplicación al Procesamiento de Imágenes.
29. **radiologyinfo.org.** [En línea] <http://www.radiologyinfo.org/sp/info.cfm?pg=bodyct>.
- 30. Ris Pacs Dicom.**
31. **Tecnologías en la sic.** [En línea] <http://dquirogap.blogspot.com/2007/05/las-nuevas-tecnologas-tic-y-la-medicina.html> . [En línea]
32. **TSID.net.** . [En línea] <http://www.tsid.net/tac/fundamentos.htm..>
33. **Vicent Caselles, Alejandro Frangi.** La segmentación de imágenes el método de los contornos activos geometricos.
34. **Wu Bingrong, Xie Mei,Li Guo,Gao Jingjing.***Medical Image Segmentation Based on GVF Snake Model.* Zhongshan. China : s.n., 2009.
35. **Xiao-mei Lin, Wei Song.***Research on Segmentation Algorithm for 3D Medical Image Based on Neural Network.* China.
36. **Xu Yanlei, Jiyin Zhao,Yubin Jiao.** CT Image Segmentation Based on Order Morphological Gradient Map and. [En línea] 2008.

GLOSARIO DE TÉRMINOS

2D: 2 dimensiones, bidimensional.

3D: 3 dimensiones, tridimensional.

Anatomía: Ciencia que estudia la forma y estructura externa e interna de los seres vivos, y especialmente del cuerpo humano.

CIREN: Centro Internacional de Restauración Neurológica.

DICOM: Digital Imaging and Communications in Medicine, estándar reconocido mundialmente para el intercambio de imágenes médicas.

Falso negativo: Suceso que indica el no cumplimiento de una condición en un individuo, cuando el individuo la cumple.

Falso positivo: Suceso que indica el cumplimiento de una condición en un individuo, cuando el individuo no la cumple.

Heterogéneos: Compuesto de componentes o partes de distinta naturaleza.

Homogéneo: Serie de características comunes referidas a su clase o naturaleza que permiten establecer entre ellos una relación de semejanza.

PACS: Sistema para el Almacenamiento y Transmisión de Imágenes Médicas. (Picture Archiving and Communication System).

Patología: Es la parte de la medicina que estudia las enfermedades y el conjunto de síntomas de una enfermedad.

Píxel: Menor unidad homogénea en color que forma parte de una imagen digital.

RMI: Resonancia Magnética de Imágenes.

Segmentación: Proceso mediante el cual es posible extraer o clasificar los objetos de interés dentro de una imagen o volumen.

Tasa de falsos negativos: Probabilidad de ocurrencia de falsos negativos.

Tasa de falsos positivos: Probabilidad de ocurrencia de falsos positivos.

TC: Tomografía Computarizada.

Verdadero negativo: Suceso que indica el no cumplimiento de una condición en un individuo, cuando el individuo no la cumple.

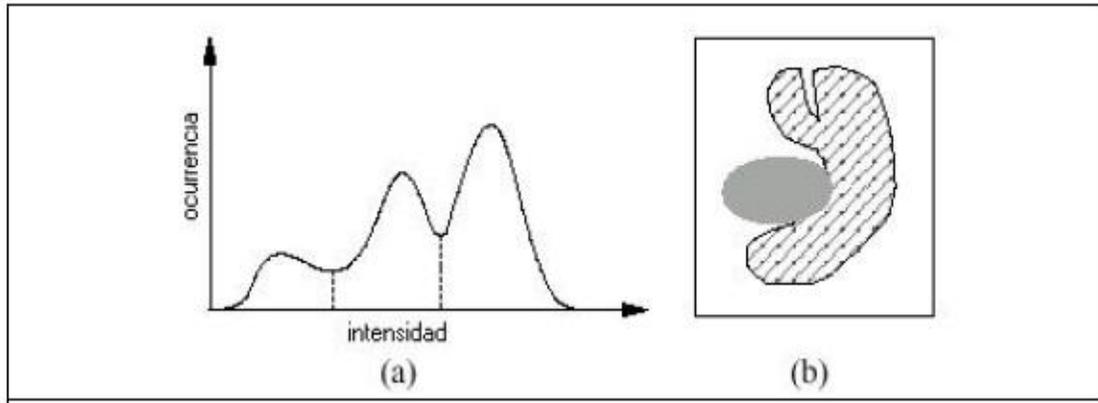
Verdadero positivo: Suceso que indica el cumplimiento de una condición en un individuo, cuando el individuo la cumple.

