

UNIVERSITAT POLITÈCNICA DE VALÈNCIA

ESCUELA TÉCNICA SUPERIOR DE
INGENIEROS DE TELECOMUNICACIÓN

Departamento de comunicaciones



Proyecto Final de Carrera

SEGMENTACIÓN AUTOMÁTICA DEL CEREBRO MEDIANTE TÉCNICAS
DE TRATAMIENTO DIGITAL DE IMAGEN

Autora:

Paula Cabanilles Mengual

Dirigido por:

Valery Naranjo Ornedo y
Sandra Morales Martínez

Mayo 2014

Agradecimientos:

A Valery, por darme la oportunidad de hacer este proyecto y poder adquirir mejores conocimientos en el campo del tratamiento de la imagen que tanto me ha gustado. Pero sobre todo, por su ayuda y su tiempo.

A Sandra, por tener tanta paciencia conmigo y su gran ayuda en todo momento.

A mis amigos, por todos los grandes momentos vividos, y por ayudarme y apoyarme siempre que lo he necesitado. Sin vosotros esto habría sido muy diferente.

A mi familia, por darme esta gran oportunidad de estudiar y por todo su esfuerzo para ello. Pero sobre todo por todo su apoyo y confianza en mí, y ayudarme en cada momento.

1. Introducción	4
1.1 El sistema nervioso.....	4
1.2 Imágenes clínicas del cerebro y el cráneo. Resonancia Magnética.....	5
1.3 Motivación	8
1.3.1 Objetivos	9
1.4 Estado del arte	9
1.5 Guía de la memoria	14
2. Metodología	15
2.1 Morfología matemática	15
2.2 Transformada Watershed	17
2.2.1 Segmentación watershed con marcadores	19
2.2.2 Segmentación watershed estocástico.....	22
2.3 Métodos.....	25
2.3.1 Watershed con un marcador	25
2.3.2 Watershed Estratificado	32
2.3.3 Watershed Estocástico.....	48
2.3.4 Watershed Pseudoestocástico.....	58
2.4 Presentación interfaz gráfica	67
2.4.1 Elementos que la forman.....	67
2.4.2 Pasos a seguir	68
3. Resultados.....	70
3.1 Comparativa de los resultados halladas en el método <i>watershed</i> estocástico	71
3.2 Comparativa de los resultados halladas en el método <i>watershed</i> pseudo-estocástico	72
3.3 Comparativa de los métodos	73
4. Conclusiones	74
ANEXO A	76
ANEXO B	89
5. Referencias.....	102

1. Introducción

1.1 El sistema nervioso

El sistema nervioso, participa en todas las funciones de nuestro cuerpo, de aquí que sea tan importante para los seres humanos. La personalidad, los puntos de vista, la inteligencia, la coordinación así como las características que nos hacen únicos a cada ser, se deben a las complejas interacciones que realiza el sistema nervioso.

El sistema nervioso humano se divide en dos: *Sistema nervioso central* (SNC) y *Sistema nervioso periférico* (SNP). El sistema nervioso periférico, como su nombre indica, está formado por los nervios que conectan las estructuras periféricas con SNC. En cuanto al sistema nervioso central, está formado por el encéfalo, y la médula espinal. Como vemos en la Figura 1.1, dentro del encéfalo tenemos el cerebro, parte del cuerpo de la cuál trata este proyecto.



Figura 1.1 Esquema del sistema nervioso.

El cerebro humano, es un sistema muy complejo, por ello está protegido por el cráneo. Es el órgano que se encarga de la conciencia, el pensamiento, el aprendizaje, entre otras funciones que caracterizan al ser humano. Además, es el responsable de transmitir y recibir las señales externas al cuerpo, es decir, las acciones y reacciones del cuerpo humano. Debido a su gran protección del cráneo, las infecciones en el cerebro son muy poco frecuentes, pero cuando se producen son muy graves. Además, es donde se producen las enfermedades degenerativas como el Parkinson, el Alzheimer o la esclerosis, así como trastornos psiquiátricos como la esquizofrenia y la depresión. Por esto es tan importante el estudio del mismo y ver su relación con el tratamiento de estas enfermedades.

1.2 Imágenes clínicas del cerebro y el cráneo. Resonancia Magnética.

Gracias a los grandes avances tecnológicos, es posible observar con más detalle el encéfalo y el cráneo de los seres vivos, así como otras partes del cuerpo. Los métodos más utilizados para obtener imágenes del cráneo son la tomografía computarizada (TC) o la resonancia magnética (RM). Normalmente se emplean imágenes de TC para observar el cráneo y el cerebro durante las fases precoces de una hemorragia subaracnoidea. Por otro lado, las imágenes de RM muestran con mucho detalle la anatomía del cerebro, los nervios craneales y una gran variedad de anomalías clínicas [1]. Nuestro proyecto emplea imágenes de resonancia magnética. Por ello, es conveniente profundizar un poco más en la explicación de la técnica.

La resonancia magnética consiste en obtener imágenes radiológicas de cualquier zona del cuerpo que se desee estudiar. No se emplea radiación. En líneas generales, su funcionamiento se basa en someter el objeto de estudio a un potente campo electromagnético, un imán, que rodea al paciente, y enviar, a través de un escáner, unas ondas de radio para que interactúen con los átomos del cuerpo [1]. El resultado lo podemos almacenar en un ordenador o imprimirlo en una película. Así conseguimos crear imágenes con una gran precisión de todas las partes del cuerpo que se deseen. El resultado de una RM es un volumen de datos que contiene multitud de imágenes, a cada una de estas imágenes se les llama cortes.

Como se observa en la Figura 1.2, un volumen de imágenes consiste en almacenar todas las imágenes que se han ido captando, una a continuación de la otra, en orden secuencial. Cada imagen corresponde con un corte a un nivel diferente de la zona estudiada. En concreto, La Figura 1.2 nos muestra un ejemplo de un volumen de la zona abdominal. En el caso de este proyecto, donde se estudia el cerebro, se realizan cortes desde la parte superior del cráneo, hasta la altura de la cabeza donde empiezan a aparecer los ojos. Podemos ver un ejemplo en la Figura 1.3, donde se observa cómo varía el aspecto de diferentes cortes de un volumen de un paciente.

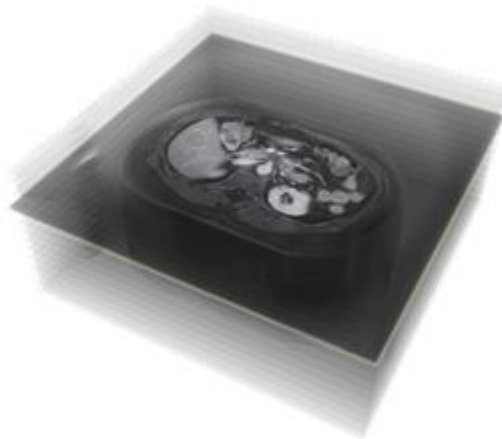


Figura 1.2 Volumen de imágenes

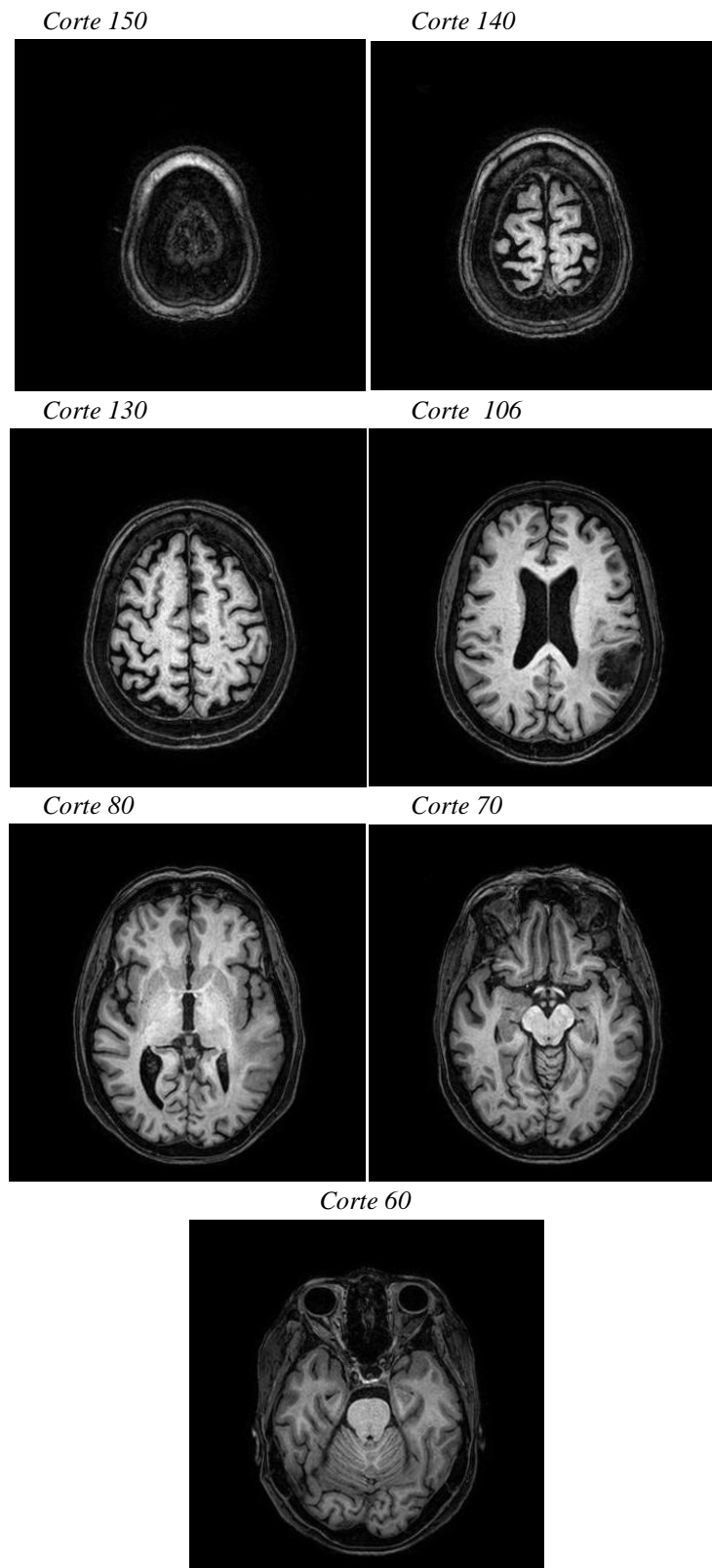


Figura 1.3 Variación de los distintos cortes de volumen de RM, desde la parte superior del cráneo, hasta la aparición de los ojos.

Las imágenes anatómicas se suelen obtener en tres planos distintos, llamados axial, sagital y coronal, a partir de los cuales puede regenerarse el volumen de datos 3D. A continuación se muestra un ejemplo de cada tipo de imagen, ordenados según hemos nombrado anteriormente. En este proyecto nos hemos basado en imágenes axiales.

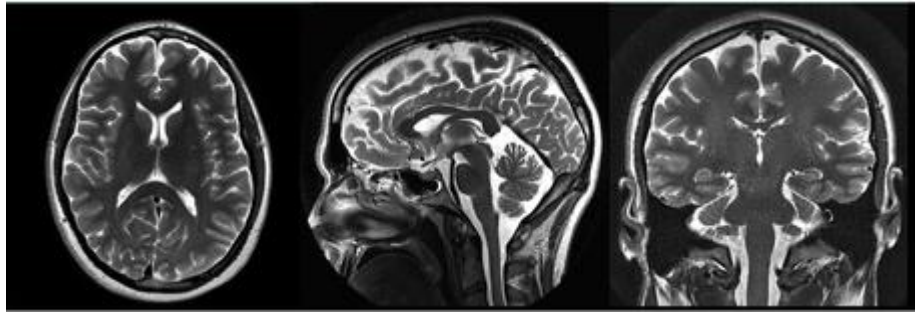


Figura 1.4 Plano axial, plano sagital y plano coronal respectivamente.

1.3 Motivación

Como hemos descrito anteriormente, el cerebro es una de las partes más importantes de los seres humanos, ya que es el encargado de realizar la mayor parte de las funciones que se desempeñan en los seres vivos. Por este motivo, la prevención y cura de las enfermedades cerebrales es de gran interés. Para facilitar el trabajo de los clínicos se están investigando diferentes técnicas de detección de dichas enfermedades, mediante el empleo del tratamiento digital de la imagen. Hay que añadir que de una RM podemos obtener un volumen de datos formado por cientos de imágenes, como hemos visto en la Figura 1.3. Esto supone una gran carga de trabajo para los expertos que quieran analizar dichos datos. De aquí, que la necesidad de obtener técnicas automatizadas sea tan necesaria.

La segmentación del cerebro es una de las herramientas de automatización de las imágenes médicas más importantes en el diagnóstico clínico, ya que nos ayuda a diferenciar entre las diversas partes del cerebro humano facilitando así su análisis.

Por lo general, las imágenes cerebrales contienen mucho ruido o no son homogéneas y esto hace que sea difícil realizar una correcta segmentación del cerebro. A pesar de su dificultad, hacer esto es crucial para el correcto diagnóstico de enfermedades. Hoy en día hay una gran variedad de métodos automáticos y semiautomáticos para llevar a cabo la segmentación, pero muchos de ellos fallan debido a que se desconoce el ruido, las imágenes tienen un contraste pobre, no son homogéneas, o los límites que separan unas zonas de otras son muy débiles. Sin embargo, una correcta segmentación es necesaria para la detección de tumores, edemas, o tejidos necrosos, entre otras enfermedades. También es utilizada en diagnósticos clínicos de neurodegeneraciones, o desordenes físicos [2].

