



**Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey**

**Reporte Final**

# **Reto: Evaluación Cuantitativa de Imágenes del Cerebro**

**BI2009B. Procesamiento de imágenes médicas para el diagnóstico**

**Grupo: 201**

<b>NOMBRE</b>	<b>MATRÍCULA</b>
Esther Aimeé Delgado Jiménez	A00827948
Alejandro Villalobos Zepeda	A01023762
Luis Orlando Santos Cruz	A00827603
Valentina Maldonado Gonzalez	A00827929
Andrea Cristina Cavero Arrivasplata	A01759770

**Equipo: 3**

**Profesor: Dr. Jose Tamez.**

## **Introducción**

La radiología es una gran herramienta que se ha desarrollado a lo largo de los años con la finalidad de realizar diagnósticos a partir de imágenes, que cada vez se ha hecho más fácil de obtener y procesar por los grandes avances de la tecnología. Esto nos permite valorar y diagnosticar patologías por todo el cuerpo. [1]

En este trabajo se estará trabajando con análisis cerebrales con la finalidad de entender conceptos básicos y generalidades del procesamiento de imágenes. Mediante la evaluación radiológica de las imágenes del cerebro, tiene gran importancia para los diagnósticos y en el monitoreo de tratamientos. [2] Usualmente esta evaluación es subjetiva y es realizada por expertos radiólogos que llevan años de entrenamiento.

Actualmente se han desarrollado diversos softwares que permiten una evaluación más objetiva, pero no se ha documentado de forma efectiva su desempeño. Tomando esto en cuenta, la finalidad de este proyecto es comparar las características y resultados de dos softwares al momento de realizar la segmentación de regiones estructurales del cerebro humano.

## **Objetivos**

- Evaluar objetivamente el desempeño de softwares de uso libre de análisis del cerebro con el fin de comparar sus limitaciones y alcances para la evaluación cuantitativa de regiones estructurales del cerebro humano
- Objetivo colaborativo: Los alumnos estudiarán en conjunto los diferentes software de análisis de cerebro y reportar su desempeño de forma objetiva.
- Criterio de éxito: Desarrollo de un reporte final donde se compara el desempeño del software.

## **Marco Teórico**

### *Freesurfer*

FreeSurfer es un paquete de código abierto para el análisis y la visualización de datos de neuroimagen estructural, funcional y de difusión de estudios transversales y longitudinales. Es desarrollado por el Laboratorio de Neuroimagen Computacional del Centro Athinoula A. Martinos de Imagen Biomédica.[3]

Freesurfer permite el flujo de procesamiento completo para datos de imágenes de RM que implica extracción de cráneo, corrección de campo de sesgo, registro y segmentación anatómica, así como reconstrucción, registro y parcelación de la superficie cortical.[3]

### *FSL*

FMRI Software Library (FSL) es una biblioteca integral de herramientas de análisis para datos de imágenes cerebrales FMRI, MRI y DTI. FSL está escrito principalmente por miembros del Grupo de Análisis, FMRI, Oxford, Reino Unido. FSL se ejecuta en Mac

Linux y Windows. La mayoría de las herramientas se pueden ejecutar desde la línea de comandos y como GUI.

### *Segmentación de MRI*

La segmentación de Imágenes de Resonancia Magnética es el análisis de la separación de unidades naturales, tejidos normales tales como la sustancia gris, sustancia blanca, fluido cerebroespinal y posibles tejidos patológicos como tumores, edema, etc.[5] Las IRM son una herramienta de diagnóstico estándar, que posee características multidimensionales, y cuenta con distintas modalidades para generar las imágenes (T1, T2, DP). La segmentación resulta esencial en aplicaciones como: extracción de características anatómicas, medición volumétrica, visualización 3D, compresión de datos, planeamiento de radioterapia y planeamiento de cirugía. [5]

