



Tecnológico de Monterrey

Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey

Procesamiento de Imágenes Médicas para el Diagnóstico (Grupo 101)

Avances del Reto: Semana 4

Profesor

Dr. José Gerardo Tamez Peña

Equipo CT:

Diego De La Barreda Martínez	A01197739
Alexa María de León Durán	A01382990
Juan Luis Flores Sánchez	A01383088
Azul Sofía Moctezuma Enríquez	A01562585

10 de marzo de 2023

Avances del Reto: Semana 4

1. Introducción

En este documento se realizará la evaluación de instalación de los softwares Freesurfer, FSL y MRtrix, para los sistemas operativos, Windows y MacOS, además de una documentación sobre el uso de Atlas en la segmentación de imágenes. Estos tres softwares son utilizados como herramientas de procesamiento de imágenes de resonancia magnética (MRI), con la finalidad de analizar datos de MRI y para obtener información detallada sobre la estructura y función del cerebro.

2. Marco teórico

2.1 Plan de Validación de la Instalación Correcta del Software

2.1.1 FreeSurfer (MacOs)

Con el fin de validar el adecuado funcionamiento del software de segmentación, FreeSurfer, fue necesario el desarrollo de un plan, descrito por pasos, en seguida:

- Comprobar que la instalación del paquete de software se realice correctamente utilizando en la Terminal, los comandos mostrados a continuación:

```
$FREESURFER_HOME  
export FREESURFER_HOME=/Applications/freesurfer/7.3.2  
export SUBJECTS_DIR=$FREESURFER_HOME/subjects  
source $FREESURFER_HOME/SetUpFreeSurfer.sh
```

```
Last login: Fri Mar 10 10:07:22 on ttys001  
[juanluis@MacBookJuanLuis ~ % $FREESURFER_HOME  
[juanluis@MacBookJuanLuis ~ % export FREESURFER_HOME=/Applications/freesurfer/7.3.2  
juanluis@MacBookJuanLuis ~ % export SUBJECTS_DIR=$FREESURFER_HOME/subjects  
[juanluis@MacBookJuanLuis ~ % source $FREESURFER_HOME/SetUpFreeSurfer.sh  
[----- freesurfer-darwin-macos-7.3.2-20220804-6354275 -----  
Setting up environment for FreeSurfer/FS-FAST (and FSL)  
FREESURFER_HOME /Applications/freesurfer/7.3.2  
FSFAST_HOME /Applications/freesurfer/7.3.2/fsfast  
FSF_OUTPUT_FORMAT nii.gz  
SUBJECTS_DIR /Applications/freesurfer/7.3.2/subjects  
INFO: /Users/juanluis/matlab/startup.m does not exist ... creating  
MNI_DIR /Applications/freesurfer/7.3.2/mni
```

Figura 2.1a Comandos para confirmar la instalación del *software*

- Si el mensaje anterior es mostrado, se procede a ejecutar el siguiente comando.

```
which freeview
```

```
juanluis@MacBookJuanLuis ~ % which freeview  
/Applications/freesurfer/7.3.2/bin/freeview
```

Figura 2.1b Comandos para identificar la versión del *software*

- Si se muestra un mensaje con la versión del software, se procede a ejecutar el siguiente comando:

```
freeview
/Applications/freesurfer/7.3.2/subjects/bert/mri/brain.mgz
```

- En caso de que el mensaje de la Figura 2.1c sea mostrado, es necesario obtener una licencia de *software* a través de la [página web](#). Una vez que se tenga la licencia, es necesario ubicarla dentro de la carpeta con el nombre de la versión del *software*. En seguida, se vuelve a intentar la ejecución del comando previo.

```
juanluis@MacBookJuanLuis ~ % freeview /Applications/freesurfer/7.3.2/subjects/bert/mri/brain.mgz
-----
ERROR: FreeSurfer license file /Applications/freesurfer/7.3.2/.license not found.
If you are outside the NMR-Martinos Center,
go to http://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/registration.html to
get a valid license file (it's free).
If you are inside the NMR-Martinos Center,
make sure to source the standard environment.
A path to an alternative license file can also be
specified with the FS_LICENSE environmental variable.
-----
QObject::~QObject: Timers cannot be stopped from another thread
```

Figura 2.1c Mensaje de Error por no contar con una licencia del producto

- Si todo se encuentra en orden, se mostrará la siguiente pantalla con los datos de prueba que contiene el paquete de FreeSurfer por defecto.

