

Evaluación Cuantitativa del Desempeño de Métodos de Segmentación Aplicados a Imágenes Médicas para el Análisis de Estructuras Anatómicas de Interés.

S. Hernandez-Juarez¹, A. R. Mejia-Rodriguez¹, E. R. Arce-Santana¹, E. Scalco², G. Rizzo²

¹ Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de San Luis Potosí (UASLP), S.L.P., México

² Instituto de Bioimagenología y Fisiología Molecular (IBFM)- CNR, Milán, Italia

Resumen— El presente trabajo muestra una evaluación y comparación cuantitativa de los métodos de segmentación K-means, Otsu y Chan-Vese aplicados a imágenes médicas (TAC y RMN) para la segmentación de pulmones y un tumor cerebral. El análisis cuantitativo consta del cálculo de índices de precisión que comparan la segmentación obtenida por cada método con una segmentación obtenida de forma tradicional por un experto clínico. Estos índices son: la distancia simétrica media (DSM), la distancia máxima (DMax), el porcentaje de distancias mayores a la dimensión del pixel (%DMDP) y el índice de superposición DICE. Los resultados muestran que para la segmentación de los pulmones los algoritmos se comportan de manera similar, pero en el caso del tumor, el método de Chan-Vese es preferible.

Palabras clave—Segmentación imágenes médicas, evaluación cuantitativa, K-means, Otsu, Chan-Vese.

I. INTRODUCCIÓN

La imagenología médica es una de las herramientas más poderosas en el ámbito clínico debido a su capacidad de mostrar información anatómica y funcional del cuerpo humano, la cual puede ser utilizada para el diagnóstico de enfermedades y la evaluación o seguimiento de tratamientos médicos mediante el análisis de estructuras anatómicas de interés como pueden ser huesos, estructuras sanas o afectadas por un tumor (pulmones, cerebro, próstata, etc.), o el mismo tumor. Por ejemplo, en Radioterapia (RT) los pacientes sometidos a un tratamiento de radiación para cáncer normalmente presentan pérdida en el volumen del tumor y de los órganos sanos a su alrededor, lo cual provoca una disminución de funcionalidad en dichos órganos como efecto secundario de la terapia. Es por ello que el conocimiento de características de dichas estructuras, como su dimensión y posición espacial, permiten generar la planificación del tratamiento logrando optimizar la dosis de radiación hacia el tumor y minimizar aquella absorbida por órganos sanos [1].

Para el análisis de estructuras anatómicas de interés, el primer paso y uno de los más críticos y complicados, es la extracción de dichas estructuras mediante un proceso de segmentación, en el cual se busca subdividir una imagen en sus partes constitutivas (estructuras anatómicas en el caso de imágenes médicas).

En la literatura es posible encontrar diferentes algoritmos de segmentación de imágenes basados en: intensidad (niveles de gris) de los píxeles de la imagen, por umbralización, por características espaciales, conjuntos difusos, entre otros [2, 3, 4].

Estos métodos buscan obtener un buen balance entre precisión, robustez al ruido y el tiempo de cómputo. En particular el factor ruido es de vital importancia para las imágenes médicas, ya que siempre está presente y puede ser de diferentes tipos, dependiendo de la tecnología de imagenología utilizada para su adquisición, de la patología presente en el paciente, de movimientos internos de procesos fisiológicos, entre otros factores, por lo que definir un algoritmo estándar de segmentación para imágenes médicas sigue siendo un problema abierto.

En este trabajo, se presenta una evaluación cuantitativa del desempeño de los algoritmos de K-means, Otsu (métodos utilizados ampliamente en ámbito clínico) y Chan-Vese, para la segmentación de estructuras anatómicas de interés con formas complejas, como son pulmones y tumores, en imágenes médicas de Tomografía Axial Computarizada (TAC) y Resonancia Magnética Nuclear (RMN).