Este proyecto final de carrera se puede considerar como el trabajo previo a realizar en todos aquellos proyectos que tratan de detectar las enfermedades cerebrales de manera automática, puesto que para poder proceder a su análisis se necesita una fase inicial de detección del cerebro. Por ejemplo, en proyectos como “BRAIM”, que se está desarrollando ahora en LabHuman (Laboratorio de Tecnologías Centradas en el Humano) que es parte del Instituto Interuniversitario de Investigación en Bioingeniería y Tecnología Orientada al Ser Humano (I3BH) de la Universidad Politécnica de Valencia (UPV).

El proyecto BRAIM (Técnicas Avanzadas de Imagen Médica para el cerebro) trata de desarrollar y validar experimentalmente un conjunto de técnicas de procesado de diferentes tipos de imágenes médicas que ayude a los profesionales clínicos en la diagnosis y tratamiento de enfermedades cerebrales. Se va a centrar por un lado en el diseño, desarrollo y validación de herramientas que son indispensables para el diagnóstico precoz de pacientes con enfermedades neurodegenerativas, como el Parkinson, la Esclerosis Múltiple o el Alzheimer y por otro en el desarrollo y validación de novedosas herramientas para el diagnóstico y tratamiento de Neoplasias Cerebrales. Como se ha comentado anteriormente, ambas herramientas necesitan implementar una fase inicial para detectar el cerebro antes de proceder con el análisis, y por ello este trabajo tiene una aplicación directa en dicho proyecto.

1.3.1 Objetivos

El objetivo general de este proyecto es desarrollar un método para la detección del cerebro de manera precisa y fiable a partir de un estudio de RM.

Dada una serie de imágenes, se pretende que de una forma automática, se eliminen las zonas del cráneo y otras estructuras anatómicas, las cuales pueden dificultar la detección de enfermedades cerebrales. Por ello, los objetivos específicos de este proyecto son los siguientes:

-Desarrollo e implementación de distintos métodos para llevar a cabo la segmentación del cerebro.

-Detectar cuál de todos los métodos desarrollados es más apropiado, analizando su comportamiento sobre distintos pacientes.

-Implementación de una interfaz gráfica de usuario, la cual tenga un sencillo manejo y nos permita observar correctamente los resultados.

1.4 Estado del arte

Hoy en día, hay muchas aplicaciones médicas relacionadas con imágenes del cerebro, las cuales, o bien requieren de la separación del cerebro de las zonas que no lo son, o bien se benefician de esto. Factores como el ruido, la influencia de los volúmenes parciales y los movimientos del usuario en el momento de la toma de las imágenes pueden tener consecuencias significativas en el desarrollo de los algoritmos de segmentación. Más aún, cada tipo de imagen tiene un conjunto de características propio que hace que actualmente no exista un método de segmentación que alcance resultados aceptables para todo tipo de imágenes médicas. No existen métodos que sean generales y que puedan ser aplicados a cualquier variedad de datos. A estos inconvenientes hay que añadir el hecho de que una segmentación manual del cerebro puede requerir desde unos 15 minutos hasta 2 horas de trabajo por cada volumen de datos 3D, y que además, este tipo de segmentación es muy subjetiva, ya que depende directamente del especialista que lo esté llevando a cabo.

Para evitar estos inconvenientes, en la literatura existen numerosos métodos para la extracción del cerebro de forma automática o semi-automática. A continuación se explican los más destacados:

La técnica de umbralización [3]: Es una de las más simples aunque, debido a que la distribución de las intensidades de imágenes médicas, es generalmente muy compleja. La determinación de un umbral adecuado y válido para distintos pacientes es una tarea difícil y por esto los métodos de umbralización suelen fallar. La umbralización consiste en separar la imagen en dos partes, una parte formada por todos los píxeles que estén por encima de un umbral dado, y otra formada por todos los píxeles que estén por debajo de dicho umbral. Este método funciona correctamente cuando los valores de intensidad son uniformes, pero la segmentación se complica cuando hay problemas de contraste inapropiado, iluminación asimétrica, o ruido no estacionario. Debido a que el cerebro es un órgano con una estructura compleja, este método no da buenos resultados, aunque si se emplea en combinación con otros métodos.

Markov Random Field Models (MRF) [4]: Los modelos de campo aleatorio de Markov no son un método de segmentación en sí mismo, pero son un modelo estadístico que puede ser usado dentro de los métodos de segmentación. Los MRF modelan las interacciones espaciales entre vecinos o píxeles cercanos. Estas correlaciones locales proveen un mecanismo para modelar una variedad de propiedades de la imagen. En el tratamiento de imágenes médicas, se utilizan frecuentemente para tener en cuenta el hecho que la mayoría de los píxeles pertenecen a la misma clase a la que pertenecen sus píxeles vecinos.

Los métodos basados en clasificadores: Son técnicas de reconocimiento de patrones que buscan dividir un espacio característico derivado de la imagen usando datos con etiquetas conocidas. Un espacio característico es un rango espacial de cualquier función de la imagen siendo las intensidades de la imagen el más común de los espacios característicos. Los clasificadores son conocidos como métodos supervisados debido a que requieren datos de entrenamiento, para luego ser utilizados en la segmentación automática de nuevos datos. Una desventaja de estos métodos es que no obedecen a ningún modelo espacial. Otra desventaja es la necesidad de la interacción manual para obtener los datos de entrenamiento. Los conjuntos de entrenamiento pueden ser adquiridos para cada imagen que requiera segmentación, pero esto requeriría una gran dedicación de tiempo y esfuerzo. Técnicas de clasificación:

- k-NN-k Nearest Neighbor [5]: Es una generalización del método del vecino más próximo, donde cada píxel o vóxel es catalogado en la misma clase que el dato de entrenamiento con la intensidad más cercana. No son iterativos, por lo que son relativamente eficientes computacionalmente y pueden ser aplicados a imágenes multicanal.

-Redes Neuronales [6]: Simulan el aprendizaje biológico. Son redes masivamente paralelas de procesamiento de elementos o nodos donde cada uno de ellos es capaz de realizar cálculos elementales. El aprendizaje se alcanza a través de la adaptación de pesos asignados a las conexiones entre los nodos. Pueden servir para múltiples propósitos, aunque su uso más extendido es de trabajar como clasificador donde los pesos se determinan mediante una fase de entrenamiento y luego se utilizan para calcular nuevas segmentaciones. Las redes neuronales se pueden utilizar de manera no supervisada como método de agrupamiento o como modelo deformable.

Las redes neuronales artificiales (ANN) y sus variantes están profundamente investigadas y establecen unas técnicas correctas y su contribución en el campo de la medicina no puede ser desestimado [7]. Debido a la versatilidad de la técnica, ANN ha sido empleada para resolver una gran cantidad de los problemas de las imágenes cerebrales MR. Por ejemplo, Magnotta [8], emplea ANN para hacer análisis volumétricos de las estructuras cerebrales. Dawant [9] y Hall [10], lo emplean para segmentar imágenes cerebrales de resonancia magnética y Li [11] lo emplea para la extracción de zonas tumorosas después de segmentar el cerebro.

La *Radial Basis Function* (RBF), *Enhanced Neural Networks* (ENN) [12], *Hopfield Neural Networks* (HNN) [13], son otras formas importantes de ANNs.

Los ANNs soportan una gran capacidad de aprendizaje, tienen una gran capacidad de combinar técnicas morfológicas, y más importante aún, las ANNs son bastante flexibles de integrar en otros métodos. Sin embargo, ANN tiene sus inconvenientes. Por ejemplo, tiene una velocidad de formación lenta. Debido a la falta de disponibilidad de cualquier norma estandarizada, es difícil crear patrones y la incapacidad de conseguir la convergencia ha aumentado. [14]

-Self organizing Maps (SOM) [15]: Son una red de acoplamiento no supervisado. Además, son una de las redes neuronales más utilizadas; se usan para obtener una representación discreta del espacio de entrada de las muestras. Los datos de entrada son organizados dentro de diversos patrones siguiendo un factor similar, normalmente la distancia Euclídea. Cada patrón se asigna a una neurona [16].

-Learning Vector quantization (LVQ) [17]: Método supervisado que se divide en tres capas: capa de entrada, capa competitiva y la capa de salida. La manera de organizar los datos es muy similar a la de los SOM.

-HSOM (Hybrid SOM) [18]: Concibe el proceso de segmentación de la imagen como una extracción de datos, donde la imagen segmentada es el resultado final de las extracciones de la imagen de entrada. Es un método de aprendizaje, donde se realizan correcciones secuenciales del vector que representa las neuronas.

Los algoritmos de agrupamiento o Clustering: son similares a los clasificadores, pero sin la necesidad de utilizar datos de entrenamiento, por tanto se trata de métodos no supervisados. Para compensar la falta de entrenamiento, los métodos iteran segmentando la imagen y caracterizando las propiedades de cada clase. En este sentido significa que estos métodos se entrenan a sí mismos usando los datos que tienen disponibles. La desventaja de este tipo de algoritmos es que requieren una segmentación inicial o unos parámetros [19]. Otros métodos no supervisados que se emplean en la segmentación de imágenes médicas son:

-k-means [20]: Uno de los más simples y conocidos, uno de los más utilizados en aprendizaje máquina y se emplea en multitud de aplicaciones. El algoritmo de clustering se encarga de agrupar ciertos datos en clases basándose en un criterio de similitud entre ellos. Este criterio puede ser fijado de diferentes maneras, aunque lo más habitual es aplicar algún tipo de medida de distancia, como por ejemplo la distancia euclídea entre puntos.

El primer paso es la inicialización aleatoria de tantos puntos como agrupaciones de datos queramos formar, los centroides. K-means es un algoritmo iterativo que realiza principalmente dos funciones: asignar los datos al clúster correspondiente y reubicar los centroides.

-Fuzzy C-Means (FCM) [21]: Las técnicas analíticas de clustering “difuso” se basan en la optimización de la función objetivo o alguna modificación de la misma. Este método solo tiene en cuenta la intensidad de la imagen con la salvedad de que las imágenes con ruido tienen problemas [22]. Hay muchas modificaciones para aumentar la inmunidad al ruido pero todavía no hay ninguna que funcione bien en todos los casos [22- 27]. La clasificación probabilística es sensible a la estimación precisa de la función de densidad de probabilidad (PDF) [28]. Hay dos enfoques para obtener los parámetros de la PDF, enfoque paramétrico [28] y enfoque no paramétrico [29].

-El algoritmo EM (Expectation Maximization) [30]: Se ha convertido en una popular herramienta para resolver los problemas de estimación estadística que involucran datos incompletos o en los que se pretende tratar mezclas de distribuciones de probabilidad. Este algoritmo es un proceso iterativo eficaz para la estimación por máxima verosimilitud. El objetivo de este algoritmo es tomar una serie de datos y asignarles una serie de distribuciones gaussianas de probabilidad a los clústeres que encuentra en esos datos.

Watershed: La imagen se ve como un relieve topográfico, donde se interpretan los diferentes niveles de grises como alturas. El agua puesta sobre cualquier píxel encerrado por una línea divisoria común fluye hacia abajo a un mínimo de intensidad local común. Los píxeles que drenan a un mínimo común forman una cuenca, que representa un segmento de la imagen (un objeto) [31,32]. Tiene una implementación rápida propuesta por [33,34]. El problema más importante del método es el de la sobresegmentación [31,32].

Modelos Deformables: Se usan para delinear los bordes de regiones usando curvas o superficies paramétricas cerradas que se deforman bajo la influencia de fuerzas externas e internas. Para ello se debe colocar una curva o superficie cerrada cerca del borde deseado y luego permitirle experimentar un proceso iterativo de relajación. Las fuerzas internas se calculan en el interior de la curva o superficie para mantenerla suave a lo largo de la deformación. Las fuerzas externas se derivan de la imagen para llevar la curva o superficie hacia la característica de interés deseada.

Dentro de los modelos deformables, los más comúnmente empleados son los Active Contour Models, también llamados snakes[35], se basa en una curva que se va deformando para minimizar una función de energía. Pretende localizar bordes, líneas y contornos y será la imagen la que vaya guiando a la curva hacia los elementos prominentes.

Segmentación con atlas: Utilizando los datos obtenidos a partir de diferentes sujetos se construye un atlas anatómico del cerebro. En la segmentación, el atlas se utiliza como información previa. Cuando no hay suficiente contraste entre tejidos, los métodos basados en atlas son la mejor opción. Un atlas trae un mapa anatómico común del cerebro antes de la segmentación. La principal desventaja de los métodos basados en atlas es el tiempo necesario para la construcción atlas y que para poder emplear este tipo de información, en primer lugar, la imagen debe estar registrada en el atlas. Prácticamente, los métodos de segmentación con atlas y los clasificadores son idénticos. La única diferencia que los distingue es la forma de implementación. La segmentación con atlas se implementa en el dominio espacial. Algunas técnicas para el registro de imagen se pueden encontrar en [36].

Existen varias estrategias de segmentación basadas en el uso de atlas: Label propagation, Multi-atlas propagation y Probabilistic atlas segmentation [37].

Por otro lado, existen una serie de herramientas que han desarrollado sus propios métodos para segmentar las distintas partes del cerebro:

- **SPM (Statistical Parametric Mapping)** [37] funciona como un juego de funciones de MATLAB y subrutinas para aplicar métodos estadísticos para el análisis de los datos de imágenes cerebrales. El proceso de segmentación implementado se basa en un modelo integrado en el que la segmentación del tejido, la intensidad y normalización espacial y la corrección de la polarización se realizan todos en la misma mezcla de modelo Gaussiano. SPM emplea el algoritmo Expectation-Maximization [38] para la adquisición de los parámetros óptimos de modelos probabilísticos de tejidos.
- **Brain Suite** [39] está diseñado específicamente para el propósito de la extracción de superficie cortical. Puede utilizarse para segmentar el tejido (materia blanca, materia gris y líquido cefalorraquídeo) y el cráneo [40].

