

Taller de procesamiento de Imágenes Médicas
Laboratorio 1 – Segmentación Tumor Cerebral (09/04/2019)

Profesora: Pamela Guevara
Ayudantes: Hernán Hernández, Claudio Román

En este laboratorio se trabajará con imágenes de resonancia magnética (MRI) en formato NIFTI (**N**euroidmaging **I**N**F**ormatics **T**echnology **I**nitiative .nii). Se cuenta con siete sujetos que presentan un meningioma diagnosticado.

NiBabel¹

Para trabajar las imágenes utilizaremos “**NiBabel**”, una biblioteca de Python que nos provee herramientas para acceder a la lectura y escritura de algunos formatos de imágenes médicas y neuroimágenes tales como: ANALYZE, GIFTI, **Nifti1**, Nifti2, MINC1, MINC2, MGH y ECAT. Las diversas clases de formatos permiten el acceso completo o selectivo a la información del **header** y a los datos de la imagen, los cuales estarán disponibles mediante matrices **NumPy**.

```
Puede instalar nibabel utilizando pip:  
pip install nibabel
```

Clustering K-Means

Es un método de agrupamiento que realiza una partición de un conjunto de n elementos en k grupos, donde cada elemento pertenece al grupo cuyo valor medio es más cercano.

En imágenes es posible realizar un clustering k-means sobre las intensidades de los píxeles o vóxeles, dividiéndolas en k intensidades. En MRI cerebral, esta técnica nos permite separar distintas estructuras según sus intensidades de vóxel, como hueso, líquido cefalorraquídeo, materia blanca, materia gris, o meningioma.

Canny

Es un algoritmo detector de bordes que consta de varias etapas: reducción de ruido, cálculo de gradiente de intensidad de imagen, supresión no-máxima y cálculo de umbral de histéresis.

El clustering k-means y el algoritmo detector de bordes Canny están disponibles en la biblioteca OpenCV (cv2) de Python.

¹ <http://nipy.org/nibabel/gettingstarted.html>

1. Mini-proyecto N°1 (máximo 2 personas)

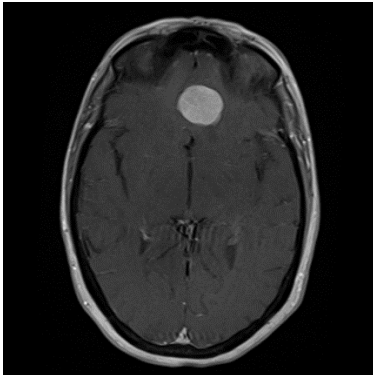
El objetivo de este primer mini-proyecto es el procesamiento de imágenes de MRI cerebral en formato NIFTI, en las cuales se aplicarán técnicas como segmentación utilizando k-means, detección de bordes, entre otras, con el objetivo de identificar un tumor.

De la base de datos, elegir un sujeto para desarrollar su algoritmo y probarlo en otros dos sujetos, comentando los resultados obtenidos. La base de datos a utilizar está disponible en el siguiente enlace:

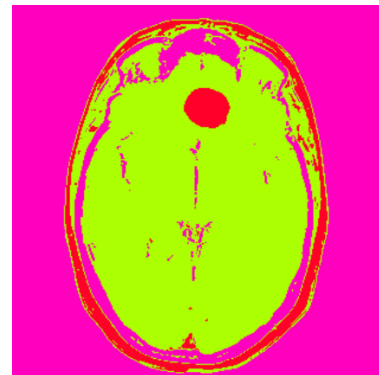
<https://drive.google.com/drive/folders/1T47o7hN76vKwLUTAoxf9dulgElyAL39a?usp=sharing>

Para realizar la segmentación debe acceder a los datos de la imagen NIFTI y buscar cortes donde el tumor esté visible. Luego, debe segmentar la imagen para identificar la zona donde se encuentre el tumor para luego obtener un rango de intensidades de vóxel que corresponda al tejido con tumor.