II. METODOLOGÍA

A. Algoritmos de segmentación.

1) *K-means Clustering*:

Clustering es un proceso que consiste en dividir datos en distintos grupos según sus similitudes. El método de K-means se basa en el agrupamiento de clusters representados con una media ponderada de píxeles (centroide). Para medir la similitud entre los píxeles se usan diferentes métricas, entre las que destacan: Mahalanobis, Manhattan, Euclidiana. La idea principal del algoritmo es definir K centroides (uno para cada grupo de datos de interés) dentro de la imagen [3].

La función de K-means estudiada, utiliza un algoritmo iterativo de dos fases para minimizar la suma de las distancias de los píxeles a los K clusters. En la primera fase se realiza una reasignación (actualización) de puntos a su centroide más cercano, seguido del nuevo cálculo de los centroides; en la segunda fase, los puntos son reasignados individualmente (actualización por línea), lo que provoca una reducción en la suma de las distancias y por lo tanto un nuevo cálculo de los centroides [5, 6]. El algoritmo necesita la previa especificación del número de clusters que se desean obtener. Una vez definidos los clusters de la imagen, se identifica el correspondiente a la estructura anatómica de interés, de tal manera que el vector de salida contiene los índices del cluster al cual pertenece cada pixel.

2) Otsu:

La umbralización es uno de los métodos que permite diferenciar una estructura y el fondo en una imagen mediante binarización. Para poder binarizar una imagen, se debe elegir un valor adecuado de umbral dentro de los niveles de gris que aparecen en la estructura a analizar, de tal forma que se pueda clasificar con un valor de 1 (blanco) a los pixeles que superen ese umbral, y con 0 (negro) a los pixeles que sean menores.

Otsu propuso una forma de minimizar la suma ponderada de las variaciones dentro de las clases estructura y fondo para lograr establecer un umbral óptimo, para esto se considera que el nivel de gris de un histograma es normalizado dentro de una distribución de probabilidad: $p_i = n_i/N$, donde N es el número total de pixeles de la imagen, n_i es el número de pixeles que tienen una intensidad i , y L el número total de intensidades distintas en la imagen. Se propone un umbral k , tal que C_0 es el conjunto de pixeles con intensidades $[1, 2, \dots, k]$, y C_1 el conjunto de pixeles con intensidades $[k + 1, \dots, L]$.

En pocas palabras, el método Otsu usa el umbral k (umbral óptimo) que maximiza la varianza entre clases σ_B^2 , definida como: $\sigma_B^2 = w_0 w_1 (\mu_1 - \mu_0)^2$, donde w_0 y w_1 son las probabilidades de las intensidades C_0 y C_1 ; μ_0 y μ_1 son las medias de esas probabilidades con respecto a p_i y a la intensidad i [4]. La función utilizada regresa el valor del umbral óptimo de la imagen, lo que nos permitió distinguir el área de interés de las otras estructuras comparando cada uno de los pixeles con el umbral obtenido.

3) Chan-Vese:

El método Chan-Vese, es un método de segmentación basado en la minimización de energía de un funcional de una imagen. Principalmente se asume que una imagen u_0 está formada por dos regiones de intensidad, cada una con valores u_0^i y u_0^o respectivamente, donde el área a detectar está representada por la región u_0^i , la cual está delimitada por un contorno C_0 . En base a lo anterior, se define la siguiente función de energía:

$$F_1(C) + F_2(C) = \int_{C_{in}} |u_0 - c_1|^2 dx dy + \int_{C_{out}} |u_0 - c_2|^2 dx dy \quad (1)$$

en donde C es una curva variable y las constantes c_1 y c_2 constituyen el valor promedio de la intensidad de u_0 dentro y fuera de C . En (1), cuando la curvatura este delineando el contorno del área, $F_1(C)$ y $F_2(C) \approx 0$, lo cual ocasiona la minimización de la función de energía.

Por otro lado, la curva C se representa por medio de la curva de nivel cero de una función Lipschitz φ , quedando la función de energía en términos de ésta, en donde sus signos pueden ser identificados por medio de la función Heaviside cuya derivada es la función delta de Dirac, la cual se puede aproximar por: $\delta_0 = \varepsilon/\pi(\varepsilon^2 + \varphi^2)$.