### *La materia gris y blanca*

La materia blanca se encuentra localizada y distribuida en el interior de la corteza cerebral, mientras que en el exterior de esta se ubica la materia gris. La sustancia gris está compuesta de los cuerpos de las células nerviosas, y la sustancia blanca se constituye por sus fibras. [4] La sustancia gris ocupa 40% del cerebro, mientras que la sustancia blanca ocupa el 60% del cerebro. La sustancia gris tiene un color gris debido a los núcleos grises de las células y la sustancia blanca tiene su color debido a la mielina. El procesamiento de la información se realiza en la materia gris, mientras que la materia blanca permite la comunicación entre las distintas zonas de la materia gris, y entre la materia gris y las otras partes del cuerpo. [4]

### *Coeficiente DICE*

El coeficiente de similitud de DICE es un índice de superposición espacial y una métrica de validación de reproducibilidad, también conocida como la proporción de concordancia específica.[4] El valor de un DSC varía de 0, lo que indica que no hay superposición espacial entre dos conjuntos de resultados de segmentación binaria, a 1, lo que demuestra una superposición completa. El coeficiente de similitud de DICE se adoptó para validar la segmentación de lesiones de sustancia blanca en resonancias magnéticas. [6]

## **Metodología**

Este reporte fue realizado durante diez semanas del curso, en donde se dividió en dos bloques de cinco semanas. La primera parte del curso se basó en la instalación de dos de los softwares los cuales fueron la base para el procesamiento de las imágenes y la segmentación de cada una de ellas.

A partir de iniciar el segundo bloque, nos enfocamos en cuatro etapas, las cuales se dividieron de la siguiente manera:

1. Etapa I
  - Definición de softwares a evaluar (Free Surfer y FSL)
  - Cada equipo asigna al menos un miembro del equipo para:
    - Instalación del software
    - Verificar la correcta instalación y funcionamiento
2. Etapa II

- Dividirse en forma equitativa las siguientes categorías para una buena colaboración entre el equipo:
  - Planeación de Experimentos
  - Documentación de las pruebas
  - Elaboración del reporte por herramienta de software
    1. Cada grupo estudiará a detalle las especificaciones de los diversos softwares y se discutirán sus dudas sobre las características del software.
    2. Categorizar cada software sobre cuál sería su uso más apropiado en base a costo-funcionalidad.
- 3. Etapa III
  - Los equipos discutirán:
    1. Diferencias en las metodologías de análisis
    2. Que software fue el mejor:
      - a. Tiempo
      - b. Facilidad de uso
      - c. Precisión de resultados
- 4. Etapa IV
  - Presentar en el salón de clases sus resultados

### Resultados y discusión

A continuación se muestran los resultados obtenidos, los cuales ayudarán a comparar el funcionamiento de ambos softwares, con la finalidad de escoger cuál de los dos es mejor tanto en desempeño, facilidad de uso, tiempo o rapidez en procesamiento y precisión de los resultados.

Antes de entrar en las simulaciones hechas, debemos de entender un poco de los Atlas que usan estos softwares, los cuales facilitan el procesamiento de las imágenes del cerebro gracias a los algoritmos anteriormente ya integrados a estos softwares.

Free Surfer: Lista de Atlas	Descripción
1. Desikan-Killiany	Es un atlas basado en giros: es decir, un giro se define como un recorrido entre los fondos de dos surcos adyacentes. Es decir, una circunvolución incluye la parte visible en la vista pial + los bancos adyacentes de los surcos que limitan esta circunvolución. [7]
2. Destriux	Se basa en un esquema de parcelación que primero divide la corteza en regiones de giros y surcos, estando el límite entre ambos dado por el valor de curvatura de la superficie. Una circunvolución solo incluye la corteza visible en la vista pial, la corteza oculta (bancos de surcos) está marcada como surco. [7]
3. DKT 40	DKT 40 o mejor conocido como Mindboggle, toma datos de resonancia magnética preprocesados ponderados en T1 y genera datos de volumen, superficie y tabulares que contienen información de etiquetas, características y formas para un análisis más detallado.


