

LAT_EX Entrega 3 - Miniproyecto 2

Juana Salazar , Leticia Vidales , John Acosta
 Estudiantes de Ingeniería Biomédica, Universidad de los Andes. *
 Bogotá, Colombia

I. INTRODUCCIÓN

Las imágenes obtenidas a partir de cada slice de los volúmenes generados mediante Resonancia Magnética (MRI) suelen presentar contrastes similares entre tejidos adyacentes. Esta característica dificulta considerablemente la segmentación precisa de órganos específicos, lo que representa un desafío para su análisis posterior. Por esta razón, resulta fundamental aplicar un adecuado preprocesamiento para mejorar el contraste de las imágenes con el fin de optimizar la segmentación. Asimismo, es fundamental seleccionar un algoritmo de segmentación que garantice obtener una delimitación precisa de las estructuras anatómicas deseadas.

Uno de los métodos más eficientes para la segmentación de imágenes es el algoritmo de *watershed*, el cual permite identificar y separar estructuras complejas [1]. Este algoritmo representa la imagen como una superficie topográfica de un terreno, donde cada píxel tiene una altura proporcional a su intensidad. A partir de esta representación, se simula un proceso de inundación que comienza en los puntos de menor intensidad (mínimos locales) y avanza hacia las zonas más altas. Cuando las “cuencas” se encuentran, se establecen fronteras que delimitan las distintas áreas de la imagen. Esta técnica es especialmente útil para separar regiones adyacentes con contrastes sutiles, mejorando así la segmentación de los órganos en imágenes de resonancia magnética [1].

Asimismo, este algoritmo de segmentación requiere de un conjunto inicial de semillas y a partir de estas semillas el algoritmo va extendiendo la inundación a los puntos vecinos que tengan propiedades similares de intensidad y textura. Generalmente, se suelen utilizar mínimos locales como semillas. Sin embargo, cuando las imágenes presentan mucho ruido o no son homogéneas, se genera un gran número de mínimos locales, lo que puede dar lugar a una sobresegmentación en pequeñas regiones. Para evitar este problema, se reemplazan los mínimos locales por marcadores más selectivos [2]. Para hacer que las semillas sean más precisas, se utilizan marcadores que permiten regular la sobresegmentación y estos son clasificados como adecuados o inadecuados según la predicción que se realice de acuerdo al algoritmo que se está implementando.

El presente informe tiene como objetivo implementar el algoritmo de segmentación *watershed* con el fin de evaluar su desempeño en la segmentación del hígado en imágenes obtenidas por MRI. Asimismo, se implementarán técnicas de preprocesamiento y posprocesamiento basadas en morfología matemática. El preprocesamiento tiene como objetivo mejorar el contraste entre los elementos presentes en las imágenes para facilitar una segmentación más precisa de nuestro modelo. Por otro lado, el posprocesamiento es utilizado para refinar

y mejorar los resultados obtenidos tras la segmentación.

Como métodos de segmentación, se utilizarán la clasificación de semillas, el elemento convexo más grande en 2D (*Vol2D_max_component*), elemento convexo más grande (*xvol_max_component*) y un método experimentado de watersheds y otsu. Finalmente, para evaluar y comparar la efectividad de los métodos de segmentación aplicados al hígado, se analizarán las mejoras en las métricas de evaluación utilizando el índice de Jaccard3D.

II. RESULTADOS

II-A. Watersheds

Para la segmentación y clasificación de volúmenes con watersheds una parte crucial son los marcadores, únicos de cada imagen que este algoritmo necesita para emocer a reconocer diferentes secciones. Para el caso de este proyecto reconocer si el voxel es hígado o no. Así, a continuación encontrarán tres diferentes procesos intentados para generar estos marcadores únicos para cada MRI.