Para poder minimizar esta funcional, se define su primera variación por medio de la ecuación de Euler-Lagrange:

$$d\varphi/dt = \delta_0(\varphi)[\mu \cdot \nabla(\nabla\varphi/|\nabla\varphi|) - v - \lambda_1(u_0 - c_1)^2 + \lambda_2(u_0 - c_2)^2] \quad (2)$$

donde $\mu \geq 0$, $v \geq 0$, $\lambda_1, \lambda_2 > 0$ son parámetros constantes dependientes de la imagen u_0 .

En cuanto al algoritmo, se utiliza la versión discreta de (2), tomado en cuenta el número de iteraciones (n) y las divisiones entre éstas (Δt). El resultado de la forma discreta es el siguiente [7]:

$$\varphi^{n+1} = \varphi^n + \Delta t \cdot d\varphi/dt. \quad (3)$$

Se debe mencionar además que la curva inicial implementada en cada segmentación, fue determinada mediante un umbral de su histograma, para identificar los niveles de gris en la estructura de interés.

B. Imágenes médicas.

Para el análisis de los diferentes algoritmos de segmentación se utilizaron dos tipos de imágenes clínicas: una imagen de tórax en fase inspiratoria de TAC vista desde un plano axial obtenida de la base de imágenes disponibles en línea por parte del Deformable Image Registration Laboratory (DIRLab) en donde es posible observar a detalle los pulmones y sus diferentes ramificaciones bronquiales [8]; y una imagen cerebral de RMN de un caso clínico real en donde es posible apreciar la presencia de deformaciones en estructuras cerebrales en el plano axial debido a la presencia de un tumor; esta imagen fue adquirida antes del tratamiento de RT al que fue sometido el paciente en el Hospital San Raffaele en Milán, Italia. Las características de las imágenes son: tamaño de 256x256x104 pixeles de 16 bits con una dimensión del voxel de 1.15 mm x 1.15 mm x 2.50 mm para la imagen de TAC, y de 512x512x9 pixeles de 16 bits con una dimensión del voxel de 0.82 mm x 0.82 mm x 3.00 mm para el caso de la imagen de RMN.

C. Parámetros utilizados en métodos de segmentación.

Para las segmentaciones mediante los métodos de K-means y Otsu se utilizaron funciones de dichos algoritmos implementadas en MATLAB (kmeans y multithresh), mientras que el método Chan-Vese fue desarrollado a partir de su descripción matemática tal y como se muestra en [7], la implementación de este código fue realizada también en MATLAB. La segmentación de las imágenes volumétricas estudiadas (TAC y RMN) se realizó en cada una de sus rebanadas por todos los métodos estudiados.

En el algoritmo de K-means la distancia utilizada fue la Euclidiana con un número de dos clusters, donde el índice dos correspondió al área de interés (pulmones o tumor del cerebro), y el índice uno a las otras estructuras de la imagen.

Con respecto al método Otsu, la función descrita anteriormente devuelve el valor del umbral óptimo, siendo de 577 para la imagen de TAC y 161 para la imagen cerebral de RMN.

Enfocándonos en los valores, se clasificó como el área de interés a los píxeles que estuvieran por debajo del umbral.

Finalmente, para la implementación del algoritmo Chan-Vese se utilizaron los siguientes parámetros: $\lambda_1=\lambda_2=0.1$, $v=0$, $\varepsilon=0.1$ (para el cálculo de δ_0), $\Delta t=0.2$ y un número de 50 iteraciones en cada rebanada de la imagen volumétrica. Como ya se había mencionado, la curva inicial (máscara) se determinó mediante un umbral dependiendo de los niveles de gris que correspondían a la estructura de interés en el histograma. En el caso de la segmentación de los pulmones, se usó un umbral de 200-650 y en la segmentación del tumor del cerebro un umbral de 350-500.