- **Freesurfer** [41] es un conjunto de herramientas desarrolladas para el estudio de la anatomía del cerebro. Cuando se centra en la anatomía cortical es capaz de construir un modelo de la frontera entre la materia blanca, la gris y el líquido cefalorraquídeo. Además también es capaz de obtener información acerca de superficies, volúmenes, grosor, etc.
- **FSL** [42] es un software desarrollado por miembros de la universidad de Oxford el cual se compone de muchas herramientas, una de ellas se llama FAST (FMRIB's Automated Segmentation Tool). Este método de segmentación basado en la intensidad se puede ver como una mezcla de gaussianas. A medida que se superponen utiliza un modelo de probabilidad. Este método es muy robusto al ruido debido a que no solo emplea información de un voxel para la clasificación, sino que también utiliza la de sus vecinos. El BET forma parte del FSL, y es una de las herramientas más utilizadas para la extracción del cráneo. Se trata de un método que emplea un modelo deformable. Debido al gran éxito que tiene la herramienta anteriormente comentada, se ha seguido desarrollando y se ha creado el BET2. Esta nueva aplicación, además de extraer el cerebro, permite detectar las zonas del cuero cabelludo y del cráneo.

1.5 Guía de la memoria

En esta sección se va a explicar el contenido de la memoria, explicando detalladamente cada apartado por separado.

Capítulo 2: Metodología

En primer lugar se hará una explicación teórica de todas las herramientas del tratamiento de la imagen que se emplearán, profundizando con más detalle en el método de watershed, ya que es la base fundamental de este proyecto.

A continuación se describirán paso a paso los cuatro métodos diseñados en este proyecto, así como las diversas versiones del watershed empleadas.

Por último, se presentará la interfaz gráfica diseñada, así como los diversos elementos que la componen, y los pasos a seguir para emplearla.

Capítulo 3: Resultados

Presentación de los resultados obtenidos con los diversos métodos diseñados. Se compararán los resultados obtenidos, y se verificarán con otros métodos implementados con anterioridad, para poder determinar la bondad de nuestro método.

Capítulo 4: Conclusiones

Con la visión global de todo lo expuesto anteriormente, se sacarán conclusiones, y se decidirá cuál de los métodos aquí implementados presenta mejores resultados.

2. Metodología

2.1 Morfología matemática

Llamamos Morfología matemática a una metodología de procesamiento no lineal que se basa en operaciones de máximos y mínimos cuyo objetivo es extraer estructuras relevantes de una imagen. [43].

Sea f una imagen de gris la cual está definida como $f(x): E \rightarrow T$ donde x es la posición del píxel y , en el caso de imágenes discretas, $T = \{t_{min}, t_{min}+1, \dots, t_{max}\}$ un conjunto ordenado de niveles de gris, siendo típicamente, en imágenes digitales de 8 bits, $t_{min} = 0$ y $t_{max} = 255$. Y además $B(x)$ un subconjunto cuadrado de Z^2 llamado elemento estructurante (EE) centrado en el punto x cuya forma (cuadrado, línea, círculo, etc) es elegida normalmente de acuerdo con algún conocimiento a priori sobre la geometría de las estructuras irrelevantes de la imagen. Los dos operadores morfológicos básicos son:

$$\text{Dilatación: } [\delta_B(f)](x) = \max_{b \in B(x)} f(x + b) \quad (1)$$

$$\text{Erosión: } [\varepsilon_B(f)](x) = \min_{b \in B(x)} f(x + b) \quad (2)$$

Cabe destacar que una de las características más importantes de estas operaciones es la no existencia del operador inverso. En concreto, la dilatación y la erosión son operadores duales. Dos operadores son duales si cumplen que la aplicación de uno de ellos sobre una imagen es equivalente a aplicar el otro sobre la imagen complementaria $(f^c)^c = t_{max} - f$.

En la Figura 2.1 se aprecia el resultado de ambos operadores sobre una imagen binaria pero, dado que una imagen de grises puede descomponerse como un conjunto de imágenes binarias, la extensión a imágenes de grises es inmediata.

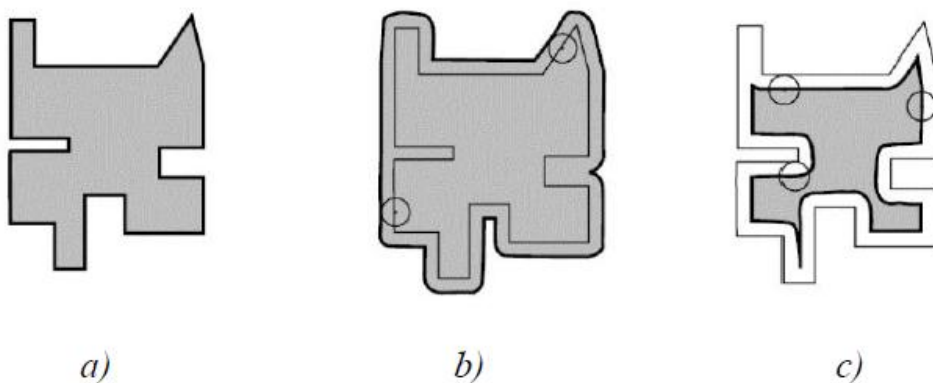


Figura 2.1. Efectos de la dilatación y erosión sobre una imagen binaria (en gris) con un círculo B como elemento estructurante: (a) Imagen binaria original f , (b) Dilatación de la imagen (a) $\delta_B(f)$ y (c) Erosión de la imagen (a) $\varepsilon_B(f)$.

Veamos lo que ocurre con una imagen es escala de grises:

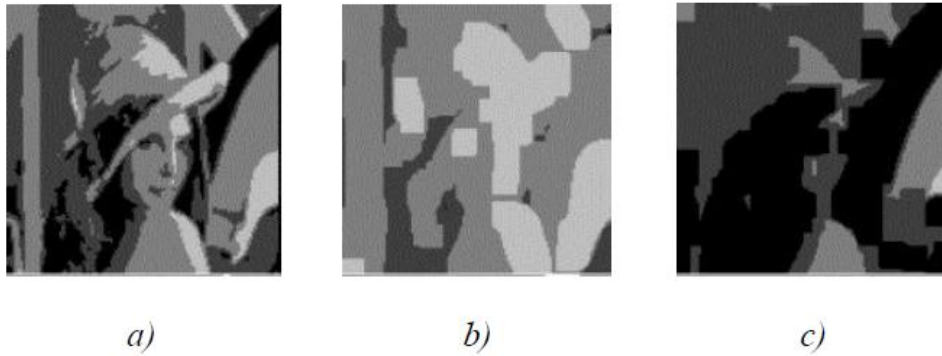


Figura 2.2. Efectos de la dilatación y erosión sobre una imagen de grises: (a) Imagen de grises original f , (b) Dilatación de la imagen (a) $\delta_B(f)$ y (c) Erosión de la imagen (a) $\varepsilon_B(f)$.

Por tanto, los efectos sobre una imagen de grises (Figura 2.2) son:

- Dilatación
 - Elimina las zonas oscuras más estrechas que el EE.
 - Estrecha las zonas oscuras más anchas que el EE.
 - Ensancha las zonas claras.
- Erosión:
 - Elimina las zonas claras más estrechas que el EE.
 - Estrecha las zonas claras más anchas que el EE.
 - Ensancha las zonas oscuras.

Por otro lado, estas operaciones elementales pueden ser combinadas para obtener un nuevo conjunto de operadores también llamados filtros básicos elementales. Estos filtros son una sucesión de los operadores básicos que cumplen también la propiedad de dualidad y vienen dados por las ecuaciones siguientes:

$$\text{Apertura: } \gamma_B(f) = \delta_B(\varepsilon_B(f)) \quad (3)$$

$$\text{Cierre: } \phi_B(f) = \varepsilon_B(\delta_B(f)) \quad (4)$$

El resultado de aplicar una apertura sobre una imagen de grises es que las zonas claras en las que no cabe el EE son eliminadas mientras que el resto permanece inalterable. En cambio, el cierre elimina las zonas oscuras más estrechas que el EE manteniendo, también, el resto sin modificar. La Figura 2.3 muestra los efectos de estos operadores sobre imágenes binarias, siendo extensible a imágenes de grises como se ha comentado anteriormente.

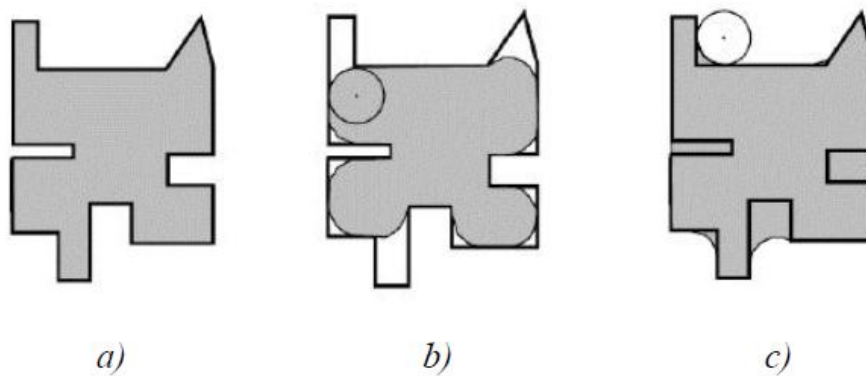
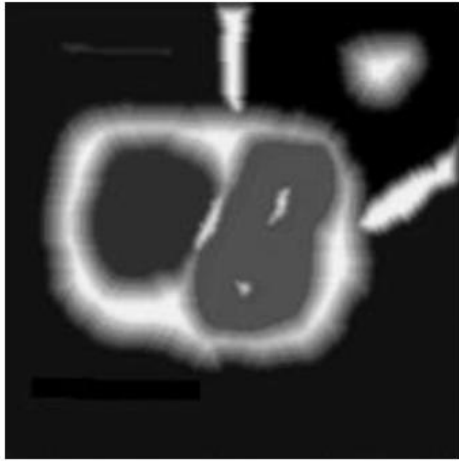


Figura 2.3. Efectos de la apertura y del cierre sobre una imagen binaria (en gris) con un círculo B como elemento estructurante: (a) Imagen binaria original f , (b) Apertura de la imagen (a) $\gamma_B(f)$ y (c) Cierre de la imagen (a) $\phi_B(f)$.

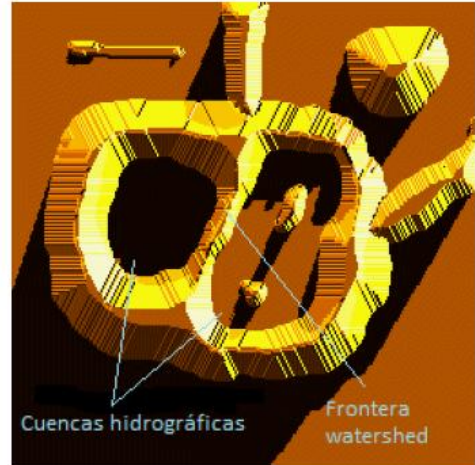
2.2 Transformada Watershed

En geografía, *watershed* (cuena) es la cordillera que divide áreas drenadas por diferentes sistemas fluviales. Una cuena hidrográfica es el área geográfica donde desemboca un río o embalse. La transformación *watershed* [44] aplica estas ideas a procesado de imagen de manera que se puede utilizar para resolver problemas de segmentación de imágenes.

Para lograr entender esta transformada se puede pensar en una imagen en escala de grises como una superficie topográfica, donde los valores de $f(x,y)$ son interpretados como alturas. En la Figura 2.3a se puede visualizar una simple imagen, y en la Figura 2.3b su representación en 3-D. Si nos imaginamos que la lluvia cae sobre esta superficie, claramente el agua quedará estancada en las dos áreas etiquetadas como cuencas hidrográficas. Si la lluvia cae exactamente en la frontera *watershed* será igualmente probable que el agua se almacene en una de las dos cuencas hidrográficas. La transformación *watershed* se encarga de encontrar cuencas hidrográficas y fronteras en una imagen de escala de grises.



a)



b)

Figura 2.4. Concepto watershed. (a) Imagen en escala de grises y (b) representación en 3-D de la imagen en escala de grises.

En lo que se refiere a la segmentación, el concepto clave para conseguir unos buenos resultados es cambiar la imagen de entrada, por otra donde las cuencas sean los objetos o regiones que se quieren identificar, por ello, a menudo se emplea el gradiente de la imagen como imagen de entrada.

La imagen gradiente está formada por píxeles cuyo valor es el módulo del gradiente en dicho punto, es decir, posee píxeles con valores altos a lo largo de los bordes de los objetos y píxeles con valores bajos en cualquier otra parte. En la Figura 2.5 se ilustra el proceso de la segmentación *watershed* utilizando gradientes.

Como vemos en la Figura 2.5c, la aplicación directa de la transformada *watershed* sobre la imagen gradiente normalmente conduce a la sobresegmentación. La sobresegmentación se produce al asociar cada región a un mínimo local de imagen. Esto es debido al ruido y otras irregularidades locales del gradiente. Los problemas derivados pueden ser suficientemente serios como para hacer el resultado inútil. En el presente contexto, esto significa un gran número de regiones segmentadas.