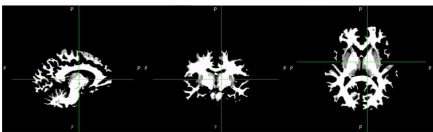
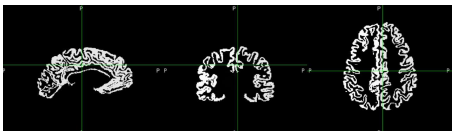
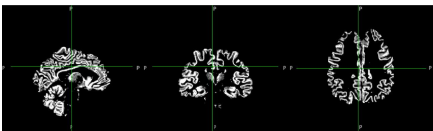
	Mindboggle se puede ejecutar en la línea de comandos como "mindboggle" y también existe como un contenedor Docker multiplataforma para mayor comodidad y reproducibilidad de los resultados. [7]
--	--

**Tabla 1.** Descripción del atlas en software Free Surfer

FSL: Lista de Atlas	Descripción
1. Harvard-Oxford Subcortical Structural Atlas	T1-weighted images of 21 healthy male and 16 healthy female subjects (ages 18-50) were individually segmented by the CMA using semi-automated tools developed in-house. The T1-weighted images were affine-registered to MNI152 space using FLIRT (FSL), and the transforms then applied to the individual labels. Finally, these were combined across subjects to form population probability maps for each label. [8]
2. Jülich histological (cyto- and myelo-architectonic) atlas	The atlas contains 52 gray matter structures and 10 white matter structures. This is an update to the data used in Eickhoff's Anatomy Toolbox v1.5. The atlas is based on the microscopic and quantitative histological examination of ten human post-mortem brains. The histological volumes of these brains were 3D reconstructed and spatially normalized into the space of the MNI single subject template to create a probabilistic map of each area. For the FSL version of this atlas, these probabilistic maps were then linearly transformed into MNI152 space. [8]
3. JHU DTI-based white-matter atlas	In the JHU white-matter tractography atlas, 20 structures were identified probabilistically by averaging the results of running deterministic tractography on 28 normal subjects (mean age 29, M:17, F:11). [8]

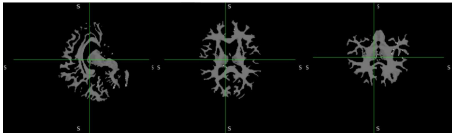
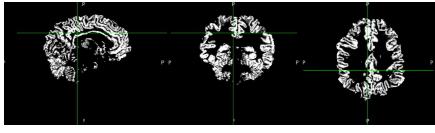

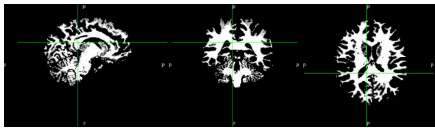
**Tabla 2.** Descripción del atlas en software FSL

Una vez ya realizadas las simulaciones y las segmentaciones para cada software, se compararon mediante tablas, las principales diferencias en aspectos con la finalidad de tomar la decisión que software es mejor al momento de realizar análisis cerebrales con ayuda del procesamiento de imágenes.

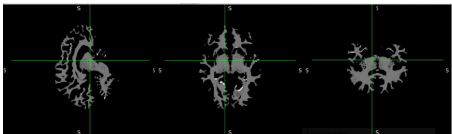
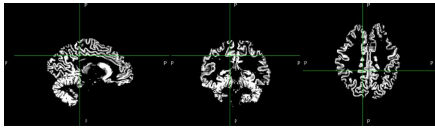
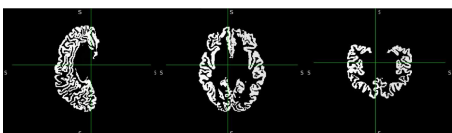
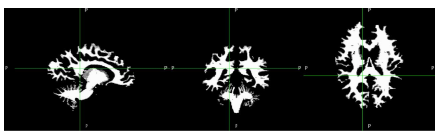
Segmentaciones	Free Surfer	FSL
Materia blanca		
Materia gris		