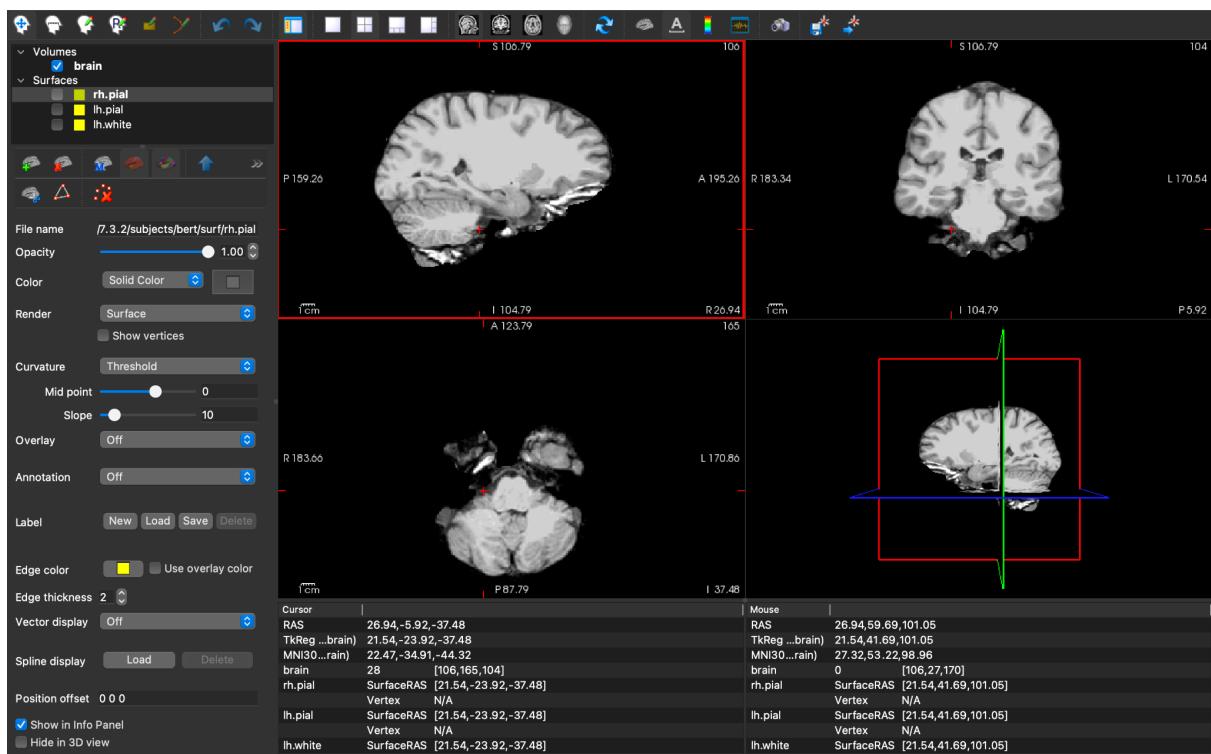


Figura 2.1d Pantalla con los datos de segmentación de los datos de prueba

- En seguida, utilizando la opción «Load Surface» ubicada en el menú «File», es posible cargar diferentes opciones de superficie, que pueden ser configuradas según lo deseado.