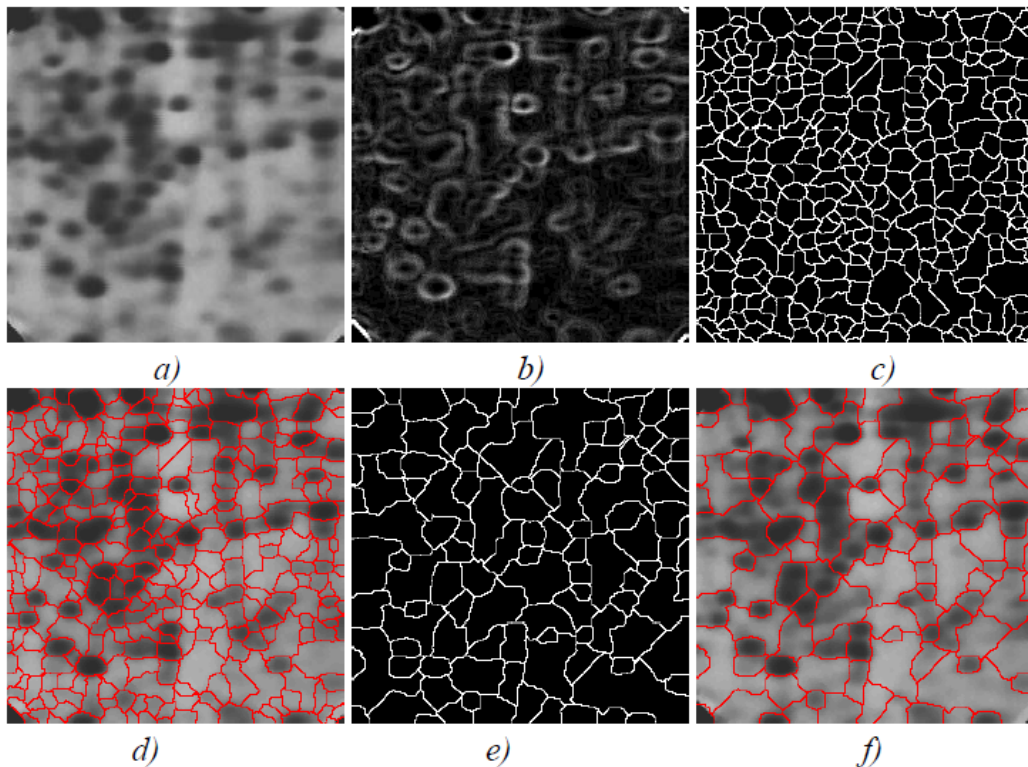


Figura 2.5. Watershed usando gradientes. (a) Imagen a segmentar, (b) Imagen gradiente, (c) fronteras watershed donde se muestra sobresegmentación, (d) imagen sobresegmentada, (e) fronteras watershed después de realizar un filtrado al gradiente e (f) imagen segmentada.

2.2.1 Segmentación watershed con marcadores.

Este método se ha diseñado como una solución práctica al problema de la sobresegmentación. El método trata de limitar la cantidad de regiones admisibles incorporando una etapa de preprocesado diseñada para proporcionar un conocimiento extra sobre el proceso de segmentación.

Para controlar la sobresegmentación, este método se basa en el concepto de marcadores. Se trata de obtener un marcador dentro de cada objeto de interés con el objetivo de inundar las zonas *watershed* a partir de ese marcador, así como encontrar un conjunto de marcadores externos que limiten la zona a inundar por objeto que se intente segmentar, asegurando que estén fuera de dicho objeto.

Se propone como ejemplo para comprender la transformada *watershed* con marcadores la imagen de la Figura 2.6a. Se trata de una imagen de grises de la que se intenta obtener la segmentación de las zonas oscuras presentes en ella. Tras realizar el gradiente (Figura 2.6b) y aplicar la transformada sobre el gradiente, se puede observar en la Figura 2.6c la sobresegmentación producida. Esta sobresegmentación es debida en gran parte al elevado número de mínimos regionales. Un mínimo regional se define como el valor más pequeño de una región. Es decir:

Sea $f(x): A \subset \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$, sea $x_0 \in A$ y sea $P = (x_0, f(x_0))$ un punto perteneciente a la función.

Se dice que el punto P es un **mínimo local** de f si existe un entorno reducido de centro x_0 , en símbolos $E'(x_0)$, donde para todo elemento x de $E'(x_0)$ se cumple $f(x) \geq f(x_0)$.

La Figura 2.6e, se obtiene umbralizando la Figura 2.6d. Es decir, se emplea una función, la cual selecciona los valores de los mínimos regionales que superen un determinado umbral impuesto. Los objetos de esta imagen actuarán de marcadores internos y servirá para obtener también los marcadores externos los cuales se hallarán escogiendo las fronteras *watershed* del negativo de la distancia al borde de los marcadores internos.

Como se ha comentado anteriormente, el concepto clave es modificar los marcadores empleados antes, los mínimos regionales, mediante el procedimiento denominado *imposición de mínimos*, con el cual se fijan los nuevos marcadores que se utilizarán. Esta técnica emplea una imagen de grises donde los mínimos regionales tengan lugar únicamente en las posiciones de los marcadores. Finalmente se procede a calcular la transformada *watershed* sobre esta modificación de la imagen gradiente obteniendo el resultado mostrado en la Figura 2.6h. Cómo se puede apreciar se consiguen mejores resultados que con las técnicas anteriores.

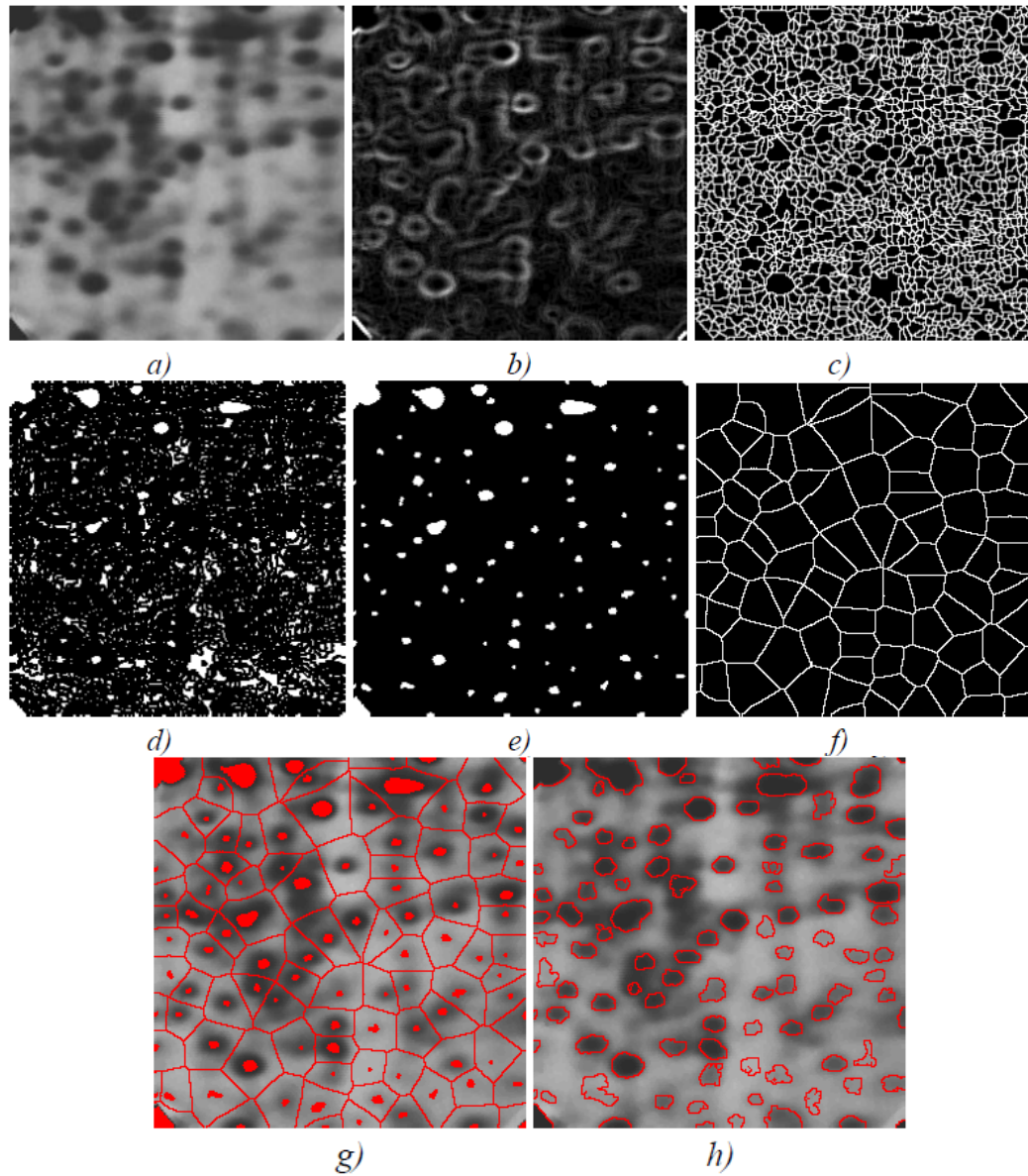


Figura 2.6. Watershed con marcadores. (a) Imagen a segmentar, (b) gradiente, (c) sobresegmentación resultante de aplicar watershed sobre el gradiente, (d) mínimos regionales del gradiente, (e) marcadores internos, (f) marcadores externos, (g) marcadores internos y externos sobre la imagen original y (h) resultado de la segmentación.

2.2.2 Segmentación watershed estocástico

El objetivo de la transformada *watershed* estocástica [45] es establecer un marco probabilístico a la hora de detectar contornos con el fin de que sea un método robusto frente a variaciones en las condiciones de la segmentación. Concretamente, se trata de introducir un enfoque estocástico basado en el uso de marcadores aleatorios para construir una función densidad de probabilidad de contornos con la que se definirán las regiones más significativas.

El paradigma de la segmentación mediante *watershed* se encuentra en la elección apropiada de los marcadores, como se ha visto en el apartado anterior. De la práctica es sabido que la parte más inteligente de esta técnica de segmentación reside en el desarrollo del criterio utilizado para seleccionar los marcadores. Sin embargo, esta variante sigue una dirección opuesta, escogiendo marcadores aleatorios. Esta elección arbitraria será equilibrada por el uso de un determinado número de realizaciones, con el fin de filtrar variaciones no significativas.

A partir de M realizaciones se consigue genera una función densidad de probabilidad (*pdf*(x), *probability density function*), la cual se estima mediante el método de las ventanas de Parzen:

Sea $x_1, x_2, \dots, x_M \in \mathbb{R}^n$ M muestras de una variable aleatoria, la aproximación de densidad del núcleo de su *pdf* es:

$$pdf(x) = \frac{1}{N_h} \sum_{i=1}^N K\left(\frac{x-x_i}{h}\right) \quad (5)$$

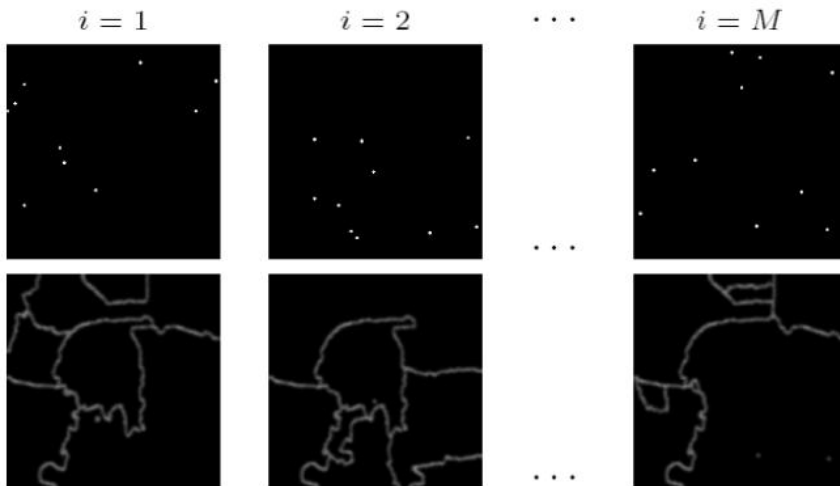
donde $K(x)$ es el núcleo, h un parámetro de suavizado llamado ancho de banda y N es el número de marcadores aleatorios. Normalmente, $K(x)$ se toma como una función Gaussiana con media cero y varianza σ^2 , la cual determina el efecto del suavizado.

Es decir, sea $\{mrk_i(x)\}_{i=1}^M$ una serie de M realizaciones de N marcadores aleatorios. Cada una de estas realizaciones se considera como marcadores para una transformación *watershed*, y consecuentemente, se obtienen una serie de segmentaciones, es decir, $\{sg_i^{mrk}(x)\}_{i=1}^M$, las cuales son combinadas para formar la *pdf*.

Observando la Figura 2.7 se comprueba la propiedad básica de la transformada de *watershed*, el número de marcadores determina el número de regiones obtenidas. También se aprecia cómo los contornos principales aparecen sin tener en cuenta la posición de los marcadores. Finalmente, en la Figura 2.7 c se observa la función densidad de probabilidad de la imagen (*pdf*), calculada según (5).



a)



b)

$N = 10, M = 50$



$pdf(x)$

c)

Figura 2.7. Función densidad de probabilidad. (a) Imagen original a segmentar, (b) M realizaciones de N marcadores aleatorios, $mrk_i(x)$, y sus correspondientes contornos watershed, $sg_i^{mrk}(x)$. (c) Función densidad de probabilidad de los contornos calculados para $N=10$ y $M=50$.

El principal inconveniente de utilizar distribuciones uniformes de marcadores aleatorios es que inducen a la sobreesegmentación de las regiones watershed más grandes, ya que el promedio del número de marcadores que se depositan en una región dada es proporcional a su área. Esto se soluciona usando diferentes modos de elección de los marcadores. Esto se verá en los métodos implementados en este proyecto.

La función densidad de probabilidad ($pdf(x)$) puede ser combinada con el gradiente inicial con el fin de reforzar los contornos del gradiente que tienen una alta probabilidad:

$\rho(x) = w_1 \cdot grad(f(x)) + w_2 \cdot pdf(x)$, considerando una típica combinación baricéntrica, es decir, $w_1 = (1 - \lambda)$ y $w_2 = \lambda$.

Nótese que para $\lambda = 0$ se obtiene el gradiente y para $\lambda = 1$ exclusivamente la función densidad de probabilidad de los contornos.

