

Método de Segmentación Probabilístico de Cerebro Utilizando Imágenes MRI

Cristóbal Donoso
Dpto. Ciencias de la Computación
Facultad de Ingeniería
Universidad de Concepción, CHILE
Email: cridonoso@udec.cl

Pamela Guevara y Claudio Roman
Dpto. Ing. Biomedica
Facultad de Ingeniería
Universidad de Concepción, CHILE
Email: pguevara@udec.cl, clauroman@udec.cl

Abstract—El cerebro es una estructura anatómicamente difícil de segmentar. Para abordar este problema es necesario aplicar técnicas computacionales cuyo desempeño optimice el proceso. En el siguiente trabajo se presenta la aplicación de un método probabilístico que utiliza modelos ocultos de Markov para modelar espacialmente cada tejido en el cerebro.

https://github.com/cridonoso/tumor_detection

I. INTRODUCTION

La segmentación en imágenes es un problema difícil de resolver. Esto debido a la complejidad en la representación y estructura de los datos; por ejemplo dependencias espaciales. En particular, el cerebro es una estructura difícil de tratar debido a su anatomía.

Las imágenes de resonancia magnética (MRI) permiten capturar tridimensionalmente distintos tejidos del cerebro, sin embargo, segmentar cada parte puede ser bastante lento y depende del paciente - ya que el cerebro no es rígido y su forma varía considerablemente persona a persona. En este contexto, se hace necesario desarrollar técnicas

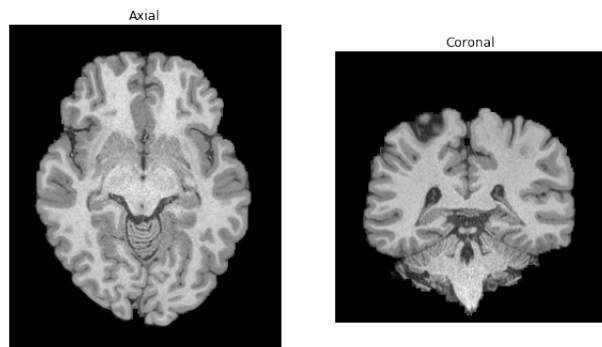


Fig. 1. Corte coronal y axial desde una imagen nifti cerebro completo

computacionales que realicen segmentación de tejidos cerebrales con el objetivo de optimizar el desempeño. Una buena alternativa, es abordar este problema desde un punto de vista probabilístico. A continuación, se revisará un método probabilístico de segmentación espacial. Luego se presentarán

los principales resultados del método sobre un conjunto de pacientes.

II. DESCRIPCIÓN DEL ALGORITMO

En este trabajo se aplicó un modelo estadístico de segmentación de cerebro. El modelo utiliza un ensamblaje de técnicas lo cual aumenta la efectividad de los objetivos esperados. En general, cuando queremos abordar el problema de segmentación nos encontramos con dos características fundamentales:

- 1) Basado en ciertas métricas, nuestro modelo debe agrupar términos semejantes asignándole una etiqueta de clase.
- 2) La distribución de un punto debe considerar información espacial. Por ejemplo, si estamos identificando tejidos en una imagen; dos tejidos pueden tener una intensidad semejante, sin embargo no forman parte de un mismo cuerpo.

En relación a estos dos puntos (Zhang et.al 2001) propone un modelo llamado Hidden Markov Random Field (HMRF), el cual desarrolla segmentación mediante un proceso estocástico haciendo uso de variables aleatorias ocultas. El algoritmo encuentra el grado de pertenencia de un pixel a una etiqueta mediante el cálculo del posterior. La distribución posterior consiste en el producto entre la verosimilitud (desde los datos) y el prior (conocimiento a priori del fenómeno)

$$\text{posterior} \propto \text{prior} \times \text{likelihood} \quad (1)$$

$$p^t(l|y_i) = \frac{g^t(y_i; \phi_l) p^t(l|x_{N_i})}{p(x)} \quad (2)$$

En específico estamos estimando la probabilidad de un píxel dada una etiqueta. El algoritmo, estocásticamente, mejora los parámetros del modelo en búsqueda de un óptimo que entregue una buena generalización del caso de estudio (segmentación). Este procedimiento se realiza por medio de modelos ocultos de Markov, el cual entrega secuencias de observaciones (Random fields).

$$p(y|x) = \prod_{i \in S} P(y_i|x_i) \quad (3)$$

Las secuencias establecen relaciones de condicionalidad entre variables aleatorias.

