

Máster en Ingeniería de Sistemas y Control

Segmentación de venas hepáticas en imágenes de resonancia magnética

Autora: Cristina López Sarachaga
Director: Gonzalo Pajares Martinsanz

Curso académico 2013/2014
Convocatoria de Septiembre

Máster en Ingeniería de Sistemas y Control

Proyecto de fin de máster específico propuesto por el alumno

Segmentación de venas hepáticas en imágenes de resonancia magnética

Autora: Cristina López Sarachaga
Director: Gonzalo Pajares Martinsanz

Autorización

Autorizamos a la Universidad Complutense y a la UNED a difundir y utilizar con fines académicos, no comerciales y mencionando expresamente a sus autores, tanto la memoria de este Trabajo Fin de Máster, como el código, la documentación y/o el prototipo desarrollado.

Firmado:

Firma del alumno



Resumen

En este trabajo de fin de máster se propone un nuevo método para la segmentación de las venas hepáticas en imágenes de Resonancia Magnética. Como resultado, se genera un volumen en tres dimensiones que representa la reconstrucción de la segmentación en un volumen, el cual contiene el árbol de venas hepático.

Para hacer posible lo anterior, se estudian en detalle distintas técnicas de segmentación de imágenes, y se eligen aquellas que han demostrado ser más idóneas para la tarea a realizar. Finalmente, se propone una solución de segmentación cuyo parte principal es la combinación de un método de crecimiento de regiones y un clasificador de máquinas vector soporte.

Abstract

A novel method for the segmentation of the hepatic vessels in Magnetic Resonance images is proposed in this Master's thesis work. As an outcome, a tri-dimensional model representing the reconstruction of the segmentation in a volume that contains the liver vessel tree is generated.

In order to achieve this goal, several image segmentation techniques are thoroughly considered and then the most suitable ones are selected for the task at hand. Finally, a segmentation solution that, at its core, combines a region growing method with a support vector machine classifier is proposed.

Palabras clave

Segmentación venas, resonancia magnética, IRM, venas hígado, vasos sanguíneos hígado, volumen 3D venas hígado.

Keykords

Veins segmentation, magnetic resonance, MRI, liver veins, liver vessels, liver 3D veins volume.

A aquellos que me han comprendido, ayudado y apoyado durante la elaboración de este proyecto.

A todo el equipo de Computer Vision de Tecnalia, y en especial a Arantza Bereciartua, por prestarme su conocimiento.

GRACIAS

Gracias también a la Clínica Vicente San Sebastián (IMQ) y en especial al departamento de radiología dirigido por el Dr. Gonzalo Solís por proporcionar el conocimiento necesario para comprender las imágenes médicas, ya que de otro modo este proyecto no hubiese sido posible.

Índice de contenido

1. INTRODUCCIÓN, OBJETIVOS Y CONTEXTO 17

1.1 DESCRIPCIÓN DEL PROBLEMA 17
1.2 CONTEXTO 17
1.3 OBJETIVOS 19
1.4 PLANTEAMIENTO DE LA SOLUCIÓN PROPUESTA 20
1.5 ORGANIZACIÓN DE LA MEMORIA 21

2. IMÁGENES DE RESONANCIA MAGNÉTICA 22

3. LOCALIZACIÓN DEL HÍGADO EN RESONANCIA MAGNÉTICA 24

3.2 IDENTIFICACIÓN DE VENAS EN EL HÍGADO 24
3.3 CARACTERÍSTICAS DE LAS IMÁGENES 26

4. ESTADO DEL ARTE 31

4.1 SEGMENTACIÓN EN IMÁGENES MÉDICAS 32
4.1.1 Umbralización 35
4.1.2 Basadas en histograma 35
4.1.3 Agrupamiento (Clustering) 35
4.1.4 Detección de bordes 36
4.1.5 Basadas en textura 36
4.1.6 Crecimiento de regiones 36
4.1.7 Basados en modelos 37
4.1.8 Contornos activos (Snakes) 37
4.1.9 Superficies Activas 37
4.1.10 Modelos activos de forma 37
4.1.11 Modelos activos de apariencia 38
4.1.12 Level sets 38
4.2 ANÁLISIS DE MÉTODOS DEL ESTADO DEL ARTE 38
4.2.1 Componentes Escalares Conectados 39
4.2.2 Filtro de Umbral 40
4.2.3 Métodos basados en crecimiento de regiones 41
4.2.4 Basados en Level Sets 46
4.2.5 Pre-procesado de la imagen 47
4.3 SEGMENTACIÓN DE VENAS HEPÁTICAS 54

5. PROPUESTA DE SOLUCIÓN PARA LA SEGMENTACIÓN DE VENAS HEPÁTICAS 60

5.1 FASE 1. PROCEDIMIENTO INICIAL: PRIMEROS PASOS 61
5.2 FASE 2. PROCEDIMIENTO MEJORADO: SEGMENTACIÓN BASADA EN CLASIFICADOR 70
5.2.1 Adopción y Configuración de la SVM 73
5.2.2 Procedimiento desarrollado en la Fase 2 83
5.3 FASE 3. PROCEDIMIENTO FINAL: PRE-PROCESADO Y CAMBIOS ADICIONALES 88

6. RESULTADOS 94

6.1 HERRAMIENTAS 96
6.2 ANÁLISIS DE RESULTADOS 97

7. INTENTO FALLIDO DE MEJORA 106

8. CONCLUSIONES Y TRABAJO FUTURO 108

8.1 CONCLUSIONES RESULTADOS 109
8.2 TRABAJO FUTURO 111

9. BIBLIOGRAFÍA 114

Índice de Figuras

FIGURA 1 : LOCALIZACIÓN DEL HÍGADO EN EL CUERPO 18
FIGURA 2 : ESTRUCTURA INTERIOR DEL HÍGADO 18
FIGURA 3: SEGMENTOS DEL HÍGADO DE COUINAUD CON VENAS 19
FIGURA 4 : PLANOS ANATÓMICOS EN LA RESONANCIA MAGNÉTICA 22
FIGURA 5 : COMPARATIVA DE LOS PLANOS DE RM ABDOMINAL (HEPATOBILIAR) 22
FIGURA 6 : VARIABILIDAD EN LA FORMA DE HÍGADO SEGÚN COUINAUD 24
FIGURA 7: VARIABILIDAD EN LAS BIFURCACIONES DE LAS VENAS DEL HÍGADO SEGÚN COUINAUD 24
FIGURA 8 : COMPARATIVA DE LOS PLANOS DE RM ABDOMINAL CON HÍGADO SEÑALADO 24
FIGURA 9 : EJEMPLOS DE VENAS ANOTADAS POR EXPERTOS 25
FIGURA 10: ALMACENAMIENTO ESTUDIO CON IMÁGENES DICOM (IZQUIERDA) Y SU VISUALIZACIÓN CON MICRODICOM (DERECHA) 29
FIGURA 11: DESGLOSE ESTUDIO EN FORMATO EST 30
FIGURA 12: IMAGEN DE PRUEBA EN EL *CORTE* 340 DEL ESTUDIO DE EJEMPLO 31
FIGURA 13: IMAGEN DE PRUEBA EN EL *CORTE* 340 DEL ESTUDIO DE EJEMPLO ETIQUETADA 31
FIGURA 14: IMAGEN DE PRUEBA EN EL *CORTE* 280 DEL ESTUDIO DE EJEMPLO 32
FIGURA 15: EJEMPLO DE SEGMENTACIÓN DEL HÍGADO EN IMAGEN DE RM 33
FIGURA 16: RESULTADOS DEL ANÁLISIS DEL MÉTODO DE COMPONENTES ESCALARES CONECTADOS (IMAGEN PRUEBA 340) . 39
FIGURA 17: TIPOS DE FILTRO DE UMBRAL 40
FIGURA 18: RESULTADOS DEL ANÁLISIS DEL FILTRO UMBRAL (IMAGEN PRUEBA 340) 41
FIGURA 19: RESULTADOS DEL ANÁLISIS DEL MÉTODO DE CRECIMIENTO REGIONES DE UMBRALES CONECTADOS (IMAGEN PRUEBA 340, SEGMENTACIÓN VENA 1, VENA 2, VENA 3, VENA 4) 42
FIGURA 20: ANÁLISIS DEL MÉTODO DE CRECIMIENTO REGIONES DE UMBRALES CONECTADOS (IMAGEN PRUEBA 340, COMPARATIVA RESULTADOS EN LA SEGMENTACIÓN DE LA VENA 2) 43
FIGURA 21: RESULTADOS DEL ANÁLISIS DEL MÉTODO DE CRECIMIENTO REGIONES DE UMBRALES CONECTADOS EN UN VOLUMEN 3D 43
FIGURA 22: RESULTADOS DEL ANÁLISIS DEL MÉTODO DE CRECIMIENTO REGIONES DE VECINOS CONECTADOS (IMÁGEN PRUEBA 340, VENA 1) 44
FIGURA 23: RESULTADOS DEL ANÁLISIS DEL MÉTODO DE REGIONES DE COMPONENTES AISLADOS CONECTADOS (IMAGEN PRUEBA 280) 45
FIGURA 24: RESULTADOS DEL ANÁLISIS DEL MÉTODO DE LEVEL SETS BASADO EN UMBRALES (IMAGEN PRUEBA 340, VENA 1) 46
FIGURA 25: RESULTADOS DEL ANÁLISIS DEL FILTRO DE SUAVIZADO DE DIFUSIÓN ANISOTRÓPICA DE CURVATURA (IMAGEN DE PRUEBA 280) 48
FIGURA 26: RESULTADOS DEL ANÁLISIS DEL FILTRO DE SUAVIZADO DE DIFUSIÓN ANISOTRÓPICA DE GRADIENTE (IMAGEN DE PRUEBA 280) 48
FIGURA 27: RESULTADOS DEL ANÁLISIS DE LA OPERACIÓN DE DILATACIÓN (IMÁGENES DE PRUEBA 280 Y 340) 49
FIGURA 28: RESULTADOS DEL ANÁLISIS DEL MÉTODO DE OTSU DE MÚLTIPLES UMBRALES (IMAGEN PRUEBA 280) 49
FIGURA 29: IMAGEN DE PRUEBA 280 CONVERTIDA EN MÁSCARA 50
FIGURA 30: RESULTADOS DEL ANÁLISIS DE SEGMENTACIÓN CON MÚLTIPLES UMBRALES DE OTSU EMPLEANDO MÁSCARA SOBRE LA ZONA DEL HÍGADO (IMAGEN PRUEBA 280) 51
FIGURA 31: RESULTADOS DEL ANÁLISIS DEL FILTRO SIGMOIDAL (IMAGEN PRUEBA 280) 52
FIGURA 32: FASES EN EL DESARROLLO DE LA SOLUCIÓN 60
FIGURA 33: FASE 1. PROCEDIMIENTO INICIAL: PRIMEROS PASOS, DIAGRAMA DE FLUJO 62
FIGURA 34: COMPARATIVA DE LA VARIABILIDAD DE LOS VALORES DE VENA 64
FIGURA 35: COMPARATIVA DE LA VARIABILIDAD DE LOS VALORES DE HÍGADO 65
FIGURA 36: RESULTADOS FASE 1. SEGMENTACIÓN CON MÉTODO DE CRECIMIENTO DE REGIONES DE UMBRALES CONECTADOS, UMBRALES ADAPTATIVOS RESPECTO A C, 1 SEMILLA, SUPERPOSICIÓN SOBRE *CORTES* DE UN ESTUDIO ... 67
FIGURA 37: RESULTADOS FASE 1. SEGMENTACIÓN CON MÉTODO DE CRECIMIENTO DE REGIONES DE UMBRALES CONECTADOS, UMBRALES ADAPTATIVOS RESPECTO A C, 1 SEMILLA, VOLUMEN EN 3D 67
FIGURA 38: RESULTADOS FASE 1. SEGMENTACIÓN CON MÉTODO DE CRECIMIENTO DE REGIONES DE UMBRALES CONECTADOS, UMBRALES ADAPTATIVOS RESPECTO A C, VARIAS SEMILLAS, VOLUMEN EN 3D 68

FIGURA 39: RESULTADOS FASE 1. SEGMENTACIÓN CON EL MÉTODO DE CRECIMIENTO DE REGIONES DE UMBRALES CONECTADOS, UMBRALES ADAPTATIVOS RESPECTO A C, SELECCIÓN 2ª SEMILLA FALLIDA, SUPERPOSICIÓN SOBRE *CORTES* DE UN ESTUDIO 69
FIGURA 40: RESULTADOS FASE 1. SEGMENTACIÓN CON EL MÉTODO DE CRECIMIENTO DE REGIONES DE UMBRALES CONECTADOS, UMBRALES ADAPTATIVOS RESPECTO A C, SELECCIÓN 2ª SEMILLA FALLIDA, VOLUMEN EN 3D 69
FIGURA 41: EJEMPLIFICACIÓN DE LOS PRINCIPIOS DE AGRUPACIÓN 71
FIGURA 42: BÚSQUEDA DEL HIPERPLANO ÓPTIMO EN LA SEPARACIÓN DE CLASES DE LAS MÁQUINAS VECTOR SOPORTE 72
FIGURA 43: EJEMPLOS DE SOLAPE ENTRE LOS VALORES DE VENA Y LOS VALORES DE HÍGADO 75
FIGURA 44: OBTENCIÓN DE CARACTERÍSTICAS PARA EL ENTRENAMIENTO DE LA SVM 76
FIGURA 45: GRÁFICA GENERADA TRAS EJECUTAR EL SCRIPT EASY.PY DE LIBSVM 81
FIGURA 46: FASE2. PROCEDIMIENTO MEJORADO: SEGMENTACIÓN BASADA EN CLASIFICADOR, DIAGRAMA DE FLUJO 84
FIGURA 47: COMPARATIVA UMBRALES MÍNIMOS EN FASE 2. 86
FIGURA 48: RESULTADOS FASE 2. SEGMENTACIÓN BASADA EN CLASIFICADOR CON SVM, UMBRAL MÍNIMO 60%, SUPERPOSICIÓN SOBRE *CORTES* DE UN ESTUDIO 87
FIGURA 49: RESULTADOS FASE 2. SEGMENTACIÓN BASADA EN CLASIFICADOR CON SVM, UMBRAL MÍNIMO 60%, VOLUMEN EN 3D 87
FIGURA 50: FASE 3. PROCEDIMIENTO FINAL: PRE-PROCESADO Y CAMBIOS ADICIONALES 90
FIGURA 51: POST-PROCESADO DEL HÍGADO TRAS SEGMENTACIÓN 91
FIGURA 52: COMPARACIÓN DE UMBRAL SIMPLE VS UMBRAL DOBLE EN FASE FINAL 93
FIGURA 53: TÉRMINOS DE LAS ECUACIONES DE MÉTRICAS EMPLEADAS EN LA EVALUACIÓN 95
FIGURA 54: RESULTADOS DEL PROCEDIMIENTO FINAL SOBRE ESTUDIO DE EJEMPLO, 1 SEMILLA, SUPERPOSICIÓN *CORTES* PLANO TRANSVERSAL 99
FIGURA 55: RESULTADOS OBTENIDOS POR EL PROCEDIMIENTO FINAL SOBRE ESTUDIO DE EJEMPLO, CON UNA SEMILLA EN VOLUMEN 3D 99
FIGURA 56: RESULTADOS DE LA SEGMENTACIÓN MANUAL SOBRE ESTUDIO DE EJEMPLO, UNA SEMILLA, SUPERPOSICIÓN *CORTES* EN EL PLANO TRANSVERSAL 100
FIGURA 57: RESULTADOS DEL PROCEDIMIENTO FINAL SOBRE ESTUDIO DE EJEMPLO, 1 SEMILLA, VOLUMEN EN 3D 100
FIGURA 58: COMPARATIVA DE LA SEGMENTACIÓN MANUAL VS LA SEGMENTACIÓN DEL PROCEDIMIENTO SOBRE EL ESTUDIO DE EJEMPLO 101
FIGURA 59: RESULTADOS DEL PROCEDIMIENTO FINAL SOBRE NUEVO ESTUDIO 1, 1 SEMILLA, SUPERPOSICIÓN *CORTES* PLANO TRANSVERSAL 102
FIGURA 60: RESULTADOS DEL PROCEDIMIENTO FINAL SOBRE NUEVO ESTUDIO 1, 1 SEMILLA, VOLUMEN EN 3D 102
FIGURA 61: RESULTADOS DE LA SEGMENTACIÓN MANUAL SOBRE NUEVO ESTUDIO 1, 1 SEMILLA, SUPERPOSICIÓN *CORTES* PLANO TRANSVERSAL 103
FIGURA 62: RESULTADOS DE LA SEGMENTACIÓN MANUAL SOBRE NUEVO ESTUDIO 1, 1 SEMILLA, VOLUMEN EN 3D 103
FIGURA 63: RESULTADOS PROCEDIMIENTO FINAL SOBRE NUEVO ESTUDIO 2, 1 SEMILLA, SUPERPOSICIÓN *CORTES* PLANO TRANSVERSAL 104
FIGURA 64: RESULTADOS PROCEDIMIENTO FINAL SOBRE NUEVO ESTUDIO 2, 1 SEMILLA, VOLUMEN EN 3D 104
FIGURA 65: RESULTADOS DE LA SEGMENTACIÓN MANUAL SOBRE NUEVO ESTUDIO 2, 1 SEMILLA, SUPERPOSICIÓN *CORTES* PLANO TRANSVERSAL 105
FIGURA 66: RESULTADOS DE LA SEGMENTACIÓN MANUAL SOBRE NUEVO ESTUDIO 2, 1 SEMILLA, VOLUMEN EN 3D 105
FIGURA 67: VOLUMEN EN 3D OBTENIDO TRAS APLICAR LA OPERACIÓN DE APERTURA EN PRUEBA FALLIDA DE POST-PROCESADO 107

Índice de Tablas

TABLA 1: SECCIÓN DE ETIQUETAS IMAGEN DICOM (SELECCIÓN DE ETIQUETAS MOSTRADAS POR LA HERRAMIENTA MICRODICOM) 27
TABLA 2: ETIQUETA SECUENCIA IMAGEN DICOM 28
TABLA 3: PARÁMETROS UTILIZADOS EN EL ANÁLISIS DEL MÉTODO DE COMPONENTES ESCALARES CONECTADOS 39
TABLA 4: PARÁMETROS EJECUCIÓN FILTRO ANISOTRÓPICO DE CURVATURA EN FASE 1 62
TABLA 5: PARÁMETROS EJECUCIÓN OPERACIÓN DILATACIÓN EN FASE 1 63
TABLA 6: VALORES POR DEFECTO DE CONFIGURACIÓN DE LA SVM DE LIBSVM 80
TABLA 7: INICIALIZACIÓN DE LA SVM CON LOS VALORES ÓPTIMOS 81
TABLA 8: ALMACENAMIENTO DE RANGO DE NORMALIZACIÓN DE LOS DATOS 82
TABLA 9: PARÁMETROS EJECUCIÓN OPERACIÓN DILATACIÓN SOBRE SEGMENTACIÓN DEL HÍGADO EN FASE FINAL 91
TABLA 10: PARÁMETROS EJECUCIÓN OPERACIÓN EROSIÓN SOBRE SEGMENTACIÓN DEL HÍGADO EN FASE FINAL 91
TABLA 11: COMPARATIVA MÉTRICAS SOBRE RESULTADOS OBTENIDOS CON EL PROCEDIMIENTO FINAL 97
TABLA 12: COMPARATIVA MÉTRICAS SOBRE ESTUDIO DE EJEMPLOS EN LAS DISTINTAS FASES DE DESARROLLO 98
TABLA 13: PARÁMETROS APLICADOS EN OPERACIÓN DE APERTURA EN PRUEBA FALLIDA DE POST-PROCESADO 106

Acrónimos

ARM	Angiografía por Resonancia Magnética
ASD	Angiografía por sustracción digital
AX	Axial
BLADE	Especial software for correction of movement
FS	Fat Saturation
HASTE	Half Fourier acquisition Single shot Turbo spin Echo
IRM	Imagen por resonancia magnética
ITK	Insight Segmentation and Registration Toolkit
RM	Resonancia magnética
SVM	Support Vector Machine -> Máquina Vector Soporte
TC	Tomografía Computerizada
VIBE	Volume-Interpolated Breath-hold Exam
VTK	Visualization toolkit

1. Introducción, objetivos y contexto

1.1 Descripción del problema

La descripción y clasificación del sistema hepático realizado por Couinaud[1] es la más utilizada y adecuada durante el planteamiento de la cirugía del órgano y la más precisa a la hora de localizar y monitorizar las lesiones que pueden aparecen en distintas partes del mismo. Para realizar la segmentación del hígado, es esencial conocer cómo se distribuye el sistema venoso en el mismo, ya que se basa en la identificación y localización de las venas hepática y porta. Además, la localización y segmentación de las lesiones resulta más adecuada cuando se cuenta con el modelo vascular y no se tienen en consideración las variaciones anatómicas dentro del órgano, lo que permite estudiar cómo llega el flujo sanguíneo a lesiones como los tumores. De este modo, se puede saber cuáles son los límites de resección correctos para la extracción de lesiones o del propio hígado si se trata de una operación de trasplante. Este conocimiento resulta muy valioso durante la preparación de la intervención quirúrgica, ya que dependiendo del paciente puede haber variaciones sobre el modelo esperado y deben tenerse en cuenta para evitar complicaciones durante la operación.

En el presente trabajo, se pretende **automatizar la segmentación del árbol de venas hepático** con el objetivo de proporcionar el conocimiento anteriormente expuesto a los médicos y cirujanos que intervienen previamente y durante un proceso quirúrgico. Para ello, se analizan diversas técnicas de segmentación de imágenes y se realiza una propuesta de algoritmo, basado en métodos de visión por computador, que pueda ser utilizado para obtener un volumen 3D de las venas principales del hígado. El conocimiento de las venas principales y sus ramas es importante para saber de dónde obtienen las lesiones el aporte sanguíneo, resultando ser unas balizas de utilidad durante la intervención.

Teniendo en cuenta lo anterior, se pretende dar respuesta al requerimiento de los profesionales médicos para poder contar con información de apoyo antes de la cirugía que les permita realizar una planificación más precisa, evitar imprevistos durante el procedimiento y así mejorar la tasa de éxito de las operaciones y por tanto la calidad de vida de los pacientes. Asimismo, también resulta de utilidad durante la planificación de nuevas terapias como la Electroquimioterapia, un tratamiento que permite la administración de medicamentos de forma guiada en zonas muy concretas aplicando un campo eléctrico en las células y donde el conocimiento del árbol de venas se hace necesario para evitar dañarlo.

1.2 Contexto

El **hígado** se encuentra ubicado principalmente en el cuadrante superior derecho, y parte del izquierdo del abdomen. En concreto, se sitúa debajo del diafragma y por encima del estomago. La Figura 1 muestra su localización y su posición respecto a otros órganos colindantes. Se puede observar la presencia de la Vesícula biliar, que se encuentra en la parte inferior del hígado y está directamente conectada con el mismo. También se sitúa por encima y delante de los riñones, por lo que es normal que los mismos aparezcan en las imágenes de resonancia magnética utilizadas en este trabajo, que se estudian posteriormente.

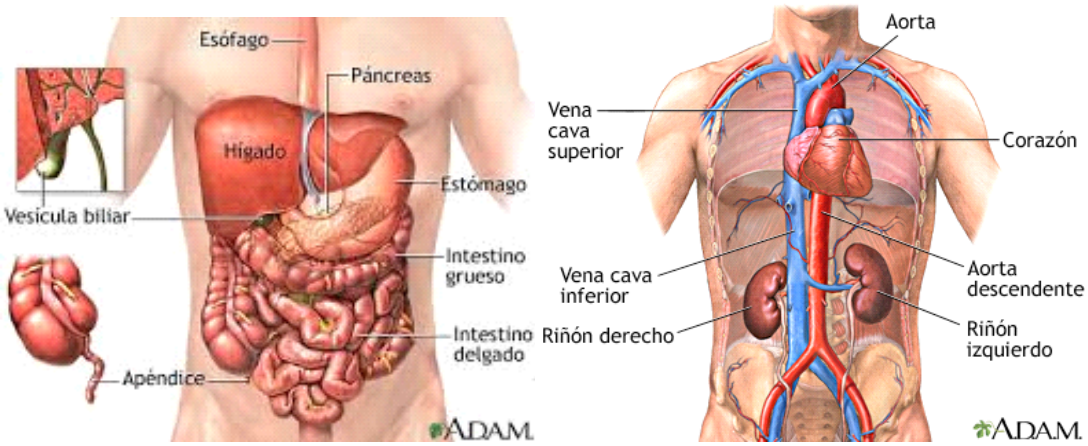


Figura 1 : Localización del hígado en el cuerpo

Para poder llevar a cabo correctamente la tarea de segmentación de venas, es necesario conocer de antemano la **anatomía** interna del órgano. Como se puede apreciar en la Figura 2, en el interior del hígado se pueden encontrar diferentes tipos de estructuras. Por un lado, en la parte superior del hígado se encuentra la vena hepática, que a su vez drena en la vena cava inferior. Por otro lado, identificamos en la parte inferior la presencia de diferentes tipos de conductos, tales como el conducto hepático común, el conducto cístico y el conducto biliar, que conecta con la vesícula biliar. También se puede identificar la presencia de la arteria hepática y de la vena porta. Cómo se aprecia en la figura, la vena porta, la artería hepática y el conducto biliar se sitúan en paralelo, pero la vena porta es vista como el elemento más importante.

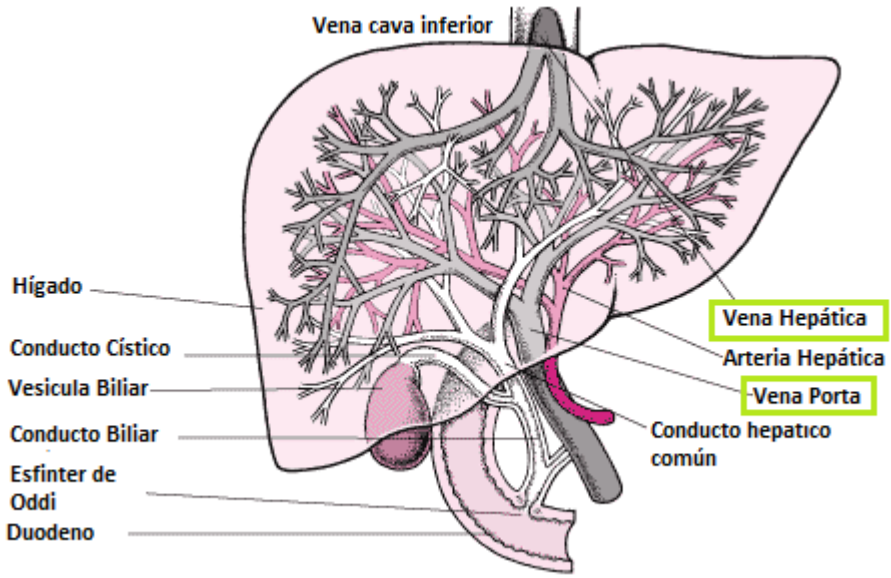


Figura 2 : Estructura interior del hígado

La **segmentación** del árbol de venas del hígado requiere (principalmente) tener en cuenta dos de los elementos mencionados anteriormente, que son la **Vena hepática** y la **Vena Porta**. Esto se debe a Couinaud [1], que a diferencia de los métodos tradicionales de descripción de la morfología del hígado en base a su apariencia externa, propuso dividir el hígado en ocho segmentos diferentes funcionales, tal y como se muestra en la Figura 3. La **anatomía de Couinaud** se basa en segmentos portales, donde cada segmento tiene su aporte sanguíneo, linfático y drenaje biliar propio. Cada segmento tiene una rama o ramas de la vena

porta rodeada por una vena hepática. La división del hígado en diferentes segmentos tiene un carácter quirúrgico importante, ya que cada uno es funcionalmente independiente. Una vez se localizan las lesiones dentro del hígado, el cirujano puede proceder a la resección del segmento o segmentos correspondientes, causando el mínimo impacto en la funcionalidad del órgano.

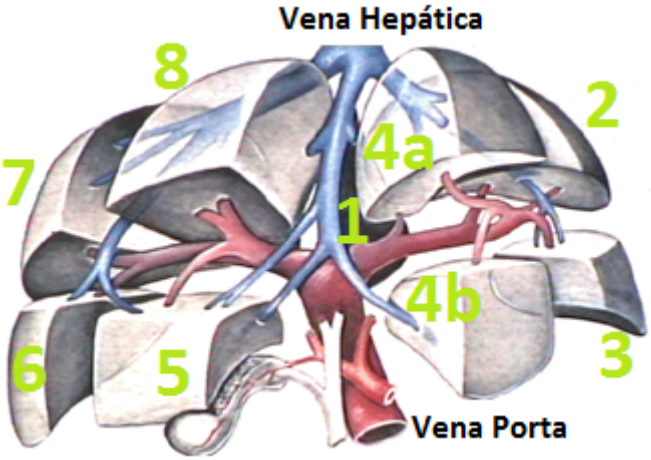


Figura 3: Segmentos del hígado de Couinaud con venas

El sistema de clasificación de Couinaud usa como referencia el árbol de venas del hígado para definir las diferentes **unidades funcionales** (numeradas del 1 al 8) como se aprecia en la Figura 3:

- La vena hepática derecha, divide el lóbulo derecho en los segmentos anterior y posterior.
- La vena hepática media, divide el hígado en los lóbulos izquierdos y derecho.
- La vena hepática izquierda, divide el lóbulo izquierdo en la parte media y lateral.
- La vena porta divide el hígado en los segmentos superiores e inferiores. Las ramas izquierda y derecha de la vena porta se proyectan en el centro de los segmentos resultantes.

Teniendo en cuenta lo anterior, queda patente la importancia de realizar la segmentación del árbol de venas hepático. La división del hígado en estas unidades funcionales, implica que cada uno de los segmentos puede ser extirpado sin dañar los restantes. Para que el hígado restante continúe siendo viable, las resecciones deben realizarse respecto a los vasos que definen la periferia de esos segmentos.

1.3 Objetivos

En base a los planteamientos anteriores, el objetivo principal del proyecto consiste en **segmentar las venas principales** que forman parte del hígado en imágenes provenientes de pruebas de resonancia magnética (IRM). Como resultado, se mostrará un volumen en 3D que permite ver la reconstrucción de estas venas (y alguna de sus ramificaciones) en una estructura volumétrica.

Para poder llevar a cabo este proyecto, se cuenta con la colaboración de un médico experto en radiología. Su conocimiento es clave en varios aspectos. En primer lugar para poder identificar, localizar y delimitar el hígado en el tipo de imágenes con las que se va a trabajar. En segundo lugar, para aprender cómo identificar las venas dentro del hígado y no confundirlas con otras lesiones que

también pueden estar presentes en el mismo (por ejemplo quistes, nódulos, metástasis, etc.).

Teniendo en cuenta lo anterior, se analizan diferentes tipos de aproximaciones que permitan cumplir el objetivo fijado. Para comenzar, se realizan pruebas utilizando diversos filtros y algoritmos básicos de tratamiento de imágenes, lo que permite analizar su idoneidad en la tarea de segmentación de venas. En imágenes donde los resultados no son del todo satisfactorios se analizan y estudian alternativas más complejas. En su conjunto, se propone un método que permite alcanzar los objetivos del proyecto.

Con el objetivo de validar el trabajo descrito anteriormente, se muestran los resultados de segmentación en estudios de resonancia magnética provenientes de diferentes casos clínicos.

Teniendo en cuenta la anterior, **los objetivos del proyecto** pueden resumirse en los siguientes puntos:

1. Estudio y análisis de métodos de segmentación de imágenes de RM con fines de identificación de venas.

2. Diseñar una estrategia para segmentar las venas principales que forman parte del hígado en imágenes de RM mediante técnicas de tratamiento de imágenes y visión por computador.
3. Obtener un volumen en 3D que muestre la reconstrucción de las venas y sus ramificaciones en un volumen.

4. Analizar los resultados obtenidos.

Asimismo, señalar que en ningún momento el propósito del proyecto es el desarrollar una solución genérica de segmentación del árbol hepático que pueda ser aplicada sobre cualquier tipo de imágenes de RM. Como veremos más adelante, las propias características de estas imágenes hacen esta labor muy difícil, debido a la gran variedad de casuísticas que las mismas pueden presentar. Normalmente, este tipo de soluciones se desarrollan para resolver la problemática en imágenes que se han adquirido siguiendo una serie de requisitos. También destacar que el número de imágenes disponibles para el desarrollo del proyecto es limitado debido a problemas relacionados con la confidencialidad de los datos, lo que dificulta la mencionada generalización en el supuesto de que las imágenes provengan de otros dispositivos o fuentes.

1.4 Planteamiento de la solución propuesta

Para conseguir los objetivos anteriores, se propone aplicar una metodología de implementación progresiva, es decir, partir de una implementación inicial para después realizar mejoras sobre la misma de forma iterativa. La implementación inicial se basa en algoritmos de segmentación de imágenes, y en especial en aquellos que muestran ser efectivos tras el análisis de los mismos con las imágenes disponibles en el proyecto. En segundo lugar, se estudia la posible combinación del procedimiento implementado con otros métodos de procesado de imagen que puedan ser complementarios y útiles a la hora de enriquecer el procedimiento y los resultados obtenidos con el mismo. Finalmente, se estudia la posibilidad de realizar mejoras sobre el algoritmo basadas en el conocimiento adquirido tras realizar un

análisis exhaustivo del estado del arte de métodos que puedan ser más precisos y útiles en la segmentación de venas.

En resumidas cuentas, la metodología propuesta para la implementación se puede sintetizar en los siguientes pasos:

1. Primeros pasos y propuesta inicial tras análisis de los algoritmos de segmentación disponibles en el estado del arte.

2. Estudio de métodos de procesado de imagen complementarios e inclusión de los mismos en el procedimiento.

3. Propuesta final del algoritmo incluyendo mejoras sintetizadas tras el análisis detallado de otras metodologías del estado del arte.

1.5 Organización de la memoria

En la **primera** sección de la memoria se ha realizado una introducción al problema que se aborda en este proyecto, se han descrito los objetivos del mismo y se ha planteado una pequeña presentación del contexto del tema a desarrollar. En la **segunda** sección se realiza una presentación sobre las características e idiosincrasia de las imágenes de resonancia magnética, y en la **tercera** sección se explica cómo localizar el hígado y las venas en dichas imágenes, así como las características más técnicas de las imágenes que se obtienen tras realizar una prueba de RM.

Por otro lado, en la **cuarta** sección se realiza un resumen de aquellos métodos del estado del arte orientados a la segmentación de imágenes, se efectúa un análisis de dichos métodos con las imágenes disponibles en el proyecto para estudiar su viabilidad y se realiza también una recapitulación de soluciones especialmente diseñadas para la segmentación de venas. En la **quinta** sección se procede a realizar una descripción de la solución propuesta y desarrollada para el cumplimiento de los objetivos planteados. Para comenzar se propone una propuesta preliminar que surge tras el estudio análisis de los métodos del estado del arte para dar paso a una propuesta más compleja y luego una final que incluye las pertinentes mejoras sobre la anterior.

Para terminar, en la **sexta** sección se presentan los resultados obtenidos con el procedimiento propuesto en el proyecto, utilizando para ello varios estudios de ejemplo. En la **séptima** sección se presentan intentos fallidos de mejora sobre la solución. En la **octava** sección se presentan las conclusiones extraídas a lo largo de la elaboración del proyecto y se proponen líneas de trabajo futuro que podrían implicar mejoras en la solución y por tanto en los resultados del mismo. Finalmente, en la **novena** sección se efectúa una recopilación de la bibliografía y referencias presentadas a lo largo del proyecto.

2. Imágenes de resonancia magnética

La resonancia magnética es una técnica de radiología no invasiva que permite obtener información sobre la composición y estructura de un cuerpo a analizar, independientemente de si es sano o contiene una enfermedad. Cuando se realiza una resonancia magnética, se obtienen imágenes desde tres tipos de **planos anatómicos** diferentes, tal y como muestra la Figura 4. Dichos planos son: Transversal (Axial), Coronal (Frontal) y Sagital, que se obtienen a partir de los ejes Craneocaudal, Laterolateral y Dorsoventral. El plano **transversal** es relativo a una estructura en particular, y es perpendicular al eje longitudinal de dicha estructura. Si la estructura es el cuerpo en su conjunto, equivale a un plano horizontal, que divide el cuerpo en zona superior e inferior. Por el contrario, el plano **coronal** se orienta de forma vertical, de manera que el cuerpo se divide en la parte anterior y posterior. Por último, el plano **sagital** también se orienta de forma vertical, pero divide el cuerpo en zona derecha y zona izquierda.

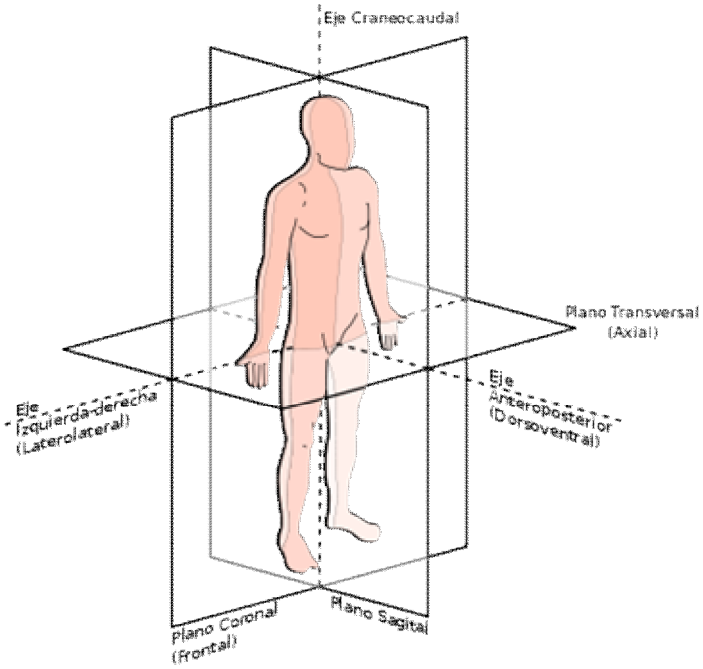


Figura 4 : Planos anatómicos en la resonancia magnética

En la Figura 5 se muestra un ejemplo donde se visualizan los tres tipos de planos simultáneamente en una resonancia magnética realizada en la zona del abdomen (Hepatobiliar). Como se puede intuir, la imagen de la izquierda muestra el plano Coronal, la del centro el plano Transversal, y la de la derecha el plano Sagital.

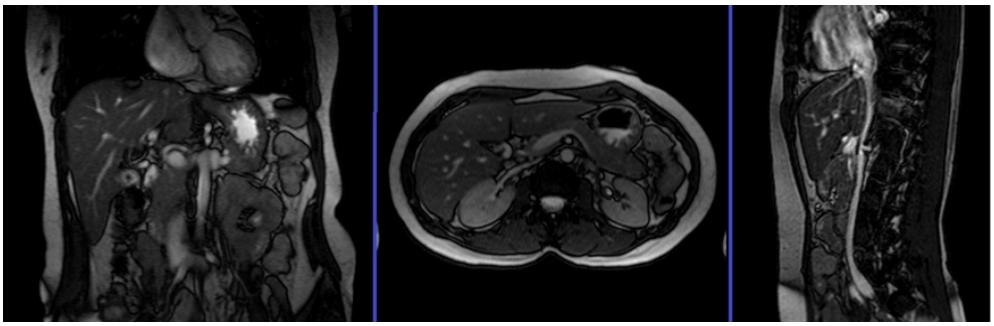


Figura 5 : Comparativa de los planos de RM abdominal (Hepatobiliar)

Todos los casos disponibles en el proyecto, a los que nos referimos como **estudios**, cuentan con imágenes pertenecientes a los tres planos mencionados. Sin embargo, por el momento, las correspondientes al plano trasversal han demostrado ser las más significativas y completas a la hora de llevar a cabo los objetivos del proyecto. Esto se debe a que por cada estudio se obtienen diferentes tipos de secuencias, y no todas las secuencias cuentan con el mismo número de imágenes en los planos coronal y sagital. Por lo tanto, este problema supone que para poder comparar las imágenes de las diferentes secuencias, algunas veces sea necesario obtener por interpolación lineal las imágenes no disponibles para estos planos. Las dimensiones máxima que puede haber dentro de un estudio son las siguientes: 64 en el plano Transversal, 160 en el plano Coronal y 256 en el plano Sagital.

Las imágenes de **resonancia magnética** deben parte de su éxito a que se trata de una tecnología muy dinámica y flexible, que permite obtener imágenes con contraste variable usando distintos impulsos, secuencias y cambiando los parámetros de imagen correspondientes a la constante de relajación longitudinal (T1), la constante de relajación transversal (T2) y las intensidades de la señal T1 y T2 dependiendo de las características del tejido. El contraste de las imágenes, depende además de los parámetros asociados a los impulsos de la secuencia.

Dentro del conjunto de estudios disponibles en el proyecto, se consideran hasta 10 categorías diferentes de **secuencias**. Para algunos tipos de secuencias, puede existir más de una captura dentro del mismo estudio, que ha podido ser obtenida con parámetros de configuración diferentes, por lo que el resultado en las imágenes es distinto aunque el nombre de secuencia se repita. Entre ellas se han identificado las siguientes:

- T2-HASTE.AX
- FASE OPUESTA AX (se puede repetir)
- t2_BLADE TRA RL
- T1 FS AX
- STIR AX
- DIFUSION ABDOMEN
- VIBE AX IPAT – SC (se puede repetir)
- VIBE AX IPAT – ARTERIAL
- VIBE AX IPAT – VENOSO
- VIBE AX IPAT – TARDIO

El contraste intrínseco ofrecido por las imágenes de resonancia magnética es capaz de resaltar las diferencias entre tejido normal y patológico, y también tejidos de diferente tipo histológico (como es el caso del hígado y de su correspondiente árbol de venas). Además, las imágenes de resonancia magnética son ampliamente utilizadas para la caracterización de metástasis y tumores primarios tales como lesiones benignas, hiperplasia nodular, adenoma, hemangioma y lesiones malignas como carcinoma hepatocelular.

De las secuencias posibles mencionadas anteriormente, las más adecuadas para llevar a cabo la segmentación del árbol hepático son la VIBE Arterial y la VIBE Venoso, especialmente la segunda. La diferencia de estas secuencias respecto al resto, es que las venas se aprecian con mayor contraste respecto al hígado, lo que hace posible identificarlas y diferenciarlas del órgano principal con mayor facilidad. Esto no es factible en el resto de secuencias, pero tampoco en el supuesto de que las imágenes del caso a estudiar no hayan sido obtenidas correctamente o contengan muchos artefactos, como veremos más adelante.

3. Localización del hígado en resonancia magnética

Para poder identificar el hígado en las imágenes RM, es recomendable conocer de antemano cuál es la forma esperada del órgano. En la tesis del doctor Couinaud [1] se describen las **formas** más comunes a través de la observación entre pacientes. En la Figura 6 se ilustran estas variabilidades en la morfología. Sin embargo, estas alteraciones no solo se aprecian en la forma del órgano, sino también internamente en el árbol hepático debido a los diferentes **tipos de bifurcaciones** que pueden ocurrir. Se muestra un ejemplo en la Figura 7.



Figura 6 : Variabilidad en la forma de hígado según Couinaud

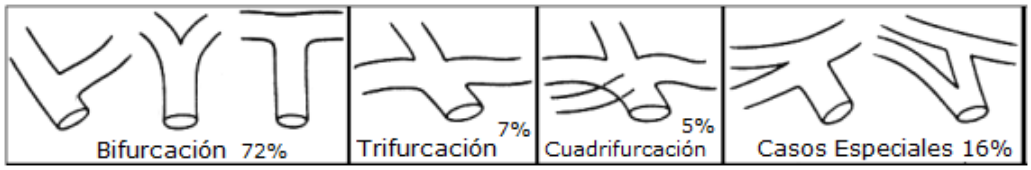


Figura 7: Variabilidad en las bifurcaciones de las venas del hígado según Couinaud

En la Figura 8 se analiza la imagen de ejemplo de resonancia magnética presentada anteriormente (ver Figura 5) y se señala la localización del hígado en cada uno de los planos. En el plano Coronal, el hígado se encuentra en la parte superior izquierda de la imagen, justo debajo del corazón. En este tipo de plano, se puede reconocer la forma del hígado, tal y como se muestras en la Figura 6. En el plano Transversal se localiza a la izquierda de la imagen, ocupando la mayor parte de esa mitad. Finalmente, en el plano Sagital también se localiza en el cuadrante superior izquierdo, aunque como se puede observar, en este plano cuesta más trabajo identificar este órgano, y también los demás, que en los otros planos.

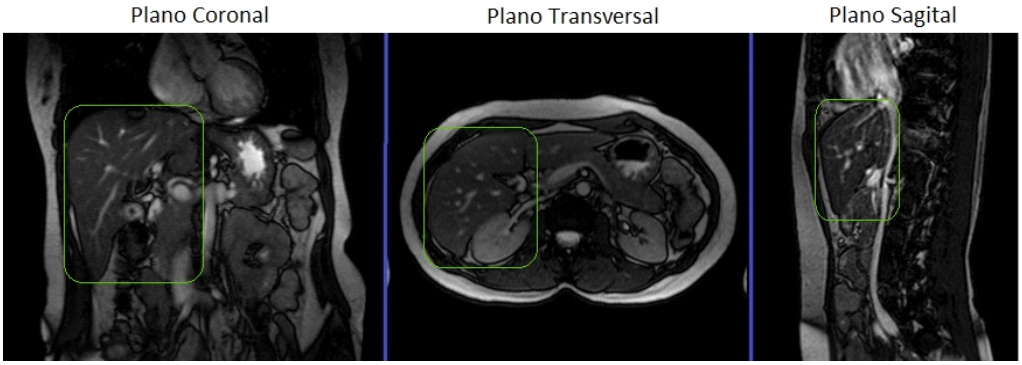


Figura 8 : Comparativa de los planos de RM abdominal con Hígado señalado

3.2 Identificación de venas en el hígado

Para poder llevar a cabo la tarea de segmentación de venas es necesario conocer primero cómo distinguirlas del resto de patologías que pueden estar

presentes dentro del hígado, del propio órgano en sí, y de otros órganos o elementos adyacentes que puedan crear confusión. Para ello, vamos a revisar una serie de imágenes, que han sido anotadas por expertos, sobre las que se indica la localización de las venas en caso de que aparezcan. A través de las observaciones de los **ejemplos**, se obtienen una serie de conclusiones y criterios que permitan comenzar con la tarea de segmentación.