En la Figura 2.8 se muestra un ejemplo de segmentación en 20 regiones para diferentes valores de λ . Se observa que incluso para bajos valores de λ , los resultados de la segmentación mejoran notablemente. Esto es coherente con el hecho de que $pdf(x)$, proviene del gradiente, es decir, contiene toda la información útil para la segmentación. En cualquier caso, después de realizar el estudio sobre distintos ejemplos se puede confirmar que para $\lambda= 0.5$ los resultados son en general satisfactorios.

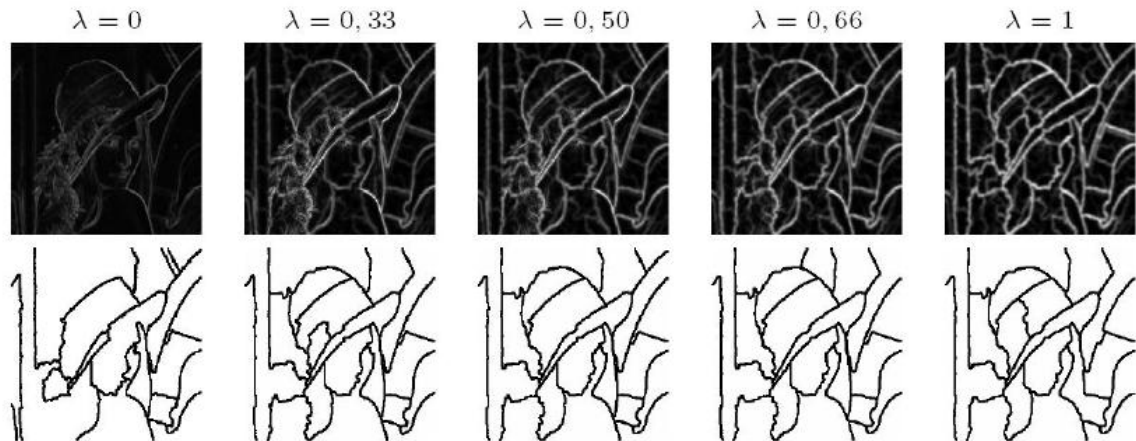


Figura 2.8. Watershed estocástico. Primera fila, gradiente probabilístico $p(x)$ (es decir, combinación lineal del gradiente y $pdf(x)$) para diferentes valores de λ y segunda fila, segmentación watershed obtenida.

2.3 Métodos

En este apartado vamos a comentar el procedimiento que sigue cada uno de los métodos desarrollados en este proyecto. El objetivo principal del proyecto es la determinación de un método *watershed* que realice una correcta segmentación del cráneo, y consiga separar correctamente las zonas cerebrales de las que no lo son.

El clásico paradigma de la segmentación con *watershed* consiste en determinar cuáles van a ser los marcadores más adecuados para cada región de interés. Una buena elección de los marcadores evita que aparezca el problema de sobresegmentación. A continuación se presentan una serie de métodos donde se emplean diversas técnicas de *watershed*, como también el empleo de diversos tipos de marcadores.

En primer lugar se presentará el método *watershed* con un marcador, el cuál sirvió de base para los siguientes. Tras éste, se presentarán los métodos ya más importantes de este proyecto: *watershed* estratificado, *watershed* estocástico y por último “*watershed* pseudoestocástico”.

2.3.1 Watershed con un marcador

El método que se va a explicar a continuación, es una versión muy simple de lo que serán los métodos explicados más adelante. Este método aplica la morfología matemática vista anteriormente en el apartado 2.1, así como el método *watershed* con marcadores, apartado 2.2.2, pero en este caso, se emplea un único marcador interno. En la figura 2.9 se muestra un diagrama de bloques de los pasos que se siguen en este método, para a continuación describirlo de una forma más detallada. Además, en la figura 2.12 se mostrarán los resultados obtenidos para cada uno de los pasos.

Como se verá en los otros métodos, la diferencia principal, en cuanto a procedimiento entre este método y los demás es que éste emplea los mismos pasos a seguir para todas y cada una de las imágenes que constituyen el volumen del Paciente.

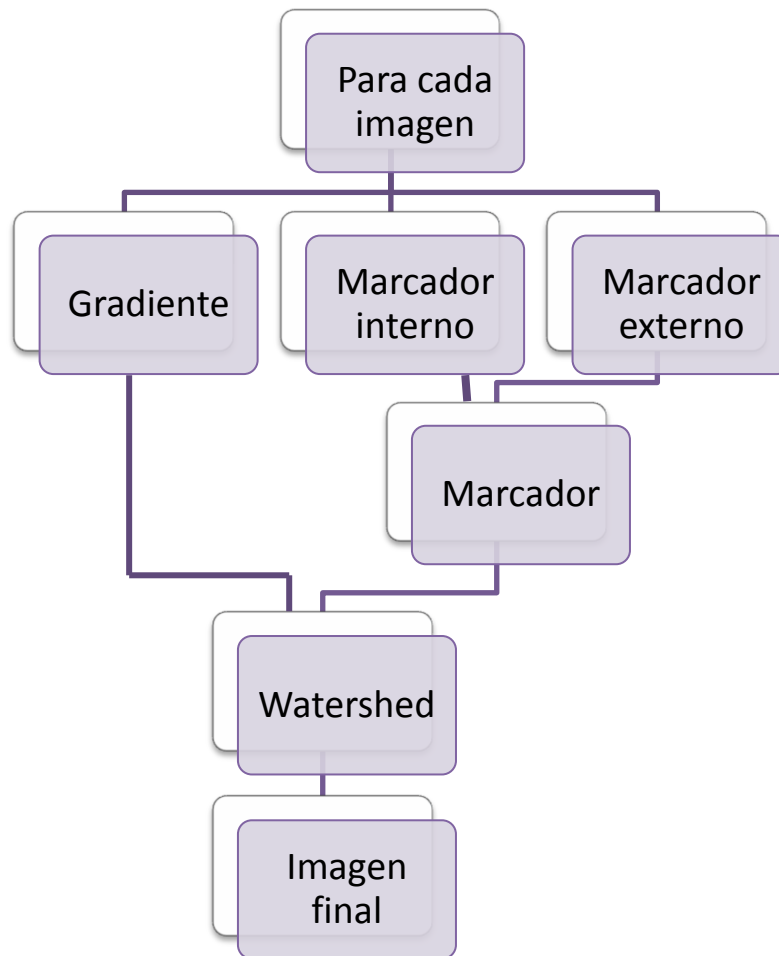


Figura 2.9. Esquema método watershed con un solo marcador

El objetivo principal de este método es aplicar la función watershed con marcadores pero partiendo de un único marcador. Para ello se realizan una serie de pasos para conseguir encontrar el marcador deseado.

En primer lugar, se realiza una apertura de la imagen tal y como se ha visto en el punto 2.1:

$$\text{Apertura: } \gamma_B(f) = \delta_B(\varepsilon_B(f)) \quad (6)$$

La finalidad de este paso, es la eliminación del ruido, y la obtención de una imagen como la Figura 2.10b, donde se aprecia una imagen con los contornos mejor definidos. Posteriormente, se calcula el gradiente de la imagen (Figura 2.10 d). En morfología matemática, el gradiente $\varrho(f)(x)$ se obtiene haciendo una diferencia entre una dilatación unitaria de la imagen, y una erosión unitaria de la misma, donde $(f)(x)$ es la imagen.

$$\varrho(f)(x) = \varrho_b(f)(x) - \varepsilon_b(f)(x) \quad (7)$$

La Figura 2.10 presenta 4 imágenes. En primer lugar, la Figura 2.10 a es un corte elegido de un volumen de un paciente concreto. En la Figura 2.10 c se observa el resultado de calcular el gradiente a la Figura 2.10 a. Como se observa, es una imagen muy compleja, donde aparece gran cantidad de información difusa. Por otra parte, la Figura 2.10 b es el resultado de aplicar una apertura a la Figura 2.10 a. Esta imagen queda más compacta, y elimina mucho ruido. Si a esta imagen se le calcula el gradiente, se obtiene la Figura 2.10 d. El resultado es una imagen donde las zonas están más delimitadas, el ruido ha desaparecido y es mucho menos compleja. Por esta razón, el primer paso de todos los métodos será aplicar la apertura a la imagen de entrada.

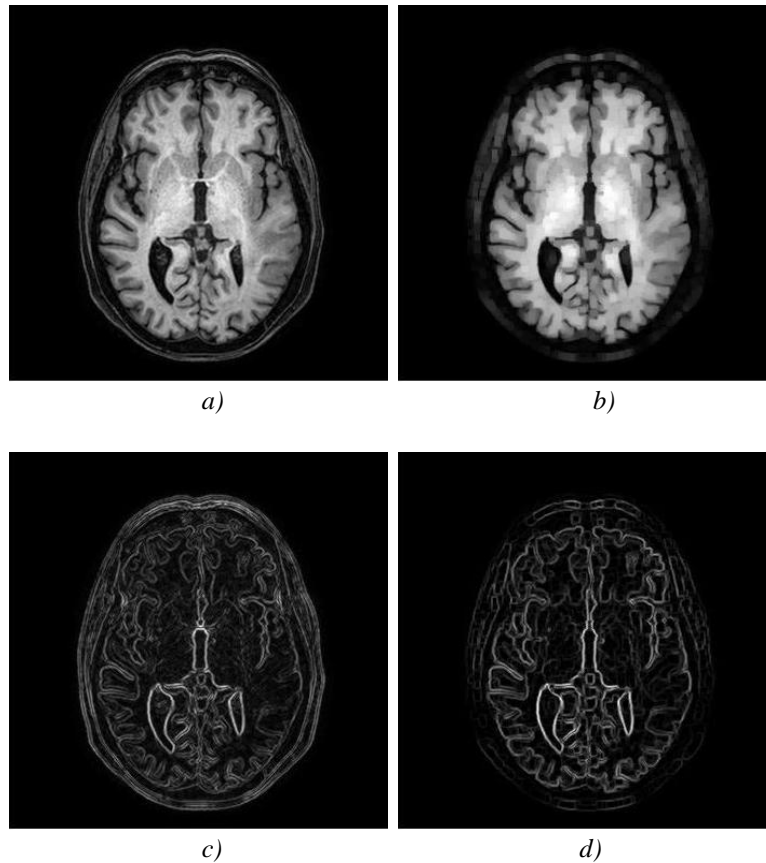
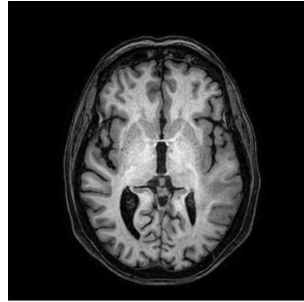


Figura 2.10 Explicación de la realización de la apertura. a) Corte del paciente. b) Apertura de la imagen. c) Gradiente de la imagen sin realizar apertura. d) Gradiente de la imagen con apertura.

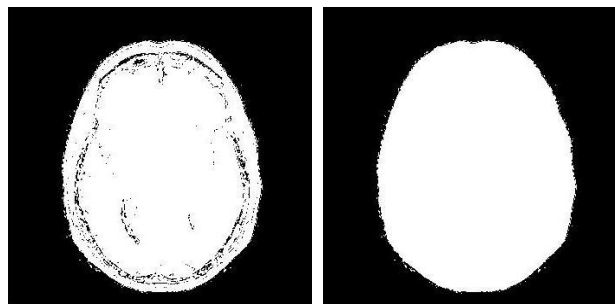
Por otro lado, para la creación del marcador que se le aplicará al *watershed*, se necesita un marcador interno y otro externo. El interno indicará a partir de qué punto se empieza a inundar la imagen, y el externo indica la zona fronteriza, donde se debe dejar de inundar. Como se ha comentado antes, éste es un método muy sencillo, el cuál simplemente utilizará como marcador interno un cuadrado en el centro de la imagen, de tamaño 34x34 píxeles.

Para la elección del marcador externo se realizan los siguientes pasos. En primer lugar se debe conseguir definir una máscara que incluya tanto el cráneo como el cerebro. Esta máscara la obtenemos aplicando un umbral a cada una de las imágenes que componen el volumen del paciente. En este método se eligió un valor de 30 como límite del umbral. Todos los elementos que su valor sea igual o superior a éste, estarán dentro de la máscara. A continuación se rellenará esta máscara para evitar que quede algún tipo de agujero y sea una imagen compacta (Figura 2.12 d).

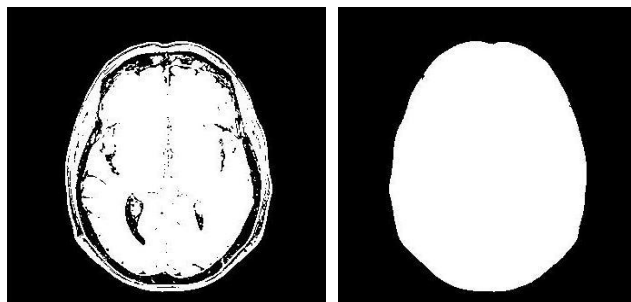
En la Figura 2.11 se muestran varios ejemplos de máscaras obtenidas para diferentes valores de umbral. Se puede comprobar que el valor superior o igual a 30 es el que mejor se ajusta al contorno de la imagen.



a) *Máscara obtenida para un umbral mayor o igual a 10*



b) *Máscara obtenida para un umbral mayor o igual a 30*



c) *Máscara obtenida para un umbral mayor o igual a 50*

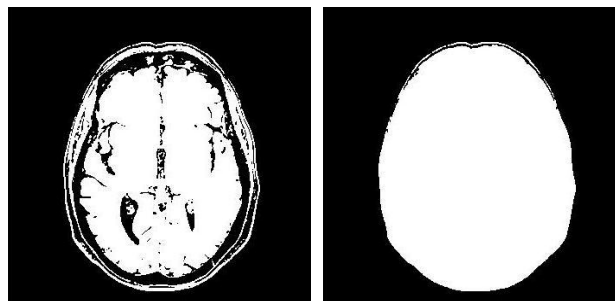


Figura 2.11 Ejemplos de máscaras para distintos valores de umbralización. La primera columna son las imágenes obtenidas al aplicar la umbralización. La segunda columna es el resultado de aplicar a estas un relleno de los espacios en blanco.