**Tabla 3.** Tabla comparativa de segmentación entre Softwares sujeto 101 (Free Surfer y FSL)

Segmentaciones	Free Surfer	FSL
----------------	-------------	-----

Materia blanca		
Materia gris		

**Tabla 3.** Tabla comparativa de segmentación entre Softwares sujeto 108 (Free Surfer y FSL)

Segmentaciones	Free Surfer	FSL
Materia blanca		
Materia gris		

**Tabla 3.** Tabla comparativa de segmentación entre Softwares sujeto 109 (Free Surfer y FSL)

Características	Free Surfer	FSL
Espacio de Almacenamiento	240 Mb	73.1 Mb
Archivos	3 directorios 8 subcarpetas	12 archivos
Tiempo o rapidez en procesamiento	4-5 hrs	10-15 min
Precisión de los resultados	Más preciso	Menos preciso
Vista ortogonal 2D	Sí	No
Representaciones 3D	Si *Necesita de Slicer 3.4	Sí

**Tabla 3.** Tabla comparativa desempeño entre Softwares (Free Surfer y FSL)

## Conclusiones

Como conclusión de este trabajo podemos decir que comprendimos la relevancia que tiene la integración del deep learning y machine learning dentro del contexto del diagnóstico médico y de la interpretación de las imágenes. Consideramos que la segmentación de

imágenes médicas tiene mucho futuro dentro de la medicina y por eso es relevante continuar con el estudio de este tipo de softwares.

Dentro de ese mismo contexto es relevante concluir que cada uno de los procesos de segmentación que se realizaron tienen diferentes procesos a realizar. Esto es porque cada uno de los softwares utilizan diferentes tipos de algoritmos para realizar la segmentación. Esto mismo hace que la especificidad y exactitud de la segmentación realizada por los softwares sea diferente, y ahí es donde encontramos la importancia de realizar diferentes pruebas estadísticas que nos ayuden a entender la calidad de las segmentaciones realizadas.

A partir de esto desarrollamos diferentes pruebas estadísticas que son reconocidas dentro de la comunidad científica y que por esto mismo tienen una validez que puede ser sostenida con los mismos resultados estadísticos. Con todo esto logramos concluir que la realización de pruebas que respalden los resultados obtenidos de cada segmentación es de suma importancia para poder asumir que las segmentaciones pueden ser utilizadas en un contexto médico en donde partir de ellas se da un diagnóstico. Esto mismo nos hace concluir que la realización de más y mejores pruebas estadísticas, comparándolas con diagnósticos hechos por radiólogos especialistas le agregaron mucha más validez al trabajo y sería una muy buena área de oportunidad para continuar con el trabajo.

Finalmente, específicamente hablando del trabajo realizado, podemos concluir que el mejor software de segmentación en este caso fue el de FreeSurfer. Este software fue el que mostró mejores resultados en la prueba DICE, además de que tiene una buena facilidad de uso y un tiempo relativamente bajo de uso. Podemos concluir que los resultados son mejores debido a que FreeSurfer utiliza diferentes atlas para poder comparar y realizar la segmentación dentro del propio algoritmo de segmentación lo que la hace más precisa y más específica.

### **Contribución de cada miembro de equipo en la ejecución de este proyecto**

- ***Esther Aimeé Delgado Jiménez - A00827948:*** Hice la presentación final, descarga de FreeSurfer, investigación DICE y realización de metodología.
- ***Alejandro Villalobos Zepeda - A01023762:*** Conclusiones del trabajo, revisión de cada uno de los softwares, intento de descarga de MRTrix, investigación de características, aportes a la presentación final
- ***Luis Orlando Santos Cruz - A00827603:*** Realicé introducción, descarga de FreeSurfer, objetivos y resultados del reporte final del reto.
- ***Valentina Maldonado Gonzalez - A00827929:*** Marco teórico y referencias
- ***Andrea Cristina Cavero Arrivasplata - A01759770:*** Segmentación en FSL, evaluación DICE y anexos.