Voxel: Píxel + el grosor de corte.

ANEXOS

Anexo 1

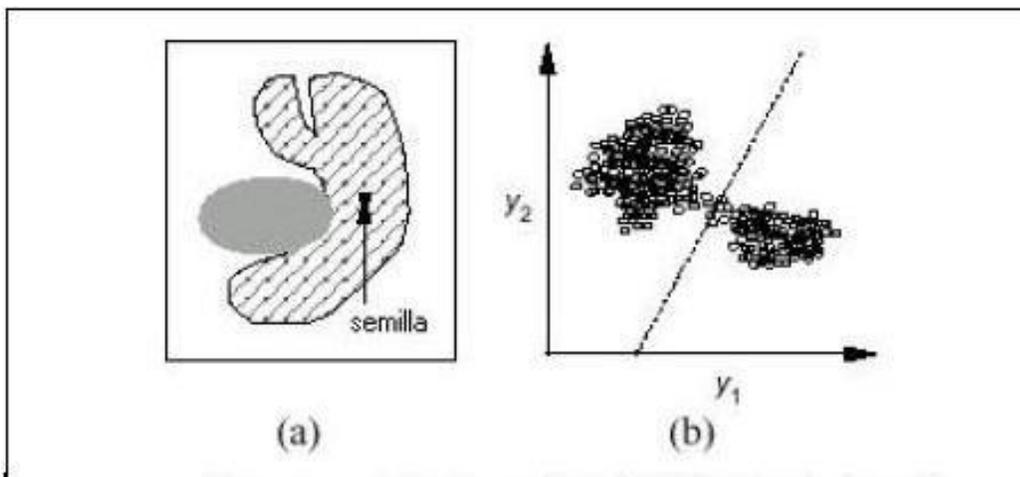
Histograma de una imagen que aparentemente posee tres clases, lo cual dejados posibles valores de umbral, en los valles del histograma.



(a) Histograma de intensidades de grises en la imagen mostrando los posibles umbrales (b) Imagen en escala de grises.

Anexo 2

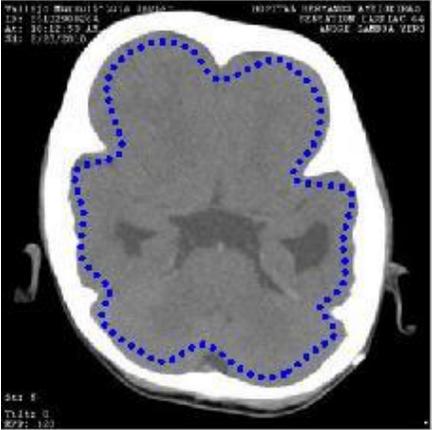
Ejemplo donde se utiliza el método de región creciente



(a) Imagen mostrando semilla inicial (b) Ejemplo de región creciente.

Anexo 3

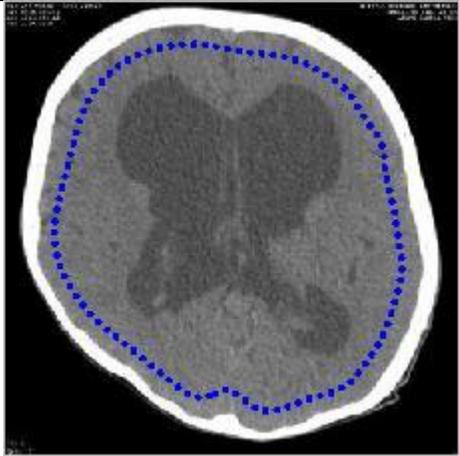
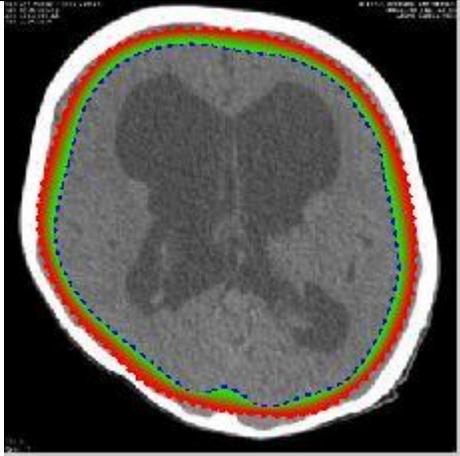
Pruebas con el algoritmo GVF Snake aplicadas para delimitar la masa encefálica.