II-A1. Watersheds sin marcadores: El primer intento se realizó utilizando la función watershed sin ingresar ningún marcador específico, lo que permitió que la función generara automáticamente las inundaciones. Los primeros resultados obtenidos se muestran en la figura 1. Se encontró que la cantidad de segmentos obtenidos fue de 107.440, lo cual indica una segmentación excesiva, dado que, en realidad, solo necesitamos que watershed divida la imagen en dos segmentos: uno que pertenezca al hígado y otro que no.



Figura 1. Comparación de la MRI original, la etiqueta que indica los píxeles que corresponden al hígado en ese corte, y la segmentación obtenida mediante watershed sin marcadores específicos para los datos de entrenamiento.

Es importante destacar que, al comparar esta segmentación con la del hígado (lo que debería dar), observamos que la inundación confunde partes del hígado, reconociéndolas como componentes distintos. Esto muestra que el método no solo sobresegmenta, sino que también visualmente no identifica correctamente el órgano de interés.

II-A2. Watersheds con h_{minima} para marcadores: Para mejorar la segmentación, utilizamos la función h_{minima} de la librería skimage para identificar los mínimos relevantes y reducir la sobresegmentación. Como parte del proceso, se utilizó h_{minima} y luego la función label para convertir estos mínimos en marcadores, los cuales se observan en la figura 2. Para comparar los resultados obtenidos sin marcadores y con los generados por h_{minima} , se presenta en la figura 3 una comparación entre las últimas dos columnas del watershed: sin marcadores y con los generados con h_{minima} . Además, se calculó el número de segmentos, encontrando que ahora se presentan 53, lo que muestra una reducción significativa en la sobresegmentación. Aunque hemos avanzado, aún necesitamos reducir más esta sobresegmentación.



Figura 2. Marcadores obtenidos con la función label a partir de los mínimos generados por h_{minima} .

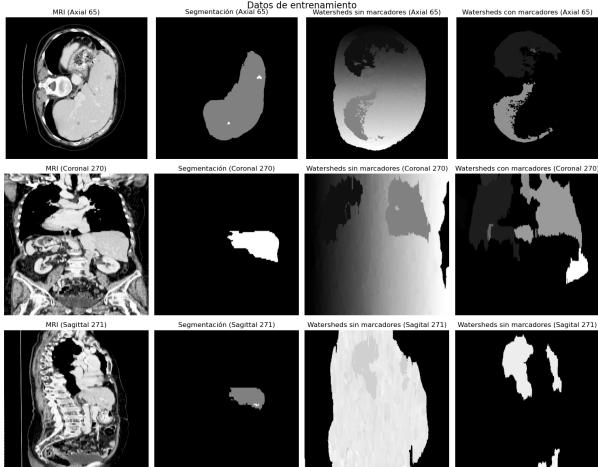


Figura 3. Comparación de la MRI original, la etiqueta que indica los píxeles que corresponden al hígado en ese corte, y las segmentaciones obtenidas mediante watershed, con y sin los marcadores generados con h_{minima} para los datos de entrenamiento.

Al comparar este watershed con el obtenido sin marcadores, observamos que, aunque se presenta una menor segmentación, el hígado sigue estando confundido, lo que indica que no

hemos logrado una identificación precisa del órgano, a pesar de la reducción en el número de segmentos.

II-A3. Watersheds con metodo propuesto para marcadores: Dado que los métodos utilizados hasta ahora no han sido completamente eficientes, se propone entrenar un modelo capaz de establecer los marcadores que permitan la mejor segmentación del hígado mediante watershed. Para ello, contamos con una base de datos de entrenamiento, validación y prueba. La metodología se centró en encontrar el gradiente morfológico, los * h_{minima} * y una segmentación a priori, que en principio no es la mejor, pero presenta más falsos positivos que falsos negativos. Esto significa que, para esta segmentación a priori o preliminar, es preferible una alta cobertura en contraste de una alta precisión, para asegurar que la mayoría de las estructuras de interés están incluidas en la selección de semillas. Esto es a su vez crucial porque las regiones verdaderas que faltan pueden ser difíciles de recuperar en el post procesamiento. No obstante, una alta precisión reduciría los falsos positivos, lo cual también aumenta el riesgo de omitir regiones importantes que deberían segmentarse. Aun así, es crucial tomar una decisión que sopesen los riesgos pensando en nuestro objetivo. A. S. Panayides argumenta que imágenes médicas a menudo es mejor incluir regiones adicionales y filtrar los falsos positivos más tarde que arriesgarse a pasar por alto regiones verdaderamente positivas[3]. Pues si se omiten demasiadas regiones durante la selección inicial de las semillas, es posible que no se segmenten correctamente estructuras anatómicas importantes, lo que daría lugar a resultados generales deficientes[3].