***NOTA**: Las imágenes incluidas en esta sección pertenecen a http://w-radiologia.es/tomografia-abdomen.php. Aunque el objetivo de este análisis es la identificación de la Vena Porta y la Vena Hepática, se van a etiquetar en las imágenes diferentes tipos de elementos que pueden resultar de interés para mejorar la comprensión sobre las mismas.*

En la Figura 9 se muestra una compilación de diferentes imágenes de resonancia magnética anotadas por radiólogos. A continuación se explican los elementos a identificar en cada una de las imágenes.

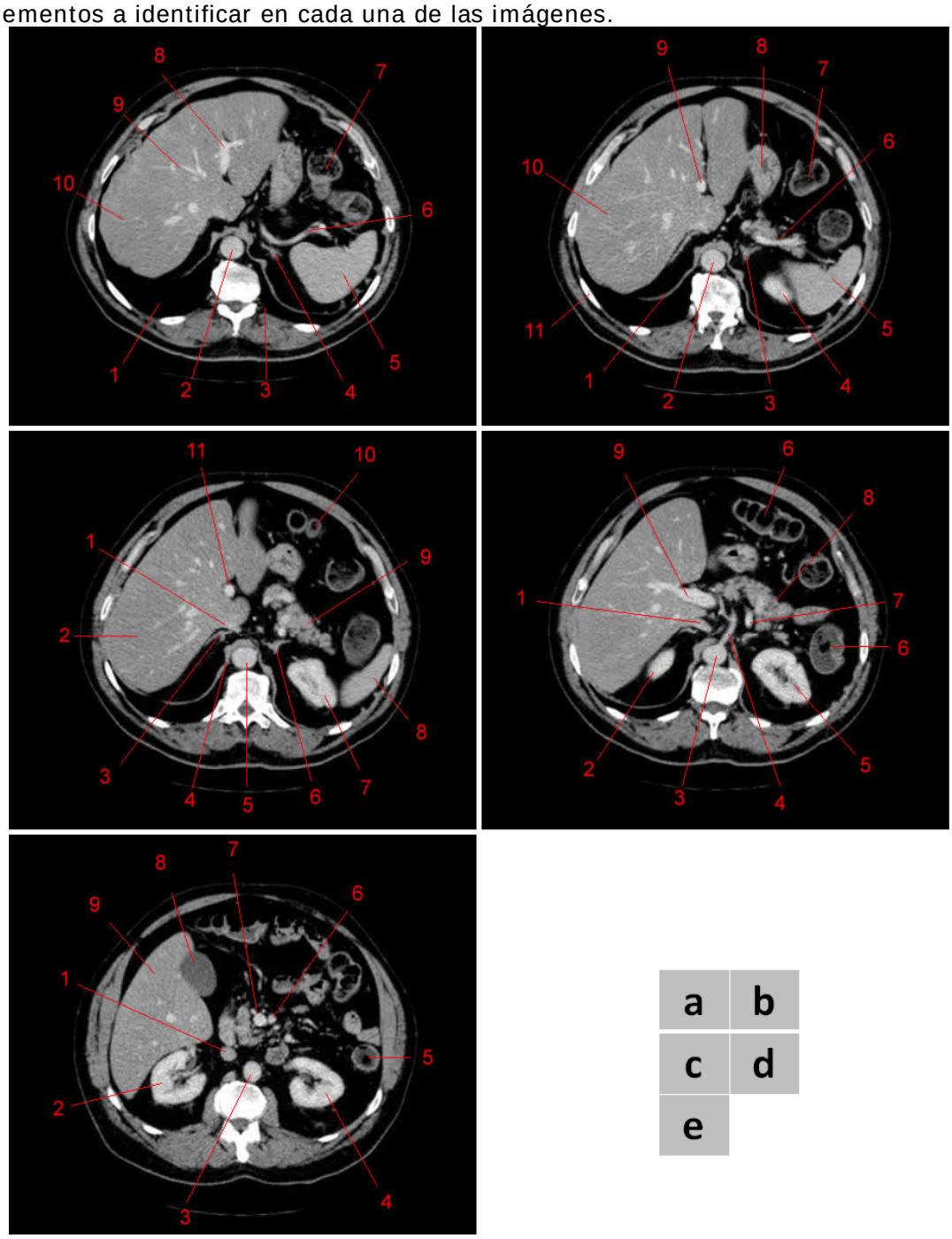


Figura 9 : Ejemplos de venas anotadas por expertos

En la figura **a**, el hígado aparece etiquetado con el número 10, mientras que la Vena Porta se identifica con el número 8 y la Vena Hepática con el 9. Por otro lado, vemos que con el número 2 se etiqueta la Aorta, tal y como se puede comprobar, se encuentra fuera del área del hígado.

En la figura **b**, el hígado ha sido etiquetado con el 10, mientras que el número 9 indica la localización de la Vena Porta. Por otro lado, en la parte derecha del hígado aparece un fragmento que parece que forma parte del mismo, pero en realidad se trata del estómago, etiquetado con un 8.

En lo que se refiere a la figura **c**, el hígado está etiquetado con un 2 y la Vena Porta con un 11. También aparece la Vena cava inferior etiquetada con un 1 y dentro del área del hígado; sin embargo, este elemento no es de nuestro interés, por lo que es importante no confundirla con alguna de las venas principales del hígado.

En otro ejemplo, en la figura **d**, se puede apreciar claramente la Vena Porta etiquetada con un 9. También aparece de nuevo la Vena cava inferior etiquetada con un 1, y como se mencionaba anteriormente, es importante no confundirla con las que son de nuestro interés. Además, etiquetado con un 2 aparece un elemento que podría confundirse con el hígado, pero que en realidad se trata de la parte superior del riñón derecho.

Finalmente, en la figura **e** no aparece ninguna vena de interés, pero sí un nuevo elemento etiquetado con un 8 y que en realizad se traza de la vesícula biliar.

A partir de lo observado en las imágenes del ejemplo anterior, se pueden obtener diferentes tipos de **conclusiones**:

- El hígado generalmente se identifica con cierta claridad, aunque a veces los límites son difusos en los bordes del mismo.
- Las venas y vasos sanguíneos siempre se visualizan con un color más claro que el hígado. Mientras que el color de las venas tiende a acercarse a blanco, el del hígado es generalmente un gris medio, aunque en algunas zonas también puede aparecer más claro.
- La dificultad más relevante radica en distinguir las venas de los vasos y las arterias. Esto resulta imposible a simple vista, siendo necesarios conocimientos de la anatomía del hígado para hacer posible la asignación de cada objeto segmentado al tipo correcto.
- El resto de patologías del hígado (por ejemplo quistes), normalmente se muestran con un color más oscuro que el resto del hígado, como también sucede con la vesícula biliar. En el caso especial del Hemangioma, éste se visualiza con un color claro y brillante, sin embargo resulta difícil que se pueda confundir con las venas, ya que presenta un aspecto redondeado y con mayor dimensión.

3.3 Características de las imágenes

El formato de entrada de las imágenes que se utilizan en este proyecto es **DICOM** [2], que se trata de un estándar extensamente empleado por diferentes dispositivos de captura de imagen médica. Todos los equipos modernos de imagen médica, como rayos-X, ultrasonidos, la tomografía computarizada (TC), y la resonancia magnética (RM) utilizan el formato DICOM.

La fortaleza de los archivos DICOM es que pueden almacenar más que imágenes. Cada fichero contiene información relativa al paciente, a los parámetros

de adquisición de la prueba (como el tipo de equipo usado y su configuración), y el contexto en el que se realiza la prueba, de modo que se facilita la identificación del tratamiento al que pertenece. Esta información se almacena en lo que se conocen como etiquetas DICOM o DICOM tags. La mayoría de estas etiquetas tienen un código y un parámetro asociado que siempre deben contener información, pero también hay una serie de etiquetas de libre disposición que pueden usarse según se requiera.

Existen diversas herramientas que permiten visualizar los archivos DICOM, bien de forma individual, o bien todas las imágenes pertenecientes a una prueba (o estudio), de modo que se puede navegar fácilmente entre los diferentes *cortes* (*slices*) de una toma de imágenes o secuencia. Por ejemplo, para la realización de este proyecto, se ha utilizado un software gratuito llamada *MicroDicom* [3]. Esta aplicación permite ver fácilmente las imágenes (*cortes*) y las etiquetas asociadas a las mismas (ordenadas según el tipo de secuencia), además de ofrecer herramientas que permiten exportar las imágenes individuales a otros formatos.

Algunas de las etiquetas más significativas a tener en cuenta de las imágenes DICOM se resumen en la Tabla 1.

Tabla 1: Sección de etiquetas imagen DICOM (selección de etiquetas mostradas por la herramienta MicroDicom)

(0028,0002)	SamplesPerPixel	US	1	2	1
(0028,0004)	PhotometricInterpretation	CS	1	12	MONOCHROME2
(0028,0010)	Rows	US	1	2	160
(0028,0011)	Columns	US	1	2	256
(0028,0100)	BitsAllocated	US	1	2	16
(0028,0101)	BitsStored	US	1	2	12
(0028,0102)	HighBit	US	1	2	11
(0028,0103)	PixelRepresentation	US	1	2	0
(0028,0106)	SmallestImagePixelValue	US	1	2	0
(0028,0107)	LargestImagePixelValue	US	1	2	744

El significado de las mismas es el siguiente:

- ***Ejemplos por Píxel*** (*Samples Per Pixel*) concreta el números de canales de color de la imagen. En imágenes en escala de grises como las de TC o IRM esta valor debe ser 1 (representando al canal gris) y 3 en el caso de imágenes a color, representando los tres canales RGB.
- La ***Interpretación Fotométrica*** (*Photometric Interpretation*) es un elemento único de los archivos DICOM que define qué espacio de color se utiliza para codificar la imagen. En el caso de una imagen en color, el valor de la propiedad será “RGB”, mientras que para imágenes grises el valor más común es “MONOCHROME2”, que significa que el valor 0 debe ser interpretado como color Negro. En otro tipo de imágenes, como las fluoroscópicas, el valor del parámetro sería “MONOCHROME1”, que significa que el 0 debe ser interpretado como Blanco.
- Las etiquetas de ***Filas*** (*Rows*) y ***Columnas*** (*Columns*) definen el tamaño de la imagen. Las filas representan la altura de la imagen (o el eje Y), mientras que las columnas representan la anchura de la misma (o el eje X). En el caso concreto del proyecto actual, todas las imágenes tienen 160 filas y 256 columnas, resultando ser imágenes relativamente pequeñas.
- La etiqueta de ***Bits Asignados*** (*Bits Allocated*) define cuánto espacio se reserva en memoria para representar el valor de cada píxel. Normalmente las imágenes DICOM tienen un valor de 8 bits o de 16 bits para aquellas imágenes con más de 256 niveles de gris, permitiendo un total de 65536.

- En el caso de ***Bits Almacenados*** (*Bits Stored*) define cuantos de los bits asignados son realmente utilizados para representar los píxeles de la imagen. En el caso de imágenes de TC o IRM el valor suele ser 12, lo que permite almacenar valores entre 0 y 4095 (ya que 2^{12} es 4096). Los 4 bits que sobran deben tenerse en cuenta y eliminarse a leer el valor de los píxeles. Reseñar aquí, que todas las imágenes utilizadas en los experimentos desarrollados dentro del proyecto actual utilizan 12 bits como almacenamiento real.
- El campo de ***Bit Alto*** (*High Bit*) define cómo los bits almacenados se alinean dentro de los bits asignados. Su valor es el número de bit (el primer bit es cero) del último bit utilizado. Para imágenes JPG este valor sería 7, mientras que en imágenes de TC e IRM el valor es 11.
- La ***Representación del Píxel*** (*Pixel Representation*) puede ser 0 para representar que no tiene signo o 1 para representar que sí lo tiene. Por defecto la representación es sin signo.
- Las etiquetas de ***Menor Valor de Píxel*** (*Smallest Image Pixel Value*) y ***Mayor Valor de Píxel*** (*Largest Image Pixel Value*) muestran el valor mínimo y valor máximo de píxel para cada imagen DICOM concreta.

Cada prueba realizada a un paciente se denomina **estudio**, y contiene diferentes imágenes DICOM que están organizadas en carpetas, cada una representando una secuencia diferente del estudio como las mencionadas en la sección 2 del presente documento. Para poder identificar la secuencia a la que pertenece cada imagen DICOM concreta, es necesario consultar la etiqueta "*SeriesDescription*" de su cabecera (Tabla 2).

Tabla 2: Etiqueta secuencia imagen DICOM

(0008,103E)	SeriesDescription	LO	1	20	FASE FASE OPUESTA AX

A partir del valor de esta etiqueta es posible organizar todas las imágenes del mismo estudio según su valor de secuencia tal y como se muestra en la Figura 10. Es importante tener en cuenta que cada estudio puede tener un número de secuencias diferente según la prueba que se le esté realizando al paciente, y en la mayoría de los casos hay muchas más de las necesarias para realizar tareas de segmentación sobre las imágenes.

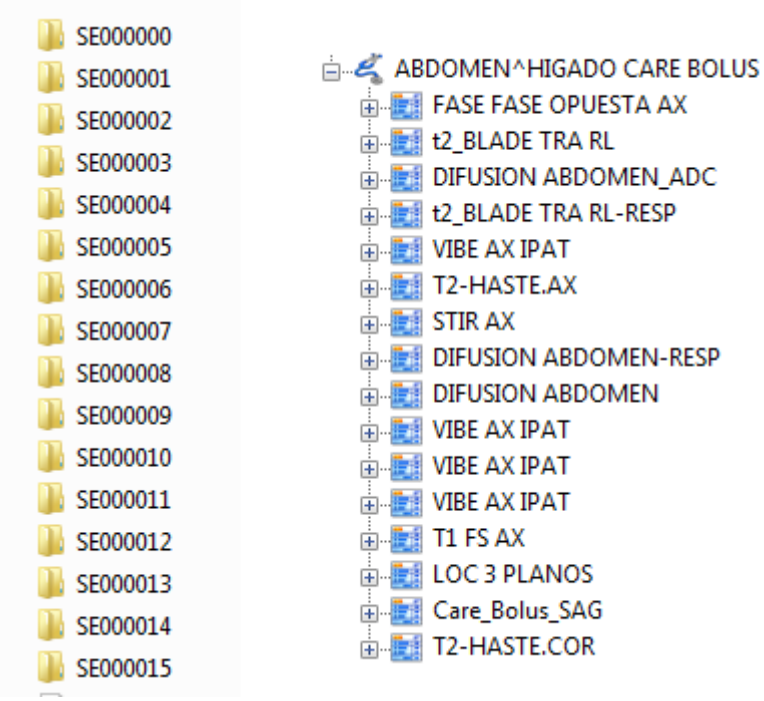


Figura 10: Almacenamiento Estudio con imágenes DICOM (izquierda) y su visualización con MicroDicom (derecha)

Sin embargo, en el trabajo actual no se manipulan las imágenes DICOM directamente, sino que su información se exporta a un tipo de archivo denominado **EST**. Como se puede apreciar en la Figura 11, al exportar el estudio a este tipo de fichero se generan diferentes tipos de archivos. El archivo principal es el EST, que internamente hace referencia a los archivos que terminan en SEC, que es donde se almacena la información que contenían las imágenes DICOM originales. También se referencia a unos tipos de archivos denominados como DIS y SEG, que se utilizan para almacenar la segmentación que se realiza sobre las secuencias, razón por la que este tipo de archivos se utilizan en el proyecto. En estos ficheros se puede almacenar la información de segmentación de diferentes tipos de elementos a la vez, como por ejemplo del hígado, de las venas, o de diversas patologías como quistes, hemangiomas, metástasis, etc. Cada uno de los elementos susceptibles de ser segmentados son identificados con un código numérico intransferible, y su información de segmentación en una matriz de 1's y 0's. La matriz con la información de segmentación tiene el mismo tamaño de la imagen, por lo que se superpone sobre la misma.

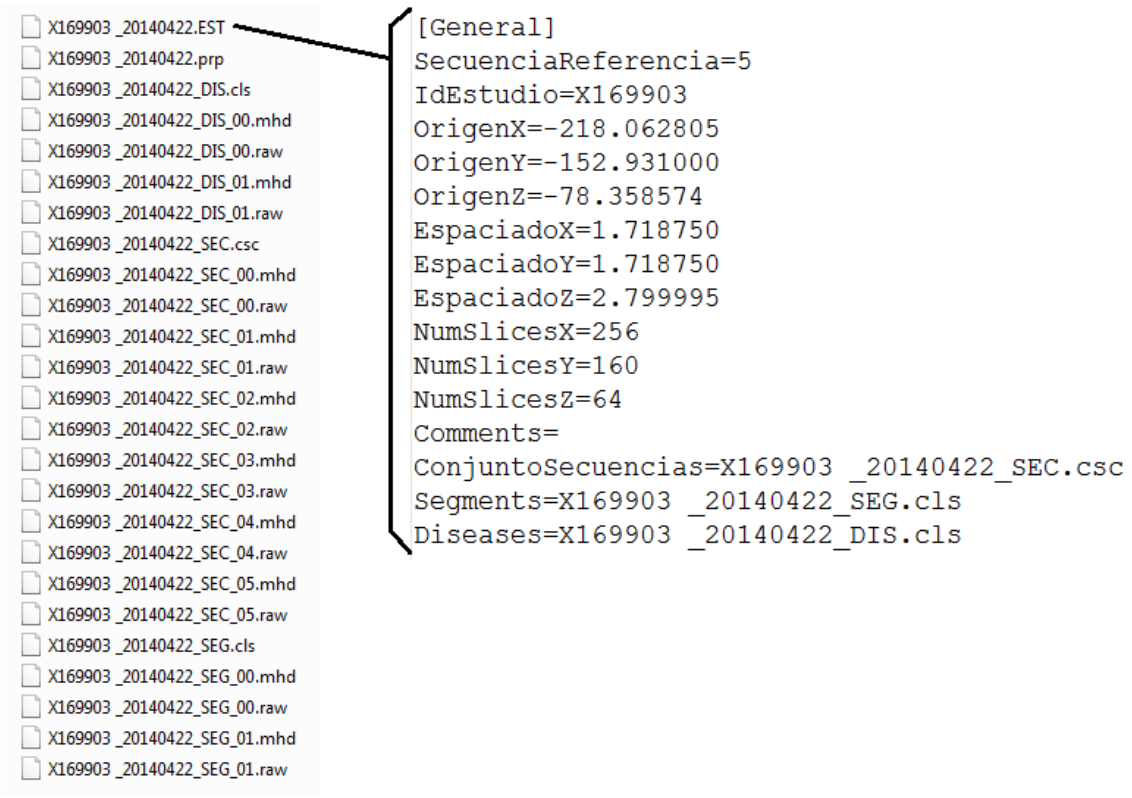


Figura 11: Desglose Estudio en formato EST

Además, se almacenan otros **datos adicionales** que permiten ajustar la visualización de las imágenes en base a unos parámetros de referencia. Por ejemplo, sucede que al importar un estudio DICOM, las diferentes secuencias dentro del estudio pueden tener un número de imágenes diferentes en los distintos planos. En ese caso, se establece el número de *cortes* de referencia en base a la secuencia que tenga mayor número de *cortes* (para no perder información), y en aquellas secuencias que tengan un número menor de *cortes* se generan nuevas imágenes intermedias por interpolación lineal. Entones, se guarda el estudio en formato EST incluyendo las nuevas imágenes calculadas y en el archivo de **cabecera** del EST se especifica el número de *cortes* de referencia utilizado.

Otros parámetros que se almacenan en la cabecera del EST son relativos a la posición de las imágenes respecto al origen de coordenadas o el espaciado para su visualización. Este tipo de información resulta muy útil en caso de que sea necesario realizar un registro de las imágenes antes de ejecutar tareas de segmentación sobre las mismas. También es importante para que los resultados de la segmentación estén bien registrados sobre la imagen correspondiente.

En algunos casos, las imágenes de ciertas secuencias pueden contener artefactos que dificultan su procesado. A veces estos artefactos se asemejan al ruido y se pueden minimizar, pero otras veces tienen aspecto de arrugas u ondas, lo que hace imposible su utilización. Sin embargo, en las secuencias más significativas para la segmentación de las venas, que son las de tipo VIBE, normalmente sólo suele aparecer el ruido. De todos modos, mas adelante en la memoria se estudian los distintos problemas que las imágenes pueden presentar.

4. Estado del arte

En esta sección se realiza un **análisis** completo del estado del arte. En primer lugar se analizarán métodos básicos de segmentación de objetos en imágenes, con especial interés en aquellos que puedan ser aplicados para el análisis de imágenes médicas. Además, en algunos casos se realiza un análisis sobre su validez para la tarea de segmentación de las venas hepáticas, y se presentan los resultados a medida que se avanza en el estudio del estado del arte. Una vez hecho esto, se presenta un análisis de aquellas soluciones más complejas que se han propuesto con el objetivo de realizar la segmentación del árbol de venas hepático, realizándose una comparativa de las alternativas más prometedoras o que han demostrado generar mejores resultados.

Para poder llevar a cabo el análisis de los algoritmos descritos en el estado del arte, se han seleccionado una serie de **imágenes de prueba** de referencia, de modo que los resultados puedan ser comparables, en la medida de lo posible. Las imágenes seleccionadas se muestran a continuación. La primera imagen de prueba (Figura 12 y Figura 13) está identificada como *corte* 340 y contiene varias venas, algunas con ramificaciones muy finas difíciles de identificar. En la segunda imagen de ejemplo (Figura 14), identificada con *corte* 280, se puede apreciar claramente el comienzo y parte más ancha de la vena porta, resultando ser una imagen muy útil en la fase de prueba de algoritmos. Cabe recordar, que las imágenes de prueba, al igual que todas las disponibles en el proyecto, tienen un tamaño reducido, siendo sus **dimensiones 256x160** en los ejes x e y.

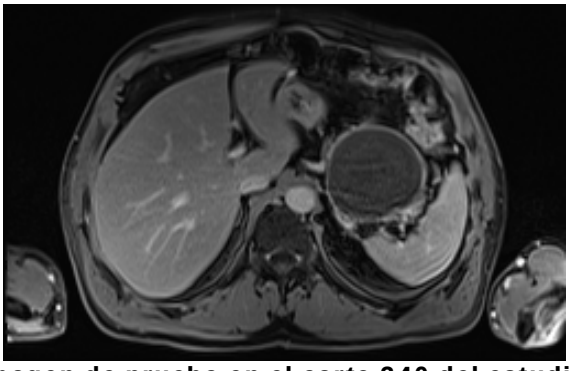


Figura 12: Imagen de prueba en el *corte* 340 del estudio de ejemplo

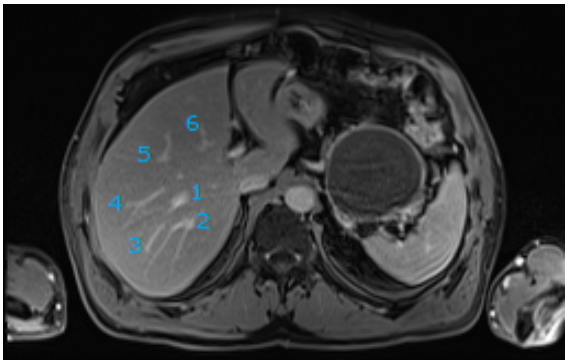


Figura 13: Imagen de prueba en el *corte* 340 del estudio de ejemplo etiquetada

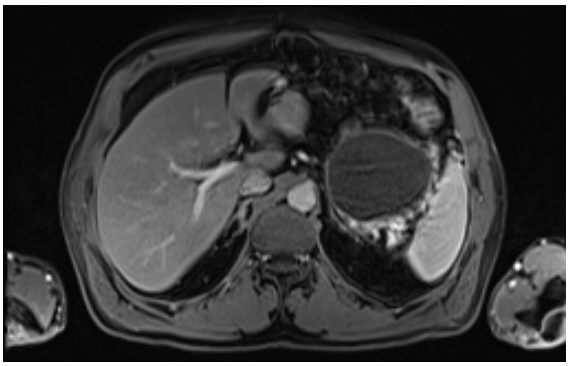


Figura 14: Imagen de prueba en el *corte* 280 del estudio de ejemplo

Además de las imágenes en **2D** presentadas anteriormente, en alguna de las pruebas también se ha utilizado un volumen **3D** almacenado en un fichero .mha y generado a partir de varias *cortes* de ejemplo relacionadas y concatenadas de una secuencia de tipo "VIBE AX IPAT - VENOSO".

4.1 Segmentación en imágenes médicas

En visión por computador, la **segmentación** de imágenes es el proceso de partir una imagen digital en múltiples estructuras que se denominan segmentos, y se utiliza normalmente para localizar objetos y sus contornos en las imágenes. Se podría definir también como el proceso de asignar una etiqueta a cada píxel de la imagen de modo que todos los píxeles con la misma etiqueta compartan ciertas características. En el ámbito de la imagen médica, los segmentos normalmente corresponden a distintas clases de tejidos, órganos, patologías u otras estructuras biológicas que puedan resultar relevantes.

El **resultado** de la segmentación de imágenes es un conjunto de segmentos que de forma global se solapan con toda la imagen de entrada. Cada uno de los píxeles pertenecientes a una región son similares respecto a ciertas características o propiedades como el color, la intensidad o la textura. De este modo, puede resultar que regiones adyacentes sean significativamente diferentes respecto a las mismas características. Si el objetivo es segmentar únicamente uno de los elementos presentes de la imagen, entonces como resultado se obtiene una imagen binaria, donde el blanco (valores 1) representa el objeto segmentado, y el negro (valores 0) representa todo lo demás. Cuando la segmentación se realiza sobre un conjunto de imágenes relacionadas entre sí y ordenadas de forma secuencial, los resultados de la segmentación pueden ser utilizados para crear reconstrucciones en 3D de los objetos presentes en las mismas.

En la Figura 15 se puede ver el resultado de aplicar un algoritmo de segmentación sobre una imagen de resonancia magnética con el objetivo de segmentar el hígado. Como se puede apreciar, el resultado de la segmentación es una imagen binaria, donde se indica la presencia del hígado y el resto de elementos son ignorados.

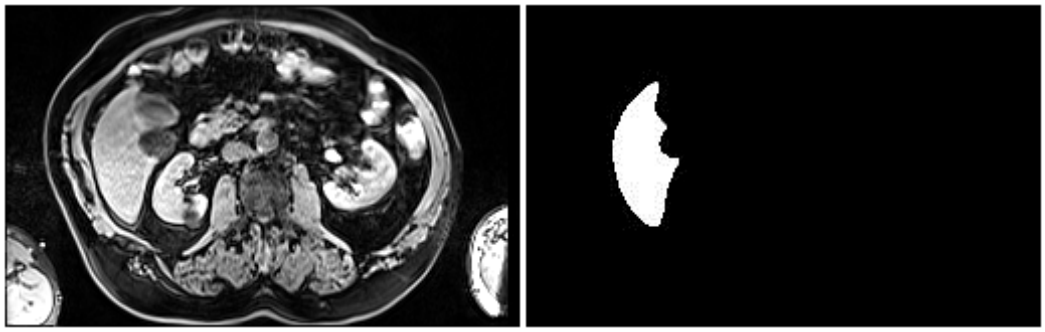


Figura 15: Ejemplo de segmentación del hígado en imagen de RM

Las técnicas de **segmentación de imagen médica**, normalmente son específicas de cada aplicación, el tipo de imagen, y sobre todo de la parte del cuerpo a estudiar. Por ejemplo, los requisitos necesarios para la segmentación del cerebro son diferentes de aquellos aplicados en el tórax. Además, los artefactos que pueden afectar a las imágenes también son diferentes. Mientras que en imágenes del cerebro es común que aparezca un artefacto conocido como Efecto de Volumen Parcial, en la región del tórax los artefactos están ligados a los efectos de la respiración. También es bastante común que las imágenes contengan ruido causado por los sensores o el sistema en sí, lo que supone un problema adicional a la hora de realizar la segmentación. Teniendo en cuenta lo anterior, se puede decir que no existe una solución universal que permita realizar la segmentación sobre cualquier tipo de imagen médica, si bien hay métodos que resultan más generales comparados otros diseñados bajo unas condiciones muy concretas, por lo que pueden ser aplicados sobre un mayor rango de imágenes.

La segmentación automática de imágenes médicas es una tarea difícil por naturaleza ya que son imágenes complejas y no poseen características lineales. Asimismo, el resultado de la segmentación normalmente se ve afectado por los siguientes **problemas** u **artefactos**:

- *El efecto de volumen parcial:* cuando píxeles individuales contienen una mezcla de clases de tejido de modo que el valor del píxel puede que no esté relacionado con ninguna otra clase de la imagen.
- *Falta de homogeneidad en los valores de intensidad:* sucede cuando los niveles de intensidad de un tejido varían a lo largo de la imagen.
- *La presencia de artefactos y ruido*: cuando la imagen aparece granulada, con ondas, difuminada, rayas, etc.
- La cercanía o *solapamiento en los niveles de gris* de diferentes tipos de tejido.
- *Falta de registro en las imágenes*: cuando no están alineadas unas con otras y por lo tanto se pierde la continuidad entre imágenes contiguas.

Una dificultad añadida que presentan las imágenes disponibles en el proyecto es su baja resolución espacial, ya que como se ha mencionado sólo constan de 160 filas y 256 columnas. El tamaño juega un papel importante, que no sólo afecta a la resolución global de la imagen, sino también al tamaño de las estructuras a segmentar. Una menor resolución implica contar con un menor número de píxeles para representar los elementos, lo que puede resultar en que los bordes de los mismos sean más difusos que si se pudiesen representar con un número de píxeles mayor, lo que puede dificultar en varios aspectos los resultados de segmentación.

Los **artefactos** presentes en IRM pueden ser divididos en tres **categorías** diferentes dependiendo del tipo de técnica de procesado de imagen necesaria para rectificarlos o atenuarlos:

- Los que requieren la *técnica de filtrado* adecuada: como es el ruido, artefactos de susceptibilidad magnética o la presencia de bordes vagamente marcados.
- Los que precisan la *técnica de restauración* adecuada: como los artefactos debido al movimiento.
- Los que necesitan aplicar algún *algoritmo* específico: como el efecto de volumen parcial o la falta de homogeneidad en los valores de intensidad.

En el caso de la imagen médica, los tipos de imágenes más analizadas en tareas de segmentación son las de TC y la de IRM. En general, los **objetivos y aplicaciones** que se pretenden alcanzar tras la segmentación se pueden resumir en los siguientes puntos:

- Estudiar la estructura anatómica de un elemento para su diagnóstico.
- Identificar regiones de interés: localizar tumores, lesiones u otras anomalías.
- Calcular el volumen del tejido para poder medir el crecimiento de un tumor y así comprobar cómo decrece con el tratamiento adecuado.
- Dar soporte a la planificación del tratamiento antes de realizar terapia de radiación o para el cálculo de la dosis de radiación adecuada.
- Simulación virtual de la cirugía como parte del entrenamiento o aprendizaje antes de realizarla.
- La navegación durante la cirugía, permitiendo estudiar el volumen elementos de interés in-situ ayudando a la toma de decisiones.
- La planificación quirúrgica.

Cabe destacar la relevancia que está adquiriendo en los últimos tiempos la segmentación gracias al desarrollo de las impresoras 3D. Cada vez es más común oír noticias en los medios de comunicación donde se enumeran las ventajas de poder contar con un volumen en 3D antes da la operación para su planificación [4] [5]. Especialmente cuando se trata de una operación de riesgo donde la zona a intervenir tiene alguna anomalía que no entra dentro de las condiciones normales, como el caso de un tumor que rodee vasos sanguíneos y arterías y que anteriormente se ha considerado inoperable[6]. Lo que no se menciona es la importancia de la segmentación previa para que el resultado obtenido sea exitoso, ya que queda enmascarado por la revolución actual de las impresoras 3D.

Existen diversas **técnicas** de visión por computador orientadas a la segmentación de imágenes, sin embargo, alguna de las mismas ha sido adaptada especialmente para el campo de la imagen médica. Se pueden clasificar los algoritmos de diversos modos, ya sea por orden de aparición (generación), por relevancia o por el grado de involucración del experto clínico en el algoritmo, etc. Sin embargo, para simplificar, a continuación se presenta un resumen de las técnicas de segmentación más comunes en el ámbito de la imagen médica. Asimismo, cuando aplique, se realiza una prueba preliminar de aquellos algoritmos que parezcan más adecuados para la tarea de segmentación del árbol de venas hepático utilizando filtros y métodos presentes en la librería ITK (utilizada en la elaboración de este proyecto, como se presenta en la sección 6.1). De este modo, aparte de estudiar la viabilidad de los algoritmos, se pretende realizar un primer análisis de las imágenes con las que se va a trabajar en el proyecto y estudiar así sus características para poder desarrollar el algoritmo de segmentación más adecuado. A continuación se elabora un resumen de las técnicas más empleadas.

4.1.1 Umbralización

El método más simple de segmentación de imagen es la umbralización[7]. Este método se basa en la selección de un valor de umbral de modo que a partir de una imagen en escala de grises se obtenga una imagen binaria.

La clave del funcionamiento de este método es la selección del valor de umbral adecuado, o los valores en el caso de trabajar con múltiples niveles. Para ello, existen diversas técnicas que se pueden utilizar más allá del estudio del histograma, como el *principio de máxima entropía*[8], el método de *Otsu*[9], o la agrupación con métodos cómo *k-means*[10].

4.1.2 Basadas en histograma

Los métodos basados en histograma son bastante eficientes si se comparan con otros métodos de segmentación, ya que sólo requieren la aplicación de un pequeño procesado sobre los píxeles de la imagen. Se calcula el histograma de la imagen teniendo en cuenta la información de todos los píxeles, y se estudian los picos y valles del mismo para localizar las diferentes clases[11] en las que podría separarse la imagen. Tanto los canales de color como la imagen de intensidad se pueden utilizar como datos a la hora de calcular el histograma. La dificultad del método basado en la búsqueda sobre el histograma, es que algunas veces puede resultar difícil identificar los picos y los valles en el mismo dependiendo de las características de la imagen, debido principalmente a que los mismos aparecen solapados entre sí.

Un refinamiento de esta técnica consiste en aplicar de forma recursiva[12] el cálculo del histograma sobre grupos ya encontrados con el objetivo de dividirlos a su vez en grupos más pequeños. Este proceso se repite hasta que no se puedan formar nuevos grupos de clases en la imagen.

4.1.3 Agrupamiento (*Clustering*)

Dentro de las técnicas de agrupamiento, una de las más conocidas en el *k-means*[10], que se trata de un algoritmo iterativo usado para dividir una imagen en el número de grupos definidos por una variable K. Cada píxel de la imagen se asigna al grupo que se considere más cercano en base a su media que se representa como centro del *cluster* o centroide. La medida de distancia habitual es la distancia euclídea.

El algoritmo funciona del siguiente modo:

1. Se eligen los centros de *cluster* para cada K, ya sea de forma aleatoria o de forma heurística.
2. Se asigna cada píxel de la imagen al *cluster* que minimice la distancia entre el píxel y el centro del *cluster*, es decir, del que sea más cercano.
3. Se recalculan los centros de *cluster* calculando una media de todos los píxeles que forman parte del *cluster* actualmente.
4. Se repiten los pasos 2 y 3 hasta que se converja, o lo que es lo mismo, los centros de los *clusters* dejen de cambiar.

Este algoritmo es relativamente sencillo de implementar y fácilmente aplicable sobre grandes cantidades de datos, a lo que debe su éxito. Existen diferentes variaciones y nuevas implementaciones basadas en este algoritmo, como Fuzzy *c-means*[13], *Gaussian mixture models*[14], *kd-trees*[15], etc.

4.1.4 Detección de bordes

Existen diversas técnicas cuyo objetivo es identificar puntos en las imágenes donde se producen variaciones o cambios abruptos en el brillo, o aparecen discontinuidades en las regiones de la misma. Estos puntos donde se producen los mencionados cambios son denominados como bordes de la imagen. Normalmente corresponden a discontinuidades en la profundidad, discontinuidades en la orientación de la superficie, cambios en la propiedad de los materiales o variaciones en la iluminación de la escena.

Debido a sus propiedades, son ampliamente utilizados en tareas de segmentación de imagen. Se suelen emplear operadores de *Canny*[16], *Prewitt*[17], *Sobel*[18], *Harris*[19] u otros[20][21] para detectar bordes mediante variaciones en las intensidades a través de métodos de gradiente y segmentar a partir de esta información las regiones delimitadas por ellos, como sucede en[22].

4.1.5 Basadas en textura

Cuando se realiza un análisis de la información de los píxeles colindantes en un radio de vecindario variable, se está efectuando un análisis de textura. Se debe tener en cuenta, que dependiendo del tamaño de vecindad elegido, la textura puede ser diferente. En una primera aproximación, es muy común analizar la distribución espacial extrayendo características como la media o la varianza. La primera solución que plantea el análisis de texturas fue desarrollada por Haralik [23], donde se propone un método basado en matrices de co-ocurrencia. Desde entonces, este tipo de aproximaciones han sido muy utilizadas [24][25][26], y ha dado lugar a la creación nuevos métodos y el análisis de nuevas características a partir de las matrices de co-occurencia. Por otro lado, también es muy común utilizar bancos de filtros de *Gabor*[27] para analizar las características de textura de los píxeles de la imagen.

4.1.6 Crecimiento de regiones

Los métodos basados en Crecimiento de Regiones (*Region Growing*)[28] han demostrado ser un método muy efectivo en tareas de segmentación. La idea básica detrás de un algoritmo de crecimiento de regiones es la de comenzar desde una región definida como semilla (que normalmente abarca uno o más píxeles) y que se localiza dentro del área del objeto a segmentar. A continuación, los píxeles vecinos a la semilla son evaluados con el objetivo de determinar si también deben ser considerados parte del objeto. Si es así, son añadidos a la región y el proceso continúa hasta que no se puedan añadir más píxeles a la región. Partiendo de esto, los algoritmos de crecimiento de regiones varían dependiendo del criterio utilizado para determinar si un píxel debe ser incluido en la región o no, el tipo de conectividad utilizado para determinar qué píxeles son vecinos, y la estrategia empleada para visitar los píxeles vecinos.

Se trata de una técnica muy utilizada, pero que puede resultar lenta y costosa en términos de computación, dependiendo de las características de la imagen, y de si se realiza un procesado en 3D o en 2D. Es posible elegir más de una semilla, por lo que los resultados de segmentación finales pueden mejorar a medida que se añadan las semillas adecuadas, aunque los buenos resultados son altamente dependientes de la elección inicial de estas semillas.

4.1.7 Basados en modelos

Esta aproximación se basa en la suposición de que las estructuras de regiones de interés o de ciertos órganos siguen unos modelos de referencia que generalmente se repiten. De este modo, se trata de buscar un modelo probabilístico que contenga la posible variación sobre la forma de los órganos y segmentar la imagen imponiendo ciertas restricciones usando el modelo como referencia inicial. Para poder emplear una solución de este tipo, es necesario contar con varios ejemplos de entrenamiento que estén bien registrados entre sí, crear una representación probabilística de la variación entre los distintos ejemplos y calcular la inferencia estadística entre el modelo y la imagen. Así, se obtendrá un modelo probabilístico que absorba la variabilidad sobre la forma del órgano y que por tanto tenga en cuenta la variabilidad existente entre diferentes ejemplos, que se traduce en diferentes niveles de intensidades en las imágenes obtenidas. Por ello, es importante contar con él mayor conocimiento posible para la generación de modelos. Este tipo de soluciones son muy utilizados actualmente en medicina[29].

4.1.8 Contornos activos (*Snakes*)

Los contornos activos (*Active Contours*), también llamados *snakes*, son un método para delinear objetos en 2D. Pueden ser vistos como constituidos por una forma arbitraria inicial que se deforma a lo largo del tiempo con el objetivo de ir variando su forma para aproximarse y finalmente ajustarse lo más posible a la forma del objeto que se pretende identificar. Se trata de un proceso que evoluciona minimizando una función de energía que se define al efecto. El ajuste del contorno se produce tras aplicar unas fuerzas internas, que controlan la suavidad de la curva, y unas fuerzas externas, que hacen que el contorno se ajuste a las características de bordes de la imagen. Los contornos activos no resuelven completamente el problema de encontrar los contornos en una imagen, sino que dependen de mecanismos como la interacción con el usuario (buena inicialización del entorno), de los parámetros que regulan la distribución uniforme de puntos y la flexibilidad de la curvatura para definir irregularidades más o menos acentuadas. Las variaciones más utilizadas de este tipo de técnicas, son las de *Geodesic Active Contours* (GAC) [30] y los *Active Contours Without Edges* (ACWE)[31]

4.1.9 Superficies Activas

Las superficies activas [32] [33] (*Active Surfaces*), consisten en una extensión de los contornos activos a una dimensión adicional. También se rigen por la utilizaciones de unas fuerzas internas, que implican tener conocimiento a priori e indican las restricciones para mantener suavidad sobre superficie, y unas fuerzas externas, que implican medir las características del objeto, que se encargan de capturar la superficie de un objeto 3D. Como resultado, se realiza una mejor segmentación sobre los bordes, ya que el algoritmo es capaz de detectar con mayor precisión sus características. Sin embargo, si los mismos se presentan de forma muy abrupta, se corre el riesgo de que no puedan ser detectados correctamente.

4.1.10 Modelos activos de forma

Se les conoce como *snakes* inteligentes, son similares a los contornos activos si bien más evolucionados, ya que respetan las restricciones explicitas de forma del modelo. Los modelos activos de forma (*Active Shape Models* - ASM)[34], son modelos estadísticos que contienen la forma de los objetos y que se deforman de forma iterativa para ajustarse a los objetos de nuevas imágenes, respetando las propiedades locales de la imagen, tales como la curvatura o los bordes. El objetivo

es que el modelo se pueda adaptar a las formas de nuevas imágenes. Las formas de los objetos se representan a través de una serie de puntos distribuidos recogidos en un modelo. La variabilidad de la forma se contempla recogiendo el número de muestras necesarios a partir de un conjunto de imágenes que contengan el objeto a segmentar, que han sido previamente manipuladas manualmente para indicar los puntos de referencia de interés.. Son ampliamente utilizados en tareas de segmentación de órganos sobre imagen médica[35].

4.1.11 Modelos activos de apariencia

A diferencia de los modelos activos de forma, los modelos activos de apariencia [36] (*Active Appearance Models* - AAM) no sólo tienen en cuenta la forma de los objetos, sino también su apariencia, por lo que aprovechan las características de textura de los objetos y alrededores. A diferencia que en el caso de las superficies activas, donde se realiza un análisis punto a punto, en los modelos activos de apariencia, se analizan las características de textura de la región.. También se emplean imágenes de entrenamiento para construir el modelo, pero en este caso se obtienen las características de textura y forma que permiten identificar las regiones que son objeto de segmentación. Un análisis más detallado de las diferencias entre ambas aproximaciones se puede consultar en[37]. Además, en este caso, el algoritmo utiliza la diferencia entre la estimación actual de la apariencia y el objeto objetivo durante el proceso de optimización. Emplea técnicas basadas en ajuste por mínimos cuadrados para proporcionar resultados con nuevas imágenes rápidamente. Esta técnica ofrece resultados muy prometedores como se puede observar en[38].

4.1.12 Level sets

Este método se utiliza para resolver el problema de propagación de la curva/superficie de forma implícita. La idea es representar el contorno envolvente utilizando una función signo, donde el nivel cero representa el contorno actual. De esta forma, se plantea un nuevo enfoque del contorno, donde existe uno interno y otro externo, y el contorno resultado se localiza entre ambos[39].

El inconveniente de los contornos activos es que no es sencillo modificar la topología de la curva que se emplea durante la evolución. Cambios significativos en la misma, hace que sea necesario volver a parametrizarla. Sin embargo, los *level sets* solucionan este problema empleando una función de nivel cero (*zer-crossing*) que evoluciona en el tiempo hasta ajustar a las características del objeto a segmentar. Existen muchos ejemplos de su utilización en imagen médica, como se puede ver en[40] [41] y[42].

4.2 Análisis de métodos del estado del arte

En esta sección, y después de realizar un análisis detallado de las técnicas disponibles en el estado del arte que son normalmente utilizadas en tareas de segmentación de imagen, se realiza un análisis de algunas de las mismas utilizando las imágenes de prueba presentadas al inicio de la sección. Las pruebas efectuadas son de distintos tipos y abarcan metodologías de diferente naturaleza y complejidad, desde los algoritmos más básicos a aquellos que involucran un desarrollo más complejo. La finalidad de estas pruebas es conocer en más detalles las características de las imágenes objeto de estudio e identificar qué tipo de algoritmos pueden ser los más adecuados para la tarea a realizar. Asimismo, viendo el comportamiento tras las pruebas, se podrá identificar qué tipo de

algoritmos y metodologías no tienen posibilidad de generar buenos resultados con los tipos de imágenes disponibles.

Para la realización de este análisis, se han utilizado una serie de librerías que se presentan más adelante en la sección de resultados. En la mayoría de los casos se han realizando distintas pruebas hasta encontrar los parámetros adecuados de ejecución, si bien para simplificar sólo se muestran aquellos que generan mejores resultados. En [43] se realiza una descripción detallada de la mayoría de los métodos analizados en esta sección.

4.2.1 Componentes Escalares Conectados

El método de Componentes Escalares Conectados (*Scalar Connected Components*) quizás no sea el más apropiado para ser utilizado directamente en tareas de segmentación, si bien resulta bastante útil para saber cómo los objetos de la imagen se relacionan entre sí teniendo en cuenta su valor de intensidad. El método asigna una etiqueta (*label*) a cada uno de los objetos encontrados. Dos píxeles se consideran similares si sus valores de intensidad se encuentran dentro del valor de rango del otro. El rango se define como una variación en positivo y en negativo respecto a un valor de intensidad dado. Además, también se puede definir el tamaño mínimo en píxeles que debe tener el objeto.

El algoritmo ha sido ejecutado con los parámetros que se muestran en la Tabla 3 a continuación.

Tabla 3: Parámetros utilizados en el análisis del método de Componentes Escalares Conectados

Distancia Umbral	4
Tamaño Mínimo	20

Los resultados de la ejecución se muestran en la Figura 16.