Finalmente, para hallar el marcador externo, se siguen los mismos pasos que se han empleado anteriormente para calcular el gradiente de la imagen, pero esta vez se halla el gradiente de la máscara que se acaba de obtener. Después, se suma el marcador externo junto con el marcador interno, y se obtiene el marcador final que se empleará en la llamada al método *watershed*. (Figura 2.12 e)

Una vez diseñados los marcadores, se aplica el método de *watershed* con marcadores. Al pasarle al método el gradiente de la imagen y el marcador, se pretende que se inunde solamente las zonas que forman parte del cerebro intentando evitar que el *watershed* inunde más allá de la zona seleccionada por el marcador externo.

El resultado de la transformada watershed será una imagen binaria, la cual delimitará la zona de la imagen que es de interés, obteniendo de este modo el resultado final de nuestro método (Figura 2.12f)

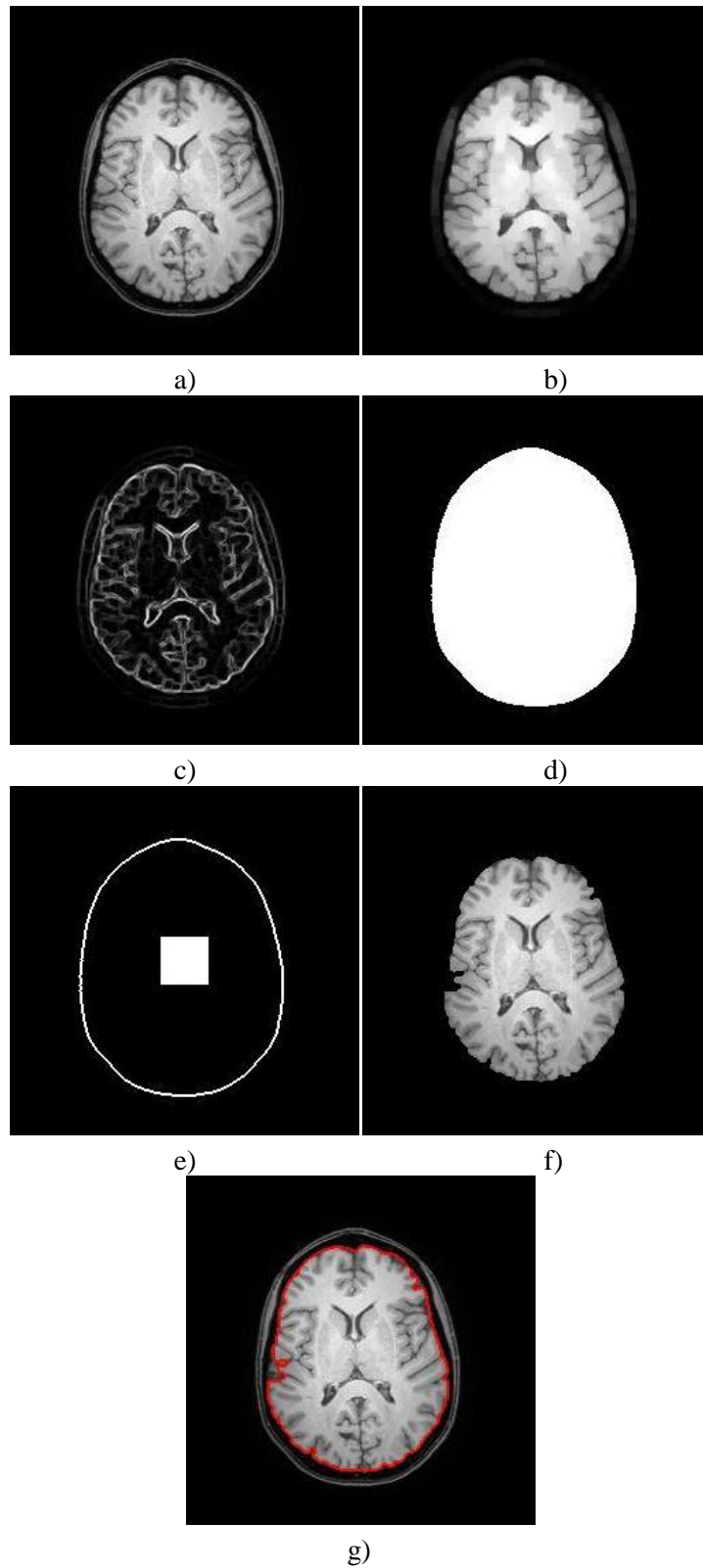


Figura 2.12 Descripción visual detallada del método watershed con un marcador. a) Corte seleccionado. b) Apertura inicial del corte. c) Gradiente de dicha apertura. d) Máscara empleada para el marcador externo e) Marcador final. f) Resultado final. g) Muestra de la zona seleccionada en el resultado final

Debido a que el método emplea un único marcador, los resultados no son del todo satisfactorios. Los principales errores que se observan son la inundación, mediante el método de *watershed*, de zonas que no forman parte del cerebro, o bien todo lo contrario, imágenes donde el resultado final ha perdido gran parte de la zona cerebral. Esto es debido a que la obtención del marcador externo depende de un umbral y que la umbralización presenta grandes problemas. Dichos problemas son debidos al ruido de la imagen, la homogeneidad, entre otros aspectos. Esto hace que si la máscara creada contenga zonas externas a la imagen, el resultado final posiblemente también las contenga, o bien, si la máscara es muy pequeña, se perderá gran parte de la información.

Estas irregularidades en los resultados, también son debidas a que aparecen zonas de alto gradiente en la parte a inundar por el marcador interno que hacen que se frene el crecimiento de la región. Un ejemplo de esto puede ser la presencia de un tumor, cambios de iluminación, etc.

Algún ejemplo de Pacientes cuyo resultado no es el esperado se puede observar en la Figura 2.13. En la Figura 2.13 b, se observa el caso en el que se seleccionan zonas que no son de interés. La Figura 2.13 d muestra el ejemplo opuesto. Se eliminan zonas que sí son de interés.

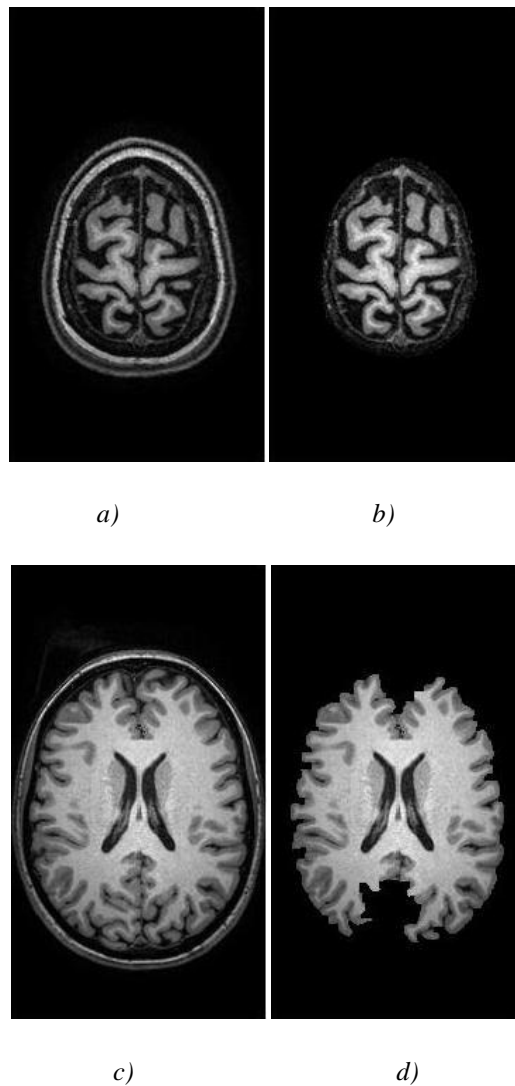


Figura 2.13. Ejemplo de una imagen de un Paciente, cuyos resultados no son los esperados. a) y c) Imagen original. b) y d) Resultado obtenido.

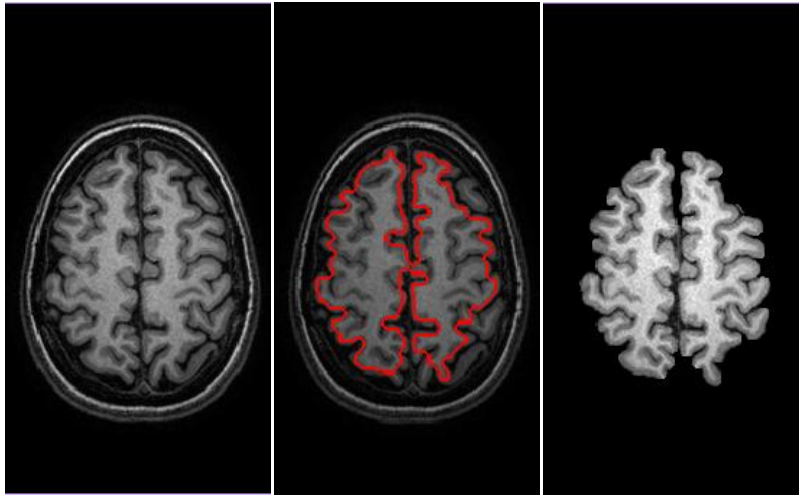
2.3.2 Watershed Estratificado

Vistos los resultados obtenidos para un único marcador, se decidió seguir empleando el watershed con marcadores, pero esta vez ampliando el número de marcadores y ubicándolos de manera uniforme.

Como se ha podido comprobar, la elección de un marcador apropiado es determinante para la obtención de unos resultados correctos. Un exceso de marcadores causaría la posible selección de partes de la imagen no deseadas. Por otro lado, el uso de pocos marcadores dentro de la imagen de interés, puede también causar que algunas de las regiones no sean detectadas. Es por ello que la elección de unos marcadores correctos, es crucial para la efectividad y robustez del algoritmo.

Cuando se decidió emplear este método, el inconveniente más importante con se encontró fue la obtención de la máscara que limitará la región donde se lanzarán los marcadores internos adecuados para todos los cortes. En primer lugar, se demostró que no era una forma correcta la obtención de este marcador siguiendo los pasos vistos en el método *watershed* con marcadores. Se debe recordar que el método anterior realizaba un cálculo de la máscara para cada uno de los cortes que componen el volumen del paciente. Cuando se implementó el método siguiendo este procedimiento, se observó una serie de irregularidades que no eran posibles clínicamente. Es decir, los resultados obtenidos para un determinado número de imágenes, no eran coherentes. Se observó que algunos resultados perdían gran cantidad de información y que había una gran diferencia entre dos cortes contiguos en el volumen, entre otros problemas. Observemos algunos de los problemas detectados:

a) Corte número 236 del paciente



b) Corte número 237 del paciente

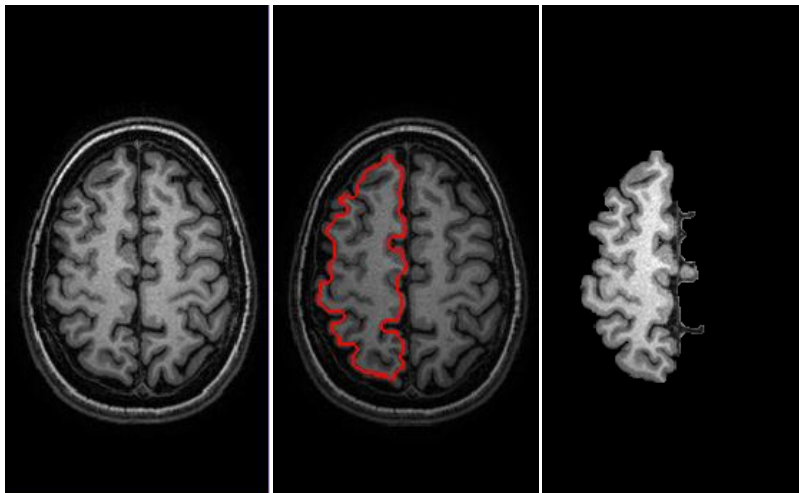


Figura 2.14 Errores encontrados hallando la máscara mediante umbralización. Primera columna: imagen original. Segunda columna: Máscara de la imagen. Tercera columna: Imagen obtenida como resultado de la transformada de watershed

En el ejemplo se observan los dos problemas mencionados. En primer lugar, el corte 237 pierde medio hemisferio cerebral y los marcadores internos sólo se encontrarían en esta región. En segundo lugar, hay una gran diferencia entre el corte 236 y 237, lo cual no es posible desde un punto de vista clínico, es decir, debería existir una continuidad entre las máscaras de cortes consecutivos.

Por ejemplos como los de la Figura 2.14, se decidió que no se podía aplicar el proceso de cálculo de la máscara en cada corte. Por ello, se decidió crear una máscara, llamada máscara auxiliar, la cual se emplearía para el cálculo de las máscaras pertenecientes a todos los cortes del volumen. Cabe recordar que la región delimitada por dicha máscara será la zona donde se lancen los marcadores del método *watershed*, por tanto la correcta elección de un marcador es esencial para obtener resultados correctos lo cual implica que la correcta elección de la imagen

de referencia tenga un papel importante en este paso. Se denominada imagen de referencia a aquel corte del volumen sobre el cual se calcule dicha máscara auxiliar.

Tras realizar diversas pruebas en todos los pacientes, y probando múltiples imágenes como referencia, se decidió diseñar el método para que la elección de la imagen de referencia fuese una imagen que contenga zonas donde ya se puedan apreciar los ojos. Es decir, imágenes como la Figura 2.16 a. Se pudo comprobar que al tener una máscara auxiliar con estas características, el método seleccionaba las zona cerebral de una forma más correcta que con el otro tipo de imágenes y presentaba mejores resultados.