TABLE I
RESULTADOS COEFICIENTE DE SORENSSEN-DICE

Paciente	p_1	p_2	p_3	p_4	p_5
Completo	0.9325	0.9357	0.9260	0.9343	0.9312
Izquierdo	0.9585	0.9596	0.9493	0.9601	0.9563
Derecho	0.9571	0.9642	0.9517	0.9595	0.9574

Tabla 1: Tabla de resultados para el coeficiente de Sorensen-Dice entre las mascara del modelo (una por cada paciente) y la de referencia (una por cada paciente)

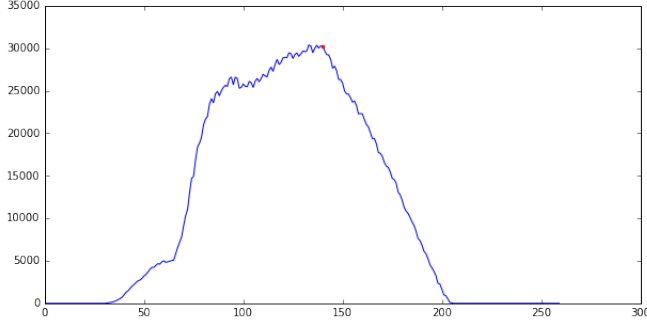


Fig. 2. Gráfico que muestra los puntos en común para cada par de slides (una para el modelo y otra de referencia)

La información espacial entre píxeles está considerada en la teoría de Random Fields. En particular, un pixel x_i se relaciona con otro x_j ssi este último pertenece a la vecindad de x_i . Una vecindad de x_i lo conforman todos los pixeles $x_{s-\{i\}}$, donde S es el conjunto de vecinos. Luego podemos determinar las probabilidades condicionales $P(x_i|x_{N_i})$ donde $N_i = S - i$. Este sistema puede ser multidimensional (en nuestro experimento utilizamos imágenes .nifti tridimensionales).

III. RESULTADOS

Para los experimentos se utilizaron muestras de 5 pacientes. De cada paciente teníamos la mascara correspondiente a la referencia de materia blanca y gris. Por cada mascara generada calculamos el coeficiente de Sorensen-Dice

$$s = \frac{2|X \cap Y|}{|X| + |Y|} \quad (4)$$

donde X e Y son la mascara generada por el modelo y la de referencia respectivamente. A continuación se muestran los resultados calculando el coeficiente para el cerebro completo y cada hemisferio; p_i corresponde al paciente i -ésimo.

Para buscar la mejor mascara, iteramos sobre todas las slides generadas por nuestro modelo probabilístico. A su vez, comparabamos la similitud de pixeles correspondientes con la mascara. El gráfico de la figura 1 muestra la cantidad de puntos coincidentes entre la slide del modelo y la de referencia. De esta manera buscamos la mejor mascara (véase la figure 2)

IV. CONCLUSIÓN

Los resultados calculados se acercan al óptimo (mascara de referencia). Es claro que el modelo logra ajustarse a los datos

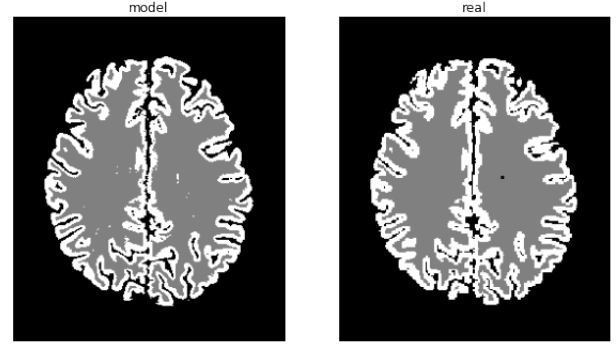


Fig. 3. [izquierda] imagen de la mascara generada por el modelo [derecha] imagen de referencia. Ambas mascaras muestran materia blanca y gris

entregando una distribución capaz de segmentar la imagen. No obstante, el tiempo que toma este algoritmo no es menor debido a la cantidad de operaciones que realiza. Para ello, es posible intentar con métodos más inteligentes que aprendan a segmentar desde la misma imagen sin necesidad de calcular estadísticos (por ej. una red neuronal convolucional).

REFERENCES

- [1] Zhang, Y., Brady, M., & Smith, S. (2001). Segmentation of brain MR images through a hidden Markov random field model and the expectation-maximization algorithm. IEEE transactions on medical imaging, 20(1), 45-57.
- [2] Avants, B. B., Tustison, N. J., Wu, J., Cook, P. A., & Gee, J. C. (2011). An open source multivariate framework for n-tissue segmentation with evaluation on public data. Neuroinformatics, 9(4), 381-400.