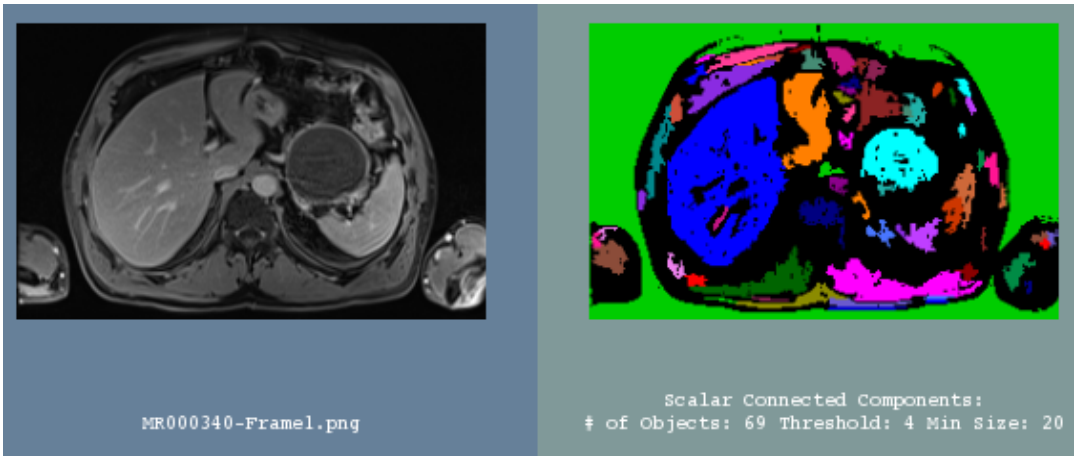


Figura 16: Resultados del análisis del método de Componentes Escalares Conectados (imagen prueba 340)

Conclusión: Tras realizar varias pruebas para establecer el rango de umbral adecuado, se consigue realizar una segmentación del área global del hígado bastante adecuada. Como se puede apreciar en la imagen anterior, es posible separar el hígado de las venas con suficiente nitidez. Sin embargo la utilización de este método posee diversos inconvenientes. Por un lado, aunque se hayan conseguido buenos resultados para segmentar el objeto hígado, no ha sido posible conseguir los mismos resultados con los diferentes objetos de vena. Esto se debe a

que los valores de intensidad dentro de las venas son muy variables, por lo que es difícil dar con el rango adecuado, y además el tamaño global del objeto tampoco se puede definir muy grande. Si se definen tamaños de objeto más pequeños, entonces la segmentación del hígado se ve bastante afectada. Por otro lado, a pesar de lo anterior, si se supiese de antemano el área que abarca el hígado (es decir, tenerlo previamente segmentado), se podrían utilizar los resultados del método para establecer que todo lo que no ha sido identificado como hígado sea directamente asignado como vena, utilizando algún filtro de post-procesado para eliminar artefactos. Sin embargo, la tarea de segmentar el hígado automáticamente no es arbitraría, por lo que rara vez ésta información es conocida de antemano.

4.2.2 Filtro de Umbral

A la hora de aplicar un filtro de umbral sobre la imagen, se pueden dar distintas posibilidades. Como se muestra en la Figura 17, se puede decidir conservar aquellos píxeles de la imagen cuyo valor esté por encima de un valor de umbral establecido (izquierda), o por el contrario aquellos que estén por debajo del umbral (centro). Otra opción, es que se conserven sólo aquellos píxeles cuyo valor se encuentre dentro de un rango de umbrales (derecha).

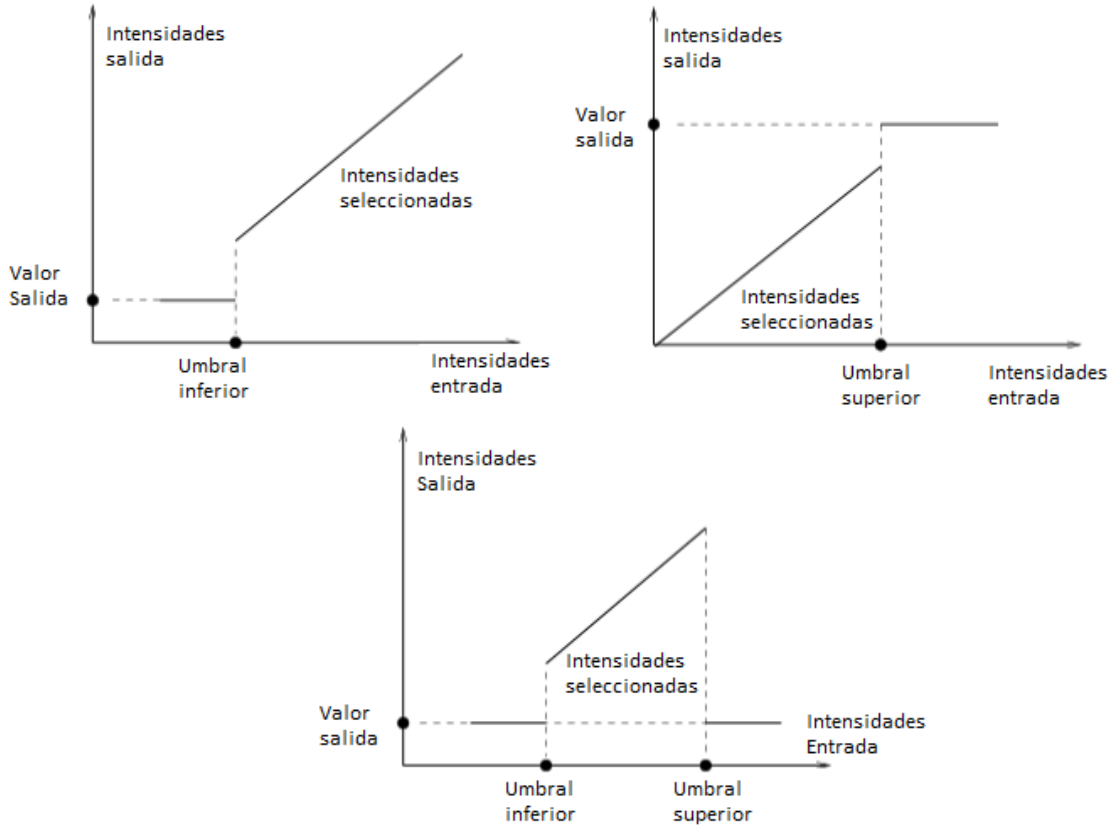


Figura 17: Tipos de filtro de umbral

Se ha realizado una prueba empleando la última opción y estableciendo un rango de umbrales, eligiendo como valor mínimo de umbral 98 y como valor máximo 200. Los resultados de la prueba se muestran en la Figura 18.

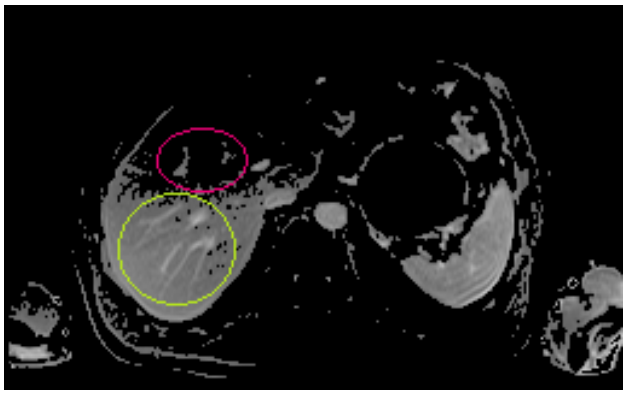


Figura 18: Resultados del análisis del filtro umbral (imagen prueba 340)

Conclusión: Como se puede apreciar en los resultados de la prueba no es sencillo establecer los valores de umbral correctos, debido al solape que existe entre los valores de niveles de gris de los elementos hígado y vena. En la parte superior izquierda de la imagen, dentro de una elipse roja, se pueden apreciar dos elementos que observando la imagen original podrían clasificarse como vena, pero que corren el riesgo de desaparecer si se hacen ajustes sobre los valores de umbral establecidos. Por otro lado, dentro de una elipse verde se pueden ver otros elementos vena que están lejos de ser segmentados con los valores de umbral actuales. Si se quisiesen segmentar los elementos de la elipse verde no sólo se corre el riesgo de perder los elementos segmentados dentro de la otra elipse roja, sino que vista la variabilidad de los niveles de gris, se podría perder mucha definición de la forma de las venas que quedan por segmentar. Además, tal y como ocurre con el filtro anterior de componentes escalares conectados, no resulta de mucha utilidad si no se conoce de antemano el área donde se localiza el hígado, ya que por defecto el filtro se aplica sobre toda la imagen actual y no hay otro modo de distinguir lo que está dentro del área del hígado de lo que no.

4.2.3 Métodos basados en crecimiento de regiones

En esta sección se examinan diferentes algoritmos basados en el crecimiento de regiones, donde varían los criterios utilizados a la hora de incluir los píxeles dentro de la región deseada.

Umbrales Conectados

El criterio utilizado por el método de Umbrales Conectados (*Connected Threshold*) se basa en un intervalo de valores de intensidad proporcionado por el usuario. Para ello, se debe proporcionar como parámetros un valor *mínimo* y *máximo* de *umbral* (*threshold*). Entonces, el algoritmo incluye en la región aquellos píxeles cuyo valor de intensidad se encuentre dentro del rango de umbrales definido anteriormente. Es importante establecer unos valores de intervalo óptimos para que la segmentación sea lo más precisa posible. Además, existe la posibilidad de seleccionar varios puntos cómo semilla y por lo tanto mejorar los resultados de la segmentación utilizando varios puntos del objeto como referencia.

El ruido presente en la imagen puede reducir la capacidad de este método de crecer en regiones grandes. Si se trabaja con imágenes con ruido, es conveniente pre-procesar la imagen usando un filtro de suavizado que preserve los bordes.

En la Figura 19 se muestra el resultado del intento de segmentación de las distintas venas que aparecen etiquetadas en la imagen de prueba número 340 en 2D. En el cuadrante superior izquierdo se muestra el resultado de segmentar la

vena 1, en el superior derecho la vena 2, en el inferior izquierdo la vena 3 y en el inferior derecho la vena 4. Es importante mencionar que para obtener estos resultados de segmentación, ha sido necesario cambiar los parámetros con los que se ha ejecutado el algoritmo en cada caso, por lo que los valores de umbral son diferentes para cada vena. También, como se puede observar en las imágenes generadas como resultado, se ha segmentado de forma exitosa únicamente la parte de las venas con un valor de intensidad más homogéneo, ya que las partes más oscuras o más cercanas a los bordes se confunden fácilmente con el hígado.

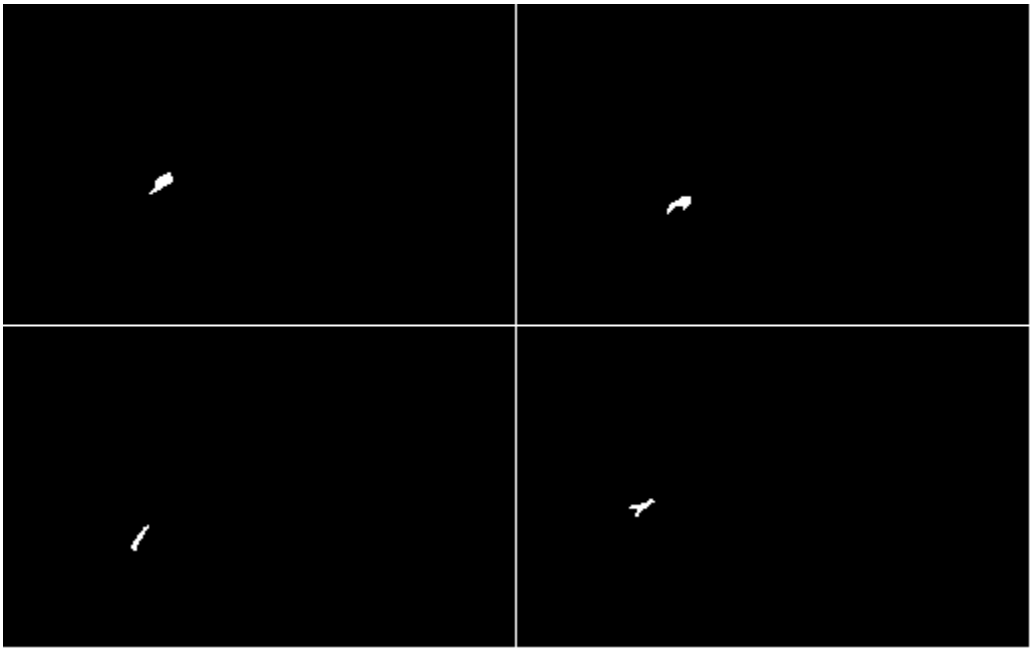


Figura 19: Resultados del análisis del método de Crecimiento Regiones de Umbrales Conectados (imagen prueba 340, segmentación Vena 1, Vena 2, Vena 3, Vena 4)

Por otro lado, en el resultado que se muestra en la Figura 20, se puede ver un claro ejemplo del solape que existe entre los valores de intensidad de lo que debería ser clasificado como hígado o como vena. En este caso se está intentado llevar a cabo una segmentación de la Vena 2. En ambas pruebas se ha elegido como punto semilla el mismo punto con coordenadas de imagen (83,102), habiéndose modificado muy ligeramente los límites de umbral. En la prueba de la izquierda se ha establecido un rango de [125,160] mientras que en la prueba de la derecha el rango es de [124,160], por lo que la única diferencia es que el umbral mínimo admite un valor de intensidad más en la segmentación. Sin embargo, como se puede apreciar en la figura, los resultados de esta pequeña modificación son desastrosos en lo que a segmentación se refiere. Aunque se consigue obtener una segmentación de las ramificaciones que antes no se tenía, a cambio aparecen en la parte inferior e izquierda de la imagen elementos que el ojo humano clasificaría como hígado considerando la imagen original de partida.



Figura 20: Análisis del método de Crecimiento Regiones de Umbrales Conectados (imagen prueba 340, comparativa resultados en la segmentación de la Vena 2)

Conclusión: Resulta bastante complicado encontrar el intervalo de valores de intensidad adecuado para la segmentación. Cambios muy pequeños en dichos valores pueden implicar cambios muy grandes en la segmentación. Al establecer los valores de rango se puede segmentar con cierta precisión las zonas más claras y grandes de las venas, pero resulta muy difícil poder segmentar las ramificaciones más estrechas de las mismas, ya que normalmente los valores de intensidad se confunden con los del hígado. Además, es muy complicado establecer unos valores de umbral válidos para todas las venas, ya que como hemos comprobado en las pruebas, cada vena tiene unos umbrales diferentes. En este sentido, si hay que elegir, es mejor obtener una segmentación mínima pero correcta, que una sobre segmentación que confunda elementos de dos clases diferentes, pero ¿hasta dónde se puede sacrificar?

Tras analizar los resultados anteriores, y ante la dificultad de encontrar los valores de intervalo óptimos, conviene explorar el comportamiento del algoritmo en 3D en vez de en 2D para ver si los resultados globales son mejores. Con tal propósito se utiliza una imagen de prueba en 3D correspondiente a una secuencia de tipo venoso. Para ello, se han establecido puntos semillas en dos partes diferentes de la imagen, uno en una parte fácilmente identificable y grande de la vena porta, y otro en una vena pequeña y estrecha. El resultado de esta prueba se ilustra en la Figura 21 en un volumen 3D.

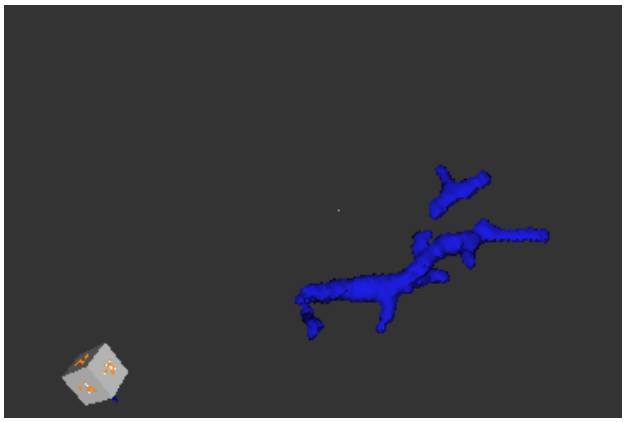


Figura 21: Resultados del análisis del método de Crecimiento Regiones de Umbrales Conectados en un volumen 3D

Conclusión: La impresión general tras realizar la prueba en 3 dimensiones es que los resultados resultan mejores que sobre 2 dimensiones. Realizando los ajustes adecuados sobre los parámetros del algoritmo, posiblemente se podrá alcanzar una segmentación suficientemente precisa.

Vecinos conectados

El criterio del método de Vecinos Conectados (*Neighborhood Connected*) es más restrictivo que el del método de Umbrales Conectados. En este caso sólo se acepta un píxel como parte de la región si todos sus vecinos tienen intensidades que se sitúan dentro del intervalo definido de valores. El tamaño del vecindario a considerar alrededor de cada píxel también es un parámetro que debe ser proporcionado por el usuario y se define como un valor de radio.

La razón de considerar el vecindario y no el píxel individual, es que de este modo los píxeles que están aislados tienen menos probabilidad de ser incluidos como parte de la región. Esto puede ser considerado como una operación morfológica preventiva que resulta similar a utilizar un método de umbrales conectado y luego aplicar una combinación de erosión y dilatación utilizando un elemento estructural y que use el mismo radio que se utilizaría para definir el vecindario del método actual.

Por otro lado, cabe mencionar que este de algoritmo es más resistente a la presencia de ruido en la imagen de entrada, por lo que no sería estrictamente necesario aplicar ninguna operación de suavizado sobre la misma. Además, también es posible definir más de una semilla si se requiere.

Los resultados de intentar segmentar la Vena etiquetada con 1 en la imagen 340 de prueba se muestran en la Figura 22 a continuación. Como radio de vecindario se ha establecido el valor 1, lo que tiene en cuenta únicamente los ocho píxeles que se encuentran alrededor del analizado.



Figura 22: Resultados del análisis del método de Crecimiento Regiones de Vecinos Conectados (Imágen prueba 340, Vena 1)

Conclusión: Se han realizado pruebas únicamente sobre una de las venas, ya que se puede observar que el método resulta mucho más restrictivo que el método de Umbrales Conectados. Si se compara la imagen en la Figura 22 con la que si sitúa en la parte superior izquierda de la Figura 19 se comprueba que la segmentación de este método es mucho más restrictiva que en el caso anterior del método de umbrales conectados (ver Figura 19, imagen superior izquierda). Teniendo en cuenta las dificultades que presentan las imágenes para distinguir los valores de píxel perteneciente a hígado y a vena en los bordes de estas últimas, este tipo de método no resulta el más conveniente para segmentar las venas, ya que difícilmente las va a identificar como tal. Además, unas pruebas adicionales que se han realizado sobre el volumen en 3D, revelan que sólo es capaz de distinguir las venas más gruesas, que en condiciones normales difícilmente pueden dar lugar a confusión y el resto de posibles venas no aparecen en la segmentación, que son verdaderamente las de interés.

Elementos Aislados Conectados

En este tipo de método de componentes Aislados Conectados (*Isolated Connected*), el usuario debe proporcionar dos semillas de referencia y el valor de umbral mínimo. Con esta información, el método hace crecer una región que esté conectada con la primera semilla, pero que no esté conectada con la segunda. Por lo tanto, para la labor que nos concierne, la primera semilla deberá ser parte de una vena, mientras que la segunda semilla debe pertenecer al hígado. Por otro lado, el método busca de forma automática el valor de umbral máximo del intervalo, que sirve para separar los píxeles afines de la primera semilla de los de la segunda. Este valor se calcula internamente a través de una búsqueda binaria.

Se han realizado diversas pruebas sobre la imagen de prueba 340 sin obtener buenos resultados debido a la dificultad para establecer los parámetros adecuados. Sin embargo, para la imagen de prueba 280 si que se obtienen resultados prometedores como se muestran en la Figura 23 para la segmentación de la vena porta.

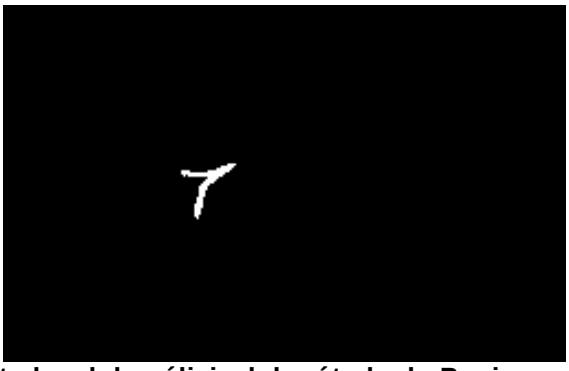


Figura 23: Resultados del análisis del método de Regiones de componentes Aislados Conectados (Imagen prueba 280)

Conclusión: Los resultados de esta última prueba se revelan como prometedores. Sin embargo estos resultados se han alcanzado tras realizar diversas pruebas para encontrar el valor de umbral mínimo óptimo y no ha funcionado igualmente en las dos imágenes de prueba. La búsqueda de los umbrales óptimos es el problema que persiste a lo largo de todas las pruebas realizadas, ya que los que son válidos para un método no lo son para otros. Sucede que los valores de umbral que mejores resultados generan para un método específico y una de las venas identificadas, utilizando los mismos umbrales con otro método diferente y sobre la misma vena, los resultados son a menudo desastrosos.

Observaciones sobre Crecimiento de Regiones: Es muy difícil obtener resultados suficientemente satisfactorios, ya que en las partes de las venas que se ramifican se confunde la vena con el propio hígado si los umbrales no se eligen correctamente. Variaciones de ±1 en un valor de umbral puede significar cambios muy importantes. Por otro lado, la elección de los umbrales se complica por el hecho de que los valores de grises del mismo objeto van cambiando en las diferentes *cortes* de la secuencia, lo que puede hacer que los umbrales establecidos no sean validos para todas ellas. Si el problema se resuelve en 3D sólo se necesita establecer una vez el umbral, mientras que si se resuelve en 2D, es posible ajustar los umbrales en cada *corte* si es necesario. De todos modos, la resolución del problema en 2D no es trivial, ya que el objetivo es generar un resultado en 3D, por la necesidad de establecer de algún modo la comprobación sobre cómo se conectan los elementos en *cortes* adyacentes.

4.2.4 Basados en Level Sets

Los *level sets* pueden ser empleados para la segmentación si se utilizan características de la imagen como la media de las intensidades, el gradiente y los ejes como parte de la ecuación diferencial. En un problema típico, un contorno es inicializado por el usuario y se hace evolucionar hasta que alcance la forma de una estructura anatómica de la imagen. A partir de este concepto básico, son varias las implementaciones y variaciones del algoritmo que se pueden encontrar en la literatura.

Level Set de Umbral

Este método se trata de una extensión del método de segmentación de umbrales de regiones conectadas pero aplicado al ámbito de los Level Sets. El objetivo es definir un rango de valores de intensidad que clasifiquen el tipo de tejido de interés y basar la propagación de la función de *level set* en base a ese rango de intensidad. Usando la solución basada en level sets, la uniformidad de la superficie que evoluciona puede restringirse para evitar los "filtrados" que son comunes en las funciones basadas en regiones conectadas.

El algoritmo requiere configurar diversos *parámetros*. En primer lugar la localización del píxel semilla en sus coordenadas de x e y. En segundo lugar, un valor de distancia que define la distancia inicial de la superficie desde el punto semilla. En este caso, como se pretenden segmentar objetos muy pequeños, el valor de distancia se ha establecido en uno. Por último, se debe configurar el rango de valores mínimo y máximo de umbral. Los resultados de aplicar este método sobre la imagen 340 de prueba con el objetivo de segmentar la Vena 1 se muestran en la Figura 24.

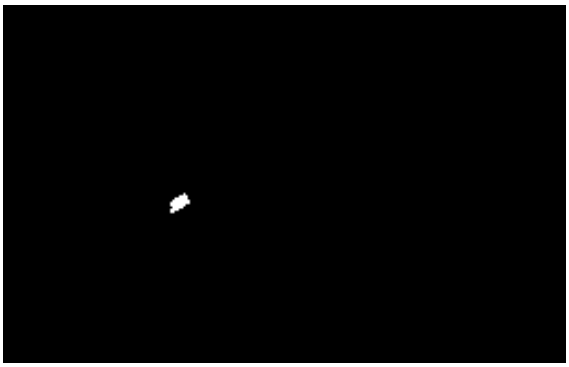


Figura 24: Resultados del análisis del método de Level Sets basado en umbrales (Imagen prueba 340, vena 1)

Conclusión: A pesar de que muestra resultados prometedores, éstos no son mejores que los que se obtienen con el método de regiones conectadas basado en umbrales. Además, la configuración del método resulta ser más complicada, por lo que no compensa su utilización si se comparan los resultados obtenidos. No sólo eso, sino que además los problemas en la definición de los valores de umbral adecuados persisten.

Observaciones sobre Level Sets: Existen otro tipo de métodos basados en *level sets*, si bien se han probado sin llegar a conseguir buenos resultados o en algún caso carecía de sentido analizarlos en detalle debido a las características de las imágenes con las que se está trabajando, razón por la que no se han incluido en la memoria. Por ejemplo, el método de *Fast Marching*[44] ofrece muy buenos resultados de segmentación para el hígado, pero sin embargo no es capaz de segmentar ninguna de la venas de las imágenes de prueba.

4.2.5 Pre-procesado de la imagen

En esta sección se mencionan algunas de las técnicas que se han probado con el objetivo de mejorar la imagen en términos de contraste y bordes, con el fin de mejorar así los resultados de segmentación. Además, el objetivo de estas pruebas de pre-procesado también es el de comprender mejor el contenido de las imágenes e intentar dar una respuesta a algunos de los problemas encontrados en las pruebas anteriores a la hora de establecer los parámetros.

Filtros de suavizado

Cuando se aplican filtros de suavizado para la eliminación de ruido, la principal desventaja es que tienden a suavizar cualquier borde marcado de la imagen que normalmente ayudan a distinguir las grandes estructuras anatómicas que se quieren caracterizar. Incluso en los casos en los que el suavizado no elimina los bordes, tiende a distorsionar o difuminar las estructuras finas de la imagen, y por lo tanto, cambiar aspectos sutiles de las formas en cuestión.

Una alternativa al filtrado lineal es la difusión anisotrópica, que se basa en los procesos no lineales de difusión de la visión humana. La imagen filtrada se obtiene tras aplicar un proceso iterativo, pero el número de iteraciones para obtener resultados prácticos es generalmente muy pequeño. El resultado de aplicar difusión anisotrópica sobre una imagen (o serie de imágenes) es que al final la imagen posee menos ruido y textura, y sin embargo preserva e incluso realza los bordes. Este tipo de filtrados son muy útiles para abordar diferentes tipos de problemas, como el análisis estadístico, la visualización y la extracción de características geométricas.

Por otro lado, este tipo de filtros de suavizado van asociados a una variable conocida como *conductancia*, que depende de la estructura diferencial de la imagen. La variable sirve para limitar el suavizado de los ejes que se produce sobre las imágenes y controlar la sensibilidad del proceso. Un valor alto de esta variable implica mayor suavizado sobre los ejes. Además, se puede definir el *número de iteraciones*, de modo que cuantas más iteraciones se realicen, mayor será el suavizado de la imagen. Por último, también se puede definir un parámetro que indique el *tiempo* de procesado, que normalmente depende de la dimensionalidad de la imagen.

Filtrado de difusión anisotrópica de curvatura

Esta variación del filtro anisotrópico usa una ecuación de difusión de curvatura modificada (*Modified Curvature Diffusion Equation*), que evita adoptar las propiedades clásicas de la difusión anisotrópica, ya que ante ciertas condiciones tienen un efecto negativo sobre el contraste de los bordes. Por el contrario, en teoría, el filtro siempre tiene un efecto positivo sobre los mismos, ya que la variable de conductancia sólo afecta a la solidez de la difusión.

Para este tipo de filtro se definen tres variables: el nº de iteraciones, el tiempo y la conductancia. Si ejecutan con valores de 5, 0.05 y 3 respectivamente, se obtienen los resultados que se muestran en la Figura 25. Valores mayores en el primer o tercer parámetro y menores en el segundo han demostrado ser contraproducentes, ya que los elementos comienzan a perder definición y se puede perder información de venas. Las venas más grandes sí que se distinguen mejor del resto de la imagen, pero sin embargo en las más pequeñas, donde los bordes están más difusos, se corre el riesgo de perderlas. Por esa razón, es importante llegar a un compromiso a la hora de establecer los valores de los parámetros.

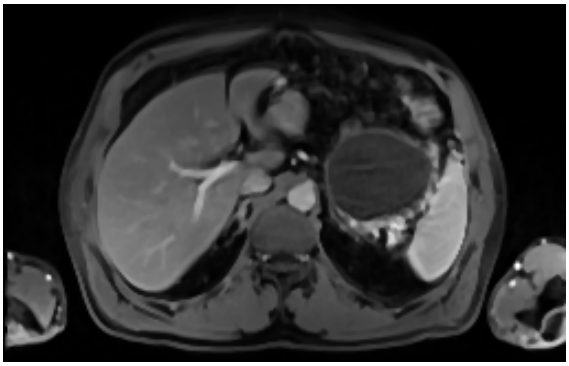


Figura 25: Resultados del análisis del filtro de suavizado de difusión anisotrópica de curvatura (Imagen de prueba 280)

Filtrado de difusión anisotrópica de gradiente

En este caso, la variable de conductancia se elige como una función de la magnitud del gradiente de la imagen en cada punto, lo que reduce la solidez de la difusión en los píxeles que son bordes. Aunque con el filtro de difusión anisotrópica de gradiente (*Gradient Anisotropic Diffusion Filter*) se pueden obtener resultados muy similares, en términos de suavizado, a los obtenidos con el filtro anterior de curvatura cambiando un poco los parámetros, se nota que los bordes resultan menos definidos. En la Figura 26 se muestran los resultados de aplicar el filtro con los mismos parámetros que para el caso anterior.

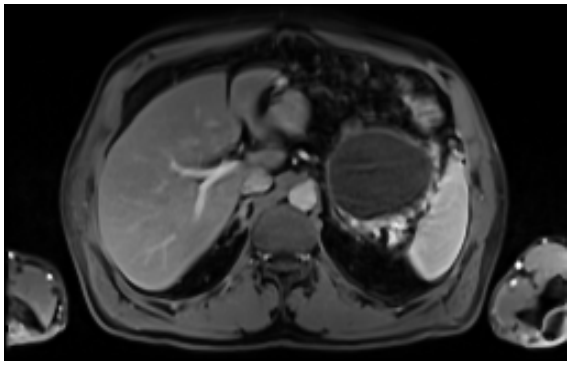


Figura 26: Resultados del Análisis del filtro de suavizado de difusión anisotrópica de gradiente (Imagen de prueba 280)

Operación de dilatación

La dilatación [43] se basa en operaciones morfológicas que se basan en la aplicación de un operador sobre la vecindad de cada píxel de entrada. En general, las operaciones morfológicas se basan en la utilización de un *elemento estructural*, siendo el elemento utilizado en estas pruebas el de *Ball* (de tipo circular), ya que al ser la venas estructuras tubulares resulta el más adecuado. Este elemento estructural requiere definir un valor de *radio* de vecindad sobre el que va a actuar el mismo, que en este caso, a trabajar con imágenes muy pequeñas se ha establecido en el mínimo posible, es decir 1 píxel de radio. Además, 1 es el valor mínimo posible de radio a definir, y teniendo en cuenta que las imágenes del proyecto son de baja resolución espacial resulta una limitación, ya que sería más idóneo poder realizar una operación menos agresiva en caso de imágenes de mayor resolución espacial.

El objetivo de probar esta operación es verificar si aplicándolo se podría conseguir definir un poco mejor los límites de las venas a segmentar y por lo tanto

que resulten más fáciles de identificar que actualmente, ya que en mucho casos se confunde entre hígado o vena cuando existe solapamiento de valores de intensidad. El resultado de aplicar la operación directamente sobre las imágenes de prueba se muestra en la Figura 27.

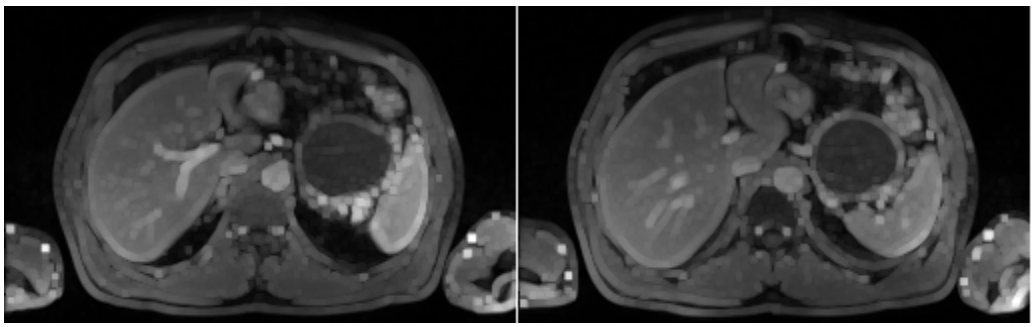


Figura 27: Resultados del análisis de la operación de dilatación (Imágenes de prueba 280 y 340)

Si además, esta operación se aplica tras realizar el suavizado anisotrópico de curvatura sobre la imagen, los resultados tras la dilatación son mejores, si bien no es posible apreciar estas diferencias visualmente sobre las imágenes resultantes.

Umbrales de Otsu

De forma genérica, el objetivo de un método de umbralización de Otsu es el de encontrar uno o varios valores de umbral que clasifique las imagen en dos o más clases de manera que se minimice el área del histograma de una clase que se sitúa en el lado del umbral en relación al área perteneciente a la otra clase. Por tanto, el objetivo es el de minimizar el error de clasificación.

Al realizar una prueba con este tipo de método de umbralización, se espera poder conocer un poco mejor e identificar más fácilmente los limites de umbral entre los distintos elementos presentes en la imagen de modo que se pueda refinar la segmentación.

Múltiples umbrales Otsu

Por ejemplo, si utilizamos la imagen de prueba 280 como test, y aplicamos el método de forma que realice una separación de 5 clases diferentes, nos devuelve los siguientes valores de umbral: 075 188 293 428 (siendo el valor mínimo de la imagen 0 y el superior 963, ya que al ser de tipo DICOM tiene un rango de valores de 2^{12}). Como las venas se representan con colores claros en la imagen, si realizamos un filtrado de umbral sobre la imagen para que solo se muestren aquellos valores de píxel por encima de 428, el resultado es el que se muestra en la Figura 28.

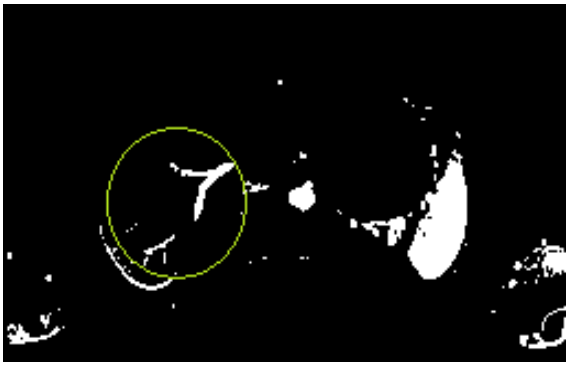


Figura 28: Resultados del Análisis del método de Otsu de múltiples umbrales (Imagen Prueba 280)

Conclusión: En la Figura 28 se han señalado dentro de una elipse verde aquellos elementos que son vena, observándose claramente segmentados en la imagen, sin embargo también aparecen muchos otros elementos en la imagen binaria que nada tienen que ver con las venas pero que son difíciles de separar. Esta imagen deja apreciar muy claramente el solape en los valores de intensidad que se produce en los distintos elementos de la imagen. Además, si se intenta realizar el mismo test con la otra imagen de prueba, los resultados son aún más desastrosos, ya que esa imagen todavía presenta más solapes que la actual, existiendo mayor variabilidad de valores en los elementos venas de la misma. Este análisis resulta útil para ser más conscientes del problema de las imágenes, si bien proporciona ciertas esperanzas para encontrar una solución.

Múltiples umbrales Otsu con máscara

Teniendo en cuenta los resultados anteriores donde sucedía que se segmentaban las venas pero también muchos otros elementos que era imposible distinguir si eran de interés o no, se ha manipulado la imagen de prueba 280 para que sólo contenga la información del área que se localiza dentro del hígado. Esta imagen se muestra en la Figura 29. Además, se ha aplicado un filtro de suavizado anisotrópico y un dilatado sobre la zona de la máscara con el objetivo de mejorar la discriminación entre lo que es vena y lo que es hígado. De esta forma, se pretende probar si teniendo la zona de interés mejor acotada es posible mejorar los resultados de segmentación.

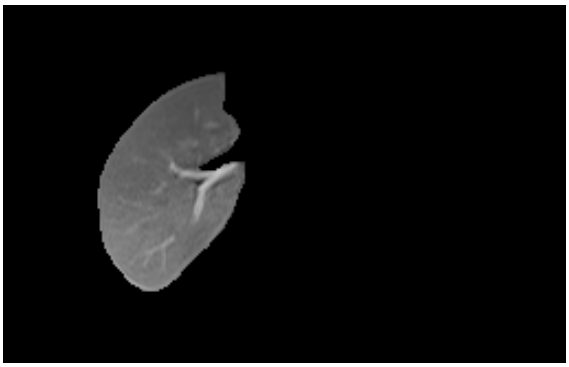


Figura 29: Imagen de prueba 280 convertida en máscara

Desafortunadamente, los resultados de esta estrategia no son tan buenos como los esperados. El problema es que aún sólo dentro del hígado sigue habiendo una variabilidad de intensidades elevada, que varía de una zona a otra, y lo que en una zona es vena, puede ser simplemente hígado en otra o al revés, llegando a un alto nivel de solape entre los valores de intensidad. Esto sigue suponiendo un problema a la hora de calcular los umbrales. Además, el haber acotado las pruebas solamente al contenido de la máscara resulta de algún modo engañoso, ya que se están restringiendo los rangos de valores de gris de la imagen y todas las pruebas de umbrales realizadas anteriormente dejan de ser válidas. Aunque se consigan resultados de este modo, no pueden ser extrapolables a la imagen completa.

Al realizar las pruebas, y habiendo previamente escalado los valores a un rango de [0,255] (2^8 bits), los mejores resultados se han obtenido al tener una separabilidad de 3 clases, en vez de las 5 de la prueba anterior, siendo los umbrales intermedios 50,25 y 119,35. Aún así, al utilizar estos valores de umbral, la segmentación resultante es bastante vasta. Para que sea más fina habría que disminuir el valor del umbral, lo que supone volver al problema inicial. Asimismo, se comprueba que los valores de umbral calculados por el método de Otsu dependerán en gran medida de lo buena o mala que sea la segmentación de entrada, y de si la

imagen contiene valores de intensidad oscuros de fondo (como es el caso, ya que antes de crear la máscara la presencia del negro no era tan significativa).

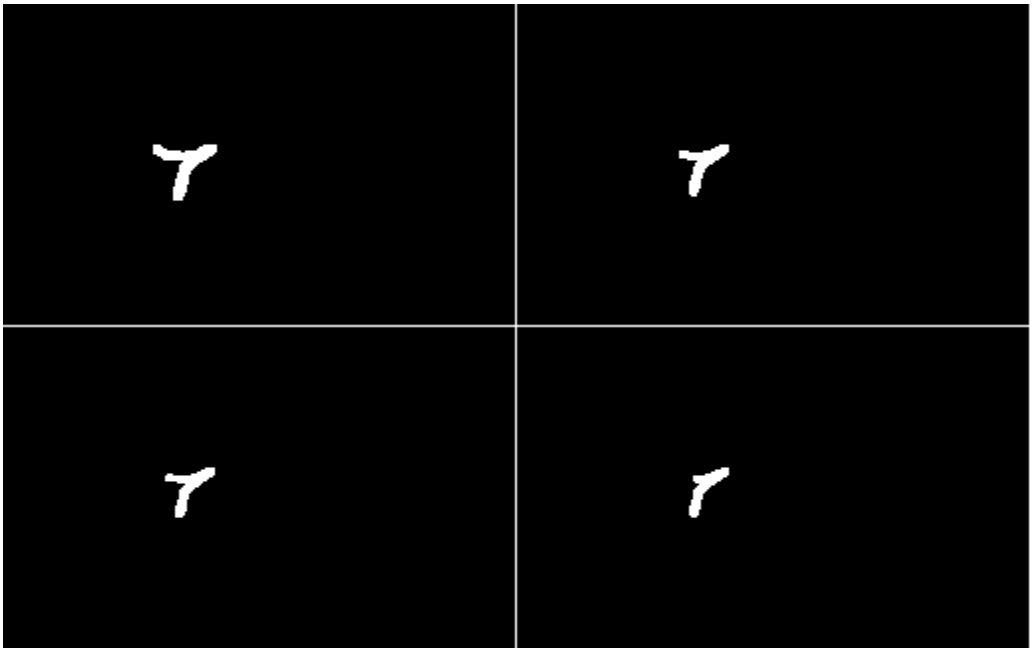


Figura 30: Resultados del análisis de segmentación con múltiples umbrales de Otsu empleando máscara sobre la zona del hígado (Imagen prueba 280)

Habiendo dicho lo anterior, como se aprecia en la parte superior izquierda de la Figura 30, si se utiliza un valor de 120 como umbral de binarización, los resultados de la segmentación son un poco toscos. En cambio, si este valor se hace ligeramente más restrictivo, se consiguen distintos resultados, como se aprecia en el resto de imágenes de la figura. Para este caso, los mejores resultados se obtienen utilizando el valor de umbral de 125, que es ligeramente superior al umbral máximo calculado por el método de Otsu. Esto demuestra que en muchos casos se vuelve necesario retocar los valores de umbral para obtener los mejores resultados. Por otro lado, si se utiliza un valor todavía ligeramente más restrictivo, se puede apreciar en la figura inferior derecha cómo parte de la ramificación de la vena comienza a desaparecer.

Por otro lado, si nos centramos en la misma figura con los resultados, se puede apreciar claramente que sólo se ha conseguido segmentar la vena de la imagen más gruesa, cuyos límites además estaban mejor definidos y que las venas más pequeñas de la imagen han desaparecido completamente. Esto, sumado al hecho de que con la otra imagen de prueba 340 no se ha podido obtener buenos resultados, confirma la inestabilidad de estos métodos, como ayuda para definir los parámetros de la segmentación, debido a las dificultades que presentan las imágenes del proyecto.

Filtrado Sigmoidal

El filtrado Sigmoidal se usa comúnmente con el objetivo de transformar la intensidad de la imagen. Su funcionamiento se basa en mapear un determinado rango de valores de intensidad en un nuevo rango de valores aplicando una serie de ligeras y continuas transiciones en los bordes de los rangos. La transformación de los valores se realiza aplicando internamente la expresión (1) a continuación:

$$f(x) = (Max - Min)\frac{1}{\left(1 + e^{-\frac{x-\beta}{\alpha}}\right)} + Min \quad \textbf{(1)}$$

En la ecuación anterior, ***x*** representa el valor de intensidad del píxel de entrada, y ***f(x)*** es el valor de intensidad del píxel de salida. ***Min*** y ***Max*** representan los valores mínimo y máximo de la imagen de salida. Mientras que α define la anchura del rango de intensidad de entrada y β el valor de intensidad alrededor del cual se centra el rango.

A la hora de aplicar dicha transformación se han configurado los cuatros parámetros mencionados anteriormente. En primer lugar se establece en valor mínimo y máximo de la imagen de salida, y después de establecen Aplicando la transformación con los valores 10, 240, 10 y 160 respectivamente, se ha conseguido el resultado que se muestra en la Figura 31. Como se puede apreciar, la vena porta, que es más identificable en la imagen, se ve más resaltada y se identifica si cabe con mayor facilidad. Algunas de las venas más finas también se pueden intuir, pero no se aprecia continuidad en las mismas, por lo que no se identifican claramente. Este es el problema más persistente hasta el momento, y con este tipo de transformación tampoco ha sido posible conseguir mejorar la visualización y segmentación de aquellas venas con los límites más difusos.

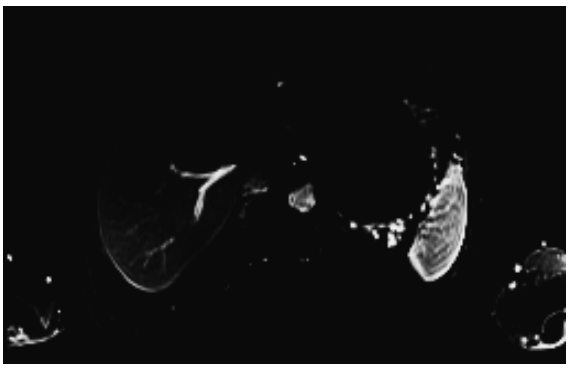


Figura 31: Resultados del análisis del filtro sigmoidal (Imagen prueba 280)

CONCLUSIONES SOBRE LAS PRUEBAS REALIZADAS

Tras realizar diversas pruebas con las imágenes de ejemplo, tanto en 2D como en 3D, se podría concluir que los resultados más satisfactorios son los que se han obtenido con el método de Crecimiento de Regiones de Umbrales Conectados (*Connected Threshold*), ya que es el que ha sido capaz de establecer más relaciones entre los píxeles en los diferentes planos si se tiene en cuenta las pruebas en 3D.

La segmentación en 3D tiene la ventaja de que a partir de un punto en un *corte*, se calculan todas las conexiones que pueda haber con otras *cortes* dentro de los mismos valores de umbral, con lo que se crea de automáticamente un volumen en 3D. Esto supone una ventaja considerable respecto a la segmentación en 2D ya que ahorra tiempo de implementación. Sin embargo, la desventaja es que no es posible adaptar los valores de umbral por cada *corte*. Por el contrario, en la segmentación 2D sí es posible adaptar los valores de umbral en cada *corte*, lo que implica que la segmentación pueda ser más precisa si se dispone del método adecuado para el cálculo de los umbrales. Sin embargo, la implementación del método puede resultar más compleja si se quiere asegurar que siempre existan elementos conectados en las *cortes* que son adyacentes.

No obstante, para poder obtener resultados aún mejores con el método de crecimiento de regiones de umbrales conectados, es necesario mejorar el proceso de definición de los umbrales. En concreto, el valor de umbral que más problemas plantea es el que constituye el límite inferior, ya que las diferencias entre los valores de intensidad del hígado y las venas es muy difícil de establecer por la naturaleza de las propias imágenes. Además, para hacerlo más difícil, este límite no es igual para todas las venas. Las partes más anchas de las venas son más fáciles de identificar ya que tienen una tonalidad clara, pero las partes más finas (y las ramificaciones) a menudo tienen su tonalidad muy similar a la del hígado, por lo que en la mayoría de las segmentaciones éstas no se pueden detectar si sólo se implanta una semilla. Para intentar mejorar la segmentación es necesario establecer nuevas semillas en estas venas más finas, con el peligro de que sí los umbrales no son correctamente establecidos, aparezcan grandes partes de hígado segmentadas como vena.