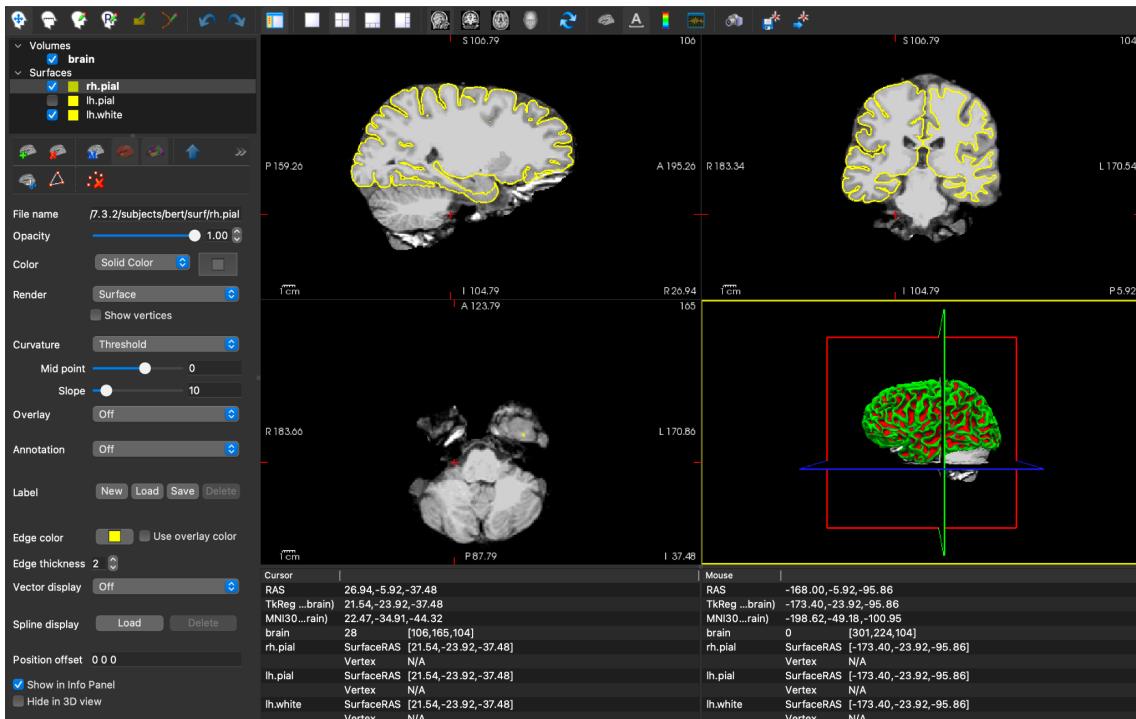


Figura 2.1e Pantalla con superficies cargadas

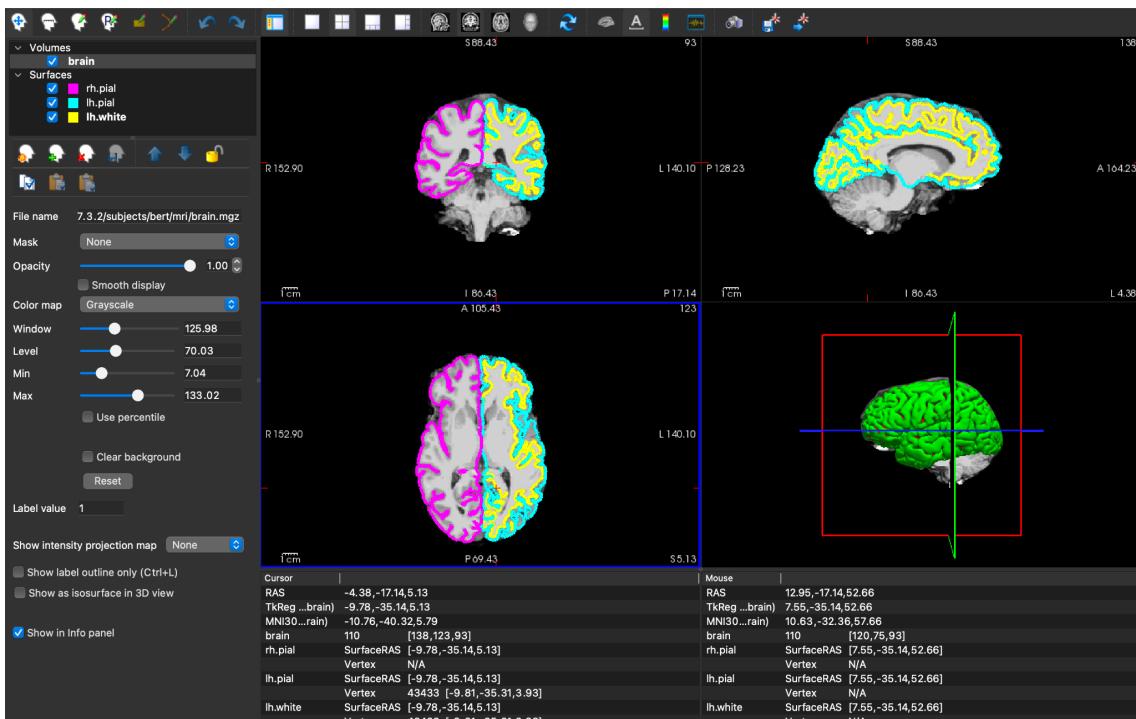
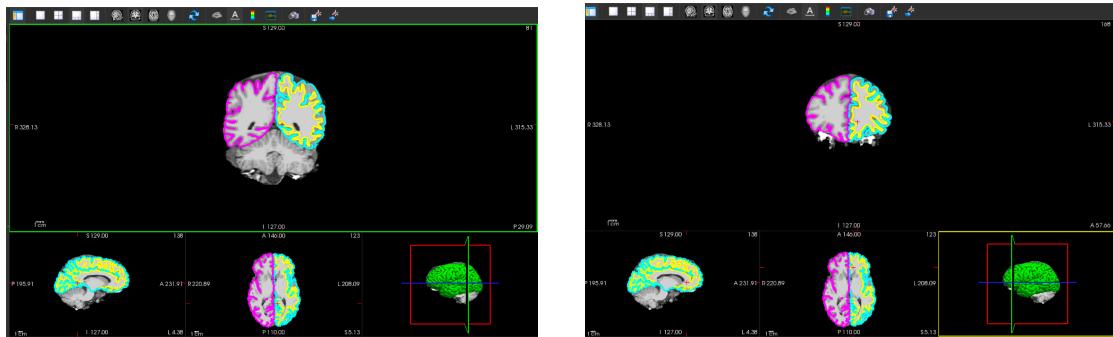


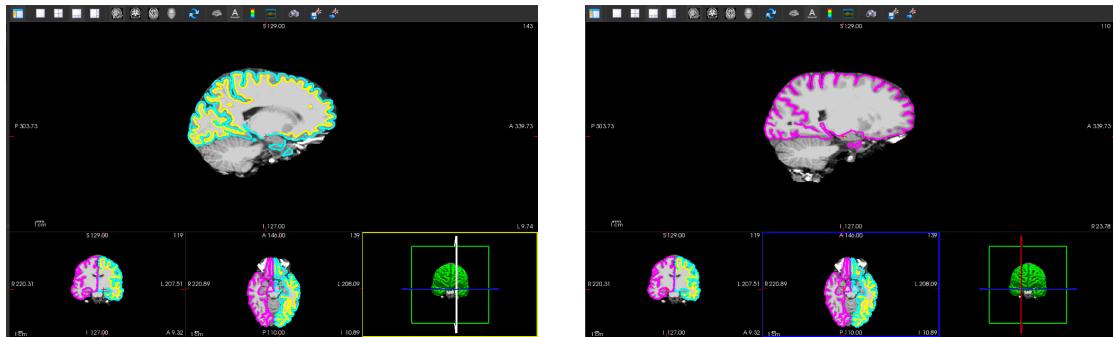
Figura 2.1f Pantalla con superficies cargadas y modificadas

Con el fin de corroborar el funcionamiento de la segmentación, se utilizó el desplazamiento de los tres ejes de segmentación para visualizar cómo cambiaban las imágenes y qué secciones de la corteza cerebral eran observadas.