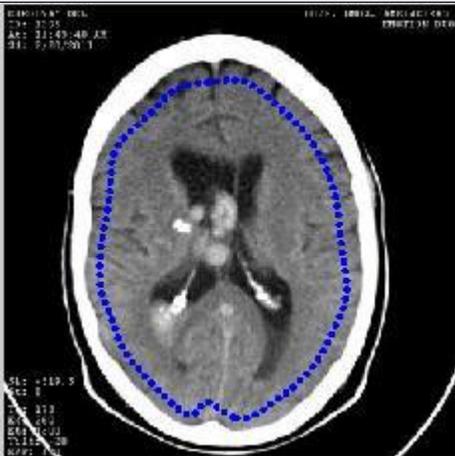
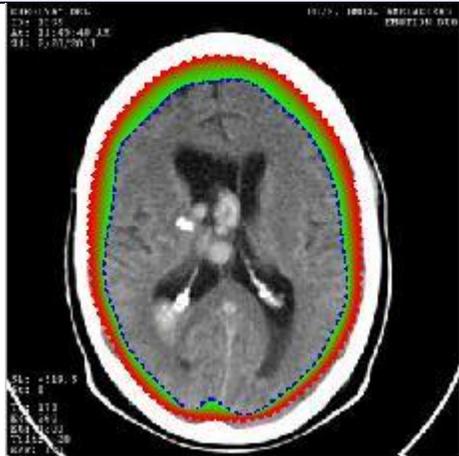
Contorno inicial		Resultado de la Segmentación		
				
FP	FN	FPR	FNR	Error
959	2061	0,0129510583	0,0380848534	0.05103591

Contorno inicial	Resultado de la segmentación
------------------	------------------------------

Selección de algoritmos del estado del arte para la segmentación de imágenes de tomografía computarizada en la cabeza.

Anexos

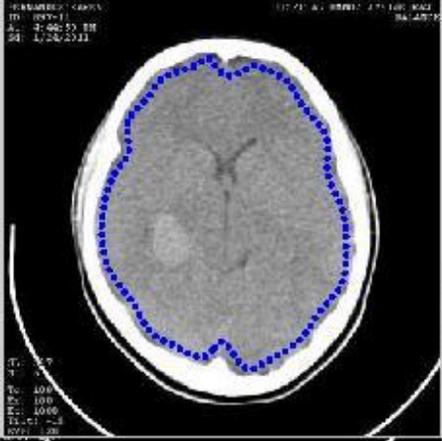
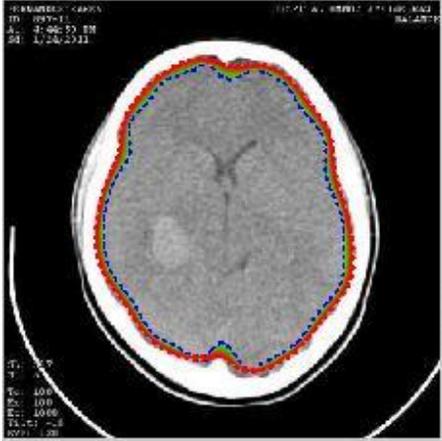
				
FP	FN	FPR	FNR	Error
471	3699	0,008883272	0,04993992	0.05882319

Contorno inicial		Resultado de la segmentación		
				
FP	FN	FPR	FNR	Error
641	1884	0,008250953	0,0378617346	0.0461126864

Selección de algoritmos del estado del arte para la segmentación de imágenes de tomografía computarizada en la cabeza.

Anexos

Contorno inicial		Resultado de la segmentación		
				
FP	FN	FPR	FNR	Error
1326	330	0,0123540759	0,0158417746	0.02819585

Contorno inicial		Resultado de la segmentación		
				
FP	FN	FPR	FNR	Error
155	2788	0,00184468913	0,06473935	0.0665840358