Se han realizado pruebas adicionales sobre las imágenes con el método de Otsu para intentar identificar los valores de umbral más adecuados y la transformación Sigmoidal para manipular los valores de intensidad de la imagen. Como bien es sabido el método de Otsu calcula automáticamente los umbrales a partir del histograma de la región estableciendo como parámetro el número de clases que se quieren separar. Sin embargo, tras llevar a cabo diversas pruebas, se puede concluir que se tratan de métodos bastante básicos y que dependen mucho del contraste de la imagen y de los valores de gris de la misma para encontrar los valores de umbral. En consecuencia, se trata de una operación que resulta difícil de aplicar al existir tanta variabilidad, solapamiento y falta de homogeneidad en las intensidades de las imágenes.

Por otro lado, después de realizar las diversas pruebas sobre las imágenes, se ha observado que existe una gran dificultad para segmentar todas las venas presentes en las imágenes. Cuando se tratan de venas anchas, bien definidas y con un valor de intensidad alto, generalmente se segmentan sin dificultad, aunque la segmentación comienza a fallar en las proximidades de los bordes. Cuando se trata de venas más estrechas y pequeñas, la dificultad en su detección crece exponencialmente y los resultados de segmentación son impredecibles. Si estas venas pudiesen resaltarse de algún modo su segmentación resultaría más sencilla, pero esto no es una labor trivial debido al solapamiento que existe solamente entre los niveles de gris en diferentes puntos dentro del área de hígado, que se incrementa si se tiene en cuenta toda la imagen. Dicho esto, y habiendo sido identificadas estas limitaciones, hay que tener en cuenta que en algún momento del desarrollo del algoritmo de segmentación de venas es necesario llegar a un compromiso entre la calidad de los resultados y el alcance que el algoritmo pueda ofrecer. Lo importante es que se pueda identificar la parte principal de las venas y no tanto todas las ramificaciones de las mismas, por lo que es necesario establecer un criterio de segmentación suficientemente robusto en este sentido.

Teniendo en cuenta los resultados obtenidos en las pruebas realizadas sobre diferentes métodos del estado del arte, se propone una propuesta de algoritmo que combina diversos métodos para obtener unos resultados óptimos. Para comenzar, se plantea la combinación de diversos métodos de pre-procesado, segmentación y post-procesado. Ello permite comprobar si se obtienen unos resultados mejores que los obtenidos hasta el momento y conseguir así segmentar el árbol hepático. Con tal propósito se exploran diversas metodologías del estado del arte más complejas que pueden proporcionar mejores resultados. Para ello, en la siguiente sección se realiza un estudio completo de aquellos algoritmos que han sido diseñados especialmente para la tarea de segmentación de venas.

4.3 Segmentación de venas hepáticas

Los métodos de segmentación de venas varían dependiendo de la modalidad de la imagen, el dominio de aplicación, si el método es automático o semi-automático, y otros factores específicos. No existe ningún algoritmo genérico que sea capaz de segmentar los vasos sanguíneos de cualquier tipo de imagen médica. Dependiendo de la calidad de la imagen, los artefactos presentes en la misma (como el ruido), puede ser necesario aplicar algún paso de pre-procesado. También puede darse el caso de tener que aplicar técnicas de post-procesado en el caso de que ocurra sobre-segmentación.

El ámbito en el que se han desarrollado más algoritmos de segmentación de árbol de venas hepático es con las imágenes de TC. La mayoría de los métodos disponibles en la literatura se aplican sobre este tipo de imágenes, debido en gran medida a que las mismas son consideradas superiores a las de RM en lo a que visualización de las venas hepáticas se refiere. En el presente proyecto se demuestra que la segmentación también es posible sobre imágenes de RM, aunque los resultados se pueden mejorar si se utilizasen agentes de contraste médicos durante la obtención de las imágenes. Aunque se encuentran muy pocos trabajos de segmentación de venas en MR, por el contrario se ha demostrado que estas imágenes son superiores a las de TC en sensibilidad y precisión en lo que respecta a la detección de lesiones tumorales en el hígado[45][46].

En esta sección del estado del arte se realizan dos tipos de análisis. Principalmente, se lleva a cabo un estudio de aquellos métodos orientados a la segmentación de las venas del hígado, inicialmente sobre imágenes de TC al ser el ámbito más ampliamente investigado y brevemente sobre imágenes de RM. Posteriormente, se realiza un estudio adicional sobre métodos de segmentación de venas en otro tipo de órganos o modalidades de imagen, además de algoritmos que ayudan a la mejor segmentación de las mismas. Es bien sabido que el estado del arte es muy extenso, por lo que en esta sección se incluyen solamente aquellos métodos que presentan aproximaciones más relevantes o con carácter diferente al habitual. No obstante, a partir de estas referencias se puede tener acceso a un largo recorrido de algoritmos si se consulta su propia bibliografía.

Cabe destacar, que han surgido algunas iniciativas cuyo objetivo es el de **realzar** la visualización de las **venas** en las imágenes para facilitar la segmentación posterior. El ejemplo más significativo es el que se presenta en[47], donde se presenta un filtro de realzado multi escala basado en el trabajo presentado anteriormente en[48]. Este filtro puede verse como un proceso que busca estructuras geométricas tubulares, y que añade el valor relativo al escalado ya que dichas estructuras pueden tener diferentes tamaños. Para ello se basa en estudiar la estructura de la imagen de segundo nivel obteniendo un vector de gradiente y la *matriz Hessiana* de la imagen a cierta escala. La explicación, es que la segunda derivada de un núcleo Gaussiano a cierta escala *s*, genera un núcleo capaz de medir el contraste entre las regiones en el rango *(-s,s)* en la dirección de la derivada. Además, al estudiar los autovalores de la matriz Hessiana se pueden obtener las direcciones de los elementos presentes en la imagen. Presentan también un concepto conocido como "*vesselnes*" que indica el potencial de ser una estructura tubular en las 3 dimensiones. Este filtro ha posibilitado, en general, la obtención de muy buenos resultados; sin embargo, esto ha ocurrido principalmente para imágenes de angiografía por resonancia magnética (ARM) y de angiografía por sustracción digital (ASD), por lo que su éxito con imágenes de RM dependerá en gran medida de la calidad de las mismas, tipos de secuencias extraídas, la utilización de agentes de contraste, etc. Por otro lado, en los últimos años han surgido nuevas propuestas de pre-procesado como por ejemplo la de[49], en la que

se presenta un nuevo operador morfológico multi-escala denominado *Selective Marking and Depth Constrained Connections Cost* (SMDC-CC) y que está preparado para funcionar en entornos con mucho ruido.

Para comenzar, en lo que se refiere a segmentación de venas hepáticas sobre imágenes de **TC** se destaca lo siguiente:

- *Basados en crecimiento de regiones*: Los métodos basados en el crecimiento de regiones y la umbralización son quizá los más populares debido a que los primeros esfuerzos en el área se basan en este tipo de metodologías. Un ejemplo muy completo se puede encontrar en][50] en el que después de aplicar un filtrado *Gaussiano* de suavizado y filtros de *Laplace*, se procede a la segmentación con un algoritmo de crecimiento de regiones para luego analizar las estructuras obtenidas con una metodología basada en grafos, tras lo cual se realiza una clasificación de los elementos obtenidos. Por el contrario, en los trabajos más recientes es común ver cómo se combinan este tipo de métodos con el pre-filtrado basado en la matriz Hessiana propuesto en[47]. Así por ejemplo, en[51] se presenta un método para la segmentación y separación de las principales venas del hígado utilizando imágenes que han sido obtenidas utilizando agentes de contraste. En primer lugar realizan un pre-procesado, con el que se obtiene la segmentación del hígado y se estudia el histograma para aplicar una umbralización y excluir del resto de pasos aquellos píxeles de la imagen que están por debajo del valor de umbral establecido. A continuación se aplica el filtro basado en la matriz Hessiana y se lanza un proceso de crecimiento de regiones para obtener la segmentación, donde se eligen como puntos semilla todos aquellos que tienen un porcentaje de *vesselnes* comprendido entre el 90 y 99%, estableciéndose como umbral inferior del algoritmo el 75% y superior el 99%. A continuación se refina la segmentación obtenida creando una representación en forma de grafo y aplicando dos tipos de filtros para validar la segmentación, de modo que se establecen una serie de criterios que determinan qué elementos se deben eliminar del mismo. El primer filtro se aplica sobre el volumen del grafo, de modo que el criterio de eliminación es que se debe cumplir un valor mínimo de volumen. El segundo filtro se aplica midiendo la longitud de las ramas, y el criterio para eliminar es que deben ser mayores que el valor mínimo establecido. Para terminar, se separa el árbol obtenido etiquetando las ramas como vena porta o vena hepática a partir de unos marcadores que han sido establecidos de forma manual en las imágenes y aplicando un algoritmo de cascada para etiquetar todo el resultado de segmentación.
  Por otro lado, en[52] se presenta un método en el que después de realizar el pre-procesado de Frangi[47], aplican un método de crecimiento de regiones tradicional para extraer el tronco central del árbol de venas y un método de crecimiento de regiones que es direccional y adaptativo para la segmentación de las ramas, de forma que la segmentación pueda continuar a pesar de encontrar *cortes* o agujeros en las ramas.
- *Basados en Gaussian Mixture Models (GMM)*: En este ámbito, trabajos como el de[53] comienzan a sugerir la utilización de modelos Gaussianos con el objetivo de estimar la representación de las venas a partir de los histogramas de las imágenes. Uno de los trabajos más completos en esta área es el desarrollado por el equipo de Oliveira[54][55] en el que no sólo segmentan el árbol de venas, sino que también lo clasifican y lo asignan a los segmentos de hígado propuesto por Couinaud. En una primera aproximación proponen un algoritmo muy sencillo para aislar el hígado y luego una segmentación de venas basada en el crecimiento de regiones, presentando un método para la selección de los umbrales

adecuados. Sin embargo, en su trabajo más actual[55], la segmentación del hígado la realizan empleando un método de Level Sets basado en los modelos deformables y para la segmentación de las venas incluyen la utilización de modelos GMM combinados de nuevo con un algoritmo de crecimiento de regiones.

- *Otros*: Asimismo, en[56][57] [58], se describen otras metodologías con una base parecida a algunos de los algoritmos o procedimientos reseñados anteriormente pero donde se incluyen pequeñas modificaciones con el objetivo de maximizar los resultandos ante las condiciones requeridas en cada caso. Por el contrario, en[59] se presenta una metodología que como pre-procesado aplica una máscara a las imágenes con el resultado de segmentar el hígado, un ecualizado del histograma para normalizar el contraste y luego emplea una serie de plantillas de curvas de Gauss (*Gaussian hill templates*) que han sido rotadas y escaladas con el objetivo de enfatizar las venas. A continuación se realiza una umbralización para eliminar los píxeles no deseados de la imagen y se aplican operaciones morfológicas, tales como la apertura, sobre el resultado para eliminar elementos no deseados. A partir de aquí, se crea una representación en forma de grafo de la imagen y se aplican algoritmos genéticos con el objetivo de encontrar el grafo con mejor ajuste (*fitness*) y penalizar a aquellos elementos que no la tengan. En los resultados se aprecia poca conectividad entre los elementos encontrados, pero sí se observa que los elementos principales han sido segmentados correctamente.

En lo que se refiere a segmentación de venas en imágenes de **RM**, apenas se encuentran unos pocos ejemplos, la mayoría de los esfuerzos están dedicados a aplicar técnicas empleadas con éxito anteriormente con imágenes de TC efectuando los ajustes necesarios para su correcto funcionamiento con esta modalidad de imagen.

- Uno de los primeros ejemplos más representativos es el trabajo presentado en[60]. En este trabajo se propone la extracción del volumen vascular en 3D ayudándose de la intervención del usuario a lo largo de las *cortes*. Representan los vasos como una estructura de árbol cuyas ramas pueden tener bifurcaciones o confluir, y están definidas por un valor de radio. Por cada *corte* de la imagen se extrae la información correspondiente a los centros y los radios, que se utiliza para reconstruir un volumen geométrico en 3D. Se realiza un pre-procesado de binarización en cada *corte* basado en la umbralización y a continuación se estiman los radios y las bifurcaciones a partir de unos métodos definidos por los autores y denominados *circle approximation* (CA) y *ellipse approximation* (EA). Por último, se procede a conectar automáticamente los elementos para construir el volumen.
- Más recientemente, en[61] se plantea la identificación de las venas hepáticas más grandes para el control durante la aplicación de terapias basadas en la electroporación como es la Electroquimioterapia[62]. Estos tratamientos se aplican a lesiones tales como los tumores y son específicos para cada paciente, por lo que es importante conocer la forma y las propiedades del tejido del órgano sobre el que se aplica para poder configurar correctamente los parámetros del tratamiento en el procesado de imágenes. Para ello, la identificación de los principales vasos sanguíneos es crítica debido a la alta propagación del calor de los mismos. Sin embargo, en el caso concreto del hígado también se hace necesario, debido a que la conductividad de los vasos es diferente a la del tejido del hígado o las lesiones, y además es necesario conocer su localización para evitar que sean dañados, debido a su importancia para el correcto funcionamiento del órgano. El algoritmo que proponen en[61]

para la segmentación de las venas hepáticas no es original, ya que se basa en la combinación de soluciones anteriormente propuestas y cuentan con anterioridad con la información de segmentación del hígado. Comienzan utilizando un pre-procesado para la eliminación de ruidos y artefactos basado en el trabajo de[63] sobre el que aplican una máscara con el hígado segmentado previamente. Posteriormente emplean un método de realzado de los vasos basado en el trabajo de Frangi[47] descrito anteriormente, y sobre el que vuelven a aplicar la máscara del hígado. Continúan empleando dos métodos de umbralización, uno basado en la minimización de la varianza entre clase y otro basado en la maximización de la entropía de la imagen. Entre estos métodos de umbralización intercalan métodos morfológicos de dilatación, erosión, crecimiento de regiones y máscaras con la información de hígado hasta que llegan al resultado final.

- En [64] se propone un algoritmo de segmentación que se basa en la utilización de una imagen del paciente en la que las venas han sido previamente segmentadas y la propagación hacia otras imágenes para crear un modelo específico de dicho paciente. El objetivo es aplicarlo en imágenes intra-operación (las que se adquieren durante la intervención), que son una parte esencial de terapias de radiación, radiofrecuencia o la propia operación quirúrgica. Sin embargo, durante la intervención es muy complicado realizar operaciones sobre estas imágenes, por lo que se utilizan las imágenes pre-operativas, que son las obtenidas antes de la intervención. Para que esta combinación sea efectiva, es necesario realizar un mapeado matemático entre ambos tipos de imágenes, lo que se conoce como registro de imágenes. En el algoritmo, se propone que la imagen previamente segmentada sea la obtenida en la pre-operación, y que la segmentación se active estableciendo un punto semilla usando la imagen de referencia como guía. Entonces, la segmentación se guía punto por punto y se vigila que terminen cuando el tamaño de los elementos tenga el tamaño de aquello de la imagen de referencia.

Para finalizar, también se ha realizado un pequeño estudio de métodos de segmentación aplicados sobre otros tipos de órganos o tipos de imagen. Estos métodos se han denominado **genéricos** en el presente trabajo y de los mismos se quiere destacar lo siguiente:

- En [65] se realiza un completo análisis sobre distintas técnicas y algoritmos que permiten la segmentación y extracción de los vasos sanguíneos de las imágenes. En el transcurso del análisis se engloban todos los métodos encontrados en distintas categorías según el criterio de los autores. Algunas de las mismas se pueden considerar como parte de otras, sin embargo, en el caso de haber suficiente trabajo señalado al respecto, han considera conveniente crear una categoría propia. Las categorías propuestas son las siguientes: 1. Técnicas de reconocimiento de patrones (en las que se incluyen los algoritmos multi-escala, los basados en crecimiento de regiones, morfología matemática, etc.); 2. Aproximaciones basadas en modelos (como los modelos deformables, los paramétricos, basados en plantillas, etc.); 3. Aproximaciones basadas en el seguimiento; 4. Aproximaciones mediante técnicas propias de Inteligencia Artificial 5. Aproximaciones basas en Redes Neuronales y 6. Otras técnicas de detección de objetos con aspecto tubular (dando cabida a diferentes tipos de algoritmos aplicados a campos que no siempre tienen que ver con la medicina). Además, por cada una de las categorías anteriores, se presenta una tabla que compara los distintos algoritmos de la misma respecto a una seria de criterios como la dimensionalidad, elemento de entrada, pre-procesado, la interacción con el usuario, el elemento resultado, etc. Estos métodos constituye un

buen punto de partida para tener una visión general de los esfuerzos realizados en esta área.

- En [66] se presenta un método de crecimiento de regiones basado en información espectral. En primer lugar, el algoritmo comienza aplicando un proceso de realzado de las venas basado en el cálculo de la matriz Hessiana, donde las características de la misma se combina con un núcleo *Gaussiano* para crear un filtro lineal multi-escala. A continuación, se realiza un análisis del espectro de la imagen aplicando una transformada de *Fourier* sobre la misma. Este paso se basa en la idea de que si la imagen contiene estructuras tubulares, en el espectro de Fourier se pueden apreciar líneas grises perpendiculares a la dirección de la estructura tubular original. El tercer paso es la selección automática de semillas basada en la información espectral que asegure la estabilidad del algoritmo de crecimiento de regiones. Para ello, se detecta la presencia de vasos a través de una función que calcule la energía del espectro y con un operador de *Sobel* se calculan los bordes de la misma y se elige un punto central representativo en base a su nivel de gris. Por último, se da paso a un algoritmo mejorado de crecimiento de regiones basado en ramas que funciona como se explica a continuación y que se basa en la búsqueda en profundidad. Si durante el crecimiento se llega a algún punto en el que puede haber más de una rama, se segmenta en primer lugar solo una de ellas, y la otra se almacena en una pila para ser procesada después. Este comportamiento se repite para todas las ramas que puedan surgir durante el crecimiento de algoritmo de crecimiento de regiones en cada rama analizada. De esta forma, es posible adaptar dinámicamente las condiciones de segmentación de cada rama. El algoritmo ha sido probado con imágenes de TC y ha reportado muy buenos resultados procesando las imágenes en 2D (a partir de las que se hace una reconstrucción 3D) para la segmentación del árbol del hígado. También ha sido probado con imágenes de retina generando resultados más sorprendentes, lo que demuestra que el algoritmo es más adecuado en este tipo de imágenes y que puede adaptarse y mejorarse para funcionar correctamente teniendo en cuenta las peculiaridades de las imágenes TC.
- En [67] se presenta un método preparado para imágenes en 2 dimensiones que comienza aplicando una operación morfológica de tipo *Top-Hat* para separar los elementos claros de las imágenes de aquellos más oscuros, para a continuación aplicar el filtro de realzado multi-escala basado en la matriz Hessiana explicada con anterioridad. Después, aplican un método de *Level Sets* de contornos activos basado en regiones, empleando el método de *Otsu* para la definición de umbrales del contorno inicial. Para testear el algoritmo crean una serie de imágenes sintéticas que emulan diferentes estructuras de vasos sanguíneos que contienen distintas direcciones y dimensiones y consiguen así un ratio de segmentación por encima del 95%. Sin embargo, al utilizar imágenes 2D de ARM abdominales sucede que no pueden obtener los resultados esperados cuando las imágenes tienen poco contraste y por tanto, no pueden validar los resultados previamente obtenidos.
- En lo que se refiere a modelos deformables, en[68] se presenta un método que permite la segmentación de estructuras curvas en imágenes en 3 dimensiones. Se trata de una extensión de los métodos basados en contornos activos (*Geodesic Active Contours*) y estructuras mínimas (*Minimal Surfaces*) ambos en 3D, a diferencia de otros métodos que resuelven las curvas en 2D y las superficies en 3D. El algoritmo se ha probado con diversas bases de datos de imágenes MRA y CT obteniéndose muy buenos resultados y demostrando que la

segmentación obtenida automáticamente es como mínimo tan detallada como la que se realiza de forma manual.

Como hemos visto anteriormente, los primeros y principales esfuerzos han estado basados en algoritmos que emplean métodos de umbralización y crecimiento de regiones. La introducción de algoritmos de pre-filtrado que permiten resaltar las estructuras tubulares en las imágenes ha dado paso a que se propongan nuevas metodologías donde se combina la umbralización y el crecimiento de regiones con este nuevo tipo de métodos y filtros. También se ha popularizado la utilización de modelos Gaussianos como parte de los procedimientos. Otras alternativas utilizadas durante la segmentación se basan en la utilización de algoritmos de contornos activos o basados en modelos. Por otro lado, también es común encontrar procedimientos que estudian la morfología del resultado de la segmentación del árbol hepático a través de métodos basados en grafos, donde aplicando una serie de métodos y operadores se puede determinar la corrección del volumen 3D obtenido y mejorarlo. Por último, mencionar también que en muchas de las metodologías revisadas en esta sección, la segmentación del hígado, como paso previo, constituye una premisa importante en el buen funcionamiento de las mismas debido a las implicaciones que tiene sobre los resultados a obtener.

5. Propuesta de solución para la segmentación de venas hepáticas

Tras el análisis de métodos y las conclusiones derivadas, en la presente sección se describen los distintos pasos que se han dado de forma incremental en la definición del procedimiento hasta llegar a una propuesta final de algoritmo de segmentación del árbol de venas hepático. En la Figura 32, se ilustra el proceso que se ha seguido durante el desarrollo de la solución. Como se puede observar, cada nueva fase del procedimiento es dependiente de lo desarrollado en la anterior. También es dependiente de los resultados que se obtengan en la fase anterior, de modo que en cada nueva fase se realizan los ajustes que se consideran necesarios para solventar los problemas previamente encontrados y mejorar por tanto la propuesta de solución.

Se comienza desarrollando una propuesta sencilla que combina diferentes algoritmos de tratamiento evaluados en la sección anterior, y se continúa refinando la solución con otros algoritmos más complejos con el objetivo de mejorar los resultados de segmentación. Durante el desarrollo en las distintas fases, se utiliza un caso de estudio de referencia, que permite observar y comparar los resultados obtenidos y realizar así mejoras sobre el algoritmo. Para terminar, se describe la solución a la que se ha llegado finalmente. Más adelante, en la sección 0, se muestran los resultados obtenidos con la propuesta final de algoritmo y sobre un conjunto de casos de estudio más amplio, lo que permite confirmar la validez de los mismos.

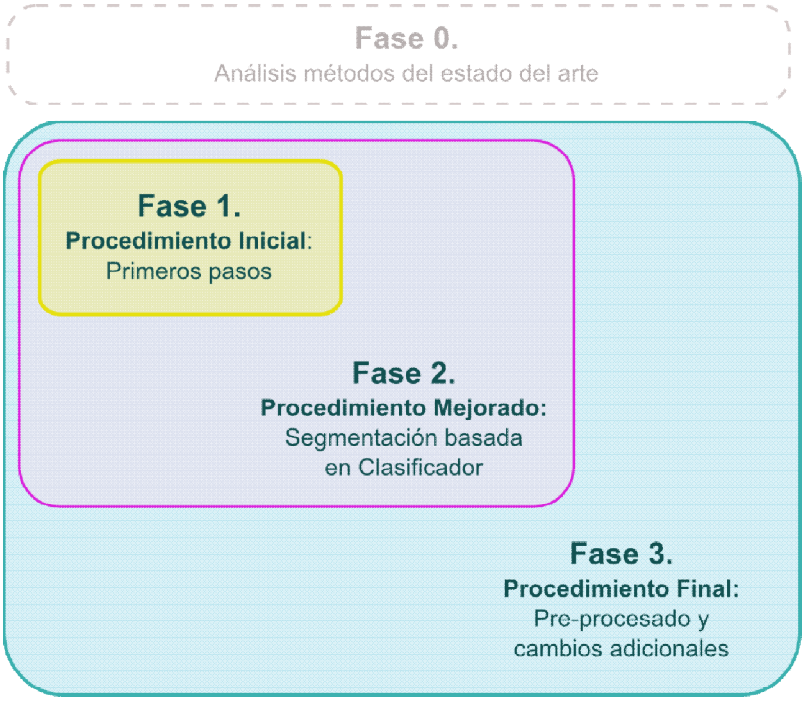


Figura 32: Fases en el desarrollo de la solución

Dicho lo anterior, en la sección 5.1 se describen los primeros pasos en la definición del procedimiento, donde se propone una aproximación basada en el método de crecimiento de regiones. En la sección 5.2 se propone añadir un clasificador al procedimiento anterior, y finalmente en la sección 5.3 se explican las mejoras que se han realizado en el procedimiento, tales como la utilización de la información de segmentación del hígado y cambios en los parámetros de ejecución, dando como resultado el procedimiento adoptado finalmente. Durante el desarrollo

de la Fase 1 y la Fase 2, se han extraído una serie de conclusiones intermedias que se han tenido en cuenta para realizar las mejoras necesarias en las fases posteriores. Por el contrario, el análisis de conclusiones de la Fase 3, que es donde se resume el procedimiento finalmente propuesto, se presentan en la sección 8 de conclusiones y trabajo futuro.

5.1 Fase 1. Procedimiento Inicial: Primeros pasos

En esta aproximación inicial, se implementa una idea básica, que pretende analizar la viabilidad de utilizar varios de los métodos estudiados en la sección 4.2, de tal modo que combinándolos convenientemente proporcionen resultados de segmentación óptimos en relación a los planteamientos previstos. Uno de los propósitos de esta prueba es el de realizar un pre-procesado de la imagen antes de proceder a la segmentación y comprobar si se obtienen mejoras en los resultados de la misma. Como el objetivo de la segmentación es el de obtener el árbol hepático, de aquí en adelante el esfuerzo se centra en realizar la segmentación sobre el volumen 3D en vez de sólo sobre imágenes 2D concretas. De este modo, se obtiene como resultado un volumen en tres dimensiones del árbol hepático. A partir de ahora, también se va a trabajar únicamente con los estudios (casos) completos de los casos clínicos disponibles en el proyecto, que contienen diversas secuencias y *cortes* en diferentes planos.

> ***NOTA**: De aquí en adelante, en la presente sección y en las venideras, se utiliza como referencia la secuencia "VIBE AX IPAT -VENOSO" para realizar las pruebas de segmentación preliminares que se describen y que han permitido la evolución del procedimiento en las diferentes fases descritas. Además, se utiliza un mismo estudio para todas las pruebas con el objetivo de que los resultados sean comparables y se muestran los resultados sobre el plano trasversal.*
> *También es importante recordar que las imágenes de la mencionada secuencia son de tipo DICOM y que utilizan un total de 12 bits para almacenar los posibles valores de las mismas, lo que significa que el rango es [0,4095]. Sin embargo, después de estudiar el histograma de las imágenes disponibles en el proyecto, hemos podido comprobar que ninguna tiene un valor superior a 1300, por lo que bien podrían estar representadas con únicamente 11bits.*

El procedimiento implementado en esta fase se ilustra en la en la Figura 33 con el objetivo de facilitar la comprensión y resumir los pasos establecidos en el mismo. A continuación pasamos a describir los distintos pasos en detalle.

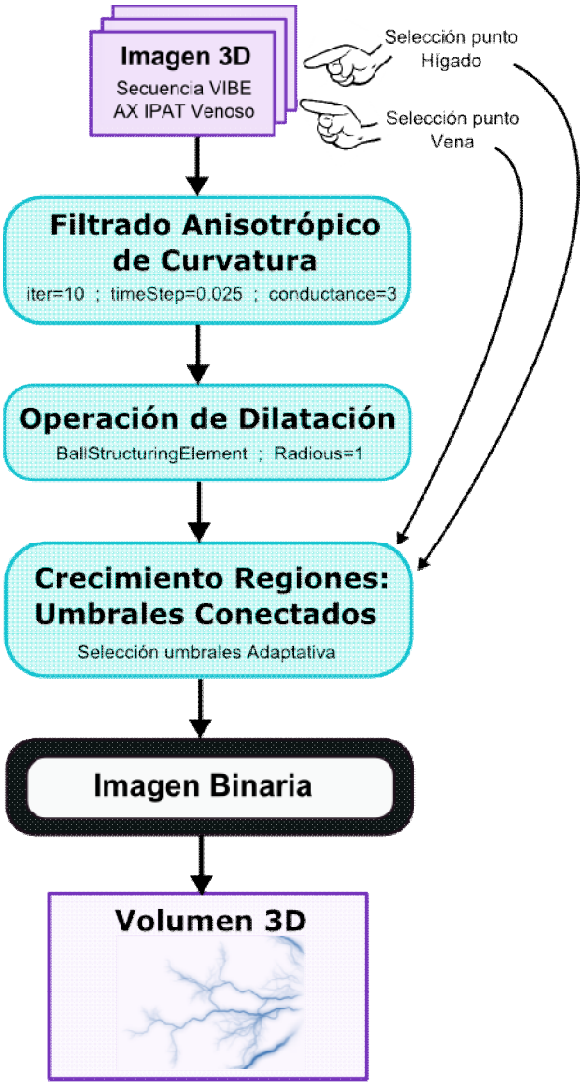


Figura 33: Fase 1. Procedimiento Inicial: Primeros pasos, diagrama de flujo

Para comenzar, como se aprecia en la Figura 33, se ha realizado un **filtrado anisotrópico de Curvatura** como el descrito en la sección 4.2.5, de manera que se suavice la imagen, pero preservando los bordes. De este modo se pueden evitar variaciones indeseadas de los valores de intensidad de píxeles vecinos que puedan afectar a la segmentación. A pesar de que se trata de una operación muy sencilla, puede tener un papel muy positivo sobre la segmentación, ya que como resultado se van a homogeneizar los valores de los píxeles de la imagen. En [69] queda patente que este tipo de filtros resultan adecuados como parte de los métodos de segmentación de venas. El filtrado se ha aplicado con la configuración de parámetros que se muestra a continuación:

Tabla 4: Parámetros ejecución Filtro anisotrópico de Curvatura en Fase 1

Conductancia	3
Nº de iteraciones	10
Tiempo	0.025

Este filtro va asociado a una ecuación de difusión de curvatura modificada (*Modified Curvature Diffusion Equation* - MCDE), dada por la expresión (2) a continuación:

$$f_t = |\nabla f| \nabla \cdot c(|\nabla f|) \frac{\nabla f}{|\nabla f|} \quad (2)$$

donde '***f***' representa a la imagen de entrada ***f(x,y)***, '***c***' es el parámetro de conductancia. El término de conductancia de curvatura modificado viene definido por la expresión (3):

$$\nabla \cdot \frac{\nabla f}{|\nabla f|} \quad (3)$$

Por otro lado, después de la operación de suavizado, se ha aplicado una **operación de dilatación** (como la descrita en la sección 4.2.5) sobre los valores de gris de la imagen con la intención de resaltar las venas dentro del resto de estructuras en la imagen. Aplicando este filtro se consigue que las partes más claras de la imagen se expandan ligeramente.

Este tipo de operación, implica un crecimiento que permite que una región aumente el nº de píxeles definidos por la propiedad de *radio*, y siguiendo el modelo definido por el *elemento estructural*. Como se describe en [43], la transformación morfológica de la dilatación también puede ser vista como una combinación dos conjuntos (X⊕B) utilizando la adición de vectores, siendo ***X*** la imagen y ***B*** el elemento estructural y se obtiene del modo que se muestra en la expresión (4):

$$X \oplus B = \{\boldsymbol{d} \in E^2 : \boldsymbol{d} = \boldsymbol{x} + \boldsymbol{b} \ para\ cada\ \boldsymbol{x} \in X\ y\ \boldsymbol{b} \in B\} \quad \textbf{(4)}$$

A continuación se muestra un ejemplo de aplicar este tipo de operación:

$$\begin{bmatrix} \bullet 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \oplus [\bullet 1 \quad 1] = \begin{bmatrix} \bullet 0 & 1 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

Teniendo en cuenta las características de las imágenes, se ha optado por realizar un filtrado muy poco invasivo, por lo que se ha ejecutado con los siguientes parámetros:

Tabla 5: Parámetros ejecución operación dilatación en Fase 1

Tipo de elemento Estructural	Ball (Circular)
Radio	1

Como se puede apreciar, se ha aplicado un elemento estructural de tipo *Ball*. Este tipo de elemento es el que mejor se adapta a objetos tales como una vena, ya que la misma podría ser vista como una estructura tubular, cuya base es una esfera, y por tanto circular.

Tras realizar el pre-procesado de la imagen anterior, se aplica una operación que realiza la **segmentación** siguiendo un método de **Crecimiento de Regiones**. En concreto, se utiliza el método de **Umbrales Conectados** como el analizado en la sección 4.2.3, que determina si píxeles adyacentes pertenecen a la misma región en base a que sus valores de intensidad se encuentren dentro del rango definido por unos parámetros de *umbral mínimo* y *máximo, es decir,* $I(x) \in [umbralMinimo, umbral\ Máximo]$. Esto es lo que se conoce como el *criterio* de crecimiento del método. Además, para que el mismo se ponga en marcha, es necesaria la definición de uno o varios puntos *semilla* a partir de los que se inicial el crecimiento.

Tal y como se comenta en la sección 4.2, el buen funcionamiento de la segmentación depende en su totalidad de que los valores de umbral sean definidos correctamente. Sin embargo, esta tarea no es sencilla, ya que los valores de intensidad de las venas no son siempre iguales en las diferentes *cortes* de una secuencia, y menos aún entre secuencias. También suelen apreciarse diferencias notables entre estudios que pertenecen a distintos casos clínicos, lo que hace prácticamente imposible definir unos valores universales de referencia. En la Figura 34 puede verse un ejemplo de esta situación, donde se muestran distintos valores representativos de Vena. Además, existe el problema del solapamiento de los valores de intensidad de los objetos vena e hígado en las imágenes de un mismo estudio. Ver Figura 35 para comprobar los distintos valores que representan al hígado. Para intentar solventar este problema, lo que se plantea es una **definición de umbrales adaptativa**. De esto modo, los umbrales se definirán siempre respecto a los valores de intensidad de cada estudio concreto.

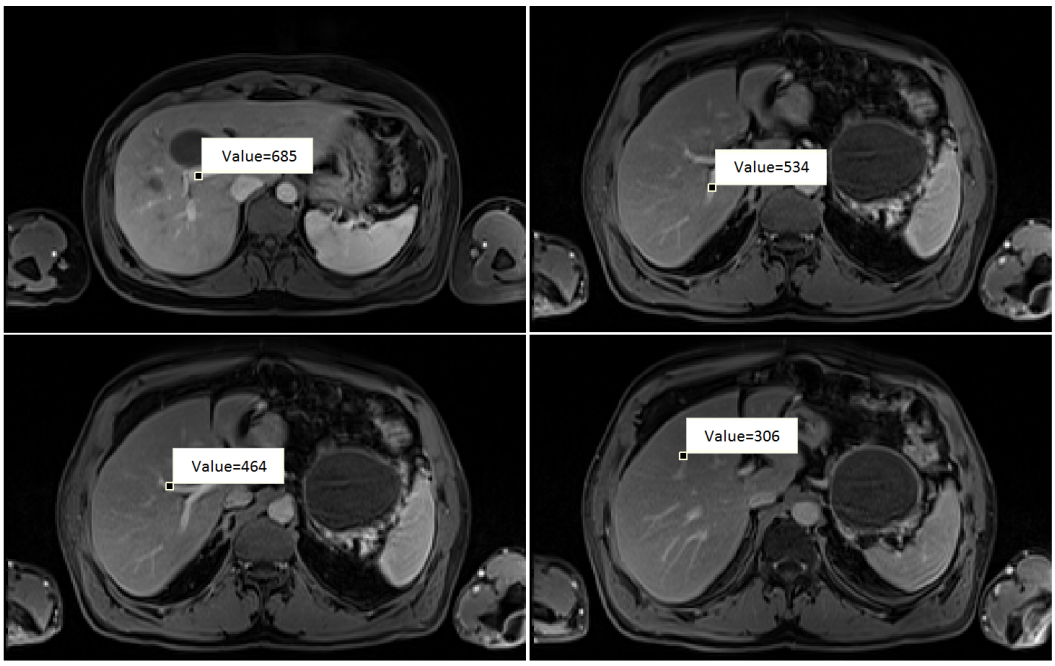


Figura 34: Comparativa de la variabilidad de los valores de Vena

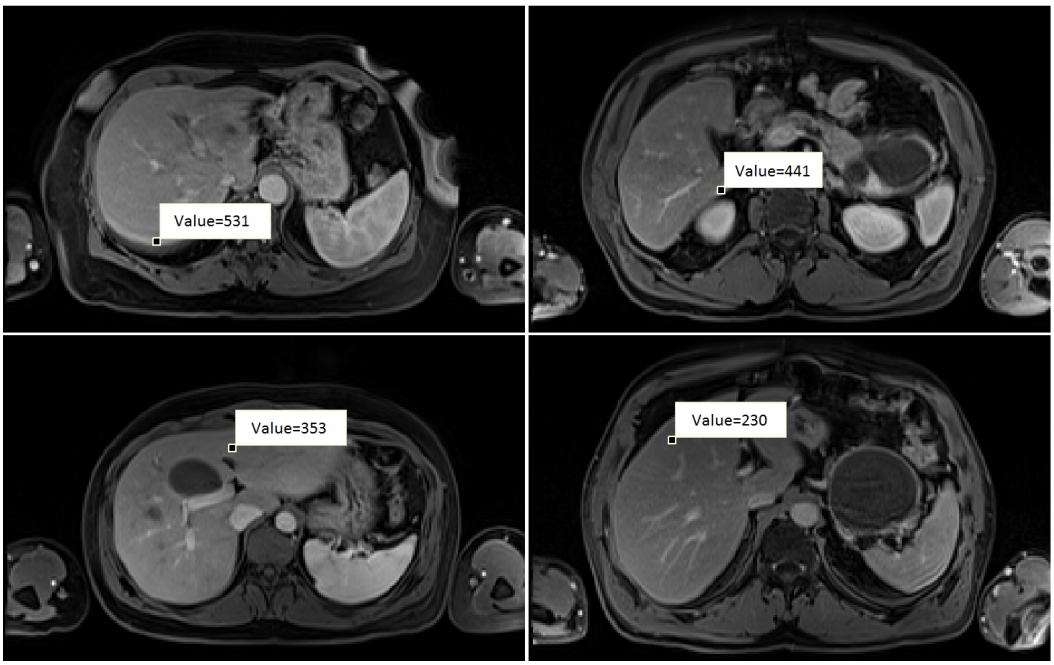


Figura 35: Comparativa de la variabilidad de los valores de Hígado

Para poder establecer el rango de umbrales de forma adaptativa, lo que se propone es seleccionar **dos puntos de referencia** antes de realizar la segmentación. Uno de los puntos debe ser representativo de una **vena**, mientras que el otro debe pertenecer al **hígado** (preferentemente a una zona cercana a una vena). La idea es la de definir el límite superior del umbral y el inferior a partir del valor de intensidad del punto seleccionado como vena, pero teniendo en cuenta el valor de intensidad del punto que representa hígado. Para establecer los límites, ha sido necesario realizar un estudio del histograma de diferentes imágenes con el fin de determinar la magnitud de la separación entre los píxeles que previsiblemente son hígado y los que son vena.

Configuración de los valores de umbral

Como se mencionaba anteriormente, la selección de los valores óptimos de umbral es una tarea difícil. Por lo tanto, a la hora de determinar los valores de umbral de forma adaptativa, se han evaluado diferentes posibilidades. Sin embargo, tras realizar diversas pruebas, la más relevante ha sido la que se describe a continuación.

Se han estudiado las variaciones del histograma en detalle y se han establecido unos valores de umbral de forma relativa a los valores de muestra recogidos para vena e hígado. Para ello, se ha definido una variable (llamémosla ***C***) que determina la variación en positivo y en negativo respecto al valor de referencia de vena, con lo que se puede definir el umbral mínimo y máximo del método de crecimiento de regiones. Sin embargo esto no es suficiente, ya que dependiendo de la calidad de la imagen y la escala de grises de la misma, podría ocurrir que en algún momento el valor mínimo de umbral de segmentación de la vena se vea solapado con el valor de referencia recogido para el hígado. Debido a esto, es importante controlar que el valor mínimo de umbral calculado nunca sea menor del valor de referencia del hígado, y si es así, entonces modificarlo para que puedan ser diferenciables.

A través del estudio de los valores de intensidad de los píxeles vena de las imágenes y de realizar diversas pruebas sobre el valor de la variable C (que determina la variación respecto al valor de vena), se ha establecido un valor que ha

demostrado proporcionar los mejores resultados de segmentación. Al estudiar los valores de píxel de vena, se ha comprobado que dentro de una misma imagen la diferencia que puede haber entre el menor y mayor valor se encuentra en un rango entre +/- [250,350] aproximadamente. La definición de este valor de la variable C se ha realizado de forma empírica. Tras estudiar las imágenes se establece un valor inicial aproximado, y se han realizado diversas variaciones sobre el mismo hasta que los resultados de la segmentación han sido satisfactorios. Esto ha sido necesario, porque como veíamos en la sección 4.2.2, una variación muy pequeña en el umbral puede dar como resultado cosas muy distintas. Tras realizar estas pruebas, el valor de C queda establecido en 150 (que es el valor intermedia de la diferencia calculada), pero se realiza una corrección de +25 en el umbral inferior en el caso de que haya solape con el valor del punto de hígado seleccionado. Valores inferiores o superiores al mismo han demostrado generar peores resultados de segmentación en las diferentes pruebas realizadas. Dicho esto, la definición de los umbrales para el método de crecimiento de regiones en esta primera aproximación se ha realizado del siguiente modo:

```
C=150
umbralSuperior = intensidadVena + C
umbralInferior = intensidadVena - C
Si umbralInferior < intensidadHigado entonces
    umbralInferior = intensidadHigado + 25
```

El valor de la variable C puede parecer relativamente alto, si bien hay que recordar que las imágenes se representan con hasta 4096 valores diferentes, por lo que en este caso resulta para el conjunto de datos disponibles.

En la Figura 36, se muestra el resultado de emplear el proceso anterior sobre la imagen de ejemplo. El método de crecimiento de regiones se ha aplicado sobre el volumen de la secuencia en 3 dimensiones, por lo que como resultado se obtiene una segmentación 3D que automáticamente calcula las conexiones entre diferentes *cortes* de una misma secuencia. En la citada figura, se pueden ver superpuestos en color azul sobre las imágenes del plano transversal los resultados de la segmentación en diferentes *cortes* de una misma secuencia. Además, en la Figura 37, se puede observar el volumen 3D de venas hepático generado desde diferentes planos. El punto semilla se ha seleccionado en la *corte* 39 del plano transversal del estudio, imagen que se muestra en la parte inferior izquierda de la Figura 36.

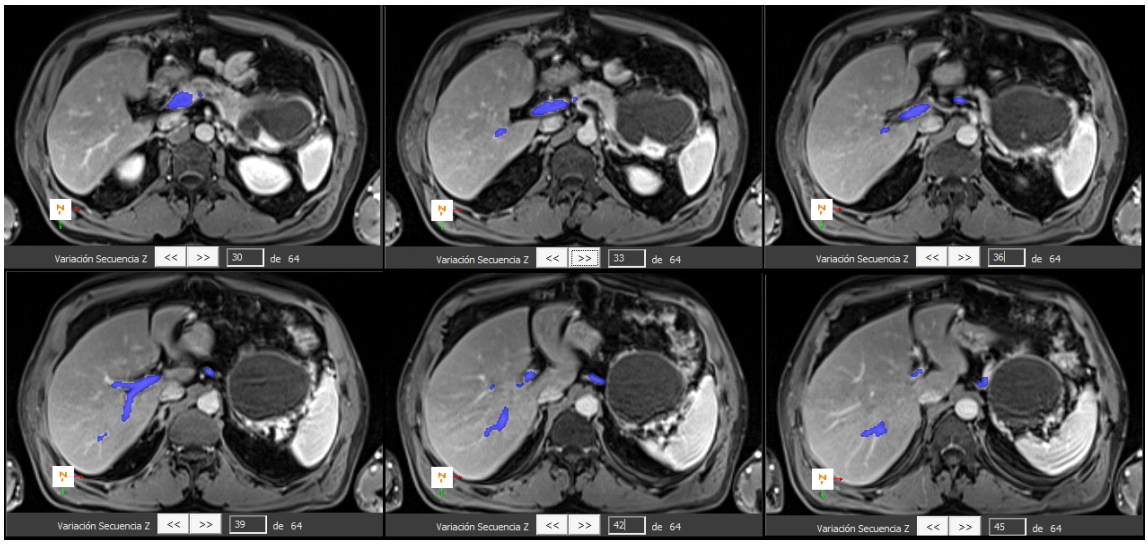


Figura 36: Resultados Fase 1. Segmentación con método de Crecimiento de Regiones de Umbrales Conectados, umbrales adaptativos respecto a C, 1 semilla, superposición sobre *cortes* de un estudio

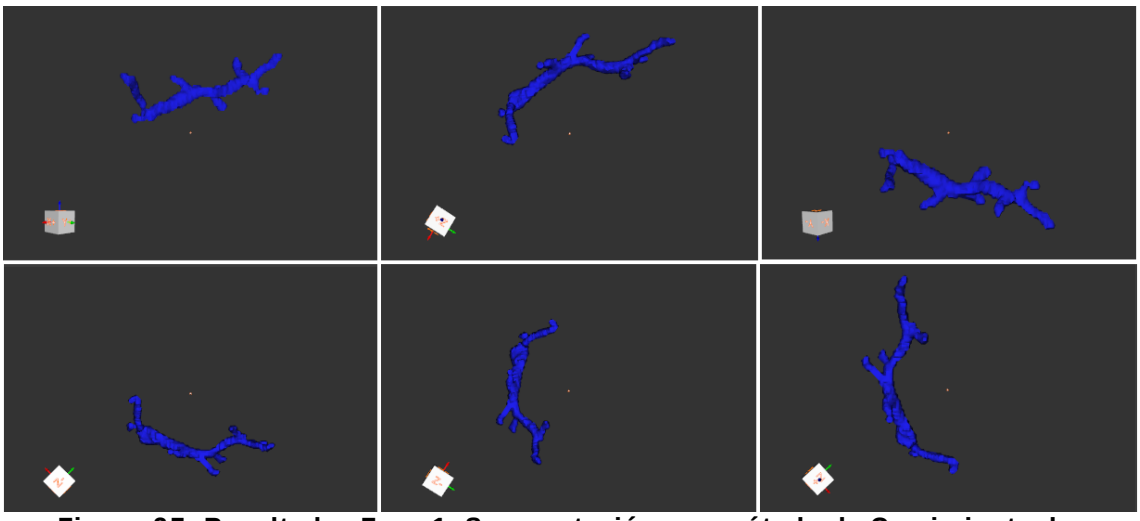


Figura 37: Resultados Fase 1. Segmentación con método de Crecimiento de Regiones de Umbrales Conectados, umbrales adaptativos respecto a C, 1 semilla, volumen en 3D

Como se puede apreciar en las imágenes anteriores, el procedimiento propuesto en la fase actual es capaz de segmentar correctamente aquellas venas que se aprecian fácilmente a simple vista, y principalmente aquellas que presentan un tamaño suficiente. Por el contrario, cuando las venas comienzan a ser más estrechas o presentan ramificaciones, el método no es capaz de detectarlas correctamente, problema que ya se pronosticaba en el análisis del estado de arte. Esto se debe a que en estos casos los valores de intensidad de las venas no son tan claramente diferenciadores como lo son en las partes más anchas de las venas.