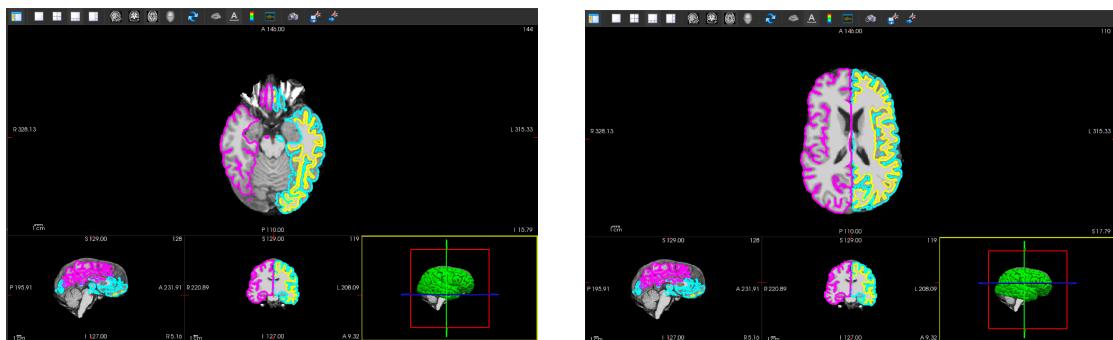
Segmentación Coronal



Segmentación Sagital



Segmentación Axial



2.1.2 FreeSurfer (Windows)

Para probar la instalación de Freesurfer fue necesario cargar información ya pre-procesada guardada en archivos .mgz. Para poder cargar la información fue necesario abrir la terminal de Linux donde primero escribimos la ruta donde esta instalado nuestro programa para después insertar el siguiente código para cargar la información de nuestro sujeto de prueba:

```
$> <source _freesurfer>
$> freeview -v $SUBJECTS_DIR/bert/mri/brainmask.mgz -v
$SUBJECTS_DIR/bert/mri/aseg.mgz:colormap=lut:opacity=0.2 -f
$SUBJECTS_DIR/bert/surf/lh.white:edgecolor=yellow -f
$SUBJECTS_DIR/bert/surf/rh.white:edgecolor=yellow -f
$SUBJECTS_DIR/bert/surf/lh.pial:annot=aparc:edgecolor=red -f
$SUBJECTS_DIR/bert/surf/rh.pial:annot=aparc:edgecolor=red
```

El código nos carga el siguiente sujeto de prueba en 3 diferentes planos junto con la opción de cambiar de posición en los 3 planos para mostrar diferentes zonas del cerebro del sujeto.

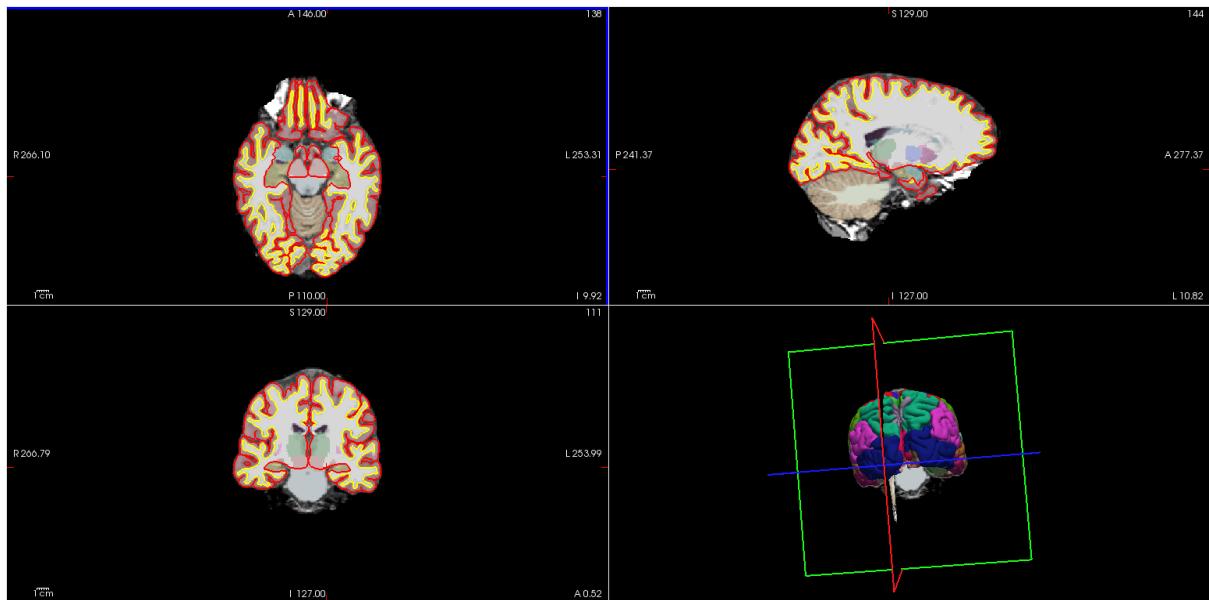


Figura 2.2a. Imagen cargada de sujeto de prueba

2.1.3 FSL (MacOS)

Para la validación de instalación y funcionamiento del software FSL en MacOS, se tuvo que abrir la *terminal*, e introducir la palabra *fsl*, una vez que se cargó aparece el menú principal, en el cual se debe seleccionar la opción de *FSLeyes*, para que nos abra la ventana de trabajo, después en *file* se selecciona *Add standard*, para acceder a las imágenes cargadas en el software. Una vez cargada la imagen se puede cambiar la vista por *3D View* o *Ortha View* para comenzar a trabajar con la imagen.