D. Análisis Cuantitativo.

Para validar la precisión de las segmentaciones volumétricas obtenidas por cada método, se analizaron las diferencias entre los contornos obtenidos por cada algoritmo de segmentación y los contornos realizados por un experto clínico mediante el cálculo de índices de precisión utilizados en ámbito médico para el análisis de estructuras de interés [1]: el coeficiente de similitud dice (DICE), la distancia simétrica media entre contornos (DSM), la distancia máxima existente entre contornos (DMax), y el porcentaje de distancias mayores a la dimensión del pixel (%DMDP).

El índice DICE es una medida de precisión global, específicamente de traslape entre las estructuras a comparar, que tiene valores entre 0 (ausencia de traslape) y 1 (superposición al 100% entre estructuras), dichas estructuras están representadas por mascarar binarias generadas a partir de los contornos obtenidos; la DSM es el valor medio del cálculo de todas las distancias Euclidianas posibles existentes entre los píxeles de dos contornos, donde un valor de DSM 0 indica una segmentación perfecta; la desviación estándar de la DSM (deDSM) permite observar la regularidad de la DSM, donde valores muy altos indican la presencia de píxeles fuera de rango; la DMax calcula la distancia máxima presente entre dos contornos traslapados, siendo 0 un traslape perfecto entre contornos; y el %DMDP indica la cantidad de distancias existentes entre los contornos a analizar que superan un umbral admisible de error establecido por el usuario, normalmente la dimensión del pixel. Es importante mencionar que los contornos calculados por el experto clínico se obtuvieron siguiendo la estrategia propuesta en [9] para el caso de los pulmones, y de forma manual utilizando el software MIPAV [10] para el caso del tumor cerebral.

III. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La Fig. 1 muestra una rebanada central de la imagen de TAC de tórax en donde es posible apreciar la imagen original (Fig. 1(a)), el contorno calculado por el experto clínico (Fig. 1(b)) y el resultado obtenido por cada uno de los métodos de segmentación estudiados. En esta figura es posible observar que cualitativamente los tres métodos realizan una buena segmentación de los pulmones. Adicionalmente, la Tabla I

muestra los resultados cuantitativos obtenidos del cálculo de los índices de precisión de la segmentación, en donde se muestra que los tres métodos tienen valores semejantes en los índices DICE, DMax y %DMDP, sugiriendo un comportamiento cuantitativo similar para la segmentación de los pulmones para todos los algoritmos. Para el caso de la DSM, en donde los valores de error medio varían en un rango de 1.59 mm a 2.55 mm, las variaciones presentes son debidas a los detalles que los métodos son capaces de recuperar, ramificaciones bronquiales, las cuales no son consideradas en el contorno proporcionado por el experto. Por lo tanto, para el caso de los pulmones, mientras más detalles se tengan al interior de éstos, mayor será el valor de la DSM y de la DMax; lo que sugiere que el método Chan-Vese fue capaz de segmentar más detalles finos.

En la Fig. 2, se muestra una rebanada central de la imagen de RMN, en donde es más notoria la presencia del tumor en el cerebro desde un corte axial, como se puede observar en la imagen original (Fig. 2(a)), y en la Fig. 2(b) (zoom del tumor); igualmente se muestra el contorno del tumor calculado por el experto de forma manual (Fig. 2(c)), así como los resultados de la segmentación de los tres métodos. Lo destacable de esta figura, desde un punto de vista cualitativo, es la mayor semejanza entre el contorno del experto y el resultado del algoritmo Chan-Vese, mientras que el resultado de los otros métodos fue menos favorecedor. Esto se corrobora cuantitativamente en la Tabla II, la cual muestra el resultado del cálculo de los índices de precisión, en donde el comportamiento de los tres métodos para la DMax es similar con valores siempre por arriba de 7.5 mm; sin embargo, el método Chan-Vese destaca por su precisión con un error medio (DSM) por debajo de la dimensión del pixel (0.41 mm vs. 0.82 mm) respecto del valor obtenido por los otros dos métodos (valores por encima de 1 mm).