Cabe ahora formular la siguiente pregunta, ¿es posible **mejorar** los resultados utilizando el mismo método? La respuesta es sí, basta con seleccionar una nueva semilla en alguna vena que no haya sido detectada anteriormente. Si se realiza este proceso una o más veces, se pueden refinar los resultados de la segmentación, aunque siempre teniendo en cuenta las limitaciones de la misma. No se puede esperar que en un algoritmo simple basado en niveles de umbral se puedan segmentar todas las venas principales de una manera muy precisa. Sin embargo, si sobre el ejemplo mostrado anteriormente se selecciona un nuevo punto semilla con

sus valores de referencia correspondientes, se puede apreciar una notable mejoría sobre los resultados. La Figura 38 muestra los resultados de este refinamiento al seleccionar una nueva semilla. Si se compara con los resultados mostrados en la Figura 36, se puede observar que aparece una nueva rama en el árbol. La selección de nuevas semillas adicionales, permite refinar aún más el árbol si éstas se seleccionan adecuadamente.

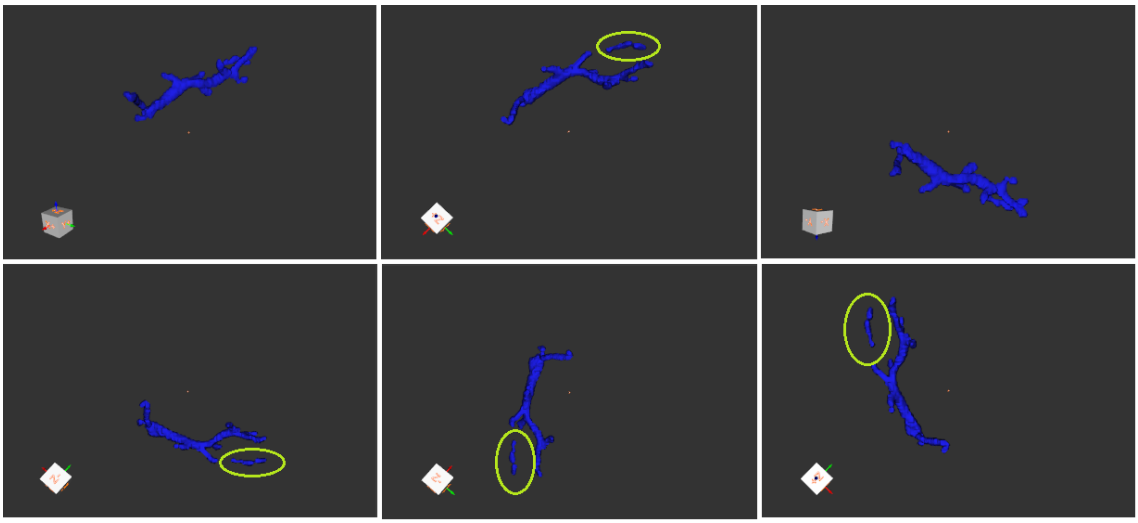


Figura 38: Resultados Fase 1. Segmentación con método de Crecimiento de Regiones de Umbrales Conectados, umbrales adaptativos respecto a C, varias semillas, volumen en 3D

La selección de las semillas es una tarea delicada, ya que los resultados a obtener dependen completamente de la correcta selección de los umbrales del método de crecimiento de regiones. Así por ejemplo, en la Figura 39 y en la Figura 40, se puede ver lo que sucede al seleccionar una nueva semilla diferente al caso anterior. En esta ocasión, el resultado muestra una sobre segmentación no deseada, en la que como resultado se incluyen muchos píxeles en la región que en ningún momento deberían ser parte de la misma. También sucede que la segmentación se extiende fuera del órgano que poco tienen que ver con el hígado. De este modo, quedan en evidencia las limitaciones del método de crecimiento de regiones empleado en esta fase del procedimiento, y en concreto los inconvenientes que pueden surgir tras realizar una selección de umbrales inadecuada.

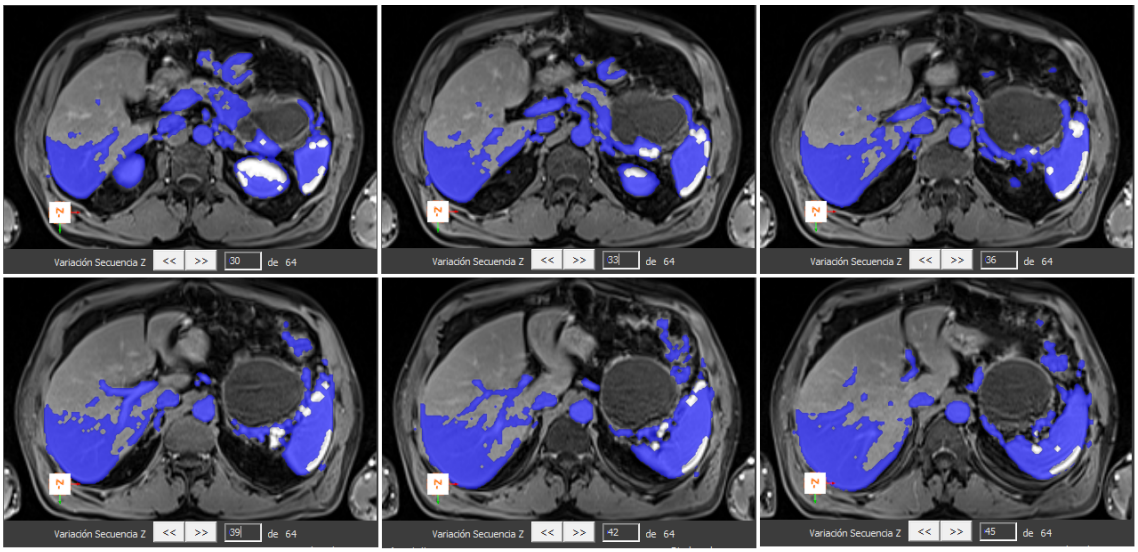


Figura 39: Resultados Fase 1. Segmentación con el método de Crecimiento de Regiones de Umbrales Conectados, umbrales adaptativos respecto a C, selección 2ª semilla fallida, superposición sobre *cortes* de un estudio

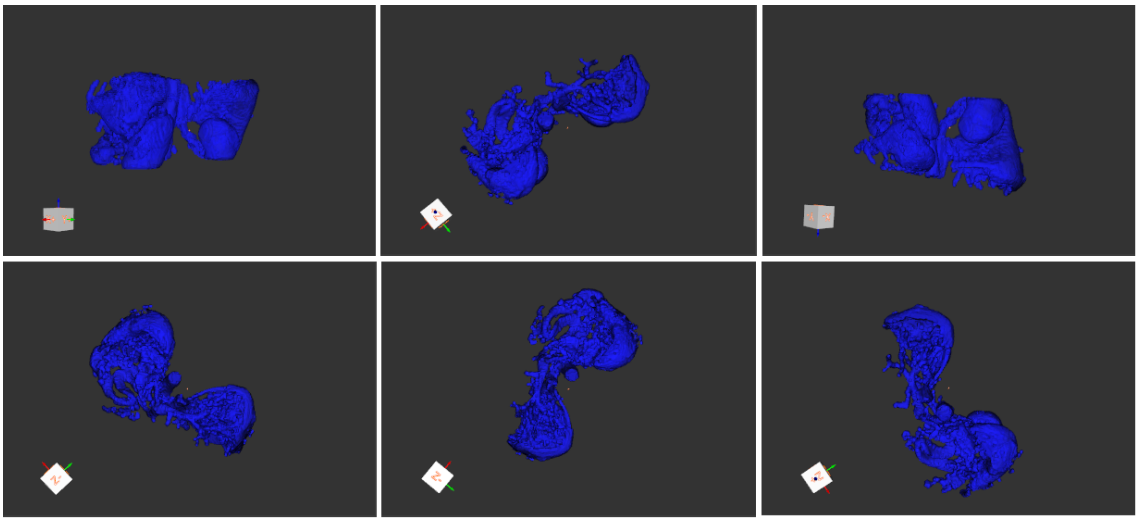


Figura 40: Resultados Fase 1. Segmentación con el método de Crecimiento de Regiones de Umbrales Conectados, umbrales adaptativos respecto a C, selección 2ª semilla fallida, volumen en 3D

CONCLUSIONES FASE 1

La definición de los umbrales de segmentación adecuados es una labor difícil que depende en gran medida de los valores de intensidad de cada imagen concreta. Obtener una buena segmentación requiere que se defina un valor mínimo de umbral adecuado que sea capaz de establecer el límite entre lo que es vena y lo que es hígado, si bien resulta muy complejo. Sólo dentro de una misma imagen, los valores de intensidad del hígado pueden cambiar notablemente (ver Figura 34 y Figura 35). Puede suceder que haya una parte clara y una oscura, y que en la oscura se aprecie una vena, pero que ésta tenga un valor de intensidad igual al de la parte más clara del hígado, con lo que resulta en un solapamiento de los niveles de intensidad (ver Figura 43). A pesar de esta limitación, los resultados obtenidos hasta el momento se pueden considerar satisfactorios, ya que el objetivo es segmentar la parte más significativa de las principales venas del hígado y no todo el árbol de venas hepático en detalle. En este caso, se ha dado prioridad a la vena porta respecto a la vena hepática. De todos modos, en el presente trabajo se

exploran otro tipo de procedimientos que no dependen únicamente de los valores de intensidad de la imagen y se estudian cómo se pueden mejorar los resultados finales.

Durante el desarrollo del procedimiento se intentaron aplicar otras técnicas de pre-procesado con el objetivo de mejorar los resultados de segmentación posteriores. Uno de los primeros intentos trataba de realizar una umbralización de la imagen, para así poder limitar el área sobre el que realizar la segmentación ya que desaparecerían de la imagen muchos elementos carentes de interés de la misma. Sin embargo, debido a los problemas comentados anteriormente sobre los niveles de gris dentro de la misma imagen y entre imágenes en la definición de los umbrales de segmentación, no ha sido posible establecer unos valores de referencia lo suficientemente fiables, por lo que se tuvo que descartar este método como paso del pre-procesado. Además, como se veía en la sección de análisis del estado del arte, se corre el riesgo de eliminar las venas más pequeñas y estrechas.

Por otro lado, también se han explorado otras formas de definir los valores de umbral del método de crecimiento de regiones de forma adaptativa, en especial el umbral inferior, ya que es más influyente sobre los resultados de segmentación. Como parte de estos intentos se han intentado establecer umbrales aplicando proporciones sobre los valores de muestra de vena e hígado; pero tras diversas pruebas no se han conseguido mejorar los resultados de segmentación respecto a los obtenidos de la forma expuesta anteriormente en la explicación de esta fase del procedimiento. Tras estos análisis, queda aún más patente la dificultad que supone establecer los valores de umbral adecuados. El procedimiento propuesto actualmente no resulta suficientemente estable cuando se prueba con nuevas imágenes, lo que hace necesario dar una respuesta a este problema en las siguientes fases de desarrollo de la solución.

5.2 Fase 2. Procedimiento Mejorado: Segmentación basada en Clasificador

Como se adelantaba anteriormente en la introducción de la sección, en cada nueva fase se parte de los resultados obtenidos en la anterior y se realizan mejoras sobre la misma. En este caso se trata de incluir un clasificador como parte del procedimiento. Antes de proceder a la descripción del procedimiento en detalle, en la sub-sección 5.2.2, se realiza una breve introducción sobre la clasificación y en la sub-sección 5.2.1 se explica todo lo relacionado a su configuración.

Mientras que la **segmentación** significa dividir la imagen en elementos que son homogéneos o iguales en algún sentido (como el valor de intensidad, la textura, etc.) la **clasificación** implica asignar a cada punto de la imagen un valor de clase a partir de un conjunto de clases previamente definido (por ejemplo, tratar de diferenciar los diferentes elementos de la imagen como el hígado, sus venas, el páncreas, los riñones, el estómago, etc.). De algún modo ambos problemas están ínter-relacionados, se podría decir que un clasificador implícitamente segmenta una imagen, y que la segmentación implica una clasificación. Si se **combinan** ambas metodologías, se puede realizar una segmentación basada en la clasificación de los píxeles de una imagen. En este sentido, cada píxel se clasifica de acuerdo a su probabilidad de pertenecer a una clase concreta, con lo que a través de esta asignación se puede conseguir la segmentación de la imagen.

Un problema que surge habitualmente en tareas de segmentación es el de adoptar un criterio que pueda determinar si el resultado de la segmentación es correcto o no. Este criterio no es sencillo de definir ya que existe mucha

subjetividad al respecto. Dada una imagen, la segmentación realizada por una persona experta puede variar en gran manera dependiendo del foco de interés o del nivel de detalle deseado. Esto hace que no sea trivial modificar la función y el criterio que permita obtener la mejor segmentación. Sin embargo, la utilización de un modelo de clasificación bi-clase puede resultar más razonable, ya que la evaluación de la segmentación se puede basar en **Principios de Agrupación**[70] tales como la proximidad, la similitud y la buena continuidad.

El principio de *proximidad* determina que si dos regiones están razonablemente cerca espacialmente una de la otra, hay más probabilidades de que sean parte de una misma clase. El principio de *similitud*, determina, que siendo todo lo demás igual, la percepción tiende a ver los estímulos que se parecen físicamente como parte del mismo objeto, y los estímulos que son diferentes como parte de objetos diferentes. A partir de ahí, la interpretación es doble. Por un lado, la similitud dentro de una región implica que los elementos sean similares en brillo, textura y que posean poca energía de contorno dentro de la región. Por otro lado, la (no) similitud entre regiones, define qué elementos en regiones diferentes son diferentes respecto al brillo, la textura y tiene alta energía del contorno dentro de la región. Por último, el principio de *buena continuidad*, define que hay una intersección entre dos o más objetos, se tiende a percibir cada objeto como un objeto único ininterrumpido. En la Figura 41 se ilustran los principios de agrupación previamente comentados.

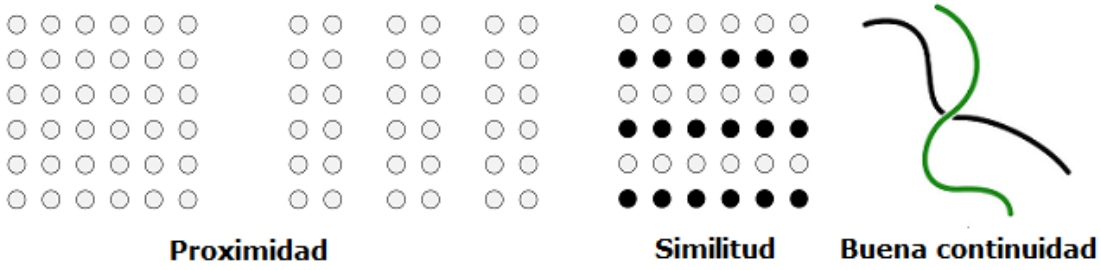


Figura 41: Ejemplificación de los Principios de Agrupación

Los métodos de segmentación de imagen que se basan en la tradicional teoría estadística son muy populares, sin embargo, como hemos visto, cuando la imagen no tiene valores de intensidad homogéneos o los objetos son complejos, estos métodos no son capaces de ofrecer buenos resultados de segmentación. En este punto es cuando los algoritmos de **aprendizaje automático** (*machine learning*) pueden aportar novedades. Por lo tanto, teniendo en cuenta los resultados obtenidos hasta el momento, se ha decidido utilizar un clasificador conocido como **máquinas de vectores soporte** (**SVM)**[71][72][73][74] como parte del método de segmentación a implementar. Las SVM han demostrado ser una buena opción para la resolución de problemas bi-clase (aunque pueden ser adaptados para problemas multi-clase), cuando se tiene un conjuntos de muestras pequeño pero una gran cantidad de características y los datos no son necesariamente lineales. Este tipo de propuestas han aparecido antes en el estado del arte, como por ejemplo en[75] donde se presenta una de las primeras aproximaciones de utilizar un clasificador para la segmentación.

Dentro de los algoritmos de aprendizaje automático, la clasificación es un ejemplo muy claro de aprendizaje supervisado, ya que requiere disponer de un conjunto de entrenamiento anotado con las clases aprender. En la clasificación existen principalmente dos tipos de problemas: binarios y multi-clase. En un problema binario, que es el más explorado en el ámbito de las SVM, el objetivo es distinguir entre dos clases diferentes, mientras que en uno multi-clase se trata de

asignar una de varias clases posible. Debido a la naturaleza de las SVM, la resolución de un problema multi-clase normalmente requiere implementar una combinación de múltiples clasificadores binarios, ya que están originalmente destinadas a solucionar problema bi-clase. Para el objetivo que nos concierne, se va a implementar un **clasificador binario**, ya que el objetivo que se quiere alcanzar es distinguir entre vena e hígado.

Como se presenta en[43] y [74] las SVM se introducen como solución para la clasificación de patrones y su funcionamiento básico se divide en dos fases: entrenamiento y decisión. La fase de *entrenamiento* se basa en la observación de un conjunto X de n muestras. El conjunto está formado por los pares ($\mathbf{x_i}$, $\mathbf{y_j}$), donde cada vector $\mathbf{x_i}$ se corresponde con un vector de entrenamiento y los valores $\mathbf{y_j}$ indican la clase a la que pertenece cada vector. El objetivo del entrenamiento consiste en encontrar una función de decisión capaz de separar las dos clases. Si las mismas no son separables, entonces los vectores se proyectan en un espacio de dimensión superior haciendo uso de funciones de transformación no lineales. En la Figura 42 se ilustra la búsqueda del hiperplano óptimo en la separación de las clases.

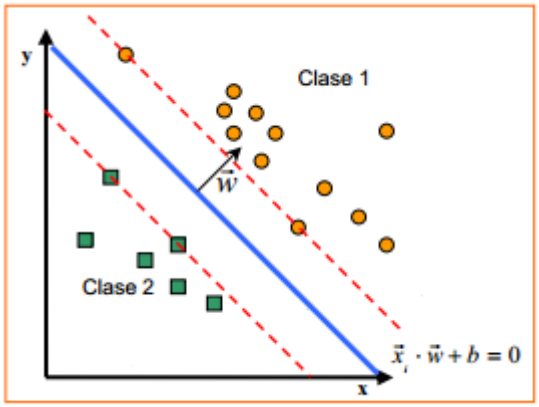


Figura 42: Búsqueda del hiperplano óptimo en la separación de clases de las Máquinas Vector Soporte

La función de decisión viene dada por la ecuación (5):

$$f(x) = \sum_{i=1}^{n} \alpha_i y_i H(x_i, x) - b \quad \textbf{(5)}$$

donde *b* es una constante, ***α*** representa los parámetros, y ***H*** el núcleo (kernel) interno (que está asociado a un parámetro de regularización ***C***).

La manera más simple de realizar la separación entre clases es mediante una línea recta, un plano recto o un hiperplano N-dimensional. Desafortunadamente los universos a estudiar no suelen ser casos idílicos de dos dimensiones como en el visto en la (Figura 42 anterior), sino que un algoritmo SVM debe tratar con a) más de dos variables predictivas, b) curvas no lineales de separación, c) casos donde los conjuntos de datos no pueden ser completamente separados, d) clasificaciones en más de dos categorías. Debido a las limitaciones computacionales de las máquinas de aprendizaje lineal, éstas no pueden ser utilizadas en la mayoría de las aplicaciones del mundo real. La representación por medio de *funciones núcleo* ofrece una solución a este problema, proyectando la información a un espacio de características de mayor dimensión el cual aumenta la capacidad computacional de las máquinas de aprendizaje lineal. Aunque cada vez se proponen nuevas funciones de núcleo, las más básicas y utilizadas son las siguientes: lineal, funciones de base radial (RBF), Polinomios y Función sigmoide.

Aparte de la función de núcleo, la SVM requiere establecer el parámetro de coste ***C***, utilizado para controlar la compensación entre errores de entrenamiento y los márgenes rígidos. De esta forma, se establece un margen blando que permite que haya ciertos errores en la clasificación a la vez que los penaliza. Además, dependiendo de la función de núcleo seleccionada, puede ser necesario configurar otros parámetros extra.

Después del entrenamiento llega la fase de *decisión* o clasificación, donde dado un nuevo vector $\mathbf{x}_i$, se determina la clase a la que pertenece de acuerdo al resultado de f(**x**).

En el ámbito de este proyecto se ha trabajado con la implementación LibSVM [76] de las máquinas de vectores soporte. Esta implementación es una de las más ampliamente utilizadas y sigue siendo actualizada y ampliada hasta la fecha. No sólo ofrece lo necesario para la adopción de las SVM, sino también para cálculos de regresión y estimación de las distribuciones, además de estar preparada para la resolución de problemas multi-clase. Asimismo, para la comodidad del usuario, ofrecen extensiones para diferentes lenguajes de programación (como Python, Matlab, R, Perl, etc.), aunque el código fuente está implementado en C++ y Java y es código abierto, por lo que el usuario tiene acceso al mismo.

A continuación se explica detalladamente todo lo relacionado con la configuración de la SVM utilizada para resolver el problema que nos concierte. Posteriormente, se detalla el procedimiento desarrollado en la fase actual, que está basado en la utilización de un clasificador SVM como ayuda a la segmentación. Se describe cómo se han configurado los parámetros en las distintas fases del mismo y las decisiones tomadas a lo largo del proceso de desarrollo.

5.2.1 Adopción y Configuración de la SVM

En este apartado, se efectúa un repaso de los pasos esenciales que hay que tener en cuenta cuando se utiliza un clasificador de tipo SVM. El objetivo primordial, es el de describir las acciones que se han realizado para poner a punto el clasificador. Se mencionan distintos pasos que hay que tener en consideración, y se describe con especial interés cómo se ha realizado la selección de características que se utilizan para clasificar y cómo se han configurado los parámetros de la SVM.

Como se adelantaba en la introducción, el nuevo procedimiento hace uso de las **SVM** como herramienta de apoyo a la **segmentación**. Por esa razón, para emplear el clasificador, se han realizado una serie de pasos iterativos que han permitido configurarlo y calibrarlo antes de su utilización en el problema de clasificación real:

1. Selección de características para las observaciones.
2. Creación de un conjunto de observaciones de entrenamiento y otro de test.
3. Elección de los parámetros de configuración adecuados. En el caso de la SVM, se debe elegir también una función de Núcleo.
4. Entrenamiento.
5. Medir la precisión del clasificador.
6. Volver al paso 1 hasta que el valor de precisión no se pueda mejorar.

A continuación se describen las pruebas y las decisiones finalmente adoptadas en cada uno de los pasos mencionados anteriormente. Cuando se utilizan clasificadores como las SVM es importante tener en cuenta una serie de pasos a la hora de preparar y configurar los datos y de entrenar el clasificador para obtener los mejores resultados. Por esta razón, durante la implementación del actual

procedimiento se han seguido las **recomendaciones** que se resumen en[77] cómo se detalla más adelante, siendo la guía recomendada en la web de la librería LibSVM [76].

Selección de características

Cuando se emplea un algoritmo de clasificación, uno de los primeros pasos es el de obtener un conjunto de muestras significativas que puedan ser utilizadas para entrenar el modelo. Para ello, se selecciona una serie de puntos en las imágenes por cada una de las clases a identificar que sean lo suficientemente representativos de su clase correspondiente. Por cada uno de los puntos seleccionados, no se tiene por qué utilizar únicamente el valor del píxel correspondiente (ya sea en una imagen 2D o 3D), sino que se suelen analizar otro tipo de características. Estas características pueden ser relativas al píxel, pero también es muy común tener en cuenta la información de los píxeles adyacentes. Resulta habitual obtener medidas estadísticas como son la media, la varianza o la desviación estándar, u otro tipo de variables como pueden ser medidas de la textura o de los bordes empleando distintos procedimientos de medida.

Uno de los puntos clave a la hora de adoptar un clasificador es el de asegurarse que se está trabajando con las **características adecuadas**, sin embargo, la selección de las mismas no es una tarea fácil. A menudo sucede que se añaden muchas características irrelevantes que hacen más difícil la clasificación. También puede ocurrir que cada vez se añadan más características y se incrementen las dimensiones del espacio de características, y que como consecuencia la optimización en las SVM y por tanto la clasificación final resulte más difícil.

Si la dimensión del espacio de características es muy grande, existen técnicas de reducción de la dimensionalidad que se pueden aplicar con el objetivo de reducir el conjunto de las mismas que se está utilizando y solamente quedarse con aquellas más relevantes para la clasificación. Una de las técnicas empleadas más conocida es la del análisis de los componentes principales (PCA)[78]. Otra forma sencilla de reducir el número de características utilizadas es el de observar qué pesos proporciona el clasificador a cada una de las características durante el entrenamiento para cada una de las clases y eliminar aquellas características que no hayan demostrado ser relevantes o representativas.

La **selección** de las características se ha realizado teniendo en cuenta que las venas son estructuras tubulares que se localizan dentro de otro objeto, que en este caso es el hígado. Ambas clases se distinguen principalmente por el valor de intensidad de los píxeles correspondientes. Normalmente las venas se identifican por ser objetos con una tonalidad más clara que los elementos de alrededor. Además, como se trata de estructuras tubulares, se debe tener en cuenta que tienen bordes, aunque no siempre sucede que están igual de bien definidos. Como se comentaba al comienzo de la sección 4.1 sucede que los valores de píxel de las imágenes no resultan muy homogéneos y que existe mucho solape de valores entre los elementos de las mismas, especialmente entre las venas y el hígado, por lo que en muchos casos resulta difícil distinguirlos. En Figura 43 se puede apreciar un ejemplo del solape de valores en las imágenes.

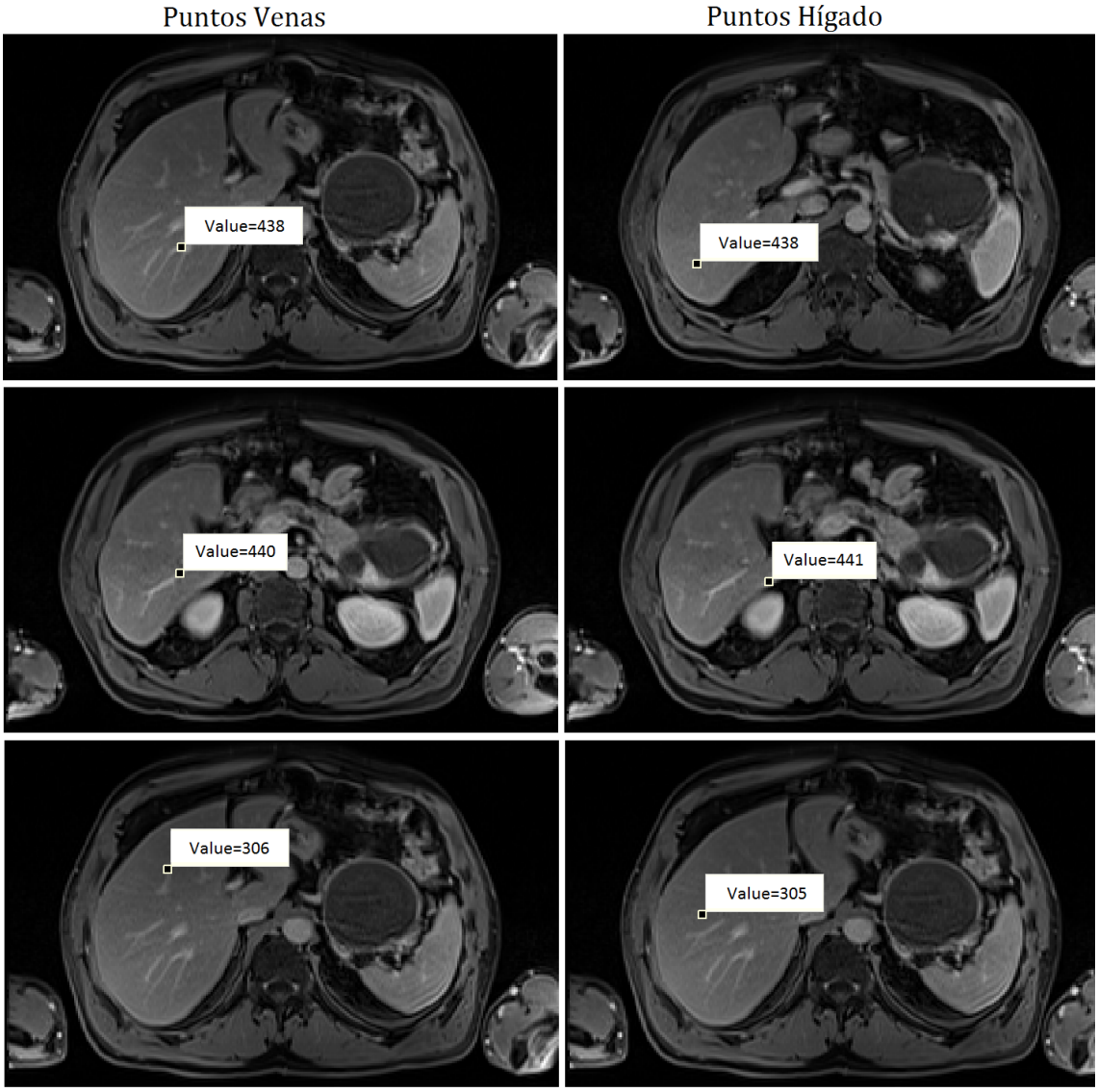


Figura 43: Ejemplos de solape entre los valores de Vena y los valores de Hígado

Antes de extraer las características, se ha querido hacer uso del método de realce de venas basado en matrices Hessianas presentado en[47] y descrito en detalle en la sección de estado del arte 4.3. Sin embargo, y desgraciadamente, con las imágenes disponibles en el proyecto no se ha conseguido ninguna mejora significativa después de aplicar el mismo. Esto se debe en gran medida al poco contraste de las imágenes con las que estamos trabajando y lo difusos que son en muchos casos los bordes de las venas. Este tipo de métodos han demostrado ser muy eficientes en imágenes que han sido obtenidas utilizando agentes de contraste o con técnicas de captura de imagen muy diferentes a las de RM, como es el caso de las de angiografía, especialmente dedicada al estudio de vasos circulatorios. Por lo tanto, teniendo en cuenta lo anterior, se ha desestimado la utilización de este tipo de método como parte del procedimiento.

El objetivo primordial del proyecto, es el de segmentar la parte principal de las venas más importantes del hígado. Esto significa segmentar las ramas más características de las mismas, ya que son las que tienen valor a la hora de realizar la división del hígado en los 8 segmentos definidos por Couinaud[1]. La segmentación de otras ramificaciones secundarias es deseable de cara al futuro (por ejemplo para poder analizar donde se genera el aporte sanguíneo de un tumor) pero no necesaria. Teniendo en cuenta lo anterior, se han analizado algunas

de las *cortes* de los casos de ejemplo del proyecto para intentar establecer qué anchura tienen generalmente este tipo de venas. A través de las diferentes observaciones realizadas, se ha llegado a la conclusión de que ninguna de las venas tiene un ancho superior a 5 píxeles. Considerando la medida anterior, se ha decidido realizar la selección de las características de modo que se analice siempre un área de ese tamaño.

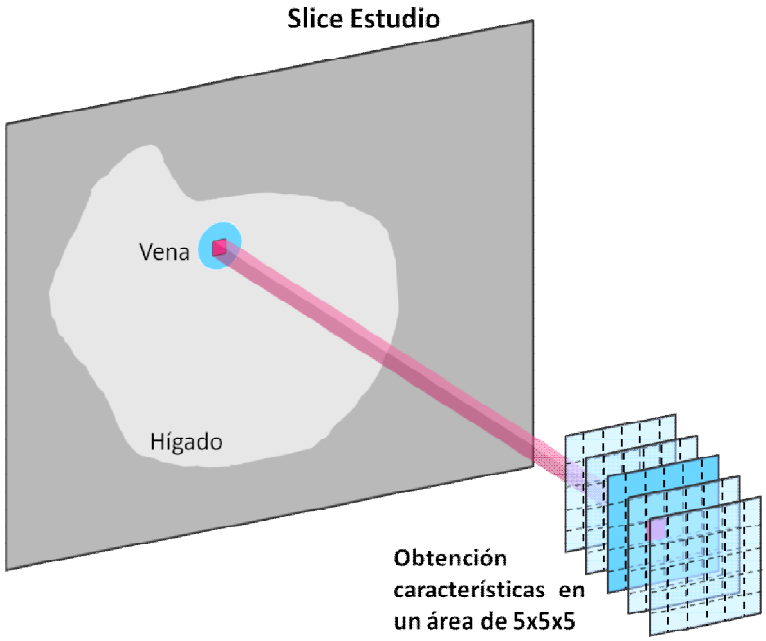


Figura 44: Obtención de características para el entrenamiento de la SVM

Tal y como se muestra en la Figura 44, por cada punto de muestra de la imagen, se extraen las características de un vecindario de 5x5x5, por lo que se está realizando un análisis en tres dimensiones de la imagen. El píxel seleccionado para la muestra se establece como el centro y a partir del mismo se analizan dos píxeles más en todas las direcciones, con lo que se crea un cubo de 5x5x5. A partir de la definición de este cubo, se extraen las siguientes **características**:

- Valor de *intensidad* del píxel seleccionado.
- Valor *medio* de intensidad del cubo.
- *Varianza* de la intensidad en el cubo.
- *Módulo* del *gradiente en X* del cubo.
- *Módulo* del *gradiente en Y* del cubo.
- *Módulo* del *gradiente en Z* del cubo.

Teniendo en cuenta lo anterior, el vector de características de cada muestra seleccionada, también conocido como "descriptor", posee seis elementos, por lo que pertenece al espacio 6-dimensional ($\Re^6$). El valor de **intensidad** se ha almacenado para tener una referencia de los valores que normalmente van asociados a vena y los que se asocian a hígado. Cuando estos valores son muy diferentes y están bien separados entre clases, normalmente no es necesario tener más características en cuenta, pero éste no es el caso debido al solape de valores (ver Figura 43), así que el resto de características añadidas son las que van a permitir separar estos casos. Entonces añadimos el valor de la **media** y la **varianza** de todos los píxeles que se encuentran dentro del cubo, por lo que podemos obtener una estadística de los elementos y estudiar indirectamente la textura. Por último, al estudiar el módulo del **gradiente** en las **X, Y, Z** se puede

obtener información relativa a la dirección de las venas en caso de que el elemento seleccionado lo sea, además de ser útil para identificar bordes dentro del área estudiada.

La *media* es una representación de los valores medios de gris de una imagen completa o de una región de la misma (en este caso de un cubo de 5x5x5), y ofrece información sobre su brillo (una imagen brillante tiene altos valores de media y viceversa). La media representa la media aritmética de los valores de determinado set, la cual se obtiene sumando los valores y dividiendo entre el número total de valores.

Siendo ***g*** los niveles de intensidad de la imagen, la probabilidad de ocurrencia ***P(g)*** de un determinado nivel *g* se calcula según la ecuación (6):

$$P(g) = \frac{N(g)}{M} \qquad (6)$$

donde ***M*** es el número de píxeles de la imagen y ***N(g)*** es el número de píxeles con el nivel de intensidad ***g***. Teniendo en cuenta esto, la fórmula empleada para el cálculo de la media es la que se muestra en la ecuación (7):

$$\bar{g} = \sum_{g=0}^{L-1} gP(g) = \sum_{i}\sum_{j} \frac{I(i,j)}{M} \qquad (7)$$

donde ***L*** es el número total de niveles de gris, que en el caso que nos concierne, al tratarse de imágenes DICOM representadas con 2^8 bits es de 4096.

Por otro lado, la *varianza* se define como la media aritmética de las diferencias cuadradas entre los valores y la media. En otras palabras, es una medida de cómo de lejos está cada valor del conjunto de datos de la media. La varianza está relacionada con el contraste de la imagen. Si el contraste de la imagen es alto, se corresponde con un valor alto de varianza y viceversa.

La fórmula comúnmente utilizada para el cálculo de la varianza es la de la ecuación (8):

$$\sigma^2 = \sum_{g=0}^{L-1} (g - \bar{g})^2 \, P(g) \qquad (8)$$

Para la obtención de los *módulos de los gradientes* se han utilizado las *máscaras* que se muestran a continuación (9). El gradiente de X y el de Y se han calculado utilizando como referencia el eje Z, mientras que para calcular el gradiente de Z se ha tenido como referencia el eje X.

$$Gx = \begin{bmatrix} -2 & -1 & 0 & 1 & 2 \\ -2 & -1 & 0 & 1 & 2 \\ -2 & -1 & 0 & 1 & 2 \\ -2 & -1 & 0 & 1 & 2 \\ -2 & -1 & 0 & 1 & 2 \end{bmatrix} \quad Gy = \begin{bmatrix} 2 & 2 & 2 & 2 & 2 \\ 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ -1 & -1 & -1 & -1 & -1 \\ -2 & -2 & -2 & -2 & -2 \end{bmatrix} \quad Gz = \begin{bmatrix} 2 & 2 & 2 & 2 & 2 \\ 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ -1 & -1 & -1 & -1 & -1 \\ -2 & -2 & -2 & -2 & -2 \end{bmatrix} \qquad (9)$$

Hay que tener en cuenta que estas características no van a ser utilizadas únicamente durante la fase de entrenamiento y de test de la SVM, sino que también son las características que se extraen de un punto cuando se invoca al proceso de clasificación. Para que los resultados de clasificación sean los mejores posibles, y teniendo en cuenta la clases de características a obtener, es importante

obtener muestras lo suficientemente heterogéneas. Por ejemplo, al seleccionar muestras de vena, se deben seleccionar puntos de referencia tanto en el centro de las mismas como cerca de los bordes, para que así la información de la media y varianza, y en especial la de los gradientes aporten información que pueda enriquecer el clasificador y que éste ofrezca mejores resultados a posteriori. En el caso del hígado no afectan tanto estas características, pero sí que es importante realizar una selección de muestras con distintos valores de intensidad, e incluir especialmente algunas muestras de las zonas que se visualizan más claramente, ya que se pueden utilizar para distinguir las clases cuando existan casos de solape de valores.

Por otro lado, mencionar que no se ha dado el caso de tener que recurrir a técnicas para reducir el número de características como las comentadas anteriormente, ya que se puede observar, se han extraído características de la imagen de forma muy controlada y el conjunto de la mismas obtenido es reducido.

Creación de los conjuntos de entrenamiento y test

En esta fase se deben obtener dos conjuntos diferentes a partir de todas las observaciones previamente obtenidas y etiquetadas. El criterio que se ha establecido es que alrededor de un 75% de los datos se utilicen para el entrenamiento y el 25% para test. La división de los conjuntos puede realizarse de forma manual, aunque resulta más conveniente hacerlo de forma **aleatoria** si se quiere evitar sesgar de algún modo los resultados del clasificador. Si se aplica un procedimiento que separa de forma aleatoria los conjuntos y las muestras, es importante asegurarse que existen ejemplos de todas las clases tanto en el conjunto de entrenamiento como en el de test. También existen técnicas, como las de validación cruzada (*cross validation*)[79][80], que permiten realizar separaciones automáticas de los datos de distintos modos y evaluar los resultados del clasificador.

El objetivo de la creación del conjunto de test a la hora de configurar la SVM para ser utilizada en la tarea de segmentación, es asegurarnos que se están utilizando las características adecuadas para su correcto funcionamiento. Realizando un test de clasificación con la SVM previamente entrenada con los datos correspondientes, se puede comprobar si las características seleccionadas y el número de muestras utilizadas en el entrenamiento son suficientes o si por el contrario puede ser necesario realizar algún ajuste antes de incluir la SVM como parte del procedimiento de segmentación propuesto.

Para poder establecer un conjunto de entrenamiento y de test fiable, hay que asegurarse que todas las observaciones estén etiquetadas correctamente con la clase adecuada, de otro modo el clasificador tendrá problemas a la hora de clasificar y los resultados se verán afectados notablemente. Asimismo, como ocurre en la selección de las características, un conjunto grande de observaciones no significa que sea mejor para la clasificación, ya que llega un momento en el entrenamiento que el clasificador no converge más aunque se le proporcionen más datos adicionales y en ocasiones puede ser contraproducente para la clasificación y generar peores resultados. Igualmente, un conjunto de observaciones muy pequeño es insuficiente para poder entrenar correctamente, por lo que es necesario llegar a un compromiso sobre el número de observaciones a utilizar.

A la hora de realizar las anotaciones de las clases sobre el conjunto del entrenamiento, debe hacerse utilizando **atributos numéricos**, ya que la SVM espera que cada instancia se represente con un vector de números reales. En [77], se recomienda que se utilicen tantos números como categorías haya, de modo que

se utilice siempre sólo un valor 1 y el resto sean 0. Como el problema que nos concierne es binario (bi-clase), basta un solo número para realizar las anotaciones. Se ha utilizado el 0 para representar la clase hígado, y el 1 para representar la clase vena.

Para crear el conjunto de observaciones a utilizar tanto en la fase de entrenamiento como en la de test, se ha elaborado una pequeña herramienta que permita seleccionar puntos de la imagen, determinar si representa a la clase Hígado o a la clase Vena, obtener sus características y almacenarlas en un fichero. Por cada muestra seleccionada se ha creado un fichero donde se guardan más datos de los necesarios para la clasificación con el objetivo de tener trazabilidad de cómo se han obtenido los mismos. En primer lugar, el nombre del fichero indica el día en el que se ha tomado la muestra, el número de muestra correspondiente, y la clase a la que pertenece (Vena o Hígado). Por otro lado, en cada fichero se almacena el punto seleccionado, la clase a la que pertenece, el número de la secuencia donde se ha realizado la selección, la ruta del estudio y por último los valores del descriptor de la muestra.

En el caso concreto del procedimiento actual (fase 2), se han obtenido muestras de las clases Vena e Hígado en igual proporción. En total se han utilizado imágenes de **4 estudios** diferentes para crear el conjunto de observaciones, y por cada estudio se han extraído 18 muestras de entrenamiento y 6 muestras para test. Esto significa que por cada estudio hay 9 ejemplos de Vena y 9 ejemplos de Hígado para entrenamiento y 3 ejemplos de Vena y 3 de Hígado para test, lo que hace un total de **36** ejemplos de **Vena y 36** de **Hígado** para **entrenamiento y 12 de cada** para la fase de **test**. Este número de observaciones ha demostrado ser suficiente para el entrenamiento del clasificador como se verá más adelante.

Configuración de los parámetros de la SVM

Como se mencionaba en la introducción, los elementos y parámetros más importantes a **configurar** en el clasificador de SVM son la **función de Núcleo** y el **parámetro C**, que representa la penalización de los errores durante el entrenamiento. A la hora de encontrar los parámetros de configuración adecuados del clasificador para el problema actual, primero se debe elegir qué función de núcleo utilizar y a continuación establecer el valor para C e inicializar los parámetros concretos del núcleo elegido. En general, como se especifica en[77], el núcleo de RBF es una buena primera opción para comenzar. Este tipo de núcleo proyecta los ejemplos a un espacio dimensional de mayor dimensión de forma no lineal, así que a diferencia del núcleo lineal, puede hacer frente al caso de que la relación entre las etiquetas de las clases y sus respectivas características no sean lineales. Además, el núcleo lineal se puede considerar un caso especial del RBF ya que se pueden conseguir los mismos resultados configurando correctamente los parámetros asociados a cada uno. Si por algún motivo el número de características de las observaciones es muy grande, entonces no se recomienda comenzar utilizando el núcleo RBF, sino que resulta mejor opción el lineal.

En el caso que nos concierne, teniendo en cuenta el tipo de características extraídas de las imágenes, y los problemas de no homogeneidad de los valores de intensidad que se dan en este tipo de imágenes y el solapamiento de niveles de gris entre diferentes tipos de tejido, tiene sentido utilizar el núcleo RBF, ya que no se espera que las características de las clases tengan una separación lineal.

El núcleo RBF de dos muestras **x** y **x'**, representadas como vectores de características en un espacio dado, se define por la ecuación (10):

$$K(x, x') = exp\left(-\frac{\|x - x'\|_2^2}{2\sigma^2}\right) \qquad (10)$$

donde como puede observarse, $\|\boldsymbol{x} - \boldsymbol{x'}\|_2^2$ se trata de la distancia *Euclídea* entre dos vectores de características y σ *(sigma)* es un parámetro libre.

Existe una definición más simple y equivalente de la misma función que involucra a un parámetro $\boldsymbol{\gamma}$ ***(gamma)*** y que viene definido por la ecuación (11):

$$\gamma = -\frac{1}{2\sigma^2} \qquad (11)$$

La utilización de parámetro γ es común en las implementaciones de las SVM, por lo que es necesario establecerlo como parte de la configuración de las mismas. Al incluirlo en la función de núcleo, la misma queda simplificada según la ecuación (12):

$$K(x, x') = \exp(\gamma\|x - x'\|_2^2) \qquad (12)$$

En una primera aproximación se han utilizado los **parámetros por defecto** de la librería utilizada (libSVM[76]), para estudiar cómo se comporta bajo esas premisas y hacer los ajustes necesarios a posteriori. Los valores por defecto de cada variable son los que aparecen a continuación:

Tabla 6: Valores por defecto de configuración de la SVM de libSVM

Tipo Núcleo	RBF
Gama (γ)	1/nº características
Coste (C)	1

Sin embargo, tras realizar un entrenamiento y clasificación con datos de test separados anteriormente y del modo que se explica en la siguiente sección, el valor por defecto de los parámetros demuestra no ser apropiado, ya que la tasa de acierto durante la clasificación, también llamada **precisión**, de las observaciones de test solo llega al **50%**.

Para poder **mejorar** los resultados, se ha hecho uso del script easy.py que se encuentra dentro de la carpeta "tools" de la librería de LibSVM[76]. Se trata de un script muy fácil de utilizar destinado a usuarios noveles con las SVM, pero aún teniendo experiencia sigue resultando de mucha utilidad. Internamente realiza varios pasos: escalado de los datos de entrenamiento, validación cruzada, entrenamiento, escalado de los datos de test y pruebas de test.

El paso más importante del script anterior es el de **validación cruzada**, que proporciona una herramienta de selección de parámetros para la clasificación con un núcleo de tipo RBF. Internamente, utiliza la técnica de validación cruzada para estimar la precisión de cada posible combinación de parámetros dentro del rango seleccionado y así ayudar a la selección de los parámetros adecuados para cada problema concreto. Tras ejecutarlo, se genera una gráfica (ver Figura 45) con los contornos de precisión calculados durante la validación cruzada, donde aparecen los valores óptimos indicados para la variable de coste C y para gamma (γ), que son los parámetros a configurar en un núcleo de tipo RBF. También se obtiene un valor de precisión en la clasificación que se obtiene con los valores óptimos de los parámetros indicados.