## Referencias

- [1] Meza, A. (2020). Semiología radiológica en patología cerebral de emergencia. Recuperado 6 de mayo de 2022, de [http://www.scielo.org.pe/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S2308-05312020000100130](http://www.scielo.org.pe/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2308-05312020000100130)
- [1] Raudales, I. (2014). IMÁGENES DIAGNÓSTICAS: CONCEPTOS Y GENERALIDADES. Recuperado 6 de mayo de 2022, de <http://www.bvs.hn/RFCM/pdf/2014/pdf/RFCMVol11-1-2014-6.pdf>
- [3]Freesurfer. (s. f.). Freesurfer. Recuperado 6 de mayo de 2022, de <https://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/>
- [4]Muñoz Collado, S. (2021, 15 septiembre). La sustancia blanca y la sustancia gris del cerebro: función y comparativa. PsicoActiva. Recuperado 6 de mayo de 2022, de <https://www.psicoactiva.com/blog/la-sustancia-blanca-la-sustancia-gris-del-cerebro-funcion-comparativa/#:~:text=El%20procesamiento%20de%20la%20informaci%C3%B3n,la%20sustancia%20blanca%20est%C3%A1%20mielinizada.>
- [5] Drozdowicz, B., Bernasconi, G., Reyes, M., Saba, F., & Simón, G. (2005). Segmentación semiautomática de imágenes de resonancia magnética, basada en redes neuronales artificiales. Ciencia, Docencia y Tecnología, 16(30), 117-155.
- [6] Zou, K. H., Warfield, S. K., Bharatha, A., Tempany, C. M., Kaus, M. R., Haker, S. J., Wells, W. M., 3rd, Jolesz, F. A., & Kikinis, R. (2004). Statistical validation of image segmentation quality based on a spatial overlap index. Academic radiology, 11(2), 178–189. [https://doi.org/10.1016/s1076-6332\(03\)00671-8](https://doi.org/10.1016/s1076-6332(03)00671-8)
- [7] Cordero, D. (2021). Cortical Parcellation. Recuperado 6 de mayo de 2022, de <https://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/fswiki/CorticalParcellation>
- [8] Webster, M. (2021). Templates and Atlases included with FSL. Recuperado 6 de mayo de 2022, de <https://fsl.fmrib.ox.ac.uk/fsl/fslwiki/Atlases>