Posteriormente, se aislaron los vértices que pertenecen tanto a la h_{minima} como a la segmentación a priori, denominándolos "semillas". Estos píxeles aislados, o "semillas" como nos referiremos a ellos de ahora en adelante, pasaron luego por un proceso de clasificación. En este proceso, se utilizaron los histogramas de los vecinos más cercanos para clasificar si un vértice pertenece o no al hígado, basándose en las intensidades de estos vecinos. Este enfoque permite clasificar de manera más precisa el hígado, ya que las intensidades de los vecinos son características importantes para diferenciarlo de otros tejidos.

Los resultados de esta forma de encontrar los marcadores para watershed se observan en la figura 4, donde se muestran las semillas clasificadas como hígado o no hígado. Los puntos azules fueron identificados como "no hígado" y los puntos rojos como "hígado".

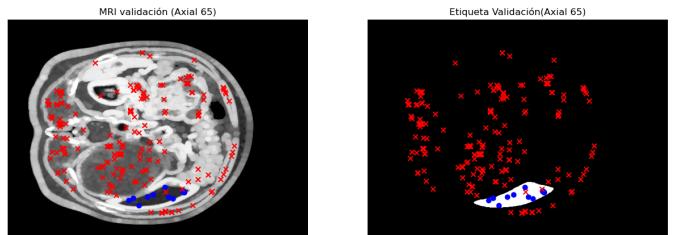


Figura 4. Semillas encontradas y clasificadas, donde las cruces azules no corresponden al hígado y los puntos rojos sí corresponden al hígado, sobre el gradiente morfológico del corte axial 65 del conjunto de datos de validación.

Respecto a estas primeras semillas que utilizaremos como marcadores, observamos que esta estrategia para elegir las semillas es realmente eficiente para identificar el hígado, ya que no presenta falsos positivos, aunque sí algunos falsos negativos. A continuación, se realiza el watershed utilizando estas semillas clasificadas como marcadores, obteniendo los resultados mostrados en la figura 5. En esta figura, se comparan la imagen de resonancia magnética (MRI) original de validación, la segmentación ideal (que debería representar el hígado) y la segmentación obtenida con el método propuesto. Además, se calculó el número de segmentos, encontrando únicamente 2, lo cual es un resultado esperado, ya que el objetivo inicial es segmentar la imagen en dos áreas: hígado y no hígado.

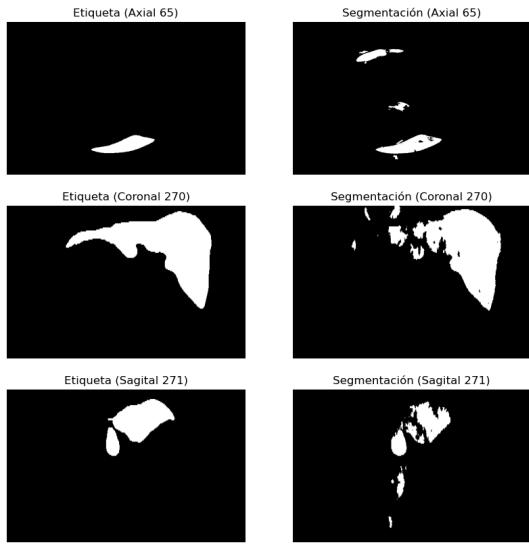


Figura 5. Comparación de la MRI original, la etiqueta que indica los píxeles que corresponden al hígado en ese corte, y la segmentación obtenida mediante watershed utilizando las semillas clasificadas como marcadores específicos para los datos de validación.