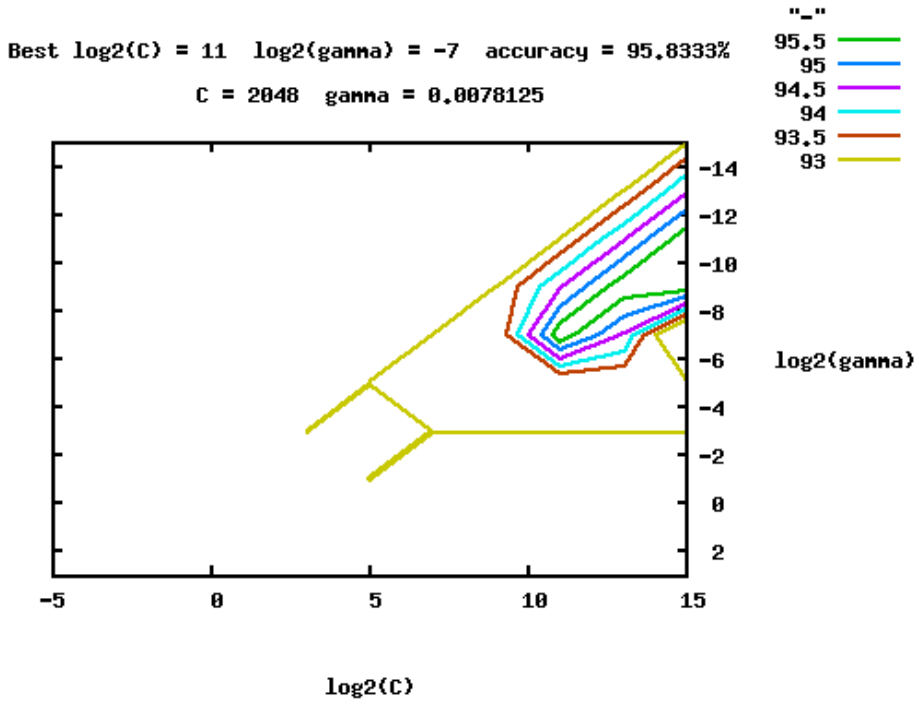


Figura 45: Gráfica generada tras ejecutar el script easy.py de libSVM

En un proceso de validación cruzada (*V-fold cross validation*) se comienza dividiendo los datos de entrenamiento en **V** partes de igual tamaño. A continuación, cada parte se testea usando el clasificador previamente entrenado con los **V-1** trozos restantes (quitando los datos del trozo actual). Así, cambiando los valores de C y γ exponencialmente, cada observación del set de entrenamiento es predicho una vez, hasta conseguir el mejor valor de precisión. Usando este procedimiento, se pueden evitar las situaciones de sobre-entrenamiento que suelen darse en los problemas de clasificación.

Teniendo en cuenta los valores obtenidos tras la validación cruzada, se han ajustado los parámetros de ejecución de la SVM quedando del siguiente modo:

Tabla 7: Inicialización de la SVM con los valores óptimos

Tipo Núcleo	RBF
Gama (γ)	0.0078125
Coste (C)	2848

Tras realizar los anteriores ajustes sobre la configuración del SVM, y tal como se preveía en la gráfica de la Figura 45 la **precisión** alcanzada en la clasificación tiene un valor del **95,83 %** al realizar las pruebas sobre el conjunto de test.

Entrenamiento y Clasificación

Antes de proceder al entrenamiento del clasificador se debe tener en cuenta algo importante, y es que es conveniente que los datos de las características de entrada estén normalizados. La principal ventaja de la **normalización** es evitar que aquellos atributos que tengan mayor rango dominen a los que están en un rango menor durante el entrenamiento. También ayuda a evitar dificultades numéricas durante los cálculos que afectan a algunos tipos de núcleo si se utilizan valores grandes. Por esta razón, se han seguido las recomendaciones indicadas

en[77], donde se menciona que es conveniente escalar cada atributo al rango [-1,+1] ó [0,1], eligiendo uno de estos rangos como referencia para todos los valores. La normalización se debe aplicar tanto a los datos de entrenamiento como a los de test y por supuesto a los de clasificación.

Cuando se realiza la normalización, es importante asegurarse que todos los datos se encuentren en el mismo rango. Por ejemplo, si primero se normalizan los datos del entrenamiento al rango [-1,1] y posteriormente se normalizan los de test también al rango [-1,1], es posible que la normalización no se haya realizado correctamente. Esto se debe a que en ocasiones los valores mínimos y máximos de los atributos en cada conjunto puede que no sean los mismos, por lo que la normalización se vería afectada. Por ejemplo, supongamos que escalamos el primer atributo del entrenamiento del rango [-10,+10] al [-1,+1]. Entonces, si el primer atributo de test tiene el valor [-11,+8], debería escalarse al rango [-1.1;+0.8] para que los valores de entrenamiento y de test sean comparables y estén realmente en el mismo rango. Si la normalización no se realiza correctamente, los resultados de clasificación se pueden ver afectados en gran medida, como se puede apreciar en el anexo B de[77].

Por lo tanto, se ha decidido normalizar los datos al **rango [-1,+1]** antes de aplicar el proceso de entrenamiento. Los datos de las observaciones almacenadas permanecen inalterados, sólo se normalizan antes de llamar a la función correspondiente de la librería de SVM, de modo que si en algún momento se decidiese emplear un rango diferente o realizar otro tipo de operación sobre los datos, no sería necesario volver a recoger las muestras de nuevo. Teniendo en cuenta que los datos de test y los que se utilicen en la clasificación deben estar en la misma escala que los de entrenamiento, se han almacenado los valores utilizados para la normalización de los datos de entrenamiento y así poderlos utilizar después para normalizar los demás datos. Por ello, como se ha decidido utilizar un total de 6 características para la clasificación, se ha almacenado el valor mínimo y máximo de cada una de ellas sobre el conjunto total de datos de entrenamiento. De este modo, se crea un fichero que contiene la información que se resume a continuación:

Tabla 8: Almacenamiento de rango de normalización de los datos

Rango Min: [-1]	Rango Max :[+1]	
Característica 1	Valor mínimo	Valor Máximo
Característica 2	Valor mínimo	Valor Máximo
Característica 3	Valor mínimo	Valor Máximo
Característica 4	Valor mínimo	Valor Máximo
Característica 5	Valor mínimo	Valor Máximo
Característica 6	Valor mínimo	Valor Máximo

Una vez se hace la normalización, se procede al **entrenamiento** (usando las funciones adecuadas de la librería LibSVM[76]), proceso con el que se obtiene un modelo entrenado como resultado, el cual se almacena para que pueda ser utilizado más adelante en la clasificación. Este modelo se utiliza más tarde en el proceso de **clasificación**, que se ha integrado como parte de la fase 2 del procedimiento como veremos más adelante. Durante la clasificación, las SVM devuelven generalmente como resultado la clase a la que se le asigna la muestra de entrada. Adicionalmente, si se desea, también se puede obtener un valor que indica la *probabilidad* de pertenencia a la clase asignada, o el global de las probabilidades de pertenencia a cada una de las posibles clases. En el caso que nos ocupa, se ha decidido utilizar la respuesta de los valores de probabilidad para tener más control

sobre los resultados proporcionados por la SVM a la hora de incluirla como parte del procedimiento, que se describe en detalle a continuación.

5.2.2 Procedimiento desarrollado en la Fase 2

Como se explicaba al inicio de la sección 5 y se ilustra en la Figura 32, cada nueva fase que se inicia en el desarrollo de la solución es dependiente de los resultados y el procedimiento realizado en la fase anterior. Por lo tanto, se debe tener en cuenta que parte de los pasos que se mencionan en el procedimiento actual ya fueron utilizados en la fase anterior, y por lo tanto sólo se describen los nuevos pasos o funcionalidades.

El **procedimiento** para realizar la **segmentación basada en clasificador** es el que se muestra en la Figura 46. A grandes rasgos, se realiza un pre-procesado de la imagen, una clasificación con la SVM previamente entrenada, y finalmente la segmentación empleando un método de crecimiento de regiones. La principal diferencia entre este procedimiento con el anteriormente propuesto es la inclusión de la clasificación como paso previo a la segmentación, sustituyendo a la definiciones de umbrales de forma adaptativa por valores de probabilidad. A continuación se describe el procedimiento en más detalle.

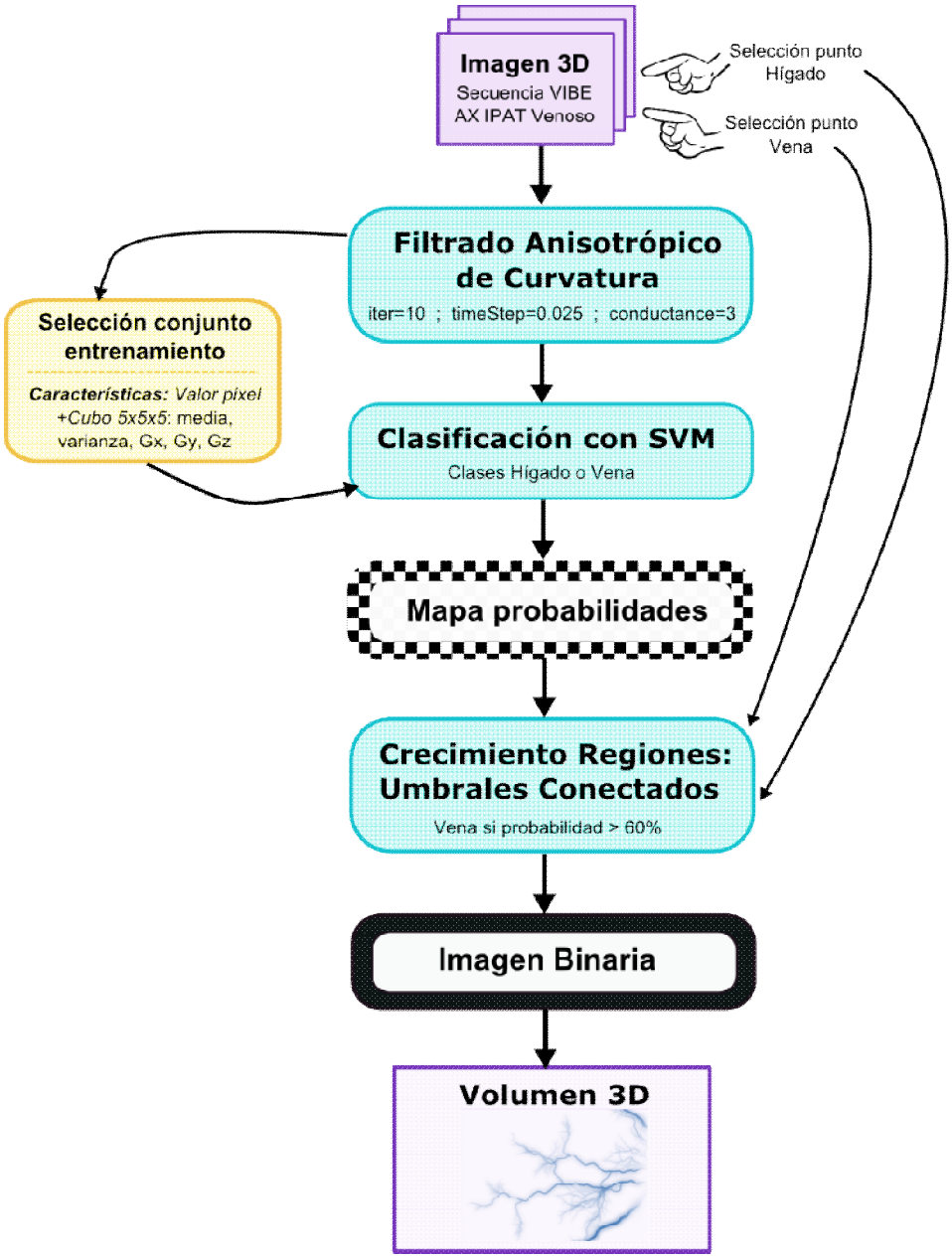


Figura 46: Fase2. Procedimiento Mejorado: Segmentación basada en Clasificador, diagrama de flujo

Al igual que se hacía en la fase anterior, antes de ejecutar cualquier operación sobre las imágenes, se ha realizado un **pre-procesado** de las mismas con el objetivo de prepararlas y mejorarlas en la medida de lo posible. En este sentido se ha realizado el **filtrado anisotrópico de curvatura** para suavizar la imagen y eliminar el ruido pero preservando la información de los bordes, debido a su importancia para la detección de las venas. Sin embargo, se ha decidido **prescindir** de la operación de **dilatado** morfológico, ya que se espera que las mejoras del algoritmo sean capaces de detectar mejor lo límites entre el hígado y las venas.

A continuación, se procesan todas las imágenes (*cortes*) de la secuencia del estudio seleccionada con el **clasificador** SVM descrito al inicio de la sección. Para que sea posible la clasificación anterior, se ha tenido que seleccionar un **modelo entrenado** previamente, que es el que se utiliza para realizar las predicciones. El proceso de obtención de este modelo es el que se describe en el apartado previo

5.2.1. Este modelo se ha obtenido entrenando la SVM con un conjunto de observaciones. Estas observaciones pertenecen a diferentes imágenes de ejemplo, que han sido pre-procesadas con un filtro anisotrópico de curvatura como el descrito en el procedimiento actual y sobre las que se han seleccionado una serie de puntos de interés. Por cada punto seleccionado, se ha extraído un vector de seis características y se ha etiquetado para indicar si pertenece a una Vena o si por el contrario es un punto del hígado. Como se describe en el apartado 5.2.1, las características han sido extraídas sobre un cubo de 5x5x5, cuyo elemento central es el píxel analizado. Finalmente, las características que se extraen son las siguientes: valor intensidad (del píxel central), valor media cubo, valor varianza cubo, modulo del gradiente en X del cubo, modulo del gradiente en Y del cubo y modulo del gradiente en Z del cubo.

A la hora de **integrar** el **clasificador** en el proceso de **segmentación**, se ha hecho lo siguiente. Por cada uno de los píxeles de la imagen, se extrae un vector que contiene las seis características previamente mencionadas, y que son las mismas que se han extraído sobre las observaciones durante el proceso de entrenamiento. Con cada vector de características obtenido, se utiliza el clasificador y se obtiene una respuesta que indica la probabilidad de que el píxel sea vena. Los valores predichos por el clasificador por cada uno de los puntos de las imágenes se almacenan convenientemente, creando lo que se ha denominado como **mapa de probabilidades**. Este mapa tiene las mismas dimensiones que el estudio sobre el que se está aplicando la segmentación, y almacena los valores en rangos de [0,100].

Tras crear el mapa de probabilidades, se procede a la **segmentación** empleando un método de **crecimiento de regiones**. El método de crecimiento de regiones utilizado es el mismo que en la fase anterior (5.1), sólo que en este caso los **valores** de **umbral** mínimo y máximo se establecen de forma diferente, teniendo en cuenta el rango de valores almacenado en el mapa de probabilidades. Como se mencionaba anteriormente, por cada punto se almacena la probabilidad de que sea vena y esa es la información que se tiene en cuenta a la hora de seleccionar los umbrales mínimo y máximo del método de crecimiento de regiones. Por tanto, el umbral mínimo va a definir a partir de qué valor de probabilidad se considera un píxel ciertamente como vena, y el umbral máximo se establece fijo en 101 para que siempre se incluyan en la región aquellos píxeles con hasta un 100% de probabilidad de ser vena.

Para aplicar el método de crecimiento de regiones, al igual que en la fase anterior, se selecciona un punto que pertenezca al hígado y otro que se sitúe dentro de una vena y que es el que actúa como semilla. De esta forma, el crecimiento se realiza de modo que se incluyen como parte de la región aquellos píxeles cuyo valor se sitúe dentro de los valores de umbral definidos. En este caso, se incluyen en la región los píxeles que tengan una probabilidad de ser vena mayor que la definida por el umbral mínimo.

Teniendo en cuenta lo anterior, se han llevado a cabo diversos experimentos de segmentación mediante el procedimiento completo con el objetivo de comprobar qué valor **mínimo** de **umbral** es el **adecuado**. En un primer momento se estableció que todos aquellos píxeles que tuvieran una probabilidad mayor del 50% de ser vena se incluyesen en la región. Desafortunadamente, este umbral mínimo resultó ser muy permisivo, ya que en la segmentación final aparecían muchos elementos identificados como vena que en realidad no lo eran. Estos píxeles en realidad pertenecían al hígado, y en especial a los bordes del mismo, que corresponde a la sección donde se produce gran solape de valores de vena e hígado, tal y como se aprecia en la Figura 43 referenciada anteriormente en el documento. Debido a ello, como resultado, el crecimiento de regiones se podría

extender a otros elementos de la imagen fuera del área de hígado si se daban las condiciones idóneas para ello. El mismo problema sucede con valores de umbral ligeramente superiores al 50%, hasta que se llega al 60%, donde se ha podido comprobar que la situación se estabiliza. Cuando se consideran como parte de la región aquellos píxeles con probabilidad mayor del 60% y hasta el 100%, los errores de clasificación se reducen considerablemente, y la segmentación de las venas principales del hígado no se ve afectada respecto a las pruebas anteriores. En la Figura 47 se ilustra el problema descrito anteriormente. En la parte izquierda de la imagen se muestra el resultado de segmentar utilizando como valor mínimo de umbral 55%, mientras que en la parte derecha el resultado si el umbral mínimo se establece en 60%. Como se puede apreciar, cuando el umbral es menor, aparecen elementos indeseados en los bordes de hígado, que en este caso se han rodeado en color verde para facilitar su identificación. Cuanto menor es el umbral mayor es el problema asociado, que además se propaga a los largo de las distintas *cortes*, por lo que se crea una especie de velo alrededor del hígado que impide apreciar la segmentación de las venas en el volumen en 3 dimensiones.

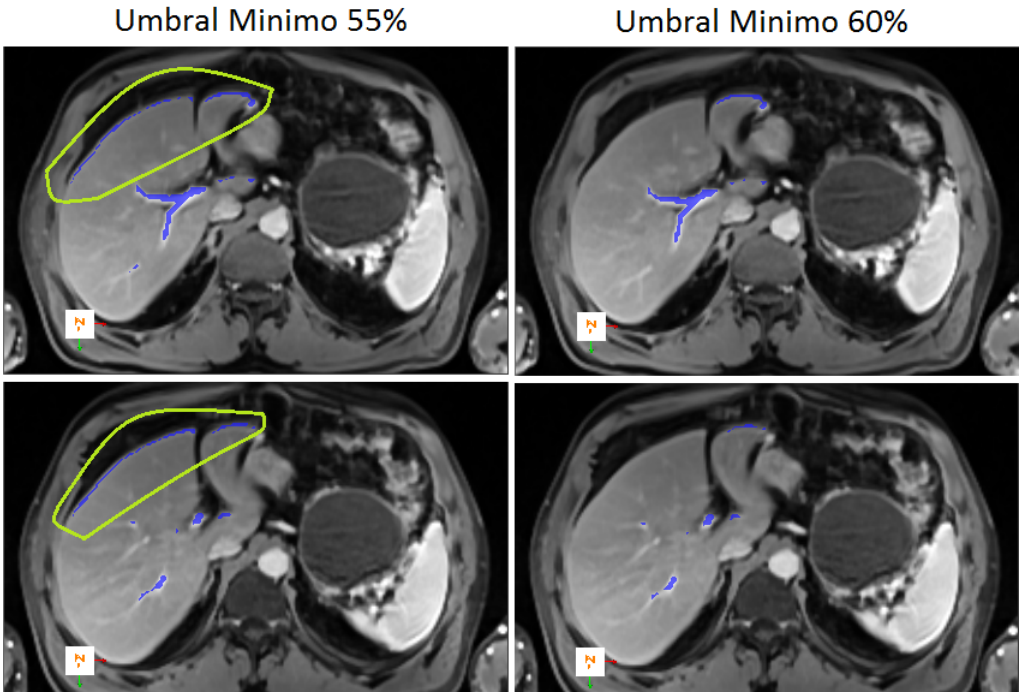


Figura 47: Comparativa umbrales mínimos en Fase 2.

Por otro lado, estableciendo valores mínimos mayores al 60%, se ha comprobado que el problema de sobre-segmentación desaparece completamente, pero que la segmentación de las venas se ve notablemente afectada al ser los criterios más estrictos. En concreto, se aprecia cómo las venas se vuelven más estrechas y como desaparecen las ramificaciones más finas. Teniendo en cuenta lo anterior, se ha establecido como umbral mínimo el valor 60 y como umbral máximo 101, ya que son los valores que han demostrado generar mejores resultados en esta fase.

La utilización del método de crecimiento de regiones como paso final en esta fase 2, resulta muy importante para el correcto funcionamiento del procedimiento actual. Podría pensarse que con la información de salida del clasificador ya es suficiente para segmentar, pero no es así. Hay que tener en cuenta con qué tipo de imágenes estamos trabajando, y que no sólo contienen hígado y venas, sino que también incluyen muchos otros órganos que en determinado momento pueden tener características similares a alguna de las dos clases anteriores. Si se

visualizasen directamente los resultados del clasificador, se segmentaría muchos elementos como vena que en realidad no lo son. Por ello, utilizando el método de crecimiento de regiones se puede controlar este problema, y además segmentar sólo las venas que resulten de interés, teniendo control sobre las semillas o el valor de probabilidad que se considere cómo válido.

Teniendo en consideración la descripción de la fase del procedimiento presentada y los parámetros utilizados para la configuración de los métodos aplicados en las diferentes etapas del mismo, en la Figura 48 y la Figura 49 se muestran los **resultados** de aplicar el mismo seleccionando una única semilla. Si se comparan los resultados con los del procedimiento anterior (ver Figura 36 y Figura 37), se pueden observar mejoras notables. La segmentación es más precisa, se aprecian los elementos en el volumen en 3D con más detalle, y además aparecen nuevas ramificaciones que antes no se podían segmentar correctamente. En la sección 6 se comentarán con más detalle los resultados.

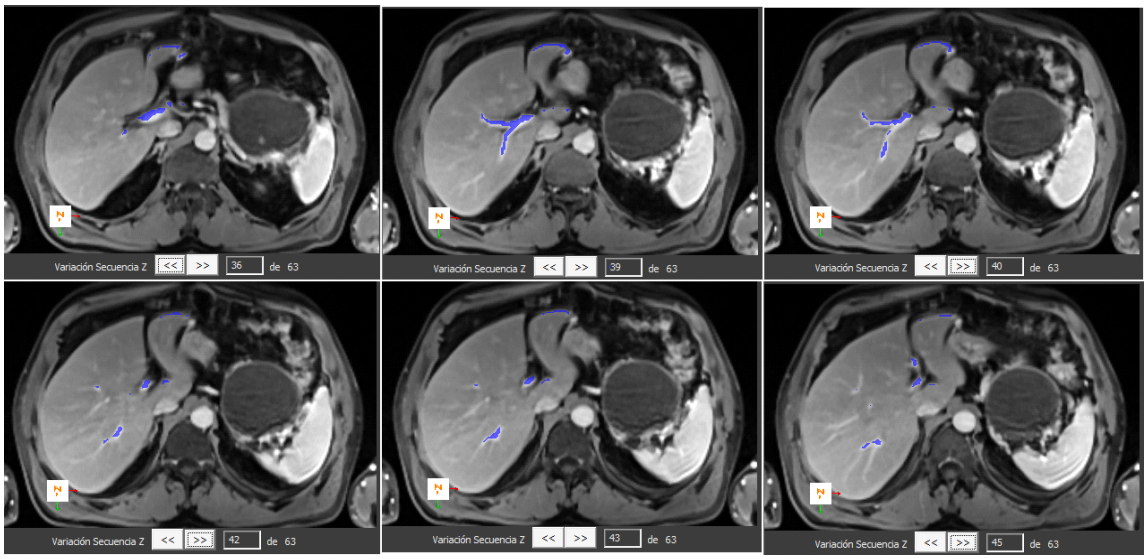


Figura 48: Resultados Fase 2. Segmentación basada en clasificador con SVM, umbral mínimo 60%, superposición sobre *cortes* de un estudio

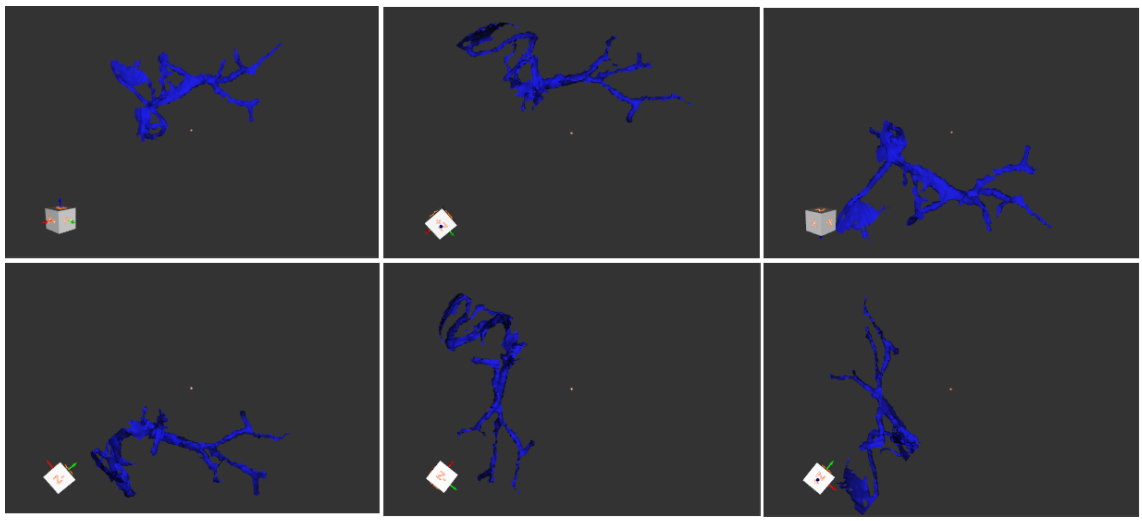


Figura 49: Resultados Fase 2. Segmentación basada en clasificador con SVM, umbral mínimo 60%, volumen en 3D

CONCLUSIONES FASE 2

Empleando el procedimiento propuesto en esta fase se ha obtenido una mejoría sustancial de los resultados respecto de los obtenidos en la fase anterior, utilizando un método de crecimiento de regiones básico. La inclusión del clasificador basado en SVM ha sido crucial en este sentido. No obstante, es importante mencionar la importancia que ha tenido la elección de las características adecuadas de cara al entrenamiento y a la clasificación. Para ello, se ha realizado un estudio minucioso de las *cortes* de los estudios y se han analizado las características en un radio de 4 a partir de cada elemento seleccionado, formando un cubo de 5x5x5. La inclusión de características estadísticas como la media y la varianza han permitido estudiar las particularidades de la zona en términos de textura y distribución, y la inclusión de los gradientes ha permitido estudiar la dirección de las venas en caso de que las hubiese.

Si comparamos los resultados de segmentación de esta fase (Figura 48 y Figura 49) con los de la fase anterior (ver Figura 37 y Figura 49) se puede apreciar fácilmente que los resultandos son significativamente mejores. Por un lado, al eliminar la operación de dilatación del pre-procesado de las imágenes, el resultado global es menos basto y se aprecian mejor la morfología de las venas. Por otro lado, y lo que es más importante, aparecen nuevas ramificaciones que antes no se capturaban debido a las limitaciones del procedimiento de la fase 1 en la definición de los umbrales.

Asimismo, aunque los resultados son mejores, se han podido comprobar que la definición de los valores de umbral en el método de crecimiento de regiones sigue siendo un paso clave para la obtención de buenos resultados. Un valor de umbral muy estricto supone que solo se segmenten correctamente aquellas venas más grandes y con mejores contraste, y que los bordes de las mismas o las venas más pequeñas no se tengan en consideración. Al reducir el valor de umbral mínimo, se soluciona este problema, pero sucede que puntos del hígado que se localizan en los bordes puedan ser confundidos con venas. Al extraer características en un vecindario de 5x5x5 se evita que se segmenten incorrectamente ciertos píxeles donde se produce solape de valores entre vena e hígado, pero no es el caso de los que se localizan cerca de los bordes. En este caso especial, por un lado sucede que estos píxeles tienen valores que normalmente sólo pertenecen a vena, y por otro que aparecen pliegues o un borde alrededor del hígado, por lo que como es natural, el clasificador los confunde con las estructuras tubulares de las venas.

Para solventar el problema que se describe anteriormente y poder dar nuevos pasos tras la segmentación, llegados este punto conviene refinar los resultados de la misma en la mayoría de lo posible. Para ello, en la siguiente fase conviene estudiar si se puede dar un paso previo a la segmentación que evite este tipo de situaciones, o si por el contrario se deben aplicar técnicas de post-procesado para mejorar los resultados.

5.3 Fase 3. Procedimiento final: Pre-procesado y cambios adicionales

Teniendo en consideración los resultados obtenidos en la fase 2 anterior, se ha realizado una última modificación sobre el procedimiento, dando como resultado la solución propuesta finalmente. Este cambio consiste principalmente en la inclusión de la información de **segmentación del hígado** como paso previo a la segmentación del árbol hepático. Como se ha visto en la 4.3 del estado del arte, esta es una práctica habitual en los algoritmos de esta naturaleza, ya que permite delimitar el área de actuación del método de segmentación de venas y con ello

mejorar los resultados del mismo. En algunos casos la segmentación del hígado se ha realizado de forma manual, en otros se requiere cierta interacción por parte de usuario, mientras que en las ultimas aproximaciones este paso se realiza de forma automática. El objetivo de utilizar la información de segmentación del hígado es crear una máscara que determine unos límites de crecimiento para el método de crecimiento de regiones. De este modo, se evita que ocurra la situación de sobre-segmentación cómo la que se ilustra en la Figura 47, donde píxeles de hígado cercanos a los bordes se segmentan cómo si fueren venas. También se evita que se puedan segmentar píxeles perteneciente a órganos que nada tienen que ver con el hígado, como sucede en el caso mostrado en la Figura 40.

En el caso que nos concierne, el método de segmentación de Hígado utilizado se corresponde con el trabajo realizado en el marco de la tesis de Arantza Bereciartua [81]. Dicha tesis se encuentra actualmente en fase de redacción y finalización, estando previsto depositarla a finales de 2014 en la Universidad del País Vasco (UPV-EHU). El objetivo de la tesis es el desarrollo de nuevos algoritmos de segmentación sobre imagen médica. En este caso concreto se ha aplicado a segmentación de hígado sobre imagen abdominal de RM, con la novedad de trabajar con varias secuencias de resonancia magnética del mismo estudio físico. El problema de la segmentación de hígado ha sido tratado a menudo sobre CT y en mucha menor medida sobre IRM. El trabajo desarrollado en esta tesis extiende el trabajo de[82] y aplica técnicas variacionales como método matemático avanzado para la minimización de contornos activos sobre estas imágenes multidimensionales de entrada. Por otro lado, se aplica una metodología de validación aceptada por la comunidad científica vista en[83]. Las publicaciones generadas están actualmente en proceso de revisión por revistas Q1 y Q2.

El procedimiento actual y solución finalmente propuesta se ilustra en detalle en la Figura 50 a continuación.

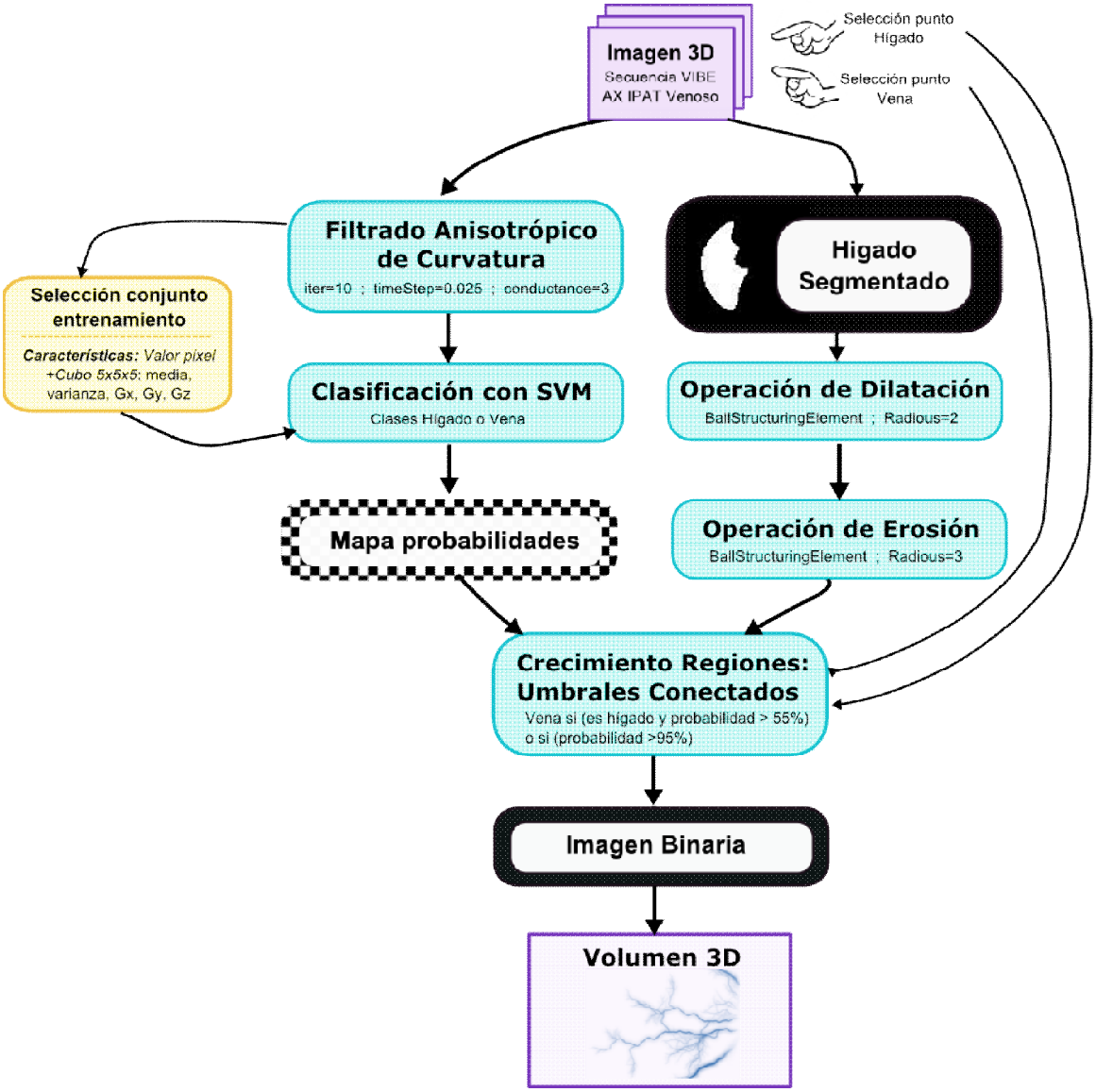


Figura 50: Fase 3. Procedimiento Final: Pre-procesado y cambios adicionales

En esta fase, se siguen efectuando los mismos pasos que en la fase previa antes de emplear el método de crecimiento de regiones. La diferencia radica en que además, de forma paralela, se obtiene la segmentación del hígado utilizando el método descrito en el párrafo anterior y se aplican una serie de operaciones sobre los resultados obtenidos antes de ser utilizados, como se aprecia en la parte derecha de la Figura 50.

Cuando se realiza la segmentación del hígado, se analizan todas las *cortes* pertenecientes al estudio en diversas secuencias, y se genera como resultado un Volumen en 3 dimensiones que consta de valores binarios. Por cada una de las *cortes*, se marcan con 1 (blanco) aquellos píxeles de la imagen que se han identificado como hígado y con un 0 (negro) todos los demás. Una vez hecho esto, se realiza un **post-procesado** aplicando dos **operaciones morfológicas** sobre los resultados de la segmentación del hígado: dilatación y erosión [43]. La combinación de ambas se conoce como *cierre*, y el objetivo de realizar esta operación es la de eliminar en la medida de lo posible la existencia de agujeros que puedan existir dentro del área identificada cómo hígado, como se ilustra en la Figura 51. Este problema puede surgir cuando dentro del hígado aparecen objetos extraños, como tumores, por lo que no se consideran parte del mismo. Sin

embargo, en la tarea de segmentación de venas no interesa que se produzca esta situación, ya que a menudo las venas suelen estar conectadas con este tipo de objetos.

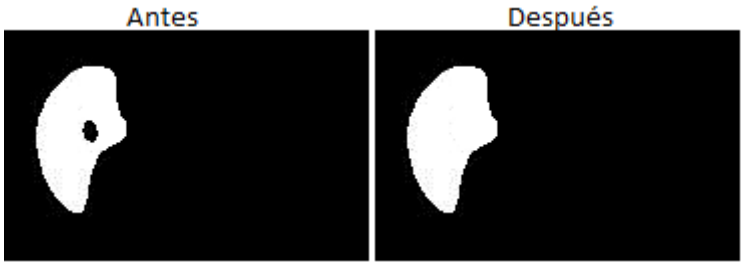


Figura 51: Post-procesado del hígado tras segmentación

Como se explica en[43], la operación de **cierre** de una imagen X por un elemento estructural B se denota cómo X•B, y se define según la ecuación (13):

$$X \bullet B = (X \oplus B) \otimes B \qquad (13)$$

Se comienza realizando la operación de **dilatación**, que explicada con anterioridad en la sección 5.1. En esta fase se ha aplicado con los parámetros que se muestran a continuación:

Tabla 9: Parámetros ejecución operación dilatación sobre Segmentación del Hígado en Fase Final

Tipo de elemento Estructural	Ball
Radio	2

Por otro lado, a continuación se realiza la operación de **erosión**. Este tipo de operación, tiene el efecto contrario que la dilatación, ya que como resultado se disminuye una región el nº de píxeles definidos por el parámetros de *radio*, y siguiendo el modelo definido por el *elemento estructural*. Como se describe en[43], esta operación puede ser vista como la combinación de dos conjuntos utilizando la substracción de vectores (X ⊗ B). Siendo X la imagen y B el elemento estructural, queda definida con la expresión (14):

$$X \otimes B = \{\boldsymbol{d} \in E^2 : \boldsymbol{d} + \boldsymbol{b} \in X \; para \; cada \; \boldsymbol{b} \in B\} \qquad (14)$$

A continuación se muestra un ejemplo de su funcionamiento:

$$\begin{bmatrix} \bullet 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 1 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \end{bmatrix} \otimes [\bullet 1 \quad 1] = \begin{bmatrix} \bullet 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

Dicho lo anterior, a continuación se muestra la configuración de los parámetros con los que se ha realizado la operación de erosión:

Tabla 10: Parámetros ejecución operación erosión sobre Segmentación del Hígado en Fase Final

Tipo de elemento Estructural	Ball
Radio	3

Como se puede observar, en esta ocasión el valor del radio es una unidad mayor que el aplicado anteriormente en la operación de dilatación. Para ello se ha tenido en cuenta una razón de peso. El resultado de la segmentación del hígado con el método empleado se ajusta bastante a los límites del borde del mismo, con lo que aplicando una erosión ligeramente más fuerte, se pretende reducir ligeramente los límites del mismo para evitar que los bordes sean parte del resultado. Esto está relacionado con el problema que se ilustraba anteriormente en la Figura 47, donde se puede apreciar que en algunas ocasiones se produce una sobre-segmentación alrededor del hígado.

Una vez que se han completado los pasos anteriores, se procede a la segmentación del árbol de venas hepático empleando el método de **crecimiento de regiones**. En esta ocasión, el método tiene dos fuentes de información: el mapa de probabilidades calculado con el clasificador SVM y la información de segmentación del hígado. Como en la fase anterior, el crecimiento se realiza usando como referencia los valores almacenados en el mapa de probabilidad, pero en esta ocasión se utiliza la información de segmentación de hígado cómo máscara. De este modo se pueden controlan los límites de crecimiento, con el objetivo de evitar que el crecimiento se propague al exterior del hígado segmentando elementos que nada tienen que ver con las venas, que era el principal problema detectado en la fase anterior.

Además, en esta ocasión se ha modificado ligeramente el valor del umbral inferior del método de crecimiento de regiones. En esta ocasión resulta sutilmente más permisivo y se ha establecido en 55. Esto significa que se consideran como venas aquellos píxeles de la imagen que se encuentren dentro del área del hígado y que tengan una probabilidad de ser vena superior al 55%. Este cambio viene motivado por el hecho de que se ha podido comprobar que de este modo la segmentación de las venas resulta más precisa. En la fase anterior este valor no resultaba válido por el problema de sobre-segmentación, pero cómo en la fase actual se ha conseguido solventar parte del mismo, este valor de umbral mínimo ha demostrado resultar más adecuado al generar mejores resultados.

Sin embargo, en esta fase surge un problema, y es que la segmentación del hígado en la región del mismo donde se sitúa la entrada de las venas principales, en ocasiones resulta insuficiente, ya que las mismas no se consideran parte del mismo. Esto provoca como resultado que el volumen en 3 dimensiones del árbol hepático parezca incompleto, ya que desaparece parte del tronco principal y es parte importante del mismo. Para solventar esta situación, se ha decidido realizar una **doble comprobación** de **umbral** que afecta al umbral mínimo del método de crecimiento de regiones. De este modo, se pretende que aquellos píxeles que quedan fuera del área de hígado, pero tengan una probabilidad muy alta de ser vena se consideren justamente cómo vena. Así, solo se van a considerar cómo parte de la región aquellos píxeles que cumplan alguna de las dos condiciones siguientes, que se establecen como reglas de decisión:

Es vena si:
(Está dentro del hígado y la probabilidad es superior al 50%)
o
La probabilidad es superior al 95%

El problema descrito anteriormente queda ilustrado en la Figura 52. En la parte izquierda se puede apreciar cómo parte de la vena porta (en color azul) ha quedado sin segmentar debido a que se encuentra fuera del área del hígado (en color verde). Sin embargo, en la parte derecha de la imagen, se refleja la mejora en la segmentación tras incluir la nueva comprobación de umbral que permite considerar

como parte del resultado la parte central de las venas, con lo que el volumen en 3D no resulta incompleto.

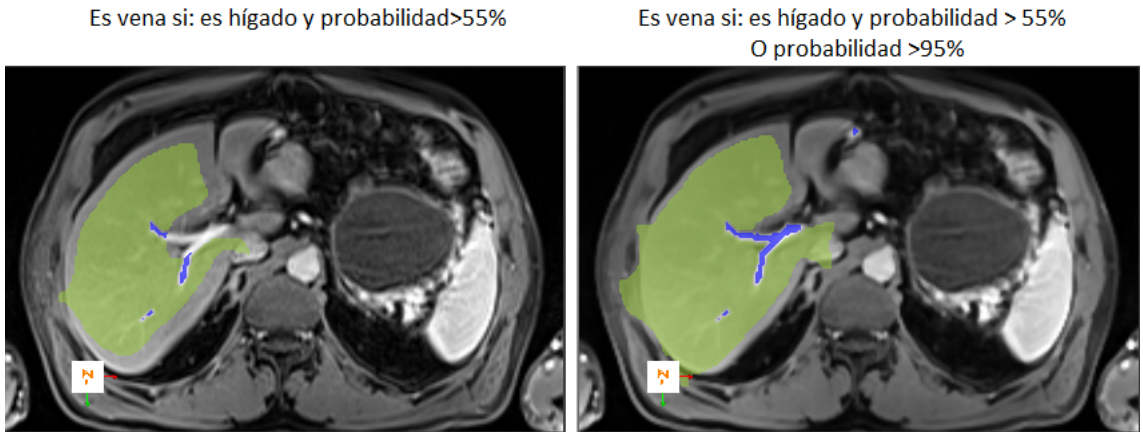


Figura 52: Comparación de umbral simple vs umbral doble en Fase final

El procedimiento descrito en la actual sección es la solución finalmente propuesta en este proyecto. Por esta razón, los resultados del mismo se analizan en la sección 6 y las conclusiones y posibilidades de mejora se describen en detalle en la sección 8.2 como corresponde.

6. Resultados

Antes de nada, cabe mencionar que para la elaboración del proyecto, se ha dispuesto de 4 Estudios, cada uno de ellos está formado por diversas secuencias, aunque el método de extracción de venas se aplica sobre la "VIBE AX IPAT - VENOSO" ya que es en la única serie en la que las venas se aprecian claramente. Esta secuencia cuanta con 64 imágenes (*cortes*) en el plano Transversal, 160 en el plano Coronal y 256 en el plano Sagital. El plano de referencia que se utiliza para mostrar los resultados es el Transversal, ya que es la vista que permite identificar los elementos y observar los cambios más fácilmente. Posteriormente, para el análisis de los resultados se ha podido disponer de dos estudios adicionales, que sirven para comprobar la validez de la solución propuesta.

Señalar, que en los estudios disponibles para la elaboración del proyecto, se pueden observar distintos artefactos como los mencionados en la sección 4.1 que afectan a las imágenes de forma indistinta, aunque normalmente cuando se da un artefacto siempre suele estar presente en todas las imágenes pertenecientes al mismo estudio, pero eso no significa que otros estudios lo tengan también. Igualmente también sucede que dentro del mismo estudio todas las imágenes tienen el mismo contraste, y por lo tanto las venas se identifican de igual manera a lo largo de todas sus *cortes*. Esto implica que las imágenes de algunos estudios puedan poseer buen contraste, pero que en otros no ocurra lo mismo, lo que dificulta en gran medida la tarea de segmentación. Como resultado de lo anterior, cabe destacar que los estudios utilizados tienen diferentes características que afectan a la calidad de las imágenes y por tanto a la calidad de los resultados obtenidos.