A continuación, en la Figura 2.16, se hace una breve comparación de los resultados obtenidos eligiendo una imagen de referencia con ojos y otra sin ellos. Se puede observar lo comentado antes, donde los resultados son mejores para la imagen de referencia con ojos.

La elección de la imagen de referencia se realizará indicando el número de corte deseado, tal y como se puede ver en la Figura 2.15.

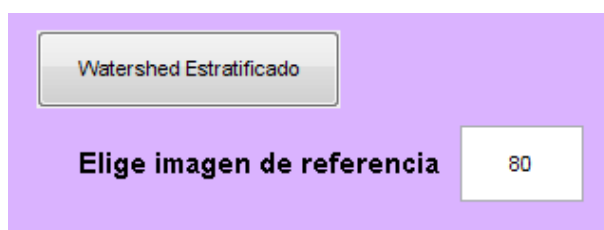


Figura 2.15 Forma de elegir la imagen de referencia del método

En primer lugar, dadas dos imágenes de referencia, una donde aparecen ojos, y otra donde no, se muestra la máscara auxiliar obtenida para cada una de ellas. (Figura 2.16)

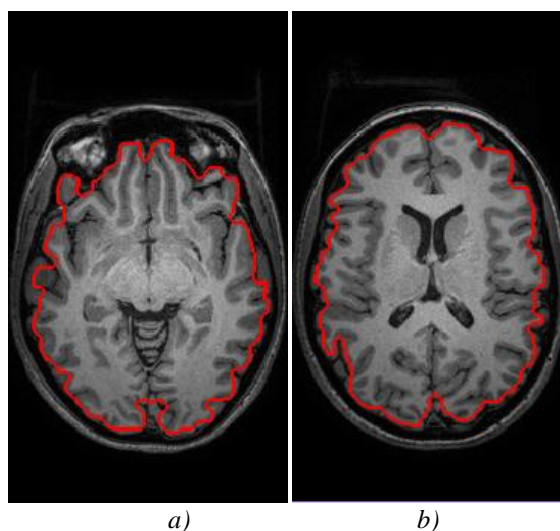
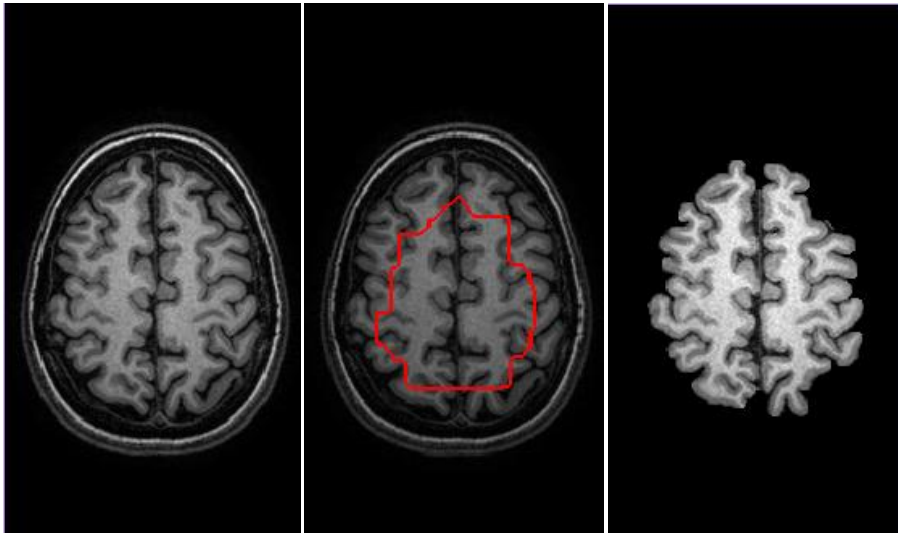


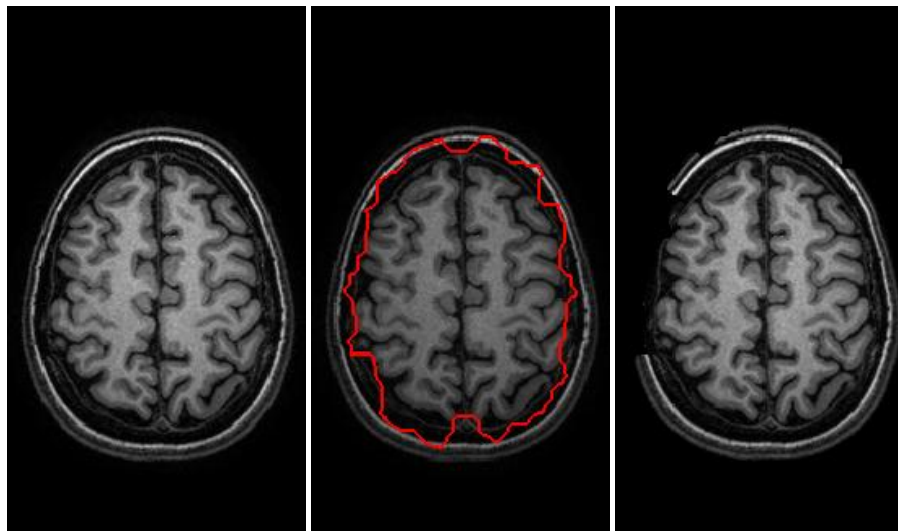
Figura 2.16 a) Máscara obtenida para una imagen de referencia con ojos. b) Máscara obtenida para una imagen de referencia sin ojos

A continuación, se observan los resultados obtenidos para otros cortes del volumen, haciendo una comparación entre los resultados obtenidos para una máscara obtenida a partir de una imagen con ojos, y la máscara obtenida a partir de una imagen sin.

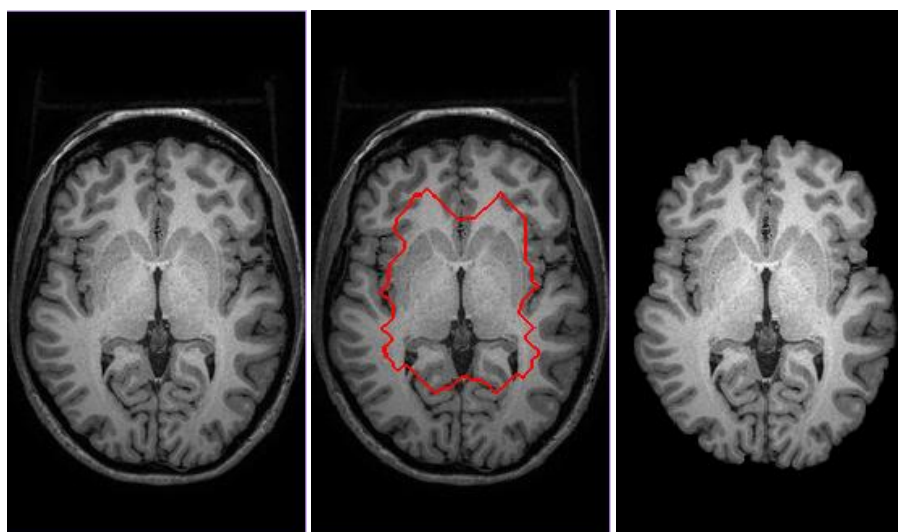
a) Corte 236. Imagen de referencia Figura 2.16 a (Imagen de referencia con ojos)



b) Corte 236. Imagen de referencia Figura 2.16 b (Imagen de referencia sin ojos)



c) Corte 184 Imagen de referencia Figura 2.16 a (Imagen de referencia con ojos)



d) Corte 184. Imagen de referencia Figura 2.16 b (Imagen de referencia con ojos)

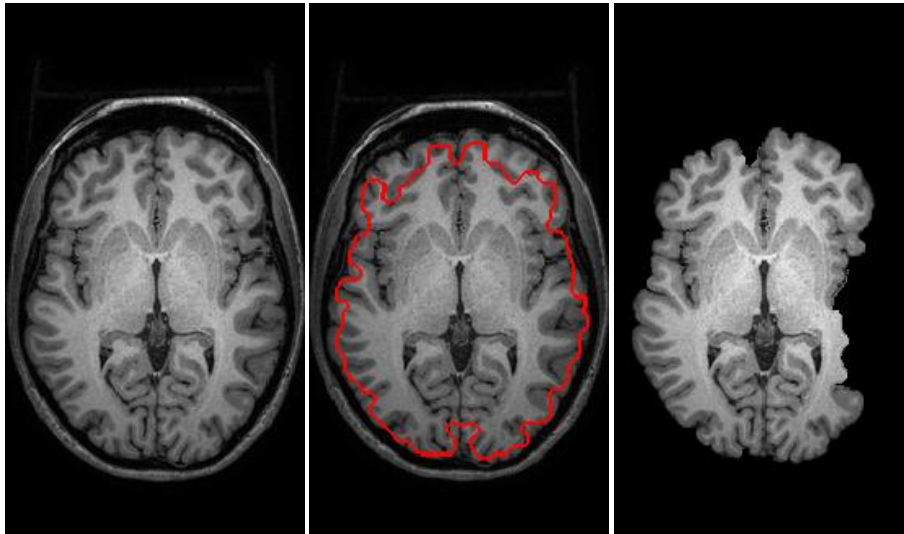


Figura 2.17 Comparación de los resultados al elegir una Imagen de referencia con ojos o bien una imagen sin ojos. La primera columna es la imagen de referencia. La segunda columna es la máscara obtenida para cada corte. La última columna es el resultado final obtenido.

Se puede observar que los resultados son más apropiados cuando la imagen de referencia contiene ojos.

Siguiendo con la explicación del método y cómo ya se ha comentado anteriormente, se diferencian diversas fases del método. En primer lugar, la Figura 2.18 nos mostrará los pasos que se realizan inicialmente, para la imagen elegida de referencia. Tras esto, se creará el esquema mostrado en la Figura 2.23, donde se explica el proceso que sigue el método, en los cortes restantes.

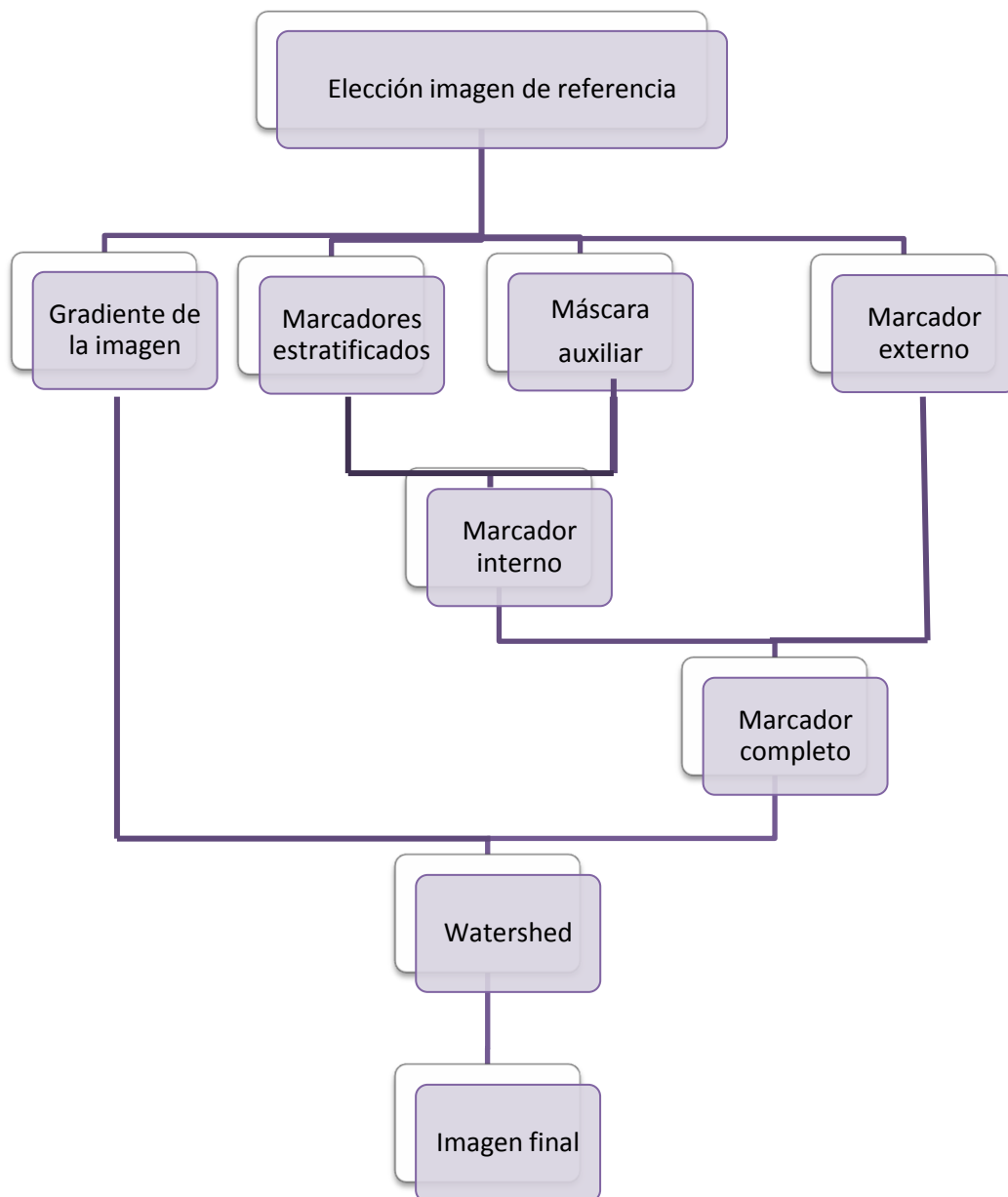


Figura 2.18. Descripción del método Watershed Estratificado. Pasos a seguir en la imagen de referencia.

Como se indica anteriormente, inicialmente se realizan los pasos para la imagen de referencia.

Siguiendo el esquema representado, el primer paso es la elección de dicha imagen de referencia. Este paso ha sido explicado previamente.