En términos de segmentación, como primer acercamiento visual, el método parece ser bastante bueno, con algunas secciones no reconocidas como hígado y algunos falsos positivos. Sin embargo, la forma general de la segmentación es similar a la esperada. No obstante, para poder hablar con mayor certeza sobre la eficiencia del método propuesto, se calculó el índice de Jaccard. Obteniendo un Jaccard de **0.618**, permitiendo confirmar la eficiencia preliminar del modelo ante los datos de validacion.

II-A4. Limitaciones y Alternativa: La principal limitacion del método actual de clasificación de semillas es su sensibilidad al ruido. Es decir, pequeñas variaciones en la intensidad pueden conducir a una clasificación incorrecta de las semillas, ya sea añadiendo falsos positivos innecesarios o pasando por alto regiones de segmentación válidas. Además, el método depende en gran medida de parámetros fijos del histograma, como el número de bins, que en nuestro caso fue 20, al igual que puede no ser óptimo para todos los conjuntos de datos. Esta falta de adaptabilidad puede dar lugar a clasificaciones inexactas.

Otra limitación es la sobresegmentación debida a un exceso de semillas, que da lugar a objetos fragmentados que requieren un tratamiento posterior. Del mismo modo, puede producirse una infrasegmentación si el tamaño de vecindad elegido es demasiado grande o demasiado pequeño, lo que no permite capturar las distribuciones de intensidad relevantes. Además, el método se basa en umbrales predefinidos y en una toma de decisiones heurística, lo que hace que sea menos generalizable a distintos conjuntos de datos.

Por estas limitaciones, se propone realizar, como alternativa, una siembra basada en superpíxeles. La cual se realiza iniciando con el uso de SLIC (Simple Linear Iterative Clustering) para crear una sobresegmentación inicial y, a continuación, aplicar watershed a nivel de superpíxel en lugar de vértices individuales [4]. Asimismo, como señala y discute Jinyu Cong [5], esto puede mejorar tanto la eficacia como la precisión al reducir el ruido en la colocación de las semillas.

En este sentido, Un enfoque más avanzado es utilizar el aprendizaje automático para la selección de semillas, donde un clasificador se entrena para predecir mejores ubicaciones de semillas basadas en características como la intensidad, la textura y la forma [6]. Por consiguiente, este método ayudaría a evitar la dependencia de umbrales estrictos y vecindarios predefinidos, haciendo que la segmentación sea más robusta en diferentes conjuntos de datos.

II-B. Validación y prueba

II-B1. Experimentación: Se realizó un preprocesamiento generalizado para todos los volúmenes. Posteriormente se realizaron segmentaciones con los algoritmos de: Elemento convexo más grande, elemento convexo más grande en 2D, clasificación de semillas y watersheds y otsu. Posteriormente se realizó un método de posprocesamiento generalizado, en donde se evidencia la mejora en el índice de jaccard para algunos métodos de segmentación pero el empeoramiento para otros. Los resultados obtenidos se evidencian en la tabla 1 y en la figura 6.

Tabla 1. Índices de Jaccard3D obtenidos para cada uno de experimentos realizados antes y después del posprocesamiento.