La **evaluación** de los resultados de segmentación supone un reto, debido a la dificultad que implica definir unos criterios válidos y que puedan ser comparables con el trabajo desarrollado por otros equipos dedicados al mismo proceso. La mayoría de los métodos relativos al estado del arte estudiados en la sección 4.3 exponen los resultados calculando la media ponderada tras la inspección visual de los resultados por parte de varios expertos. Esto no resulta una medida del todo fiable, ya que es habitual que el criterio del evaluador pueda cambiar de un momento a otro debido a factores tales como el cansancio o el estrés, además de la subjetividad del proceso. En otros casos se calcula la efectividad del algoritmo en términos de rapidez, de modo que se compara con otros en base al tiempo total de ejecución del mismo. Finalmente, en una pequeña minoría, se presentan los resultados calculando alguna métrica, que normalmente depende de una medida definida expresamente para tal cuestión. Además, es importante tener en cuenta que la mayor parte de las soluciones del estado del arte han sido desarrolladas para imágenes de TC y en mucha menor medida para IRM, lo que complica más la comparación. Asimismo, hasta donde hemos podido explorar no existe ninguna base de datos con imágenes de RM de referencia que contenga imágenes ya etiquetadas y que puedan ser consideradas como "*Ground Truth*" o Gold Standard para la evaluación. No obstante, la traba más importante radica en que normalmente este tipo de imágenes son capturadas con equipos de distintos fabricantes y que en cada centro o en cada tipo de prueba han sido calibrados con distintos parámetros, lo que influye en gran medida en las imágenes que se obtienen como resultado. Esto implica que un método que genera muy buenos resultados bajo unas condiciones, genere unos resultados mediocres si las mismas cambian, razón por la que además es muy complicado desarrollar una solución genérica.

Para la evaluación de los resultados de este proyecto, se hace uso de **imágenes** de ***Ground Truth***, que han sido segmentadas manualmente por un

experto al que se le ha solicitado que marque aquellas venas del hígado más relevantes. La segmentación manual es no sólo un proceso tedioso, sino que además requiere mucho tiempo y por lo general es inexacto. Como se puede ver en[84] generalmente existe una variabilidad de criterios entre usuarios que puede ir del 5% hasta el 20%. Cambios que pueden ser aún mayores dependiendo de la experiencia del experto que lo realice. Además, dependiendo del método utilizado para la segmentación, los resultados pueden ser más o menos precisos. El dispositivo utilizado normalmente para este fin es el marcado mediante un dispositivo tal como el ratón del computador [85], por lo que la destreza con el mismo también resulta clave en el proceso.

Para poder medir los resultados de forma cuantitativa, se ha decido calcular la **Sensibilidad** (*Sensitivity*)**, Especificidad** (*Specificity*) y la **Precisión** (*Accuracy*), ya que son medidas habituales en la evaluación de los resultados de procesos de segmentación.[86][87]. En tareas se segmentación de hígado, es común extraer otro tipo de medidas como el coeficiente de *Dice*, el índice *Jaccard* o medir los errores y los falsos positivos y negativos, pero en este caso no resulta adecuado y la razón se explica a continuación. El hígado es un elemento que está mejor delimitado que las venas que están dentro del mismo, por lo que si se producen errores o sobre-segmentación (como es normal en las venas), estas medidas se ven penalizadas por ellos, por lo que no permiten cuantificar bien la parte del árbol de venas que se ha segmentado correctamente. Por tanto, en el caso que nos cierne, por cada estudio que ha sido segmentado de forma automática con el procedimiento de este proyecto, se va a comparar con su respectivo *ground truth* para obtener los valores de las métricas anteriormente mencionadas. A partir de ahora nos referiremos al resultado segmentado de forma automática como **A** y al segmentado de forma manual como **M**.

Si tenemos en cuenta que:

- ***TP*** (*True Positive*): Verdaderos positivos. Es el resultado de la intersección de A y M, de modo que se contabilizan aquellos píxeles en que ambas coindicen.
- ***TN*** (*True Negative*): Verdaderos negativos. Cuando ni en A ni en M hay segmentación.
- ***FP*** (*False Positive*): Falsos positivos. Cuando en A hay segmentación, pero en M no.
- ***FN*** (*False Negative*): Falsos negativos. Cuando en M hay segmentación, pero en A no.

En la figura 53 se muestra un esquema que representa gráficamente los conceptos anteriores.

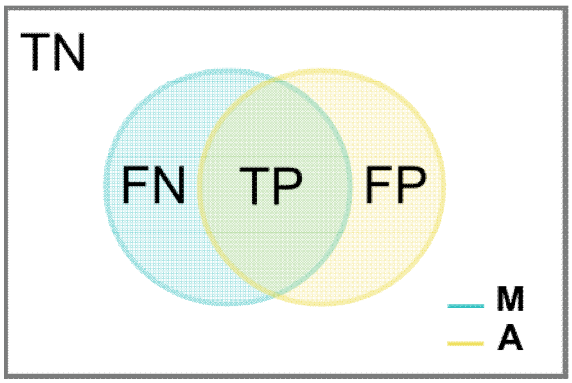


Figura 53: Términos de las ecuaciones de métricas empleadas en la evaluación

Entonces las diferentes medidas vienen definidas como sigue en las ecuaciones (15) (16) (17):

$$Sensibilidad = \frac{TP}{TP + FN} \quad (15)$$

$$Especificidad = \frac{TN}{TN + FP} \quad (16)$$

$$Precisión = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN} \quad (17)$$

Teniendo en cuenta lo anterior, podemos decir que:

- La *sensibilidad* mide la porción de las imágenes que han sido correctamente segmentadas (de las A respecto a las M).
- La *especificidad*, mide la cantidad de negativos que han sido correctamente detectados, es decir cuántos píxeles que no son vena han sido correctamente excluidos.
- La *precisión* indica el ratio de píxeles que han sido correctamente segmentados en todo el área.

En la sección 6.2, se exponen los resultados obtenidos con el procedimiento final implementado y que ha sido explicado en detalle en la sección 5.3. Por un lado, los resultados se exponen utilizando las métricas anteriormente descritas. Por otro lado, también se realiza una inspección visual de los resultados, de forma que se puedan ver los volúmenes en 3D finalmente obtenidos, y lo que es más importante, comparar los resultados (imágenes A) con las imágenes de referencia de *ground truth* (imágenes M).

6.1 Herramientas

Para llevar a cabo la implementación de la solución que se presenta en este trabajo, se han utilizado dos librerías muy conocidas en el ámbito del procesado de imagen médica: ITK y VTK.

ITK [88], cuyas siglas significan "*Insight Segmentation and Registration Toolkit*", y como su nombre indica, se trata de un conjunto de herramientas que proporcionan lo necesario para realizar tareas de análisis de imagen (segmentación y registrado) sobre imágenes médicas.

VTK [89], sin embargo, se refiere a "*Visualization Toolkit*" y proporciona las herramientas necesarias para la generación de gráficos en 3 dimensiones, el procesado de imagen y la visualización. VTK soporta una gran variedad de algoritmos de visualización y técnicas avanzadas de modelados.

Ambas librerías son iniciativas de código libre, por lo que no es necesario adquirir licencias para su utilización. Esto conlleva a que están soportadas por una gran comunidad, que se encarga tanto de mantenerlas como de dar soporte ante cualquier inconveniente que pueda aparecer durante su utilización. Además, ambas librerías incluyen un conjunto de ejemplos muy completo y elaborado, lo que facilita la curva de aprendizaje. Por otro lado, para utilizar ambas librerías conjuntamente, es necesario adquirir también un módulo denominado **ITKVTKGlue** [90].

La utilización de estas librerías no requiere instalación, pero en su lugar hay que compilarlas y asegurarse de que el sistema operativo conozca su ubicación. En este caso concreto, se han utilizado la herramienta **CMake** [91] y el compilador del Visual Studio 2010, que es el entorno de desarrollo elegido para implementar el proyecto. Además, el código ha sido desarrollado en C++, y los aspectos relativos a la interfaz gráfica usando MFC.

Además, como se indica en la sección 5.2, también se ha hecho uso de la librería **libSVM**[76], que proporciona las herramientas necesarias para la adopción de las máquinas vector soporte.

6.2 Análisis de resultados

En la presente sección, se muestran los resultados obtenidos con la solución finalmente propuesta en la fase 3 de desarrollo del procedimiento, y que se explica en detalle en la sección 5.3. Como se adelantaba en la introducción, los resultados se exponen de dos modos diferentes: cuantitativamente, en base a unas métricas definidas y cualitativamente mediante la comparación visual de los resultados obtenidos.

En esta sección de resultados se analizan **tres estudios** diferentes. El primer estudio analizado es el mismo que se ha utilizado durante el desarrollo del procedimiento para evaluar la evolución del mismo en las distintas fases, y las imágenes expuestas en la sección 5 pertenecen al mismo. Con el objetivo de poder comparar los resultados obtenidos en las fases previas con los del procedimiento final, se tiene en cuenta de nuevo en esta sección. De aquí en adelante, nos referiremos a este estudio como *Estudio Ejemplo*. Adicionalmente, es posible contar con dos estudios adicionales a los cuatro utilizados a lo largo del proyecto (y a partir de los cuales se obtuvieron las muestras empleadas para entrenar la SVM). Estos dos nuevos estudios se emplean únicamente para la evaluación de los resultados y validación del procedimiento, a los que nos referiremos como *Nuevo Estudio 1* y *Nuevo Estudio 2*. Llegados este punto, es importante mencionar que todos los resultados que se muestran en esta sección han sido obtenidos seleccionándose *una única semilla* para activar el mecanismo del método de crecimiento de regiones que es parte de la solución.

Teniendo en cuenta lo anterior, en la Tabla 11 se muestran los resultados evaluados con las **medidas** propuestas en las ecuaciones (15) a (17). Como se puede apreciar, en el peor de los casos se ha obtenido una sensibilidad del 65,81%, mientras que en el mejor caso ha llegado hasta el 79,10%. En el caso de la especificidad, en todos los casos se obtiene un valor superior al 99%, al igual que sucede al medir la precisión.

Tabla 11: Comparativa métricas sobre resultados obtenidos con el procedimiento final

	Estudio Ejemplo	***Nuevo Estudio 1***	***Nuevo Estudio 2***
Sensibilidad	65,81%	79,01%	68,26%
Especificidad	99,89%	99,10%	99,56%
Precisión	99,85%	99,07%	99,50%

Hay que tener en cuenta, que estos valores se obtienen tras comparar los resultados obtenidos con el procedimiento propuesto con los de la imagen segmentada manualmente correspondiente disponible en el proyecto. Dada la posibilidad, lo ideal hubiese sido poder comparar contra varias imágenes de referencia que hayan sido manualmente segmentadas (ya que como se ha comentado hay mucha subjetividad y variabilidad en el proceso[84]), pero no es el caso. Si así fuese, los resultados de sensibilidad podrían mejorar notablemente, porque del modo actual no se puede asegurar que la segmentación que se ha realizado de forma manual sea lo menos errónea posible. Por otro lado, en lo que se refiere a especificidad, los resultados pueden considerarse bastante

satisfactorios, ya que nos indica que la desviación no ha sido muy grande durante la segmentación. Lo mismo ocurre al medir la precisión, que nos indica que la segmentación no se ha desviado mucho respecto al área de interés.

En la Tabla 12, podemos ver también los valores que se obtienen para el *Estudio de Ejemplo* en las distintas fases del desarrollo del procedimiento desarrollado. Curiosamente el valor de sensibilidad es más alto en la Fase 1 que en la Fase 2, lo que seguramente se debe a que en la Fase 1 se realizada una operación de dilatación como parte del pre-procesado de la imagen, por lo que como resultado se obtenía una segmentación bastante tosca como se puede ver en la Figura 37. Esto implica, que como la segmentación ocupa más área, las variaciones que pueden existir entre la imagen de *ground truth* y la generada por el procedimiento son absorbidas. Por otro lado, se puede apreciar también que los cambios introducidos en el procedimiento final, implican una mejora notables sobre los resultados de segmentación.

Tabla 12: Comparativa métricas sobre Estudio de Ejemplos en las distintas fases de desarrollo

	Estudio Ejemplo (Fase 1)	***Estudio Ejemplo (Fase 2)***	***Estudio Ejemplo (Fase 3- Final)***
Sensibilidad	52,56%	49,77%	65,81%
Especificidad	90,90%	99,92%	99,89%
Precisión	99,84%	99,86%	99,85%

Considerando que de la forma anterior no se pueden obtener unos resultados de evaluación totalmente fiables, vamos a realizar una **inspección visual** de los resultados obtenidos. Comenzamos mostrando en detalle los resultados obtenidos para el *Estudio de Ejemplo*, de forma que puedan compararse con otros resultados mostrados a lo largo de la memoria. Además, cabe destacar que de todos los estudios utilizados en el proyecto, éste es el que mejor contraste y menos artefactos contiene de todos, con lo cual es el que más se acerca a unas condiciones ideales de adquisición de las imágenes. Después, se incluyen también algunas imágenes que permiten evaluar los resultados obtenidos para *Nuevo Estudio 1* y *Nuevo Estudio 2*.

Para que sea posible comparar los resultados, tal y como se ha venido haciendo a lo largo del documento, todas las imágenes se capturan bajo unas mismas premisas. Por un lado, cuando se muestran las venas superpuestas sobre las imágenes del plano trasversal, siempre se aplica el procesamiento sobre los mismos números de *corte*. Por otro lado, cuando se dispone de las imágenes sobre el volumen en 3D, siempre se realizan las capturas desde los mismos ángulos.

Comenzamos mostrando los resultados del Estudio de Ejemplo generados con el procedimiento finalmente propuesto en este proyecto. Por un lado, en la Figura 54 se muestran los resultados superpuestos sobre las *cortes* del plano transversal. La segmentación de las venas se visualiza en color azul, mientras que la segmentación del hígado calculada por el algoritmo empleado con tal fin se muestra en color verde. Por otro lado, en la Figura 55 se puede ver el volumen en 3 dimensiones generado a partir de la información 2D de las distintas *cortes* y planos del estudio.

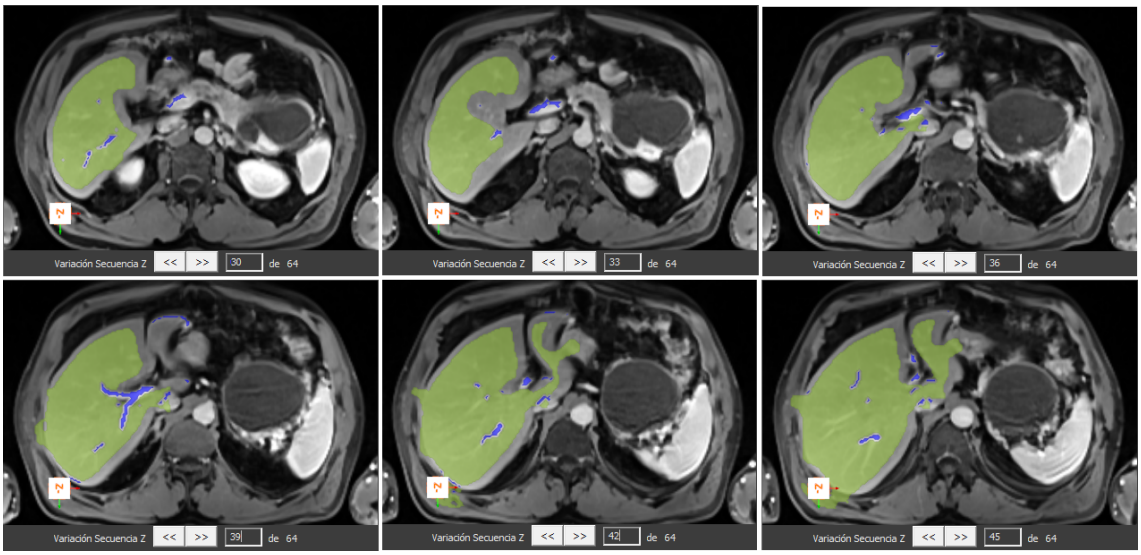


Figura 54: Resultados del procedimiento final sobre Estudio de Ejemplo, 1 semilla, superposición *cortes* plano transversal

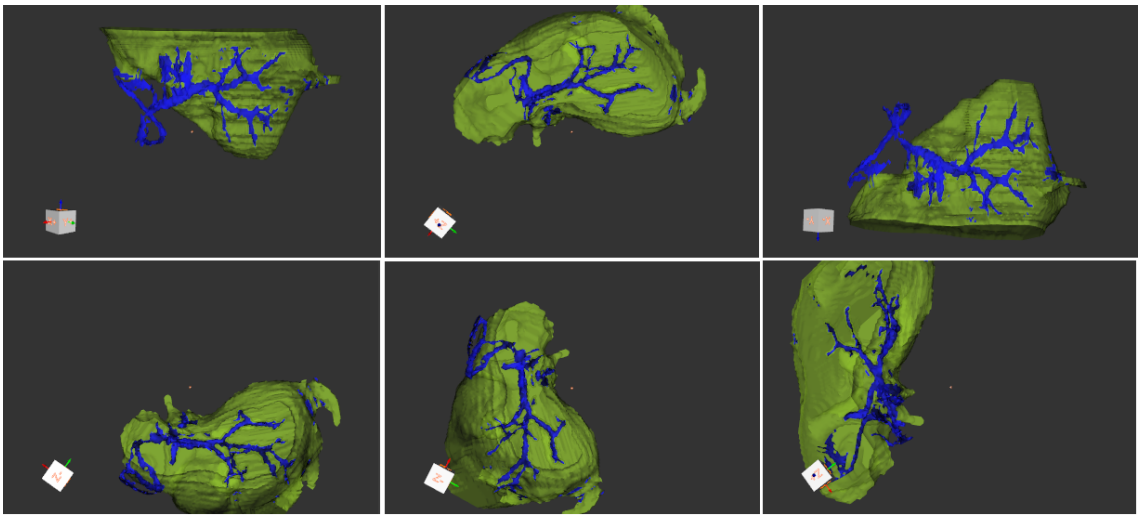


Figura 55: Resultados obtenidos por el procedimiento final sobre Estudio de Ejemplo, con una semilla en volumen 3D

Por otro lado, para poder comparar, en la Figura 56 se muestra el resultado de la segmentación manual sobre las *cortes* del plano transversal. Asimismo, en la Figura 57 se ve el volumen en 3D correspondiente. Si se compara el volumen resultante de la segmentación manual (Figura 57) con el resultante de la segmentación automática a través del procedimiento (Figura 55), se pueden apreciar notables diferencias. El árbol 3D generado de forma manual tiene menos continuidad que el segmentado de forma automática, como se puede ver en la vista que se muestra en la parte superior izquierda de la figura, donde algunas ramas parecen estar desconectadas del tronco principal del árbol de venas. También, el árbol 3D generado de forma automática resulta tener más nivel de detalle que el manual, ya que se aprecia claramente que tiene más ramificaciones. Teniendo en cuenta esto, se podría decir que la segmentación calculada por el procedimiento desarrollado resulta más precisa y mejor que la manual, sin embargo, esta situación no queda reflejada en las métricas calculadas anteriormente en la sección.

Los resultados del procedimiento final son significativamente mejores y se aprecian notables diferencias si se comparan con los obtenidos en fases anteriores del desarrollo (ver Figura 37 y Figura 49). En el volumen generado en 3D, se puede

observar como el árbol de venas resultante tiene mayor definición, aparecen nuevas ramificaciones y los límites de las existentes están mejor definidos. Asimismo, al utilizar la información de segmentación del hígado como parte del procedimiento, es posible ver la localización del árbol de venas dentro del órgano, lo que permite tener una referencia visual adicional a la hora de comprobar la validez de los resultados. De este modo, se puede apreciar cómo el árbol de venas está presente en gran parte del área del órgano, como se señala que debe ocurrir en la Figura 2 presentada al principio del documento.

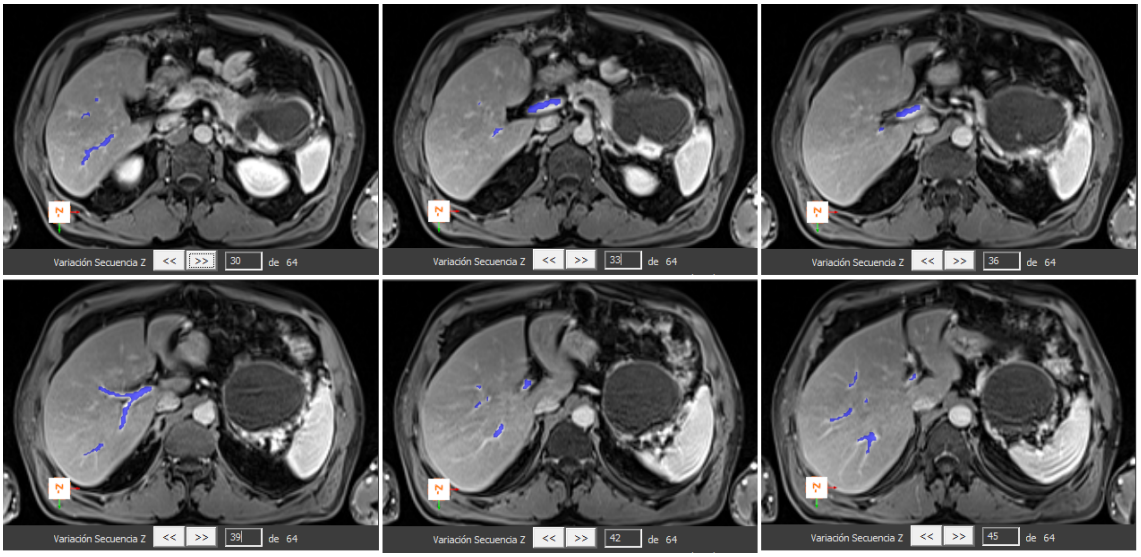


Figura 56: Resultados de la segmentación manual sobre Estudio de Ejemplo, una semilla, superposición *cortes* en el plano transversal

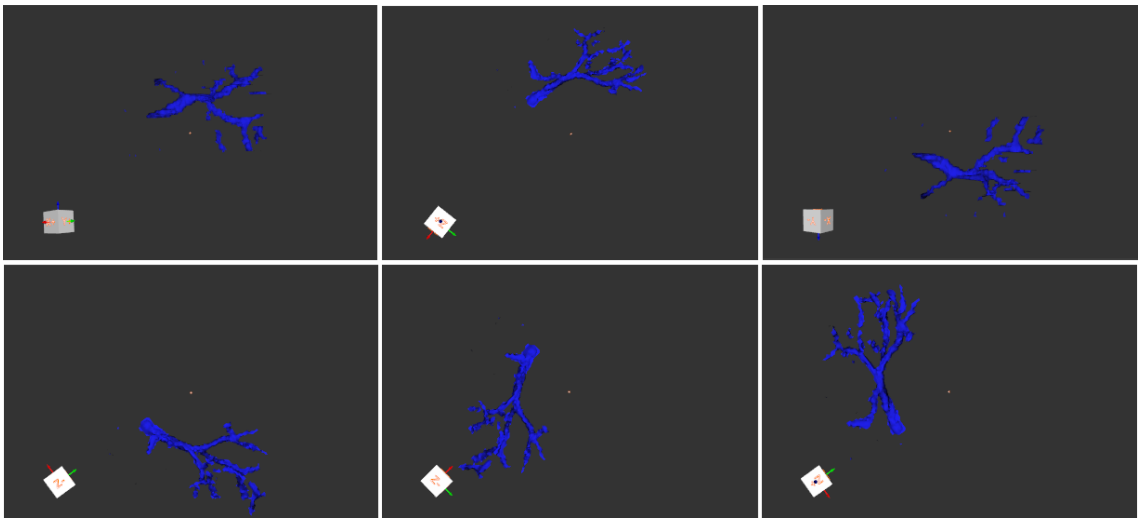


Figura 57: Resultados del procedimiento final sobre Estudio de Ejemplo, 1 semilla, volumen en 3D

Para facilitar aún más la comparación de los resultados obtenidos para el *Estudio de Ejemplo*, se añade adicionalmente la Figura 58. En la misma se pueden apreciar los cambios existentes entre diferentes *cortes* del estudio. En la parte izquierda de la figura se muestran extractos de la segmentación manual, mientras que en la parte derecha se muestran las correspondencias de la segmentación calculada con el procedimiento propuesto.

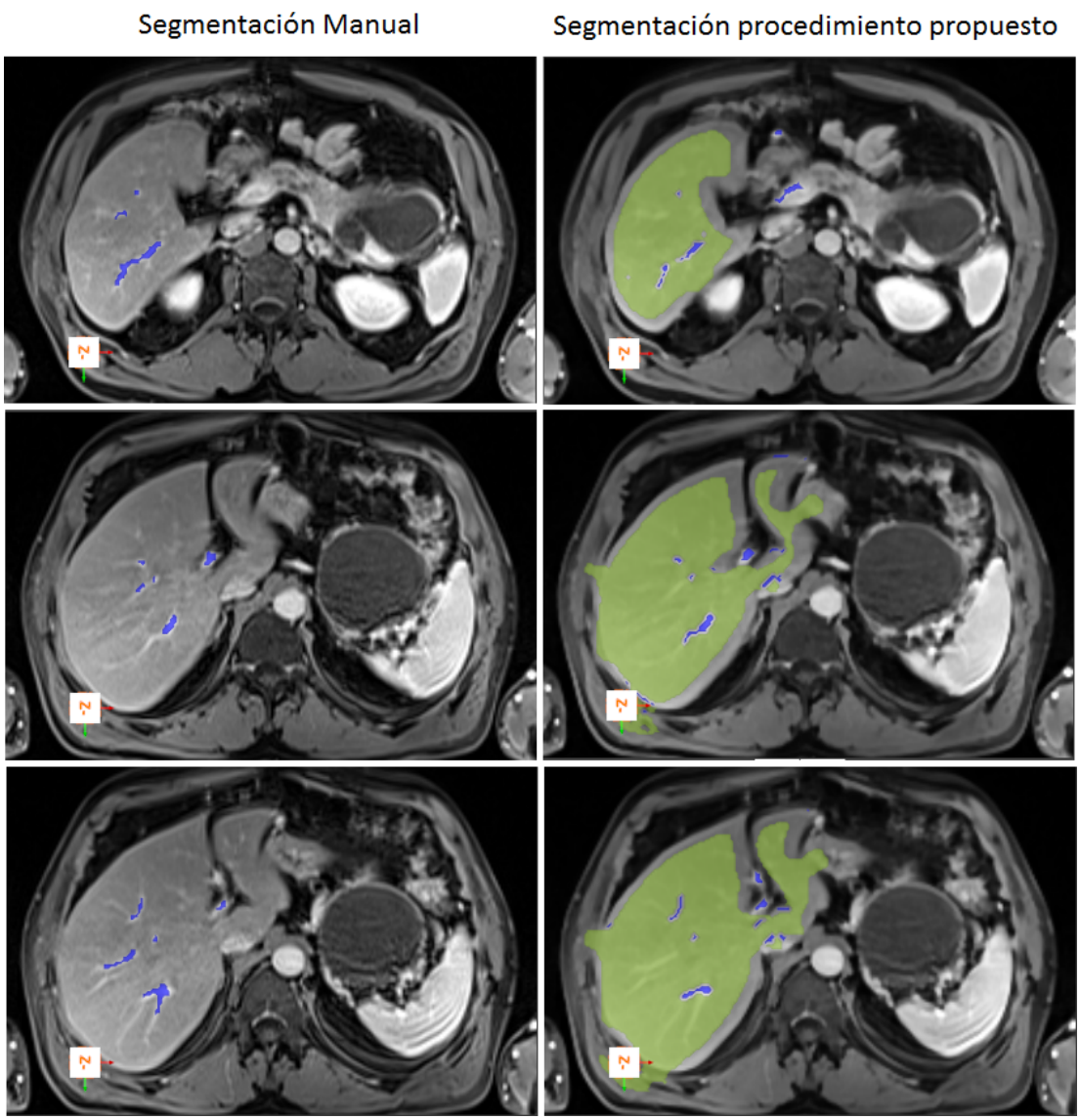


Figura 58: Comparativa de la Segmentación Manual vs la Segmentación del procedimiento sobre el Estudio de Ejemplo

Ahora pasamos a analizar visualmente los resultados obtenidos con Nuevo Estudio 1. En la Figura 59 se muestran los resultados del procedimiento superpuestos sobre las diferentes *cortes*, mientras que en la Figura 60 se muestra el volumen generado en 3D. De igual modo, en la Figura 61 se muestran los resultados demuestra la segmentación manual en las distintas *cortes* y en la Figura 62 el correspondiente volumen en 3D. En este caso la comparativa sobre el volumen en 3D resulta más complicada, ya que se ha producido una situación de sobre-segmentación en el árbol calculado de forma automática, aunque al igual que para el Estudio de Ejemplo también se observa que el árbol posee mayor definición.

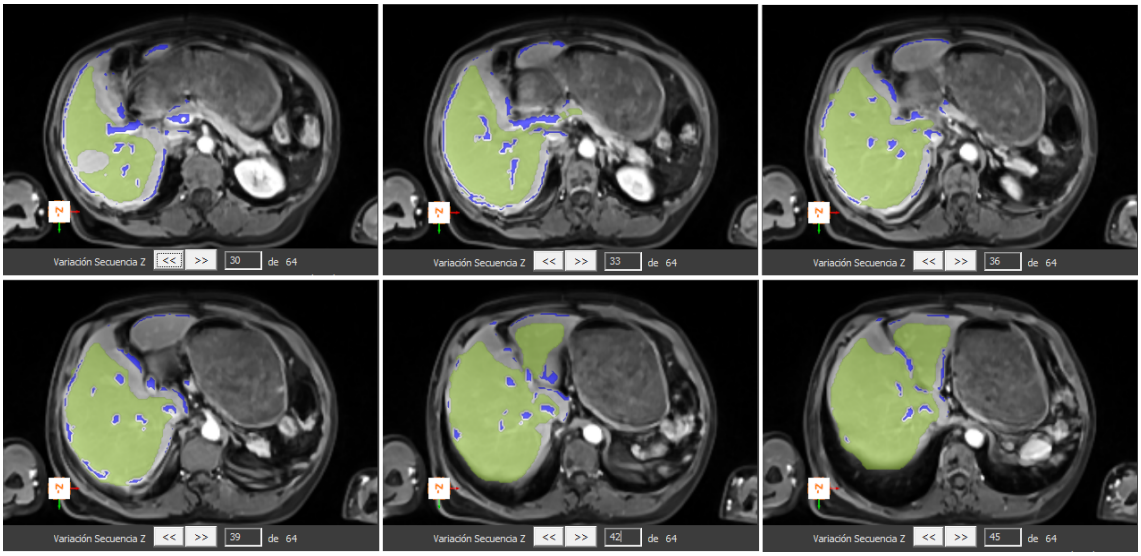


Figura 59: Resultados del procedimiento final sobre Nuevo Estudio 1, 1 semilla, superposición *cortes* plano transversal

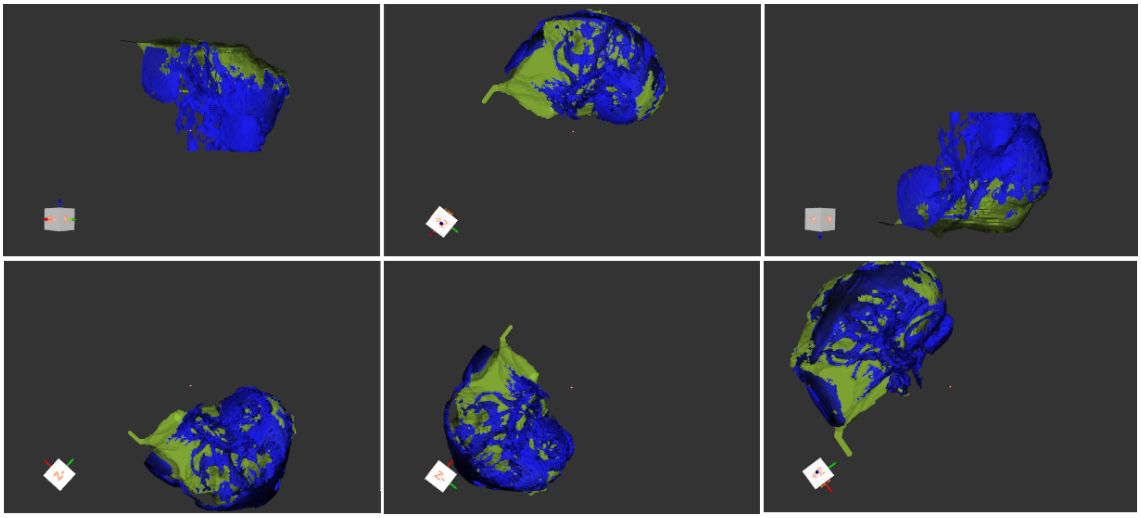


Figura 60: Resultados del procedimiento final sobre Nuevo estudio 1, 1 semilla, volumen en 3D

En este caso, las propias propiedades de la imagen han propiciado la situación de segmentación alrededor de los bordes del hígado. Sucede, que en gran parte de los *cortes* de la secuencia analizada, el hígado tienen un borde alrededor de un color significativamente más claro. Los píxeles de este borde, tienen un valor muy parecido a los píxeles de venas, produciéndose de nuevo la situación de solape de valores que ha dado problemas con anterioridad durante el desarrollo del procedimiento. Además, al tratarse de un borde muy marcado, también recuerda a una estructura tubular, y como resultado el clasificador confunde en algunos casos los píxeles del mismo con venas.

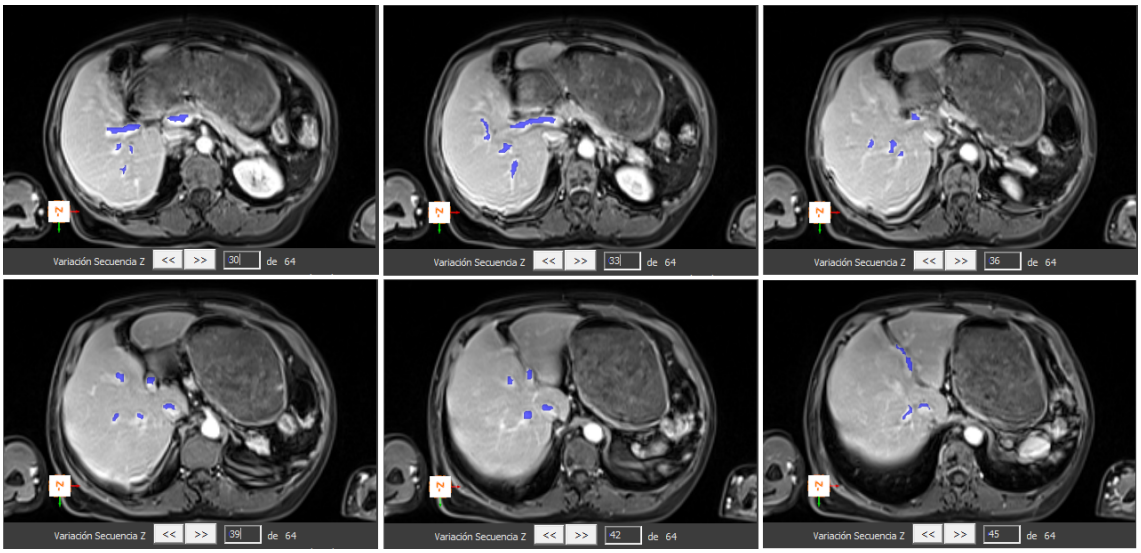


Figura 61: Resultados de la segmentación manual sobre Nuevo Estudio 1, 1 semilla, superposición *cortes* plano transversal

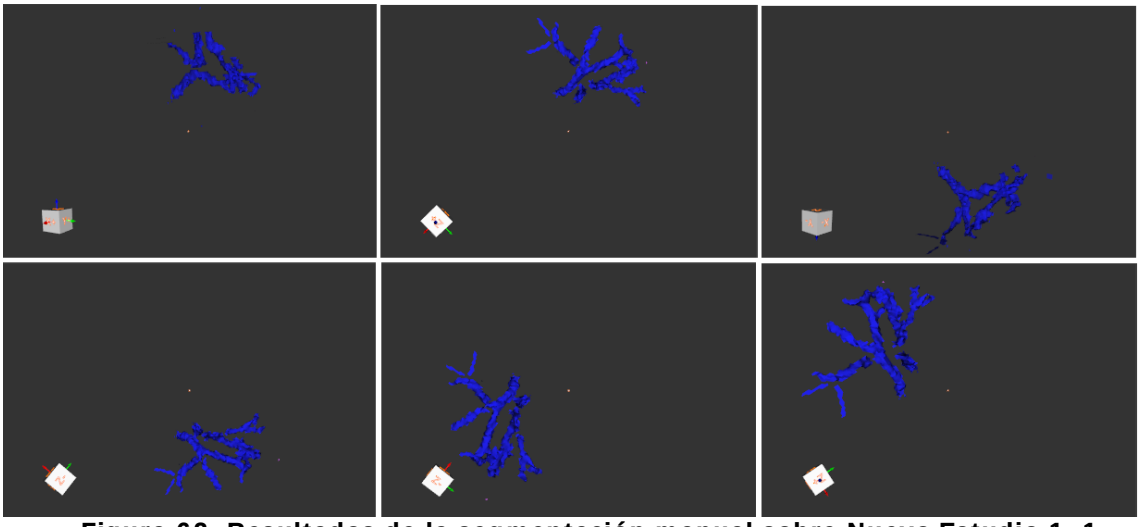


Figura 62: Resultados de la segmentación manual sobre Nuevo Estudio 1, 1 semilla, volumen en 3D

Por último, se muestran los resultados obtenidos para Nuevo Estudio 2. En la Figura 63 y la Figura 64 se muestran dichos resultados con el procedimiento propuesto, mientras que en la Figura 65 y la Figura 66 se muestran las correspondencias obtenidas con la segmentación manual. En este caso, aunque la sobre segmentación impide en parte la comparación, en un análisis detallado se pueden encontrar muchas similitudes entre ambos modelos. También se aprecia que en este caso la segmentación manual tiene mejor definición, algo que puede ser resultado de la práctica adquirida en las segmentaciones anteriores, pero que por otra parte es lógico.

A pesar de para este estudio las imágenes de los distintos *cortes* tienen ciertos artefactos, los resultados obtenidos son muy satisfactorios, ya que la segmentación obtenida como resultado es bastante precisa y muy similar a la segmentación realizada de forma manual. Se produce de nuevo una situación de sobre segmentación, pero en menor medida que para el caso de *Nuevo Estudio 1*. Además, en la sobre segmentación, lo que aparece como elemento adicional es la Vena Cava, que es fácilmente identificable, y por lo tanto el error es mucho menos preocupante que si se segmentasen otro tipo de elementos.

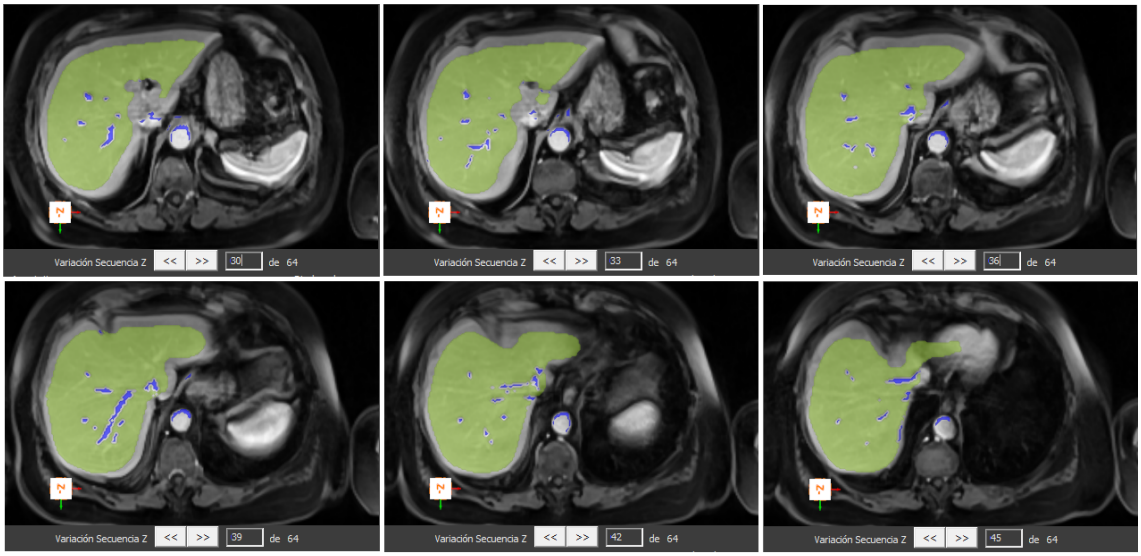


Figura 63: Resultados procedimiento final sobre Nuevo Estudio 2, 1 semilla, superposición *cortes* plano transversal

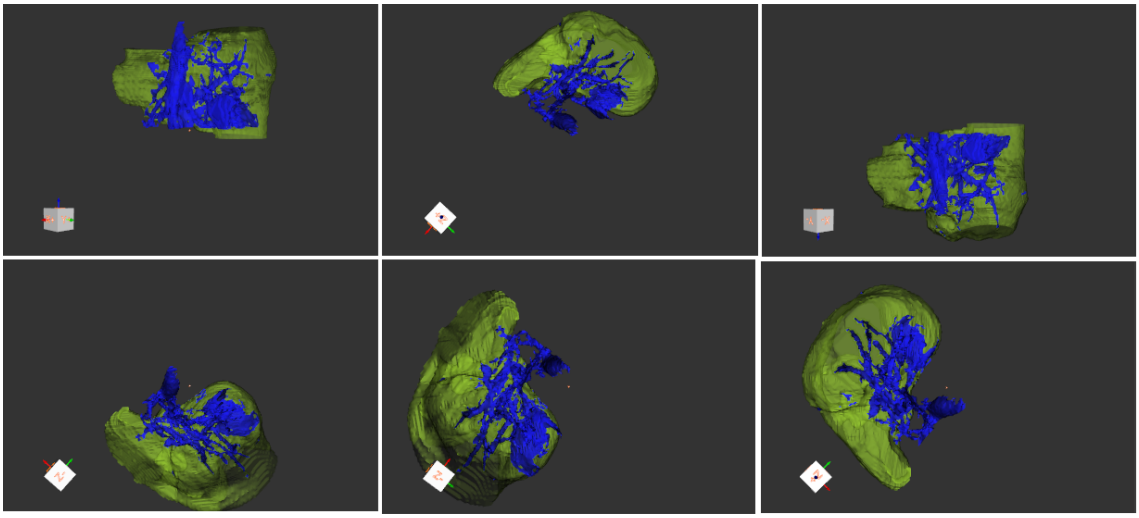


Figura 64: Resultados procedimiento final sobre Nuevo Estudio 2, 1 semilla, volumen en 3D

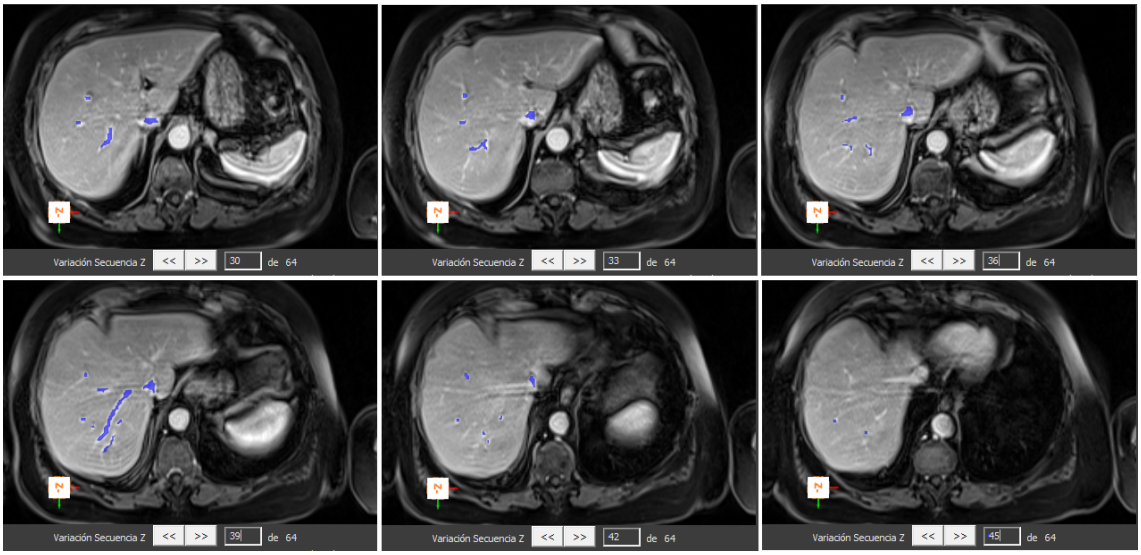


Figura 65: Resultados de la segmentación manual sobre Nuevo Estudio 2, 1 semilla, superposición *cortes* plano transversal

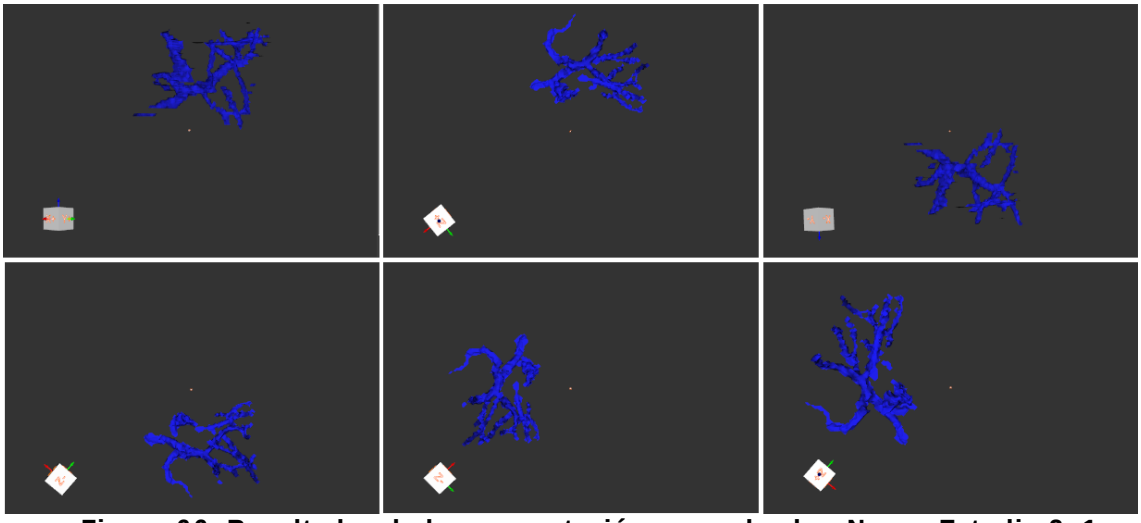


Figura 66: Resultados de la segmentación manual sobre Nuevo Estudio 2, 1 semilla, volumen en 3D

7. Intento fallido de mejora

En esta sección, se realiza un breve resumen de una prueba adicional que se ha realizado con el objetivo de tratar de mejorar los resultados de segmentación, pero que sin embargo no ha generado los resultados esperados.