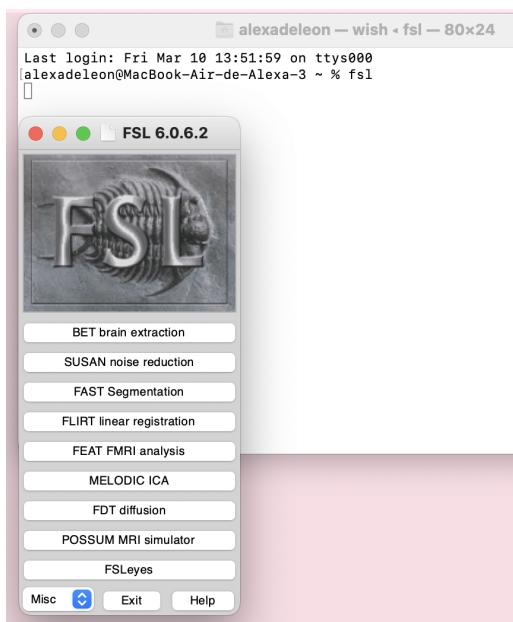


Figura 2.3a Pantalla con comando de despliegue y menú de acciones

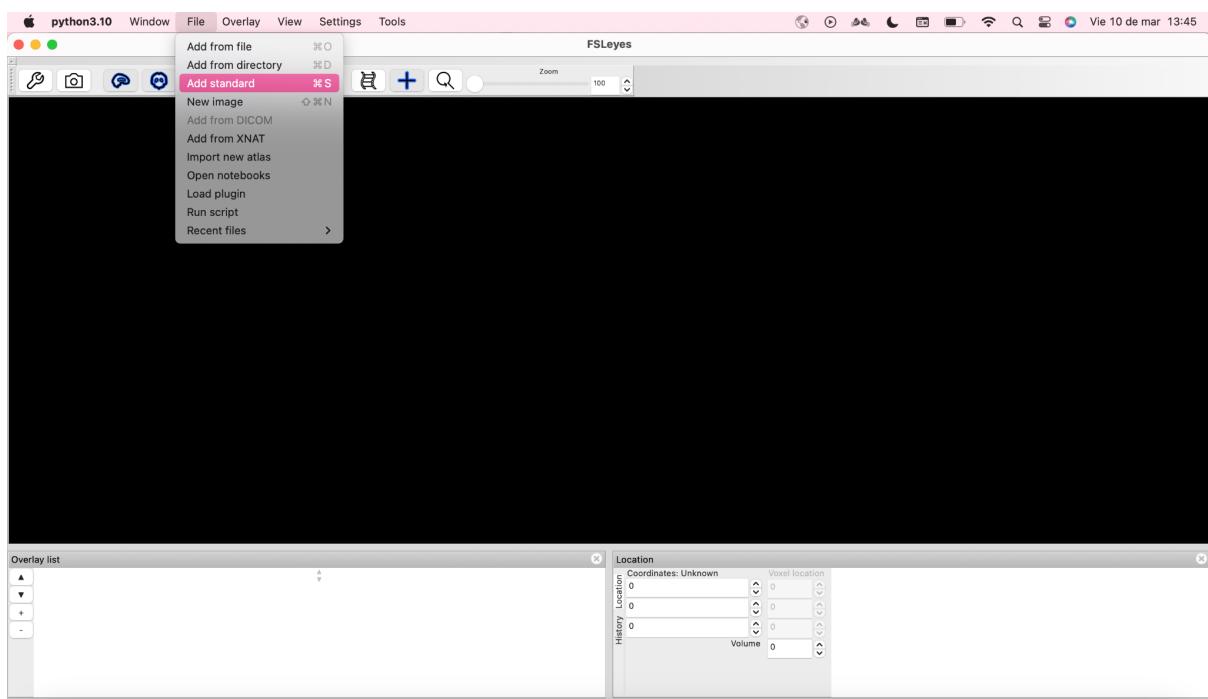


Figura 2.3b Pantalla de inicio del *software*

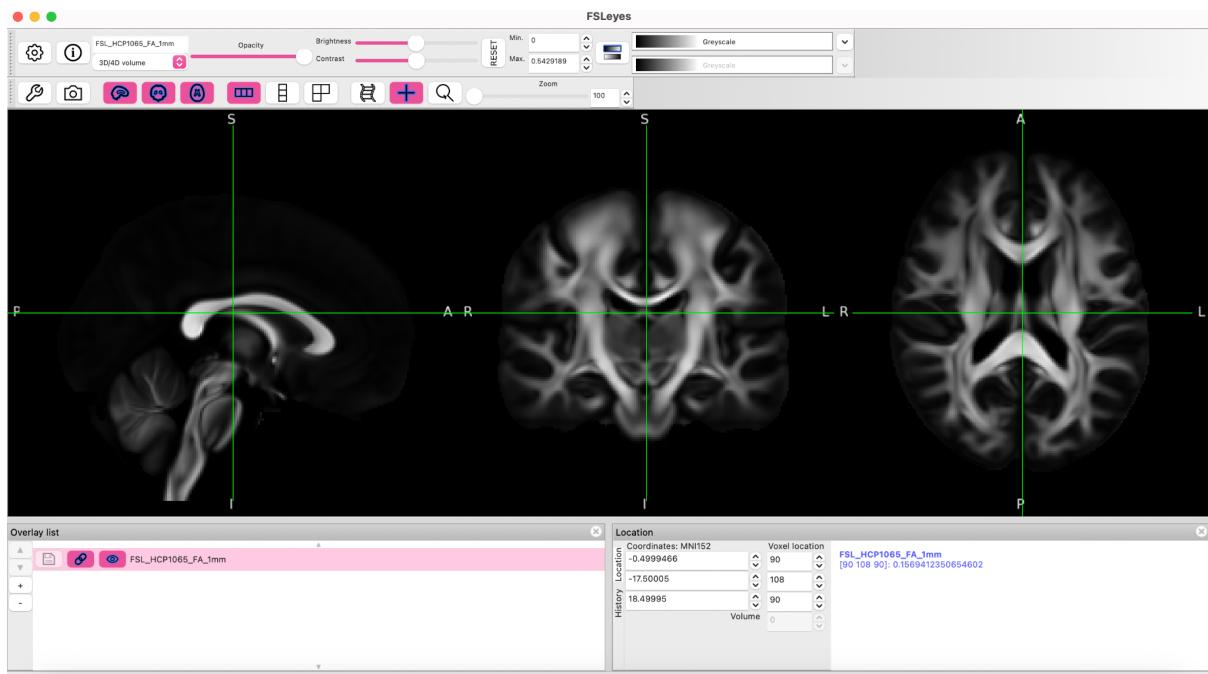


Figura 2.3c Pantalla con volumen cargado

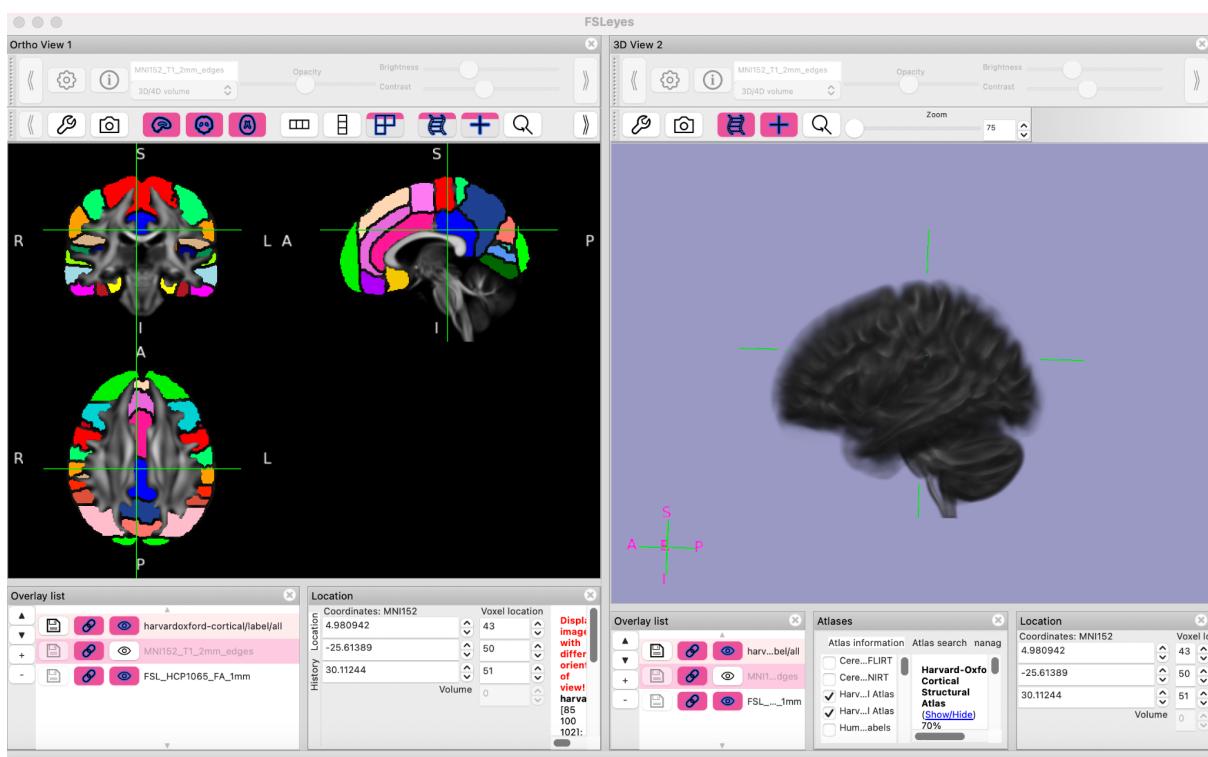


Figura 2.3d Pantalla con superficies cargadas y modificadas

2.1.4 MRTrax (MacOS)

Para la segmentación en MRTrax puede realizarse desde ‘Terminal’, haciendo conversión a .mif al archivo .nii que se está utilizando, después se utiliza el comando *dwi2response* para obtener una respuesta de difusión del tejido donde guarda la respuesta en otro archivo, posterior a esto es necesario el comando *dwi2fod* para obtener FOD, después se continúa con *mtnormalise* para normalizar la intensidad, como penúltimo paso se utiliza el comando *5ttgen* para generar la imagen de cinco tejidos a partir de la imagen normalizada y finalmente se utiliza el comando *labelconvert* para convertir la imagen de cinco tejidos en la imagen de segmentación deseada.

Al momento de hacer la secuencia de pasos en la Terminal, marcaban diversos errores, los cuales fueron tratados de solucionar con ayuda de diversas fuentes y tutoriales pero no se logró con éxito, por ello se optó en realizar una segmentación sencilla con las herramientas determinadas que arroja el Software, donde se nos permite apreciar una segmentación general de acuerdo a la posición de coordenadas elegidas en las caras: media lateral, frontal e inferior. Si bien, no es una segmentación tan profunda como lo que se tenía planeado la forma en que se realizó nos permite una visualización tanto externa como interna de fragmentos específicos de interés en el cerebro.