	Antes de posprocesamiento	Después de posprocesamiento
Elemento convexo más grande	0.3617	0.2196
Elemento convexo más grande en 2D	0.6615	0.6911
Clasificación de semillas	0.6179	0.6409
Watersheds y otsu	0.3618	0.3618

Nuestra validacion combina múltiples técnicas para maximizar la precisión de la segmentación, aprovechando un método híbrido que integra clasificación de semillas, umbralización de otsu con watershed del elemento convexo más grande 2d y segmentación por clasificación de semillas. El objetivo es garantizar la robustez manteniendo un alto rendimiento y evitando un exceso de falsos positivos o negativos. En la fase de preprocesamiento se aplican operaciones morfológicas de erosión y dilatación utilizando un elemento estructurante 3D con forma elipsoidal de $7 \times 5 \times 5$ hecho a medida para la

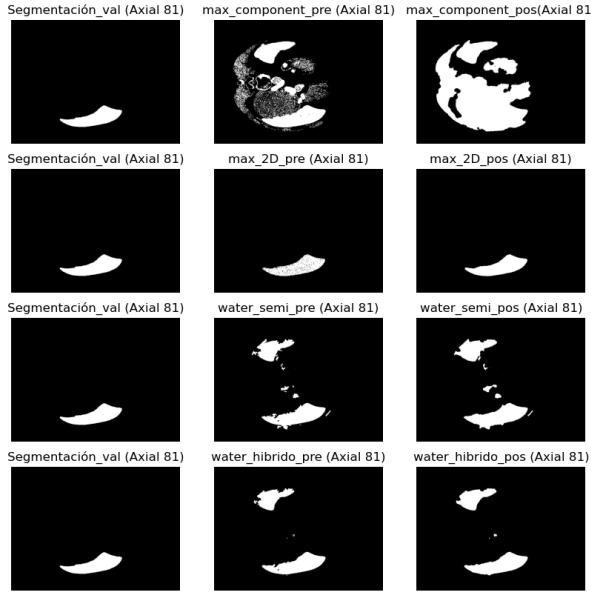


Figura 6. Segmentación obtenida después del posprocesamiento para cada método de segmentación

segmentación hepática. El objetivo es eliminar los pequeños componentes de ruido conservando las estructuras significativas. Además, calculamos un gradiente morfológico que ayuda a resaltar los límites de los objetos. Ahora bien, volmaxcomponent segmenta utilizando el umbral de intensidad seguido del análisis de componentes conectados. Es eficaz cuando la intensidad del objeto se distingue del fondo. Asimismo, Vol2Dmaxcomponent aplica el umbral corte a corte en lugar de 3D, lo que mejora la adaptabilidad a las variaciones locales de intensidad. Igualmente, segmentación basada en semillas usa un watershed en características basadas en histogramas para determinar la probabilidad de que un voxel pertenezca al objeto. Esto permite un enfoque basado en datos en lugar de basarse únicamente en la intensidad. Por último, en waterhibrido primero se refina los puntos semilla utilizando el umbral de Otsu para crear una máscara binaria inicial. A continuación, se extrae el componente conectado más grande para asegurarnos de que sólo se tiene en cuenta el objeto principal. Por último, utilizamos el gradiente morfológico como entrada para el algoritmo de cuenca.

II-B2. Método implementado: Para el método de segmentación final, seleccionamos Vol2Dmaxcomponent como algoritmo principal debido a su rendimiento superior en la segmentación de imágenes médicas, como demuestra su índice de Jaccard de 0,691 tras el preprocesamiento y postprocesamiento. Se eligió este método porque extrae eficientemente el componente conectado más grande en cada corte 2D, asegurando que los pequeños artefactos y el ruido no interfieran con los resultados de la segmentación. Antes de la segmentación, se aplicó un paso de preprocesamiento para mejorar la calidad de las imágenes. Para ello se realizaron operaciones morfológicas, como la erosión y la dilatación, utilizando un elemento estructurador 3D personalizado diseñado para ajustarse a la forma anatómica del hígado. El método Vol2Dmaxcomponent se utilizó para segmentar el hígado a partir de las imágenes

médicas. Este método aplica una operación de umbralización para identificar las regiones relevantes, seguida de un análisis de componentes conectados para extraer la estructura más significativa corte a corte

Tras la segmentación, se aplicó un paso de posprocesamiento para mejorar aún más la calidad de los resultados. Para ello se utilizaron técnicas de relleno de agujeros para garantizar una segmentación completa y continua. Al igual que operaciones morfológicas finales para suavizar los límites y eliminar cualquier pequeño artefacto restante.