Cuando se realiza la segmentación en imágenes que tienen poco contraste y existe solapamiento de valores, como las utilizadas en el análisis de resultados presentados, es común que muchas estructuras que realmente son irrelevantes aparezcan como parte de los resultados de segmentación. Por ello, es habitual realizar un **post-procesado** de la imagen con el objetivo de intentar mejorar los resultados obtenidos. Es una práctica común realizar **operaciones morfológicas** sobre los resultados de la segmentación con el objetivo de eliminar elementos que puedan interferir en los resultados, tales como pequeños errores en la segmentación o ruido de fondo, rellenar pequeños huecos o suavizar los elementos para que no resulten demasiado angulosos. Una de las prácticas más extendidas es la de aplicar operaciones de *Erosión* o *Dilatación* [43] eligiendo el elemento estructural apropiado. Como se ha explicado anteriormente, la operación de erosión supone una disminución del área de los objetos, mientras que la de dilatación resulta en un incremento de la misma. Ambas operaciones producen cambios importantes en las regiones más delgadas de los objetos, de modo que puede cambiar su perímetro y forma. También tienen influencia sobre los huecos existentes en las regiones, una operación de dilatación puede hacer que pequeños huecos desaparezcan mientras que la erosión los puede agrandar. Asimismo, cuando estas operaciones se combinan da lugar a lo que se conoce como *Apertura* y *Cierre*. La combinación de una operación de erosión seguida de una de dilatación se conoce como apertura, resultando ideal para la eliminación de ruido, ya que los bordes de los objetos son suavizados, aunque las formas de los mismos no siempre se mantienen respecto a la imagen de entrada. Por otro lado, cuando se combina una dilatación seguida de una erosión, se está realizando una operación de cierre. El cierre hace que también se suavicen los bordes, pero que además se rellenen las fisuras en los objetos.

En el proyecto que nos concierne, se ha intentado aplicar este tipo de operaciones con el objetivo de eliminar el ruido tras la segmentación después de aplicar el procedimiento propuesto y desarrollado en la fase 2 (explicado en la sección 5.2). Para ello se ha empleado un elemento estructural del tipo Ball, de tipo circular, ya que resulta el más indicado si se tiene en cuenta la forma tubular de las estructuras a segmentar. Como radio se eligió el mínimo valor posible, que resulta ser uno, para intentar que la operación sobre la imagen sea lo más agresiva posible. Los valores de tales parámetros Valores que se muestran en la Tabla 13.

Tabla 13: Parámetros aplicados en operación de Apertura en prueba fallida de post-procesado

Tipo de elemento Estructural	Ball
Radio	1

En concreto se ha realizado una operación de **apertura**, observándose que los resultados obtenidos distan mucho de lo esperado. Lo que realmente ocurre es que gran parte de las regiones obtenidas por la segmentación desaparecen, y como resultado se aprecian menos objetos y además no conectados entre sí. Esta situación puede verse claramente en la figura 67. Tras estudiar este comportamiento, se ha llegado a la conclusión que debido a que el tamaño de las imágenes es muy pequeño también lo es el resultado de la segmentación, y se ha detectado que en algunos casos las regiones segmentadas no poseen un ancho

mayor de 2 píxeles o a veces 1 píxel en las zonas más estrechas. Si tenemos en cuenta que el radio utilizado es de 1 (mínimo posible), es normal que hayan desaparecido de la segmentación muchos elementos relevantes en la misma. Esto significa que lamentablemente este tipo de post-procesado no es adecuado para las imágenes del proyecto, debido principalmente a la baja resolución espacial de las imágenes, que hace que determinadas regiones estén representadas por un número pequeño de píxeles. Este fenómeno no ocurriría en imágenes de mayor resolución espacial, por lo que su valoración se post-pone para imágenes de tales características.

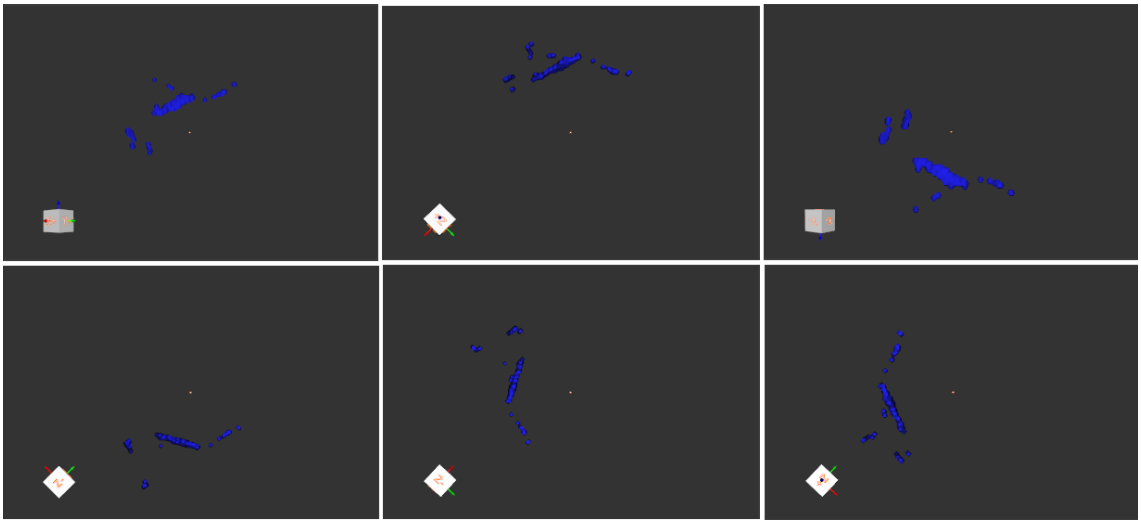


Figura 67: Volumen en 3D obtenido tras aplicar la operación de Apertura en prueba fallida de post-procesado

8. Conclusiones y trabajo futuro

En el presente proyecto, se propone una solución que tiene como objetivo segmentar las principales venas del hígado y representar el resultado un volumen en 3 dimensiones que reproduce el árbol de venas hepático. En la sección 5 se describen en detalle los pasos propuestos para la elaboración del mismo, en un proceso de desarrollo que se puede definir como incremental. Tras el estudio del estado del arte (sección 4), en una primera fase se propone un procedimiento sencillo basado en un método de crecimiento de regiones. Tras identificar la dificultad que supone la obtención de los valores de umbral adecuados para este método, en una segunda fase se propone incluir un clasificador como parte del procedimiento. Se añade como paso previo al crecimiento de regiones, de modo que se crea un mapa de probabilidades que indica la probabilidad de cada píxel de ser vena, y el crecimiento se realiza en base a un valor de probabilidad mínimo definido por el umbral inferior. Posteriormente, en la fase final, se incluyen mejoras sobre el procedimiento que permiten refinar la segmentación.

Inicialmente, antes de adoptar el clasificador SVM como parte de la solución, se consideró la utilización de *Modelos Gaussianos Mixtos* (GMM), al igual que se propone en[54] y[55]. Para poder elaborar esta aproximación, se requiere contar con una serie de imágenes donde hayan sido segmentadas de forma manual las clases que se quieren identificar, para luego extraer características de media y covarianza a partir de las mismas. El problema, es que en las fases iniciales del proyecto no existía la posibilidad de contar con un número suficiente de estas imágenes, por lo que se desestimó la utilización de los GMM. En su lugar, se optó por la utilización de las SVM como método de clasificación, ya que tras el estudio del estado del arte no se había identificado una propuesta similar para resolver el mismo problema, lo que aporta originalidad sobre la solución. Cuando se habla de usar clasificadores para la segmentación en imágenes médicas, lo normal es emplear redes neuronales[92] o algoritmos de lógica difusa[93].

Como se ha mencionado anteriormente, para el desarrollo de la investigación plasmada en el presente proyecto se ha contado con un conjunto relativamente reducido de Estudios. Las imágenes médicas se consideran información de carácter sensible y la legislación Española, a través de la ley de protección de datos, es muy estricta respecto a su utilización. Para poder disponer de estas imágenes se requiere la aprobación por parte de un comité ético, y la definición de un proceso por el cual se pueda obtener el consentimiento firmado por parte del paciente, lo que lleva tiempo. Por esta y otras razones, para el presente trabajo sólo solo se ha tenido finalmente la posibilidad de acceso a seis estudios, pertenecientes a diferentes casos clínicos. Durante la mayor parte del desarrollo en realidad sólo se ha dispuesto de cuatro de ellos, habiendo sido, en la etapa final cuando se ha podido acceder a dos adicionales para poder realizar la evaluación de los resultados. Esta razón, hace que sea complicado extraer conclusiones globales válidas con carácter más o menos universal sobre la solución, ya que al no poder validarla con un número suficiente de estudios, no se puede determinar que vaya a generar los mismos resultados. De cara al futuro, interesa poder contar con un número mayor de estudios, por un lado para poder extraer nuevas observaciones que alimenten al clasificador, y por otro lado para poder evaluar los resultados con mayor criterio de fiabilidad.

A continuación, se exponen las conclusiones obtenidas tras trabajar con las imágenes en las distintas fases de desarrollo de la solución. Se comentan los problemas encontrados en cada una de las mismas, cómo se han solventado, en su caso, y qué puntos de mejora quedan abiertos tras analizar los resultados del procedimiento finalmente propuesto y presentados en la sección 6. Asimismo, por

último, pero no menos importante, se indican algunas líneas de trabajo futuras, tanto de mejoras de la solución propuesta que no han podido ser desarrolladas durante el curso del presente proyecto, como opciones de mejora de post-procesado o los pasos a dar una vez se ha obtenido la segmentación.

8.1 Conclusiones resultados

Durante la elaboración de este proyecto, se han podido aprender muchas cosas sobre lo que implica trabajar con **imágenes** de **carácter médico**, y en especial las de RM de la zona abdominal. En la sección 4.1 se explican en detalle las peculiaridades de este tipo de imágenes, que hacen que resulte difícil proponer soluciones de segmentación genéricas válidas para todas las imágenes de este tipo. Normalmente, las soluciones que se proponen en la literatura son específicas para un conjunto de imágenes que han sido adquiridas bajo unas condiciones concretas, por lo que no se puede asegurar que sigan funcionando si alguna de las mismas cambia. Las tareas de segmentación se ven dificultadas debido a una serie de problemas que van asociados a este tipo de imágenes. Por otra parte, es normal que este tipo de imágenes contengan ruido u otro tipo de artefactos asociados al proceso de adquisición debido a la existencia de campos magnéticos potentes. Sin embargo, también aparecen generalmente otro tipo de problemáticas, como es la ausencia de registro entre las imágenes, o la falta de homogeneidad y solape de los valores de la imagen. Además, en el conjunto de imágenes disponibles en el proyecto, también se ha podido observar, que por lo general, existe hay muy poco contraste de intensidad entre las venas y el hígado, ya que durante la adquisición no se ha empleado ningún agente de contraste químico como es común en otros tipos de imagen (por ejemplo TC). Unas imágenes contienen más saturación que otras, pero el contraste no varía. Además de lo anterior, las imágenes del proyecto también poseen relativamente baja resolución espacial (160 filas y 256 columnas) de modo que las estructuras a segmentar son muy pequeñas.

Tras realizar el estudio de las técnicas relativas al estado del arte y analizar algunas de las mismas en la sección 4.2 se ha podido determinar la problemática inherente a las imágenes con mayor detalle y comprobar los **problemas** existentes en las mismas que se confirman durante el desarrollo del procedimiento propuesto. Tras este análisis, se llega a varios tipos de conclusiones. Por un lado, se demuestra que es muy difícil definir valores de umbral adecuados, y en concreto cuando el umbral trata de separar entre los elementos que son hígado de los que son vena. Lo que sucede, es que los límites entre ambos elementos en las imágenes son muy difusos debido al solape de valores existentes dentro de una misma imagen, y en especial entre imágenes consecutivas. En el caso de que para una imagen se puedan establecer unos valores de umbral adecuados, resulta que éstos no resultan válidos en otra imagen y así sucesivamente. Por otro lado, tras realizar una serie de pruebas preliminares, queda patente que las partes centrales de las venas principales pueden ser segmentadas razonablemente, pero no sucede lo mismo con los bordes, ya que por lo general los límites no están bien definidos debido a la falta de homogeneidad en las imágenes. Lo mismo ocurre para las venas más finas, ya que carecen de cualquier tipo de borde y donde la falta de homogeneidad y el solape de valores afectan gravemente. Todo lo anterior, hace pensar que es necesario llegar a un compromiso entre la calidad de los resultados y el alcance que deben tener éstos cuando se genere el árbol de venas hepático en 3 dimensiones. Se debe pensar si lo que se quiere como resultado es un volumen lo más exacto posible de las principales venas del hígado, o si por el contrario se quiere obtener un volumen completo de estas venas y todas sus ramificaciones, en cuyo caso es necesario estudiar nuevos algoritmos y realizar un pre-procesado y post-procesado complejo que asegure unos resultados válidos. En la mayoría de los

casos es suficiente con lo primero para poder dividir el hígado en los 8 segmentos principales definidos por Couinaud, modelo que se utiliza como referencia durante las intervenciones quirúrgicas.

En la **primera fase** de desarrollo en busca de la solución (sección 5.1), se propone un método basado en el crecimiento de regiones, que trata de definir los umbrales para la segmentación de forma adaptativa, de modo que cambien por cada una de las imágenes (*cortes*) que se analizan en un estudio, adaptándose a las características intrínsecas de cada imagen en concreto. Antes de comenzar, se realiza un filtrado anisotrópico de la imagen que permite eliminar ruido y homogeneizar la imagen preservando los bordes, pero sólo se puede aplicar un número determinado de iteraciones antes de que la imagen se vea afectada, por lo que la mayor parte de problemas existentes en la misma siguen estando presentes. Tras extraer los resultados, se constata que la buena segmentación depende de la definición de unos valores de umbral adecuados, y en especial del umbral inferior, ya que es el que debe separar los píxeles que son vena de los que son hígado. El procedimiento propuesto en esta fase sirve para segmentar el tronco central del árbol de venas y el inicio de algunas ramificaciones, pero sin detalle (ver Figura 36 y Figura 37). Si se intentan refinar los resultados de segmentación definiendo nuevas semillas, depende de dónde se seleccionen éstas, se corre el riesgo de que la segmentación se vea totalmente perjudicada y que se propague sin control a lo largo de toda la imagen (ver Figura 39 y Figura 40), de forma que quedan patentes las carencias del algoritmo. Para solventarlo se han tratado de definir umbrales de forma adaptativa empleando otras ideas, pero en ninguno de los casos ha resultado exitoso. También se han tratado de aplicar técnicas extra de pre-procesado de imagen para preparar las imágenes como paso previo a la segmentación, si bien no se han obtenido resultados significativos al respecto.

Tras realizar modificaciones en la **segunda fase** de desarrollo (sección 5.2), se pueden observar mejoras significativas en los resultados. Esto se debe gracias a la inclusión de un clasificador como parte del procedimiento, con el que se han analizado características de la imagen no sólo relacionadas con los valores de la intensidad de los píxeles, sino que se estudian las texturas en el área que los rodea y las direcciones de las venas. Usando el clasificador, se crea un mapa de probabilidades que se usa como entrada en el método de crecimiento de regiones, Como resultado del procedimiento, se obtiene un árbol de venas más refinado que en la fase anterior y donde se pueden apreciar nuevas ramificaciones (ver Figura 48 y Figura 49), que tiene en general mayor nivel detalle. No obstante, se sigue confirmando que la definición del umbral mínimo sigue teniendo un papel muy importante en la segmentación. Un valor estricto supone que sólo se segmenten las partes centrales de las venas principales. Por el contrario, un valor menos estricto permite obtener mayor definición y exactitud de las venas, pero surgen nuevos problemas en la segmentación, especialmente en los bordes del hígado donde se identifican como venas elementos que realmente no lo son, pero que tienen características de niveles de intensidad parecidas.

Finalmente, en la **fase final** del desarrollo (sección 5.3), se presenta la **solución** finalmente **propuesta**, que trata de solventar el nuevo problema que ha surgido en la fase anterior. Para ello, se han incluido los datos de segmentación del hígado, de forma que se pueda delimitar el órgano y evitar la sobre segmentación que se produce en algunos casos en los bordes del mismo. El objetivo, es que el método de crecimiento de regiones sólo funcione dentro del área del hígado. De esta forma, es posible seleccionar valores de umbral menos estrictos y que la segmentación sea más precisa. Sin embargo, la utilización de los datos de hígado tiene un inconveniente, y es que la segmentación no identifica como parte del órgano la parte del hígado donde se sitúa la entrada de las venas porta y hepática (ver Figura 2). Esto implica que sea necesario realizar ajustes sobre el método de

crecimiento de regiones para que esta información no se pierda, ya que de lo contario el árbol de venas queda incompleto en su parte central (ver Figura 52). En la Figura 54 y en la Figura 55 se pueden identificar las consecuencias que tienen estas nuevas mejoras sobre la segmentación final, observándose en el volumen 3D, que el árbol es mucho más completo que en las fases anteriores, obteniéndose como resultado una segmentación con resultados suficientemente satisfactorios.

A pesar de todos los esfuerzos para mejorar los resultados de la segmentación, siguen apareciendo algunas situaciones de sobre-segmentación en los resultados del procedimiento final (ver Figura 59, Figura 60, Figura 63 y Figura 64), que dependiendo de las características de las imágenes resulta mayor o menor. Con el objetivo de intentar mejorar los resultados y eliminar los elementos indeseados, se ha realizado un post-procesado de la imagen realizando una operación morfológica de apertura. Debido a la baja resolución espacial de las imágenes, y que como resultado los elementos segmentados tienen dimensiones en píxeles muy pequeñas, esta operación resulta muy agresiva (ver Figura 67), ya que desaparecen gran parte de los elementos que han sido segmentados correctamente. Teniendo en cuenta lo anterior, para poder refinar los resultados es necesario explorar nuevas técnicas de post-procesado. El análisis de grafos es un buen candidato, ya que se pueden definir los requisitos que deben cumplir las distintas ramas del árbol para ser consideradas como válidas. Esta y otras técnicas de mejora se mencionan en detalle en la siguiente sección relativa a la propuesta de trabajo futuro.

Por último, mencionar que las métricas aplicadas sobre los resultados, permiten determinar cuantitativamente los resultados de la segmentación, si bien no se trata del único mecanismo que debe tenerse en cuenta durante la evaluación, ya que se utilizan como referencia estudios que han sido segmentados de forma manual por expertos, con el consecuente margen de error que se produce en estos casos, además de la experiencia que también queda reflejada en la segmentación manual. Por tanto, a través de la exploración visual de los resultados, se puede determinar que, en la mayoría de los casos, la segmentación resulta con un grado de precisión razonable, ya que no sólo aparecen las ramas principales del árbol, sino también ramificaciones más finas. Si se comparan las imágenes segmentadas de forma manual (Figura 56 y Figura 57) con las generadas por la solución planteada (Figura 54 y Figura 55) se puede comprobar que el método propuesto es capaz de detectar límites y cambios en las imágenes que para el ojo humano resultan muchas veces imperceptibles, que es una de las principales ventajas de los métodos de segmentación automática.

8.2 Trabajo futuro

Para comenzar, una línea en la que se quiere seguir trabajando y que no ha sido posible debido a las restricciones de tiempo durante la elaboración del proyecto, es la de **mejorar** en la medida de lo posible el método de **crecimiento de regiones**. Para ello, se pretende trabajar en dos direcciones complementarias: incorporar nuevas características al clasificador SVM y elaborar un método de crecimiento de regiones propio.

Por una parte, se desea identificar **nuevas características** que permitan mejorar los resultados en varios sentidos. Actualmente, se consigue segmentar correctamente la parte central de las venas principales del hígado, sin embargo, las características extraídas han demostrado tener ciertas carencias. Uno de los problemas que surge, es que en algunas imágenes el hígado contiene una especie de borde alrededor, y los píxeles del mismo se confunden a menudo con los de las

venas, ya que también se encuentran dentro de una estructura que se puede definir como tubular. Otro problema, es que las venas que tienen menor contraste o que son ramificaciones de las principales y por tanto más estrechas, no se identifican correctamente. Por tanto, el objetivo es identificar nuevas características que puedan paliar estos problemas. Durante el transcurso del proyecto, ya se ha intentado paliar el segundo problema añadiendo nuevas características a las ya existentes. En concreto, extrayendo características no sólo en un área de 5x5x5 (como se ilustra en la Figura 44) sino también en un área menor de 3x3x3 con el objetivo de poder identificar las venas más estrechas. Como resultado, se conseguían segmentar algunas venas mejor que con los planteamientos anteriores, pero sin embargo el primer problema se veía severamente magnificado, por lo que se abandonó esa línea de trabajo. No obstante, de cara al futuro, se pretende estudiar en detalle varias ideas que no sólo afecten a las características, sino también al clasificador en general. Una posibilidad es la de incluir nuevas clases en el clasificador, de modo que se pueda distinguir entre vena normal o vena estrecha. Otra posibilidad, es entrenarlo con nuevas observaciones de la clase hígado que pertenezcan a píxeles de los bordes para comprobar si es posible distinguirlos correctamente de la venas.

Por otra parte, también resulta interesante la idea de **definir** un **método** de crecimiento de regiones **propio** (como se ha visto en[66]). De esta forma, se pretende tener mayor control sobre el modo en que nuevos píxeles son incluidos como parte de la región. Así, una idea es la de extender el vecindario de análisis en la dirección que se considera que se está produciendo el crecimiento, de modo que si las imágenes tienen algún tipo de discontinuidad, ésta se evite y se rellenen huecos en el volumen en 3D generado. Igualmente, también interesa extender el método de modo que se pueda dar un tratamiento diferente a los píxeles que se encuentran dentro del área del hígado respecto a los que se sitúan fuera del mismo para evitar en la medida de lo posible situaciones de sobre-segmentación que requieren la utilización de métodos de refinamiento.

En lo que se refiere a técnicas de **post-procesado** para mejorar los resultados de la segmentación, el análisis de los métodos del estado del arte en la sección 4.3 ha permitido identificar una serie de métodos interesantes que no han podido ser probados durante el desarrollo del proyecto pero que sin embargo podrían reportar notables mejoras. En concreto, de cara al futuro se quiere probar a convertir los resultados de la segmentación en una *representación abstracta en forma de grafo* de forma que se puedan analizar las características del mismo y depurar los resultados. Por ejemplo, en[51], se crea un grafo por cada uno de los elementos que no están conectados después del proceso de la segmentación. Cada árbol de grafo está compuesto por una raíz, nodos y aristas y una de sus principales características es el volumen. Entonces se establece que si alguno de los grafos tiene un volumen inferior a un valor establecido se elimina, de modo que desaparecen elementos no conectados que no deberían formar parte de la segmentación. Por otro lado, se mide la longitud de las aristas (que en el árbol son las ramas) y de nuevo se eliminan aquellas que no tengan una longitud mínima, lo que evita que la segmentación contenga ramas que no son relevantes. Esta aproximación resulta muy interesante a la hora de refinar la segmentación y permite eliminar aquellos elementos sobrantes que aparecen a menudo tras la segmentación. Habría que analizar las características del grafo creado y aplicar ciertas métricas y, a partir de entonces, definir las restricciones que son adecuadas para las imágenes a segmentar.

Por otro lado, tras realizar la segmentación, el siguiente paso que se quiere realizar es el de **asignar** a las diferentes ramas del árbol segmentado su pertenencia a los diferentes tipos de **venas** que confluyen dentro del hígado. En concreto se trata de identificar cual es la vena hepática y cuál es la vena porta, y

etiquetar sus ramificaciones para poder dividir el hígado en los ocho segmentos definidos por Couinaud. En este sentido, hay dos tipos de aproximaciones, las que realizan el proceso de forma semi-automática (y que requieren cierta inicialización), y las que tratan de hacerlo de forma completamente automática. A continuación se mencionan aquellas técnicas que quieren ser estudiadas en más detalle para comprobar si podrían resultar válidas teniendo en cuenta las características de las imágenes utilizadas.

- *Etiquetado*. Esta línea es la más sencilla, y consiste en que en una o varias *cortes* del estudio se etiqueten las venas para determinar si son de tipo hepático o porta. A partir en esto, se puede utilizar algún algoritmo que permita propagar estas etiquetas a lo largo de la segmentación, y así poder separar las venas principales del hígado.
  Esta opción resulta interesante porque es fácil de implementar y reporta resultados fiables, sin embargo requiere la interacción de un experto clínico, lo que no es siempre viable. De todos modos, resulta una muy buena opción en caso de que el personal clínico quiera supervisar los resultados del procesado.
- *Análisis del grafo y clasificación.* Siguiendo con la opción de la representación en forma de grafo anteriormente expuesta, se puede profundizar en su análisis para realizar la asignación de las venas. Cuando se realiza este tipo de representación es común utilizar medidas geométricas sobre las ramas, cómo es el radio que determina la amplitud de los nodos y la longitud, y la identificación de patrones en las ramificaciones para poder determinar cuáles son las secciones de las principales venas. Una vez se tienen el grafo, generalmente se procede a obtener un esqueleto del mismo en un paso que se conoce como "*skeletonization*", y que se refina siguiendo un proceso de adelgazamiento conocido como "*thinning*". Durante este proceso de creación del esqueleto es importante que el paso de thinning sea capaz de mantener la topología de la estructura original, que la erosión se realice de forma simétrica y que el ruido no genere nuevas ramas no relevantes, ya que el esqueleto restante es el que se analiza en detalle en los siguientes pasos. Una vez obtenido el esqueleto, se pueden encontrar distintas formas de realizar la asignación de las venas y posterior partición del hígado en los segmentos relevantes[50][94] [56] que merecen ser estudiadas en detalle.
  Esta aproximación es la que resulta más interesante, ya que daría lugar a profundizar en el estudio del grafo y esqueleto de la segmentación. Sin embargo, el paso final de clasificación de venas tendría que estudiarse en más detalle para considerar las peculiaridades de las imágenes a analizar y asegurarse que la asignación se realiza de forma efectiva. En este sentido, es importante que personal clínico experto valores los resultados obtenidos para poder realizar las correcciones oportunas.
- En el caso de que con las aproximaciones anteriores no se llegase a resultados satisfactorios, otras aproximaciones tales como las propuestas en[54][55] se pueden considerar en más detalle.

Finalmente, una línea que no se ha tenido oportunidad de explorar pero que resulta muy interesante, es la de aplicar algoritmos basados en el concepto de **super-resolución** como parte del **pre-procesado** para mejorar la calidad de las imágenes, minimizar los artefactos y lo que es más importante, mejorar el contraste entre las venas y el hígado. La super-resolución [95] es una técnica que utiliza movimiento además de imágenes de baja resolución espacial, de forma que en el caso que nos ocupa dicho movimiento sería aportado por la secuencia de planos de imagen que se obtienen, que ya son de baja resolución.

9. Bibliografía

[1] C. Couinaud, Le Foie: Études anatomiques et chirurgicales [The Liver: Anatomical and Surgical Studies], 1957.

[2] «Estándar DICOM,» [En línea]. Available: http://dicom.nema.org/. [Último acceso: Junio 2014].

[3] «Microdicom Software,» [En línea]. Available: http://www.microdicom.com/ . [Último acceso: Junio 2014].

[4] «Creación de modelo 3D del corazón para preparación de cirugía,» [En línea]. Available: http://louisville.edu/uofltoday/campus-news/3d-model-of-child2019s-heart-helps-surgeons-save-life.

[5] «Creación modelo 3D del hígado para planificación de cirugía,» [En línea]. Available: http://www.livescience.com/43922-3d-printed-livers-guide-surgery.html. [Último acceso: Julio 2014].

[6] [En línea]. Available: http://www.rtve.es/noticias/20140702/tumor-impreso-3d-ayuda-planificar-compleja-operacion-nino-cinco-anos/965622.shtml. [Último acceso: 15 Julio 2014].

[7] R. C. Gonzalez y R. E. Woods, «Thresholding,» de *In Digital Image Processing*, Pearson Education, 2002, p. 595–611.

[8] E. Jaynes, «Information Theory and Statistical Mechanics,» *Physical Review,* vol. 106, pp. 620-630, 1957.

[9] 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.

[10] J. B. MacQueen, «Some Methods for classification and Analysis of Multivariate Observations,» *Proceedings of 5th Berkeley Symposium on Mathematical Statistics and Probability,* p. 281–297, 1967.

[11] P. J. Rousseeuw y L. Kaufman, Finding Groups in Data: An Introduction to Cluster Analysis, Wiley, 1990.

[12] R. Ohlander, K. Price y D. R. Reddy, «Picture Segmentation Using a Recursive Region Splitting Method,» *Computer Graphics and Image Processing,* vol. 8 (3), p. 313–333.

[13] M. Yang, «A Survey of Fuzzy Clustering,» *Mathl. Comput. Modelling ,* vol. 18, nº 11, pp. 1-16, 1993.

[14] D. Reynolds, «A Gaussian Mixture Modeling Approach to Text-Independent Speaker Identification,» *PhD thesis, Georgia Institute of Technology,* 1992.

[15] J. Bentley, «Multidimensional binary search trees used for associative searching,» *Communications of the ACM,* vol. 18, nº 9, p. 509, 1975.

[16] J. Canny, «A computational approach to edge detection,» *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence,* vol. 8, pp. 679-714, 1986.

[17] J. Prewitt, «Object Enhancement and Extraction,» *Picture processing and Psychopictorics, Academinc Press,* 1970.

[18] I. Sobel y G. Feldman, «A 3x3 Isotropic Gradient Operator for Image Processing,» de *Stanford Artificial Intelligence Project (SAIL)*, 1968.

[19] C. Harris y M. Stephens, «A combined corner and edge detector,» de *Proceedings of the 4th Alvey Vision Conference, pp. 147–151*, 1988.

[20] H. Feichtinger y T. Strohmer, Gabor Analysis and Algorithms, Birkhäuser, 1998.

[21] R. Kirsch, «Computer determination of the constituent structure of

biological images,» *Computers and Biomedical Research,* vol. 4, p. 315–328, 1971.

[22] N. Sharma y A. Ray, «Computer aided segmentation of medical images based on hybridized approach of edge and region based techniques,» *Proc. of Int. Conf. on Mathematical Biology'. Mathematical Biology recent trends by ANAMAYA Publishers ,* pp. 150-155, 2006.

[23] R. Haralick, K. Shanmugan y I. Dinstein, «Textural features for image classification,» *IEEE Trans Syst Man Cybern,* vol. 3, nº 610-622, 1973.

[24] N. Sharma, A. Ray, S. Sharma, K. Shukla, S. Pradhan y L. Aggarwal, «Segmentation and classification of medical images using texture-primitive features: Application of BAM-type artificial neural network,» *J Med Physics,* vol. 33, nº 119-126, 2008.

[25] L. Tesar, A. Shimizu, D. Smutek, H. Kobatake y S. Nawano, « Medical image analysis of 3D CT images based on extension of Haralick texture features,» *Comput Med Imaging Graphics,* vol. 32, nº 513-520, 2008.

[26] Z. Wang, A. Gierriero y M. Sario, «Comparison of several approaches for segmentation of texture images,» *Pattern Recog Lett.,* vol. 17, nº 509-521, 1996.

[27] D. Gabor, «Theory of Communication,» *Journal of Institute for Electrical Engineering,* Vols. %1 de %293, part III, nº 26, pp. 429-457, 1946.

[28] R. Adams y L. Bischof, «Seeded Region Growing,» *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Intelligence,* vol. 16, nº 6, pp. 641-647, 1994.

[29] W. Hongzhi, W. Jung, R. Sandhitsu, J. Pluta, C. Craige y P. Yushkevich, «Multi-Atlas Segmentation with Joint Label Fusion,» *IEEE Trans Pattern Anal Mach Intell. Author manuscript; available in PMC 2013 December 22. Published in final edited form as: IEEE Trans Pattern Anal Mach Intell.2012 June 22.*

[30] V. Caselles, R. Kimmel y G. Sapiro, «Geodesic active contours,» *In ICCV,* nº 694-699, 1995.

[31] T. Chan y L. Vese, «Active contours without edges,» *IEEE transactions in Image Processing,* vol. 10, nº 266- 277, 2001.

[32] I. Cohen, L. Cohen y N. Ayache, «Using deformable surfaces to segment 3D images and infer differential structures,» *CVGIP: Image Understanding,* vol. 56, nº 2, p. 242–263, 1992.

[33] T. McInemey y D. Terzopoulos, «Topology adaptive deformable surfaces for medical image volume segmentation,» *IEEE Transactions on Medical Imaging,* vol. 18, nº 10, pp. 840-850, 1999.

[34] T. Cootes, C. Taylor, D. Cooper y J. Graham, «Active shape models - their training and application,» *Computer Vision and Image Understanding,* vol. 61, p. 38–59, 1995.

[35] T. Heimann, I. Wolf y H. Meinzer, «Active Shape Models for a Fully Automated 3D Segmentation of the Liver – An Evaluation on Clinical Data,» *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention – MICCAI 2006, Lecture Notes in Computer Science,* vol. 4191, pp. 41-48, 2006.

[36] G. Edwards, C. Taylor y T. Cootes, «Interpreting face images using active appearance models,» *Proceedings Third IEEE International Conference on Automatic Face and Gesture Recognition,* p. 300, 1998.

[37] T. Cootes, G. Edwards y C. Taylor, «Comparing Active Shape Models with Active Appearance Models,» *Proccedings of the British Machine Vision Conference,* pp. 173--182, 1999.

[38] S. Mitchell, B. Lelieveldt, R. van der Geest, H. Bosch, J. Reiver y M.

Sonka, «Multistage hybrid active appearance model matching: segmentation of left and right ventricles in cardiac MR images,» *IEEE Transactions on Medical Imaging,* vol. 20, nº 5, pp. 415,423, 2001.

[39] R. Malladi, J. Sethian y B. Vemuri, «Shape modeling with front propagation: A level set approach,» *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on ,* vol. 17, nº 2, pp. 158-175, 1995.

[40] S. Osher y N. Paragios, « Geometric Level Set Methods in Imaging Vision and Graphics,» *Springer Verlag,* 2003.

[41] Y. Chen, J. Zhang y J. Macione, «An improved level set method for brain MR image segmentation and bias correction,» *Comput Med Imaging Graphics,* vol. 33, p. 510–519, 2009.

[42] L. Zhukov, K. Museth, D. Breen, R. Whitaker y A. Barr, «Level set modeling and segmentation of dt-MRT brain data,» *Journal of Electronic Imaging,* vol. 12, nº 1, pp. 125-133, 2003.

[43] G. Pajares y J. de la Cruz, Visión por Computador: Imágenes digitales y aplicaciones, RA-MA, 2010.

[44] «Segmentación con Fast Marching Level Set,» [En línea]. Available: http://www.itk.org/ITK/applications/FastMarchingLevelSet.html. [Último acceso: Agosto 2014].

[45] I. Floriani, V. Torri, E. Rulli, D. Garavaglia, A. Compagnoni, L. Salvolini y e. at., «Performance of imaging modalities in diagnosis of liver metasstases from colorectal cancer: a systematic review and meta-analisys,» *Magnetic Resonance Imaging,* vol. 31, pp. 19-31, 2010.

[46] A. Muhi, T. Ichikawa, U. Motosugi, H. Sou, H. Nakajima, K. Sano y e. at., «Diagnosis of colorectal hepatic metastases: comparison of contrast-enhanced CT, contrast-enhanced US, superparamagnetic iron oxide-enhanced MRI, and gadoxetic acid-enhanced MRI,» *Journal on Magnetic Resonance Imaging,* vol. 34, pp. 315-335, 2011.

[47] A. Frangi, W. Niessen, K. Wincken y M. Viergever, «Multiscale vessel enhancement filtering,» *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention '98,* pp. 130-137, 1998.

[48] Y. Sato, S. Nakajima, N. Shiraga, H. Atsumi, S. Yoshida, T. Koller, G. Gerig y R. Kikinis, «Three dimensional Multi-Scale Line Filter for Segmentation and Visualization of Curvilinear Structures in Medical Images,» *Medical ImageAnalysus,* vol. 2, nº 2, pp. 143-168, 1998.

[49] C. Fetita, O. Lucidarme, F. Preteux y P. Grenier, «CT Hepatic Venography: 3D Vascular Segmentation for Preoperative Evaluation,» *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention,* vol. 3750, pp. 830-837, 2005.

[50] D. Selle, B. Preim, A. Schenk y H.-O. Peitgen, «Analysis of Vasculature for Liver Surgical Planning,» *IEEE TRANSACTIONS ON MEDICAL IMAGING,* vol. 21, nº 11, pp. 1344-1357, 2002.

[51] L. Wang, C. Hansen, S. Zidowitz y H. Hahn, «Segmentation and Separation of Venous Vasculatures in Liver CT Images,» *Procceding of Medical Imaging 2014: Computer-Aided Diagnosis,* 2014.

[52] Q. Shang, L. Clements, R. Galloway, W. Chapman y M. Benoit, «Adaptive Directional Region Growing Segmentation of Hepatic Vasculature,» *Proccedings of SPIE,* vol. 6914, 2008.

[53] L. Soler, H. Delingette, G. Malandain y e. al., «Fully automatic anatomical, pathological and functional segmentation from CT scans for hepatic surgery,» *Proccedings of SPIE,* vol. 3979, pp. 246-255, 2000.

[54] D. Oliveira, R. Feitosa y M. Correia, «Automatic Couinaud Liver and Veins Segmentation from CT images,» *Proceedings of the First*

International Conference on Biomedical Electronics and Devices, vol. 1, 2008.

[55] D. Oliveira, R. Feitosa y M. Correia, «Segmentatin of liver, its vessels and lesions from CT images for surgical planning,» *Biomedical Engineering Online,* vol. 10, nº 30, 2011.

[56] S. Huang, B. Wang, M. Cheng, X. Huang y Y. Ju, «The use of a projection method to simplify portal and hepatic vein segmentation in liver anatomy,» *Computer Methods and Programs in BioMedicine,* vol. 92, pp. 274-278, 2008.

[57] Y. Wang, B. Fang, J. Pi y L. Wu, «Automatic Multi-scale segmentation of intrahepatic Vessel in Ct Images for Liver Surgery Planning,» *International Journal of Pattern Recognition and Artifical Inteligence,* vol. 27, nº 1, 2013.

[58] M. Freiman, L. Joskowicz y J. Sosna, «A variational method for vessels segmentation: algorithm and application to liver vessels visualization,» *Medical Imaging 2009: Visualization, Image-Guided Procedures, and Modeling,* 2009.

[59] O. Eidheim, L. Aurdal, T. Omholt-Jensen, T. Mala y B. Edwin, «Segmentation of liver vessels as seen in MR and CT images,» *Proceedings of the 18th International Congress and Exhibition Computer Assisted Radiology and Surgery,* vol. 1268, pp. 201-206, 2004.

[60] Y. Masutani, Y. Yamauchi, M. Suzuki, Y. Ohta, T. Dohi, M. Tsuzuki y D. Hashimoto, «Development of interactive vessel modeling systems for hepatic vasculature from MR images,» *Medical and Biological Engineering and Computing,* vol. 33, nº 1, pp. 97-101, 2005.

[61] M. Marcan, D. Pavliha, M. Music, I. Fuckan, R. Magjarevic y D. Miklavcic, «Segmentation of hepatic vessels from MRI images for planning of electroporation-based treatments in the liver,» *Radiol Oncol,* vol. 48, nº 3, pp. 267-281, 2014.

[62] M. Marty y e. al., «Electrochemotherapy - An easy, highly effective and safe treatment of cutaneous and subcutaneous metastases: Results of ESOPE (European Standard Operating Procedures of Electrochemotherapy),» *Eur J Cancer Suppl,* vol. 4, pp. 3-13, 2006.

[63] Y. Zheng, M. Grossman, S. Awate y J. Gee, «Automatic correction of intensity nonuniformirt from sparseness of gradient distribution in medical images,» *Med iImage Comput Assist Interv,* vol. 12, p. 146, 2009.

[64] S. Zaheer, «Fast Segmentation of Vessels in MR Liver Images using Patient Specific Models,» *Master Thesis. Institute of Biomaterial and Biomedical Engineering, University of Toronto,* 2013.

[65] C. Kirbas y F. Quek, «A Review of Vessel Extraction Techniques and Algorithms,» *ACM Computing Surveys,* vol. 36, nº 2, pp. 81-121, 2004.

[66] H. Jiang, H. Baochun, D. Fang, Z. Ma, B. Yang y L. Zhang, «A Region Growing Vessel Segmentation Algorithm Based on Spectrum Information,» *Computational and Mathematical Methods in Medicine,* 2013.

[67] J. Jin, L. Yang, X. Zhang y M. Ding, «Vascular Tree Segmentation in Medical Images Using Hessian-Based Multiscale Filtering and Level Set Method,» *Computational and Mathematical Methods in Medicine,* 2013.

[68] L. Lorigo, O. Faugeras, W. Grimson, R. Keriven, R. Kikinis, A. Nabavi y C.-F. Westin, «CURVES: Curve evolution for vessel segmentation,» *Medical Image Analysis,* vol. 5, pp. 195-206, 2001.

[69] K. Krissian, G. Malandain y N. Ayache, «Directional anisotropic diffision applied to segmentation of vessels in 3D images,» *Procceding of Internation Conference on Scale-Space,* pp. 345-348, 1997.

[70] «Definición Principios de Agrupación:,» [En línea]. Available: http://en.wikipedia.org/wiki/Principles_of_grouping. [Último acceso: Julio 2014].

[71] C. Cortes y V. Vapnik, «Support-vector networks,» *Machine Learning,* vol. 20, nº 3, p. 273, 1995.

[72] V. Vapnik, The Nature of Statistical Learning Theory, Springer, 1999.

[73] V. Cherkassky y F. Mulier, Learning from Data: Concepts, Theory and Methods, John Wiley & Sons, 1998.

[74] J. Vega-Sánchez y S. Dormido-Canto, Aprendizaje Automático: un enfoque práctico. Capítulo 5 (G. Pajares, J.M. de la Cruz, Eds.), RA-MA, 2010.

[75] X. Ren y J. Malik, «Learning a Classification Model for Segmentation,» *Proceedings of the 9th IEEE International Conference on Computer Vision,* vol. 1, pp. 10-17, 2003.

[76] «Librería de SVM LibSVM,» [En línea]. Available: http://www.csie.ntu.edu.tw/~cjlin/libsvm/. [Último acceso: Julio 2014].

[77] H. Chih-Wei, C. Chih-Chung y L. Chih-Jen, «A Practical Guide to Support Vector Classification,» 2010.

[78] J. Jackson, A User's Guide to Principal Components, Wiley, 1991.

[79] R. Kohavi, «A Study of Cross-validation and Bootstrap for Accuracy Estimation and Model Selection,» *Proceedings of the 14th International Joint Conference on Artificial Intelligence,* vol. 2, pp. 1137--1143, 1995.

[80] R. Duda, P. Hart y D. Stork, Pattern Classification, Willey, 2001.

[81] A. Bereciartua, Nuevos algoritmos de segmentación sobre imagen médica, Bilbao, 2015 (En fase de presentación).

[82] X. Bresson, S. Esedoglu, P. Vandergheynst, J. Thiran y S. Osher, «Fast Global Minimization of the Active Contour/Snake Model,» *Journal of Mathematical Imaging and Vision,* vol. 151–167, p. 151–167, 2007.

[83] T. Heimann, B. van Ginneken, M. Styner, Y. Arzhaeva, V. Aurich, C. Bauer, A. Beck, C. Becker, R. Beichel, G. Bekes, F. Bello, G. Binnig, H. Bischof, A. Bornik, P. Cashman, Y. Chi, A. Cordova y e. all, «Comparison and evaluation of methods for liver segmentation from CT datasets,» *IEEE Transactions on Medical Imaging,* vol. 28, p. 1251–1265, 2009.

[84] S. Warfield, J. Dengler, J. Zaers, C. Guttmann, W. Wells III, G. Ettinger, J. Hiller y R. Kikinis, «Automatic Identification of Grey Matter Structures from MRI to Improve the Segmentation of White Matter Lesions,» *Journal of Image Guided Surgery,* vol. 1, nº 6, pp. 326-338, 1995.

[85] J. Chen, F. Seagull, P. Nagy, P. Lakhani, E. Melhem, E. Siegel y N. Safdar, «Computer Input Devices: Neutral Party or Source of Significant Error in Manual Lesion Segmentation?,» *Journal on Digital Imaging,* vol. 24, nº 1, p. 135–141, 2011.

[86] S. Warfield, «Simultaneous truth and performance level estimation (STAPLE): an algorithm for the validation of image segmentation,» *IEEE Transactions on Medical Imaging,* vol. 23, nº 7, pp. 903 - 921, 2004.

[87] A. Akhondi-Asl y S. Warfield, «A Tutorial Introduction to STAPLE,» [En línea]. Available: http://crl.med.harvard.edu/software/TutorialIntroductionToSTAPLE.pdf. [Último acceso: Agosto 2014].

[88] «ITK - Insight Segmentation and Registration Toolkit,» [En línea]. Available: www.itk.org. [Último acceso: Agosto 2014].

[89] «VTK - Visualization Toolkit,» [En línea]. Available: www.vtk.org.

[Último acceso: Agosto 2014].

[90] «Descripción módulo ITKVTKGlue,» [En línea]. Available: http://www.itk.org/Doxygen/html/group__ITKVtkGlue.html. [Último acceso: Agosto 2014].

[91] «Compilador CMake,» [En línea]. Available: http://www.cmake.org/. [Último acceso: Agosto 2014].

[92] D. Toulson y J. Boyce, «Segmentation of MR image using neural nets,» *Image and Vision Computing,* vol. 10, pp. 324-328, 1992.

[93] J. Feng, W. Lin y C. Chen, «Epicardial boundary detection using fuzzy reasoning,» *IEEE Transactions on Medical Imaging,* vol. 10, nº 2, pp. 187-199, 1991.

[94] S. Payne, R. Flanagan, M. Pollari, T. Alhonnoro, C. Bost, D. O'Neill, T. Peng y P. Stiegler, «Image-based multi-scale modelling and validation of radio-fraquency ablation in liver tumours,» *Philosophical Transaction of the Royal Society - Mathematical, Physical & Engineering Sciences,* vol. 369, pp. 4233-4254, 2011.

[95] A. Sanchez-Beato y G. Pajares, «Noniterative Interpolation-Based Super-Resolution Minimizing Aliasing in the Reconstructed Image,» *IEEE Transactions on Image Processing,* vol. 17, nº 10, pp. 1817-1826, 2008.

[96] M. Cuadra, L. Cammoun y T. Butz, «Comparison and validation of tissue modelization and statistical classification methods in T1-weighted MR brain images,» *IEEE Trans Med Imaging,* vol. 24, nº 1548-1565, 2005.

[97] X. Bresson, S. Esedoglu, P. Vandergheynst, J. Thiran y S. Osher, «Fast Global Minimization of the Active Contour/ Snake Model,» *Journal of Math Imaging,* vol. 28, pp. 151- 167, 2007.

[98] D. Mumford y J. Shah, «Boundary detection by minimizing functionals,» *Procceding of the IEEE Conference on Computer Vision Pattern Recognition,* 1985.