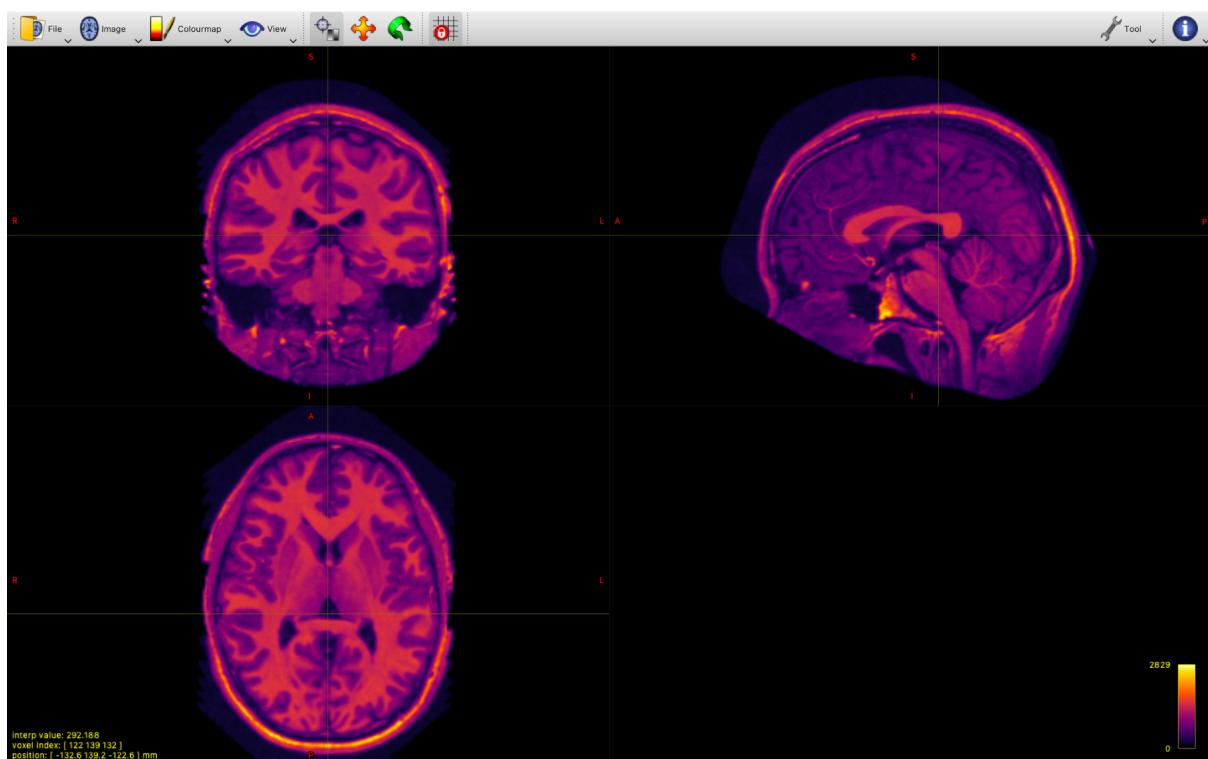


Figura 2.4a Pantalla con segmentación general.

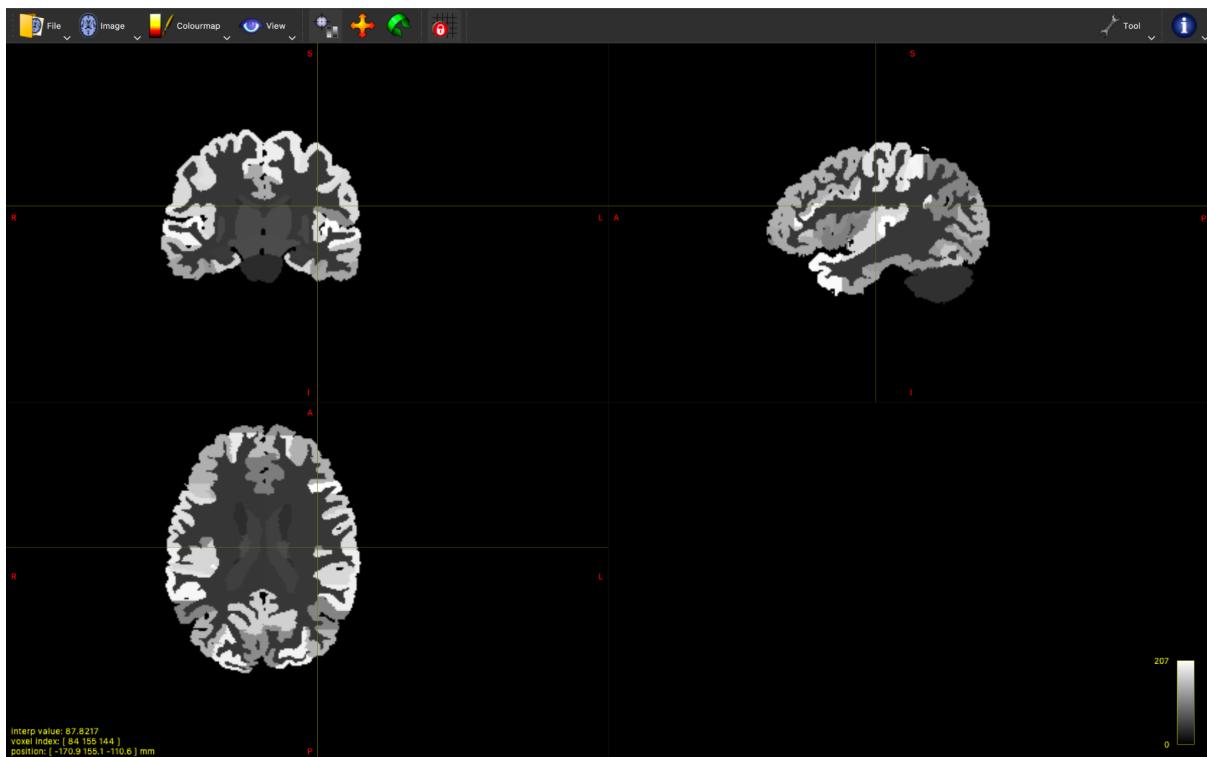


Figura 2.4b Pantalla con segmentación general en escala de grises.