Esto se ve reflejado de igual manera en el %DMDP en donde los métodos Otsu y K-means tienen porcentajes de distancias superiores a la dimensión del pixel mayores al 30%, mientras que el algoritmo Chan-Vese tiene valores cercanos a 0% debido a que su error medio es menor incluso que la dimensión del pixel.

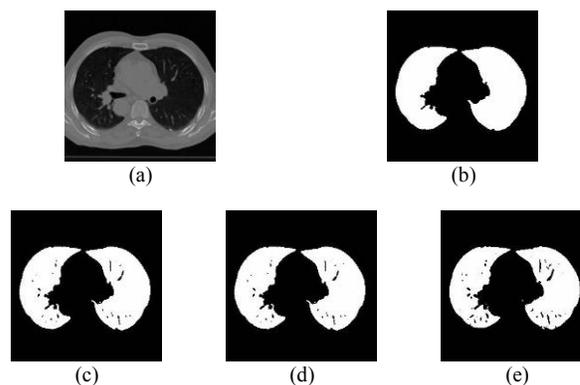


Fig. 1. (a) Imagen de pulmón en TAC; (b) Contorno diseñado por el experto (c) Contorno obtenido por el método de K-means; (d) Contorno obtenido por el método Otsu; (e) Contorno Obtenido por el método Chan-Vese.

TABLA I
RESULTADOS DE ÍNDICES CUANTITATIVOS PARA EL ANÁLISIS DE PULMONES EN UNA IMAGEN DE TAC.

Índices	Métodos de Segmentación		
	K-means	Otsu	Chan-Vese
<i>DSM (mm)</i>	1.59	1.59	2.55
<i>deDSM (mm)</i>	1.30	0.98	1.30
<i>DMax (mm)</i>	45.89	45.89	46.69
<i>DICE</i>	0.97	0.96	0.94
<i>%DMDP (%)</i>	25.80	28.70	29.25

Por otro lado, el índice DICE también muestra un mejor traslape (mayor similitud) entre el contorno calculado de forma manual por parte del experto y el resultado de la segmentación de Chan-Vese, con un valor más cercano de 0.82, con respecto de los otros dos algoritmos con valores cercanos a 0.30.

Lo anterior sugiere que en el caso de segmentar estructuras específicas de menor tamaño, como lo puede ser un tumor, el método de Chan-Vese es el más eficiente.

V. CONCLUSIÓN

En el presente trabajo se realizó una comparación cualitativa y cuantitativa de los métodos de segmentación de K-means, Otsu y Chan-Vese aplicados a la extracción de estructuras anatómicas de interés (pulmones y tumor cerebral) en imágenes médicas (TAC y RMN), en donde se muestra que para el caso de segmentación de estructuras de gran tamaño los tres algoritmos tienen un buen desempeño,

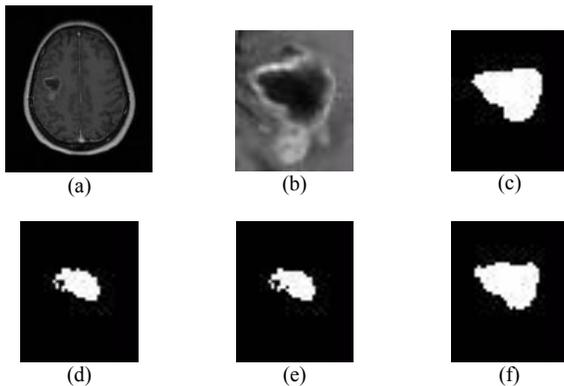


Fig. 2. (a) Imagen de cerebro con tumor de RMN; (b) Zoom a sección de tumor de imagen de RMN (c) Contorno de tumor obtenido de forma manual por experto clínico; (d) Contorno obtenido por el método K-means; (e) Contorno obtenido por el método Otsu; (f) Contorno Obtenido por el método Chan-Vese.