## Anexos

### Anexo 1.- Código de MATLAB para calcular los coeficientes DICE

```
%% RETO - Segmentación
%% Cargando archivos
% FREE SURFER
%Subject 101
SegGrayFree101 = niftiread("grey-101-FSurfer.nii"); % Gray Matter
Segmentation
SegWhiteFree101 = niftiread("white-101-FSurfer.nii");% White
Matter Segmentation

%Subject 108
SegGrayFree108 = niftiread("grey-108-FSurfer.nii"); % Gray Matter
Segmentation
SegWhiteFree108 = niftiread("white-108-FSurfer.nii");% White
Matter Segmentation

%Subject 109
SegGrayFree109 = niftiread("grey-109-FSurfer.nii"); % Gray Matter
Segmentation
SegWhiteFree109 = niftiread("white-109-FSurfer.nii");% White
Matter Segmentation

%FSL
%Subject 101
SegGrayFSL101 = niftiread("sub-101_brain_pve_1.nii"); % Gray
Matter Segmentation
SegWhiteFSL101 = niftiread("sub-101_brain_pve_2.nii");% White
Matter Segmentation

%Subject 102
SegGrayFSL108 = niftiread("sub-108_brain_pve_1.nii"); % Gray
Matter Segmentation
SegWhiteFSL108 = niftiread("sub-108_brain_pve_2.nii");% White
Matter Segmentation

%Subject 103
SegGrayFSL109 = niftiread("sub-109_brain_pve_1.nii"); % Gray
Matter Segmentation
SegWhiteFSL109 = niftiread("sub-109_brain_pve_2.nii");% White
Matter Segmentation

%% Selección de labels
%Labels Free Surfer
    %Sujeto 101
    cwfree101 = SegWhiteFSL101 == 1;
```

```

cgfree101 = SegGrayFSL101 == 1;
    %Sujeto 108
cwfree108 = SegWhiteFSL108 == 1;
cgfree108 = SegGrayFSL108 == 1;
    %Sujeto 109
cwfree109 = SegWhiteFSL109 == 1;
cgfree109 = SegGrayFSL109 == 1;

%Labels FSL
    %Sujeto 101
cwfs1101 = SegWhiteFSL101 == 1;
cgfs1101 = SegGrayFSL101 == 1;
    %Sujeto 108
cwfs1108 = SegWhiteFSL108 == 1;
cgfs1108 = SegGrayFSL108 == 1;
    %Sujeto 109
cwfs1109 = SegWhiteFSL109 == 1;
cgfs1109 = SegGrayFSL109 == 1;

%% Evaluacion DICE
%Sujeto 101
diceResultWhite101 =
dice(flip(imrotate(cwfree101,-90),2),imrotate(cwfs1101,90));
diceResultGray101 =
dice(flip(imrotate(cgfree101,-90),2),imrotate(cgfs1101,90));

%Sujeto 108
diceResultWhite108 =
dice(flip(imrotate(cwfree108,-90),2),imrotate(cwfs1108,90));
diceResultGray108 =
dice(flip(imrotate(cgfree108,-90),2),imrotate(cgfs1108,90));

%Sujeto 109
diceResultWhite109 =
dice(flip(imrotate(cwfree109,-90),2),imrotate(cwfs1109,90));
diceResultGray109 =
dice(flip(imrotate(cgfree109,-90),2),imrotate(cgfs1109,90));

%% Graficar segmentaciones
%--Materia Gris
%Sujeto 101
figure(1); imshow(flip(imrotate(cgfree101(:, :, 138), -90), 2));
title('Free-Sujeto 101');
figure(2); imshow(imrotate(cgfs1101(:, :, 138), -90));
title('Fsl-Sujeto 101');

%Sujeto 108
figure(3);

```

```

imshow(flip(imrotate(cgfree108(:,:,138),-90),2));
title('Free-Sujeto 108');
figure(4);
imshow(imrotate(cgfs1108(:,:,138),90)); title('Fsl-Sujeto 108');

%Sujeto 109
figure(5);
imshow(flip(imrotate(cgfree109(:,:,138),-90),2));
title('Free-Sujeto 109');
figure(6);
imshow(imrotate(cgfs1109(:,:,138),-90)); title('Fsl-Sujeto 109');







%--Materia Blanca
%Sujeto 101
figure(7);
imshow(flip(imrotate(cgfree101(:,:,138),-90),2));
title('Free-Sujeto 101');
figure(8);
imshow(imrotate(cwfs1101(:,:,138),-90)); title('Fsl-Sujeto 101');

%Sujeto 108
figure(9);
imshow(flip(imrotate(cgfree108(:,:,138),-90),2));
title('Free-Sujeto 108');
figure(10);
imshow(imrotate(cgfs1108(:,:,138),-90)); title('Fsl-Sujeto 108');

%Sujeto 109
figure(11);
imshow(flip(imrotate(cgfree109(:,:,138),-90),2));
title('Free-Sujeto 109');
figure(12);
imshow(imrotate(cgfs1109(:,:,138),-90)); title('Fsl-Sujeto 109');

```

**Anexo 2 .- Coeficientes DICE de los pacientes 101, 108 y 109**

<b>Tipo de tejido</b>	<b>Paciente</b>	<b>DICE Coefficient</b>	<b>Variable en MATLAB</b>
Materia gris	Paciente 101	0.1927	 diceResultGray101 0.1927
	Paciente 108	0.2365	 diceResultGray108 0.2365
	Paciente 109	0.2145	 diceResultGray109 0.2145
Materia blanca	Paciente 101	0.4692	 diceResultWhite101 0.4692
	Paciente 108	0.3778	 diceResultWhite108 0.3778
	Paciente 109	0.3928	 diceResultWhite109 0.3928