2.2 Documentación del Uso de Atlas en Segmentación de Imágenes Médicas

La segmentación de imágenes médicas se define como un método gráfico que recibe como entrada una imagen digital sombreada en escala de grises, que representa una región anatómica específica, cuya salida consiste en un conjunto de regiones poligonales catalogadas según criterios definidos. Los métodos guiados por plantillas (métodos guiados por atlas) son modelos anatómicos globales que se pueden ajustar a los datos para guiar la segmentación. Utiliza el método de clasificación estadística ATM SVC para hacer coincidir el atlas anatómico con los datos durante la segmentación mediante la creación de un mapa de distancia a través del cual se puede calcular la probabilidad de que cada voxel pertenezca a una estructura determinada. Los métodos guiados por plantillas se utilizan principalmente en imágenes de resonancia magnética cerebral. Esto se debe a que los métodos guiados por plantillas generalmente son más adecuados para una segmentación estructural estable en toda la población de estudio (Ortega, 2008).

El concepto de un atlas cerebral u otro atlas anatómico es objeto de desarrollo en diferentes centros. Consiste en determinar el mapa anatómico y su morfología, actualizarlo a partir de

un órgano común (cerebro u otro), que servirá de patrón para la ubicación de la estructura, y volcarlo en una base de datos.

El registro implica deformar el Atlas para que pueda ajustarse o superponerse con una imagen 3D específica, lo que permite una mejor identificación de las estructuras en uso y la capacidad de observar estructuras que no aparecen en la imagen. Básicamente consta de dos pasos: segmentación de la imagen 3D y deformación de los objetos identificados en la segmentación hasta que se ajusten a la forma de referencia (Zelasco, 2003).

3. Conclusión

La segmentación cerebral es el proceso de dividir el cerebro en diferentes regiones o estructuras con el fin de analizar su forma, función y conexión con otras áreas cerebrales, lo que la convierte en un paso importante para investigaciones y prácticas clínicas, ya que permite una comprensión más detallada del cerebro y sus diferentes regiones.

La realización de estas segmentaciones cerebrales en distintos softwares son importantes porque cada software puede tener diferentes algoritmos, técnicas y enfoques para la segmentación cerebral. Estas diferencias pueden influir en la precisión y exactitud, por lo que el comparar resultados entre los softwares proporciona información adicional sobre la consistencia y la fiabilidad de las segmentaciones, además de que algunos pueden ser más adecuados para ciertos datos que se buscan analizar, pues pueden llegar a diferir en la capacidad para detectar pequeñas diferencias o sutiles variaciones en la anatomía cerebral.

En el caso de los *software* que se pusieron a prueba en la práctica, se puede decir que los más intuitivos y que representan una menor curva de aprendizaje son FreeSurfer y FSL, ya que su ejecución no es complicada y ofrece una gran cantidad de herramientas para el análisis de imágenes estructurales y funcionales, mientras que MRTrix es una herramienta de software libre y de código abierto el cuál se enfoca en la función de análisis de conectividad del cerebro.

4. Referencias:

- [1]. FreeSurfer. (2022). FreeSurfer Tutorials. Recuperado marzo 10, 2023 de: <https://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/fswiki/Tutorials>
- [2]. FreeSurfer. (2021). Testing Your FreeSurfer Installation. Recuperado marzo 10, 2023 de: <https://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/fswiki/TestingFreeSurfer>
- [3]. Manzilla, L. & Ferrante, E. (2018). Segmentación multi-atlas de imágenes médicas con selección de atlas inteligente y control de calidad automático. Recuperado marzo 10, 2023 de: http://sedici.unlp.edu.ar/bitstream/handle/10915/73180/Documento_completo.pdf-PDFA.pdf?sequence=1&isAllowed=y
- [4]. Ortega, D. Iznaga, A. (2008). *Técnicas de Segmentación de Imágenes Médicas*. https://www.researchgate.net/profile/Dolgis-Ortega/publication/275951781_Tecnicas_de_Segmentacion_de_Imagenes_Medicas/links/554a60730cf21ed21358e423/Tecnicas-de-Segmentacion-de-Imagenes-Medicas.pdf
- [5]. Vásquez, P. (2019). Laboratorio virtual para el procesamiento y clasificación de señales e imágenes biomédicas. Recuperado marzo 10, 2023 de: https://bibliotecadigital.udea.edu.co/bitstream/10495/16984/1/VasquezPedro_2019_LaboratorioImagenesBiomedicas.pdf
- [6]. Zelasco, J. Calvo. P. (2003). *SEGMENTACIÓN Y REGISTRACIÓN DE IMÁGENES 3D*. http://sedici.unlp.edu.ar/bitstream/handle/10915/21562/Documento_completo.pdf?sequence=1&isAllowed=y