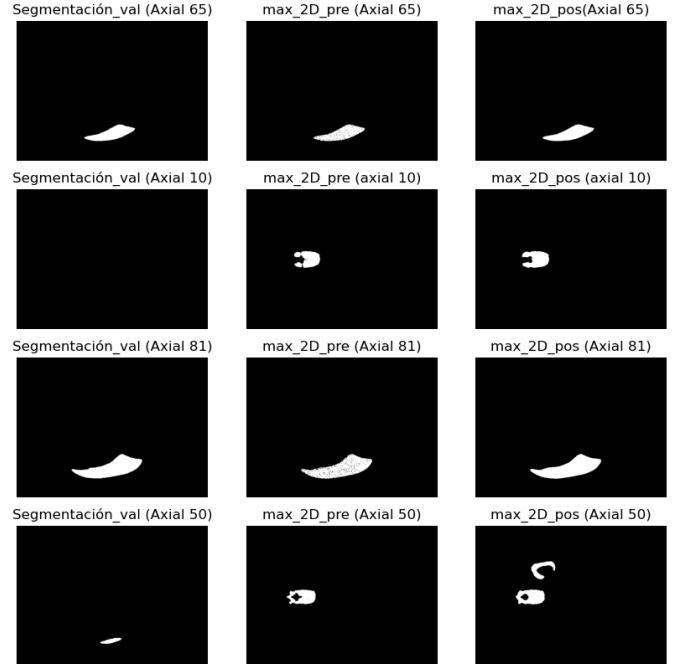


Figura 7. Método de segmentación seleccionado para diferentes slices.

II-B3. ¿Resultados congruentes?: Los resultados fueron congruentes con los realizados en validación en algunos slices pero no en todos. Por ejemplo, la imagen axial 10 y axial 50 de la figura no concuerdan con la segmentación de validación. Sin embargo, para los slices 65 y 81 si se presenta una mejora significativa. Esto se debe a que los slices 10 y 50 presentan secciones del hígado nulas o muy pequeñas y el algoritmo busca la figura con máximo volumen, por ende, tiende a fallar en estas segmentaciones. En cuanto a los resultados obtenidos en entrenamiento se evidenció que el watershed dio resultados satisfactorios pero no fue lo suficientemente bueno en comparación del método de elemento convexo más grande 2D. El método de segmentación de semillas fue el segundo con mejor índice de Jaccard.

II-B4. Problemas en resultados cualitativos: Se puede evidenciar que el método de posprocesamiento no puede ser generalizado para todos los métodos de segmentación, debido que suele mejorar algunos índices de Jaccard3D pero empeorar otros. Se resalta que cada método realiza una segmentación diferente, por ejemplo, en la figura 6 se evidencia que el método de elemento convexo más grande necesita la eliminación de elementos pequeños, probablemente con una erosión. Sin

embargo, si esto fuese realizado para el elemento convexo más grande 2D sería un empeoramiento en el índice debido a que eliminaría la segmentación realizada.

II-B5. Mejora del método implementado: Una mejora importante es la ecualización adaptativa del histograma con limitación de contraste (CLAHE), que mejora el contraste local y la visibilidad de los órganos [cita]. Esto resulta especialmente útil en las imágenes médicas, donde las sutiles diferencias de intensidad son esenciales para una segmentación precisa. Además, la aplicación de un filtro gaussiano reduce el ruido al tiempo que preserva los bordes importantes, lo que hace que el proceso de segmentación sea más robusto. Ahora bien, una vez completada la segmentación, el postprocesado garantiza un resultado más limpio y preciso eliminando pequeños artefactos, llenando huecos y refinando bordes. Una mejora clave es el uso del relleno binario de huecos para cerrar pequeñas brechas en la segmentación. Este paso evita la pérdida de regiones importantes dentro del órgano. Por último, Además, la aplicación de `removesmallobjects()` ayuda a eliminar los falsos positivos filtrando los componentes pequeños y desconectados que pueden haberse incluido por error en la segmentación. Esta función garantiza que sólo permanezcan las estructuras más grandes y relevantes, mejorando así la especificidad de la segmentación.