TABLA II
RESULTADOS DE ÍNDICES CUANTITATIVOS PARA EL ANÁLISIS DE TUMOR EN UNA IMAGEN DE RMN.

Índices	Métodos de Segmentación		
	K-means	Otsu	Chan-Vese
<i>DSM (mm)</i>	1.37	1.39	0.41
<i>deDSM (mm)</i>	1.57	1.59	0.43
<i>DMax (mm)</i>	8.26	8.26	7.80
<i>DICE</i>	0.33	0.32	0.82
<i>%DMDP (%)</i>	30.97	32.90	0.01

mientras que para la segmentación de estructuras anatómicas complejas de menor dimensión, los resultados sugieren que el algoritmo de Chan-Vese es el más apropiado.

Como trabajo futuro se espera poder realizar la comparación del algoritmo Chan-Vese con métodos de segmentación actuales más precisos y de mayor complejidad computacional, desde una perspectiva en 3D mediante la reconstrucción tridimensional de estructuras anatómicas de interés utilizando mallas (mesh), en conjunto con el análisis cuantitativo volumétrico.

RECONOCIMIENTOS

Este trabajo fue realizado con el apoyo de:

- Programa Ejecutivo de Cooperación Científica y Tecnológica México - Italia 2014-2016 (Proyecto ID: M01655, Código: MX14MO07).
- Proyecto de Ciencia Básica Conacyt No. 168140.

BIBLIOGRAFÍA

- [1] E. Faggiano, C. Fiorino, E. Scalco, S. Broggi, M. Cattaneo, E. Maggiulli, I. Dell'Oca, N. Di Muzio, R. Calandrino, and G. Rizzo, "An automatic contour propagation method to follow parotid glands deformation during head-and-neck cancer Tomotherapy". *Physics in Medicine and Biology*, vol. 56, no. 3, pp. 775-791, 2011.
- [2] N. R. Pal, S. K. Pal, "A review on image segmentation techniques". *Pattern Recognition*, vol. 26, no. 9, pp. 1277-1294, Sept. 1993.
- [3] C. Chandhok, S. Chaturvedi, and A. A. Khurshid, "An Approach to Image Segmentation using K-means Clustering Algorithm". *International Journal of Information Technology*, vol. 1, pp. 11-17, Aug. 2012.
- [4] N. Otsu, "A Threshold Selection Method from Gray-Level Histograms". *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics*, vol. 9, no. 1, pp. 62-66, 1979.
- [5] G. A. F. Seber, "Multivariate Observations". Hoboken, NJ: John Wiley & Sons, Inc., 1984.
- [6] H. Spath, "Cluster Dissection and Analysis: Theory, FORTRAN Programs, Examples". Translated by J. Goldschmidt. *New York: Halsted Press*, 1985.
- [7] T. F. Chan, and L. A. Vese, "Active Contours Without Edges". *IEEE Transactions on image processing*, vol. 10, no. 2, pp. 266-277, Feb. 2001.
- [8] E. Castillo, R. Castillo, J. Martinez, M. Shenoy, and T. Guerrero, "Four-dimensional deformable image registration using trajectory modeling". *Phys Med Biol.*, vol. 55, pp. 305-327, 2009.
- [9] E. Faggiano, G. M. Cattaneo, C. Ciavarró, et al. "Validation of an elastic registration technique to estimate anatomical lung modification in Non-Small-Cell Lung Cancer Tomotherapy". *Radiation Oncology (London, England)*, vol. 6, no. 31, 2011.
- [10] M. J. McAuliffe, F. M. Lalonde, D. McGarry, W. Gandler, K. Csaky, and B. L. Trus. "Medical Image Processing, Analysis & Visualization In Clinical Research". In: CBMS '01: Proceedings of the Fourteenth IEEE Symposium on Computer-Based Medical Systems Anonymous Washington, DC, USA: *IEEE Computer Society*, pp. 381, 2001.