Corte axial del cerebro

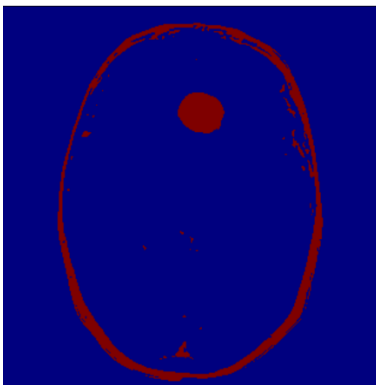


Segmentación con k=3

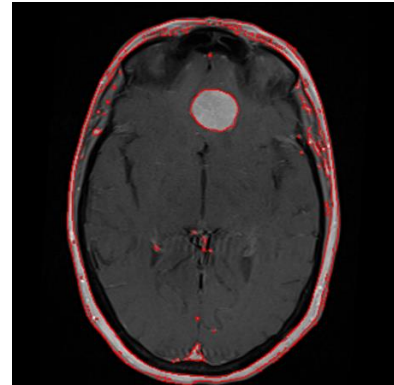


Luego de identificar el tumor se debe aplicar un algoritmo detector de bordes para delinear los bordes del tumor.

Clúster que contiene el tumor

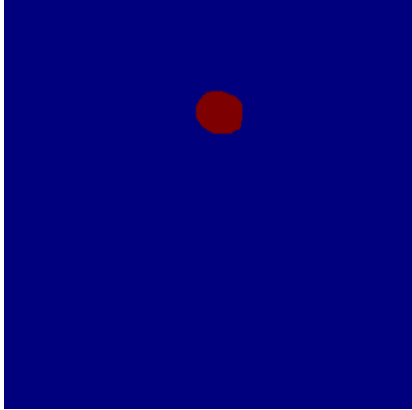


Bordes detectados con Canny

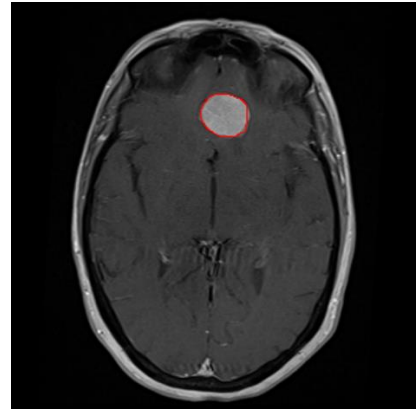


Puede que algunas estructuras que no sean tumor posean intensidades similares, por lo que pueden interferir en la imagen. Para esto, usted puede aplicar algún procesamiento adicional como erosión-dilatación de imágenes, para eliminar estos artefactos y delinear sólo el tumor.

Tumor aislado luego de eliminar artefactos (máscara)



Tumor delineado con Canny



Teniendo las intensidades de vóxeles que corresponden a tejido con tumor se debe generar una nueva imagen NIFTI que conserve sólo el tumor. Tener en cuenta que acá se debe considerar todo el tumor en sus tres dimensiones. Guardar la nueva imagen, indicando también el nombre de la imagen original “imagen_original_tumor.nii” para ser entregada. Si el slice analizado contiene la zona del tumor de mayor diámetro (para el caso de un tumor de forma relativamente regular), la máscara generada puede ser utilizada en los demás slices para reducir la zona en donde debemos buscar tumor.

En el informe deben estar presentes figuras que muestren los resultados de los procesamientos aplicados, tales como los resultados de la segmentación, delineado del tumor sobre la imagen original, tumor aislado y resultados de otros procesos que estime conveniente.

Con el procedimiento anteriormente mencionado, se debe implementar una función llamada `tumor_extraction(imagen_original_nii, slice)`. La función recibirá como argumento el nombre de la imagen original formato NIFTI y el número de una slice (corte axial) de la imagen que contenga tumor. Con esto la función debe ser capaz de procesar toda la imagen, luego tiene que retornar y guardar la imagen tridimensional con el tumor segmentado (“imagen_original_tumor.nii”), más la imagen bidimensional del slice seleccionado con el tumor delineado.

Aplicar la función `tumor_extraction()` a 3 casos de 3 cerebros distintos. Estos resultados deberán ser entregados al momento de subir la tarea. Finalmente realizar mediciones para describir el tumor. Calcular diámetro y volumen aproximado del tumor (para esto tener en cuenta las dimensiones del vóxel que están presentes en el *header* de la imagen). Además calcular intensidad de vóxel promedio y desviación estándar.

Entrega de trabajo

Se debe entregar un **informe en formato y modalidad paper** (máximo 2 páginas + 1 anexo con imágenes si lo desea), a más tardar el día 23 de Abril de 2019:

- Entregar copia impresa de informe en secretaría de IC Biomédica (Srta. Inés Lillo), hasta 18:30 hrs.
- Subir informe, scripts e imágenes en archivo comprimido a infoalumno hasta 18:30 hrs.