III. CONCLUSIONES

El método de *watersheds* evidencia una sobresegmentación cuando se utilizaban únicamente las semillas impuestas por los mínimos locales. Al incorporar el uso de marcadores, la sobresegmentación mejoraba pero aún no lograba una segmentación óptima, pues aún presentaba sobresegmentación aunque en un nivel más bajo. El método de *watersheds* combinando con la predicción de marcadores demostró ser el más efectivo, ya que permitió obtener únicamente dos segmentos, el correspondiente al órgano que se quiere segmentar (demarcado en blanco), y el que representar el resto de la imagen (demarcado de negro), es decir, todo lo que no es hígado.

Por otro lado, al aplicar los tres algoritmos de segmentación a los diferentes slices del volumen obtenido mediante MRI, después de realizar el preprocesamiento, se pudo evidenciar que el posprocesamiento no era aplicable de forma generalizada. Cada método de segmentación presentó resultados distintos y, por lo tanto, el posprocesamiento necesario variaba según este. Sin embargo, solamente se aplicó un método de posprocesamiento de manera generalizada para optimizar el código, el cual mejoró significativamente el método con mejor métrica antes del posprocesamiento. Estas mejoras se reflejaron en un aumento de la métrica de evaluación del índice de Jaccard en 3D. Aunque la segmentación final aún presenta algunos problemas, como la identificación errónea de píxeles que pertenecen o no al hígado, se logró una mejora significativa en comparación con los resultados iniciales.

La segmentación precisa de órgano, como el hígado, permite la incorporación de técnicas computacionales avanzadas como herramientas automatizadas que pueden apoyar a los médicos en la interpretación de imágenes médicas. A partir de los resultados positivos obtenidos con la automatización en la lectura

de MRI, se puede prever que, a largo plazo, surgirán sistemas capaces de ofrecer descripciones detalladas de las imágenes, lo que servirá como un primer paso en el diagnóstico diferencial y brindará apoyo a los profesionales de la salud en la toma de decisiones.

REFERENCIAS

- [1] P. Maragos, “4.16 - PDEs for Morphological Scale Spaces and Eikonal Applications,” ScienceDirect, Jan. 01, 2005. <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/B978012119792650098X>
- [2] Palomino, and L. P. Concepción, “Watershed: un algoritmo eficiente y flexible para segmentación de imágenes de geles 2DE,” Revista de investigación de Sistemas e Informática, vol. 7, no. 2, pp. 36–41, 2010.
- [3] A. S. Panayides et al., “AI in Medical Imaging Informatics: Current Challenges and Future Directions,” IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics, vol. 24, no. 7, pp. 1837–1857, May 2020, doi: 10.1109/jbhi.2020.2991043.
- [4] M. Angulakshmi and G. G. L. Priya, “Walsh Hadamard Transform for simple linear iterative clustering (SLIC) superpixel based spectral clustering of multimodal MRI brain tumor segmentation,” IRBM, vol. 40, no. 5, pp. 253–262, May 2019, doi: 10.1016/j.irbm.2019.04.005.
- [5] J. Cong, B. Wei, Y. Yin, X. Xi, and Y. Zheng, “Performance evaluation of simple linear iterative clustering algorithm on medical image processing,” Bio-Medical Materials and Engineering, vol. 24, no. 6, pp. 3231–3238, Jan. 2014, doi: 10.3233/bme-141145.
- [6] C. Jin, L. Zhou, Y. Pu, C. Zhang, H. Qi, and Y. Zhao, “Application of deep learning for high-throughput phenotyping of seed: a review,” Artificial Intelligence Review, vol. 58, no. 3, Jan. 2025, doi: 10.1007/s10462-024-11079-5.

Realizado en *LATEX*