A continuación se debe calcular la máscara auxiliar. Este paso es muy importante, ya que dentro del espacio comprendido por esta máscara, se situarán los marcadores internos que emplearemos para lanzar el método de *watershed*.

Los pasos a seguir son muy parecidos a los del método anterior. En primer lugar, mediante un umbral, se seleccionan las zonas de la imagen cuyo valor de intensidad sea mayor que 30 (Figura 2.19 b). Con este valor, en la mayoría de los casos, el resultado es una imagen binaria, formada únicamente por la zona cerebral de nuestro interés. A esta imagen, procederemos a aplicarle una erosión (Figura 2.19 c). Con esto lo que conseguimos es disminuir un poco el tamaño de la imagen, para que así la máscara se adapte mejor a la zona de interés y evitar que alguna zona del cráneo pueda estar incluida en ella. A continuación nos quedamos solamente con el objeto más grande de la imagen. Esto es muy útil en el caso que tras la aplicación del umbral, se hayan seleccionado zonas pequeñas externas al cráneo (Figura 2.19 d). Con este paso se eliminan dichos objetos, y nos quedamos únicamente con el cerebro. Tras esto, se rellenará la imagen para intentar conseguir una imagen sin agujeros, y se aplicará una dilatación, para así conseguir un tamaño mayor y más compacto. Se vuelve a rellenar la imagen por si se hubiese formado algún tipo de agujeros en el proceso anterior (Figura 2.19 e), y erosionamos la imagen para conseguir una máscara de tamaño adecuado (Figura 2.19 f).

Debido a que el proceso de cálculo de la máscara, tiene una gran cantidad de pasos, se mostrarán los resultados obtenidos para cada uno de los pasos en la Figura 2.19.

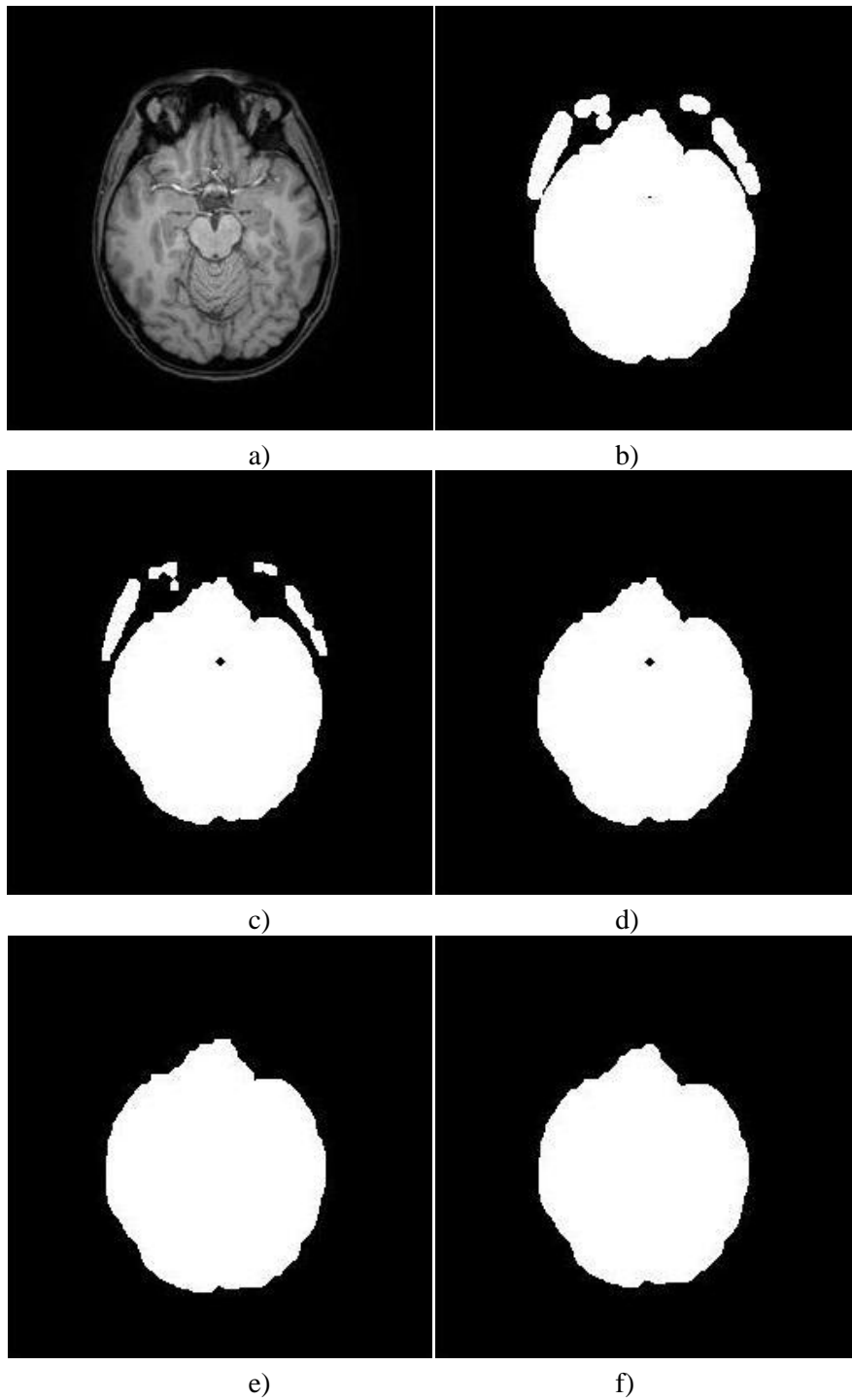


Figura 2.19 Pasos a seguir para calcular la máscara auxiliar. a) Imagen elegida como de referencia. b) Imagen resultante tras aplicar el umbral mayor que 30. c) Erosión de la imagen b). d) Objeto mayor de la imagen c). e) Dilatación de la imagen d) con los huecos rellenos. f) Erosión de la imagen e).

El siguiente paso a realizar es el cálculo de los marcadores estratificados para su uso como marcadores internos. El cálculo de éstos consiste en dividir la imagen en bloques y utilizar como marcador el centroide de dichos bloques. En nuestro caso, comparando los resultados mostrados para diferentes valores del número de bloques con el cuál queríamos dividir la imagen, se llegó a la conclusión de que dividir la imagen en 40 bloques proporcionaba unos resultados más apropiados. En la siguiente Figura 2.20, se representan diferentes resultados obtenidos cuando el valor del número de bloques varía.

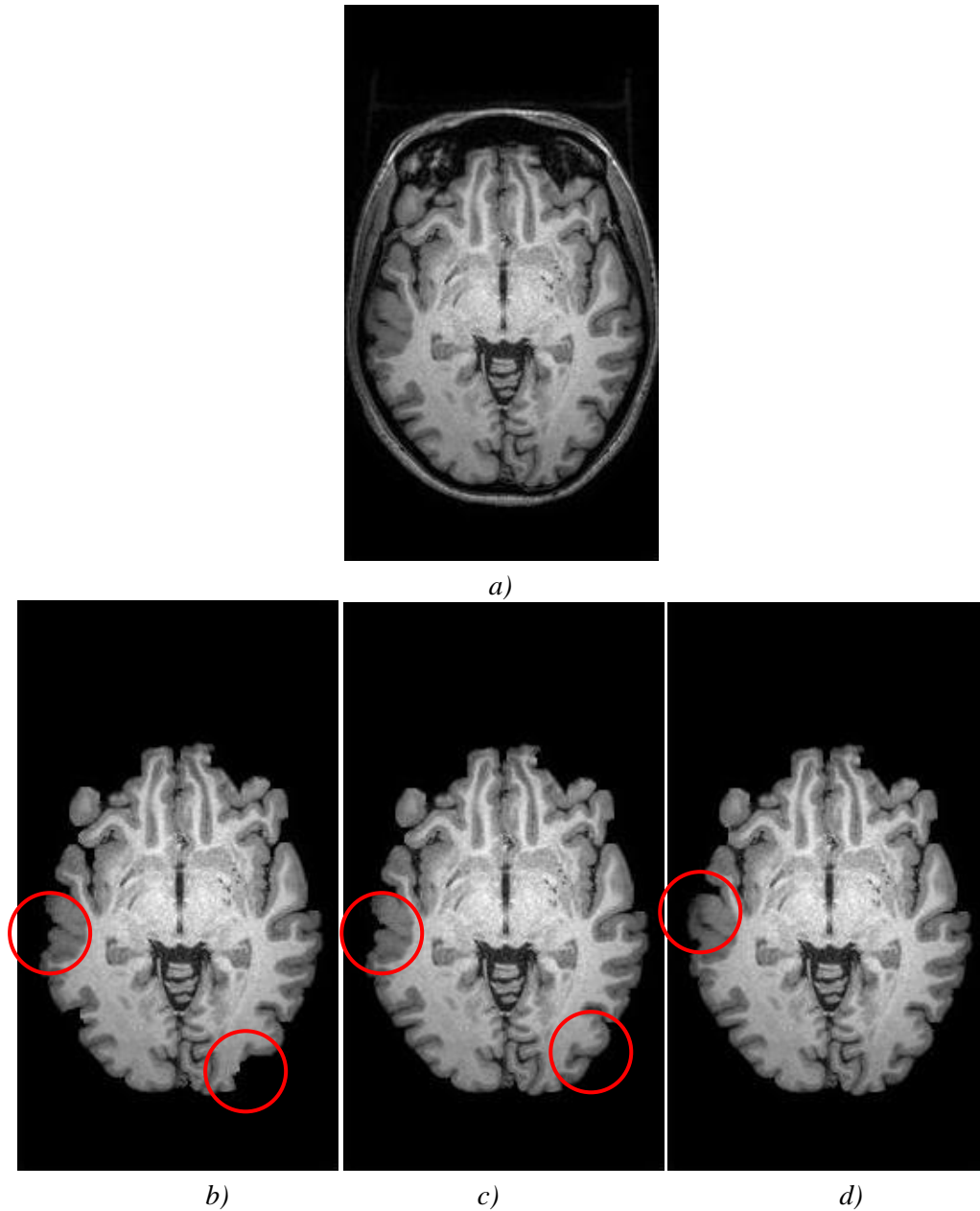


Figura 2.20 Comparación del número de bloques. a) Imagen auxiliar. b) Resultado del método cuando el número de bloques es 20. c) Resultado del método cuando el número de bloques es 40. d) Resultado del método cuando el número de bloques es 60.

Se observa que para un valor de 20, la imagen pierde información importante. En cambio para una imagen de 40 o de 60, los resultados son muy parecidos, pero el coste computacional es mayor para 60 bloques.

El siguiente paso es limitar los marcadores estratificados obtenidos anteriormente a aquellos que se encuentran dentro de la zona seleccionada por la máscara auxiliar. De esta forma, se consigue una imagen del tipo de la Figura 2.22 d.

Por otro lado, se procede a calcular el gradiente de la imagen (Figura 2.22 b). Para ello primero se realizará una apertura de la imagen para eliminar ruido y conseguir un correcto gradiente de ésta. El gradiente se calculará haciendo una diferencia entre la imagen dilatada con un radio de disco 1, y una erosión con el mismo elemento estructurante. Éste será utilizado como imagen de entrada a la transformación *watershed*.

Además, se ha de calcular el marcador externo. El primer paso es seleccionar un umbral mayor que 20. Que el umbral sea de un valor 20 es para que la máscara que se crea tenga mayor cantidad de información que la máscara calculada para el marcador interno. Se pretende que el marcador externo abarque toda la cabeza, y así delimite el método de *watershed* a las zonas de dentro de ésta. Como se ve en la Figura 2.21, el umbral mayor que 10 abarca píxeles externos a las zonas de interés (señalados en el círculo rojo) y en cambio, para un umbral mayor que 20, el cráneo completo es seleccionado, sin seleccionar zonas no deseadas.

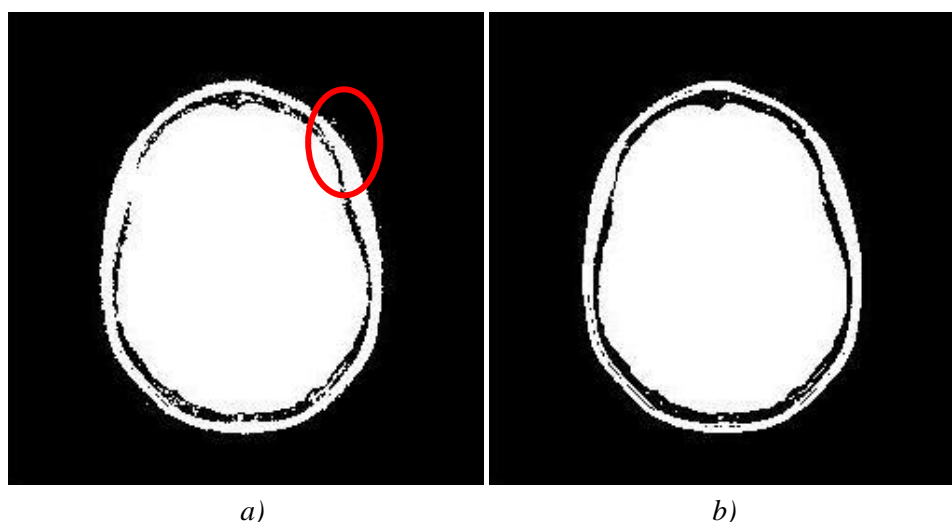


Figura 2.21 Diferentes valores de umbral aplicado a la imagen. a) Umbral mayor que 10. b) Umbral mayor que 20.

Al resultado obtenido en este paso, se le rellenaran los huecos y se seleccionará el objeto mayor. De esta forma se obtiene una máscara unificada. Se realizará una erosión para conseguir que se adapte la máscara mejor al contorno del cráneo, y finalmente, el marcador externo será el contorno de esta nueva máscara, es decir, el resultado de obtener el gradiente a dicha máscara.

Hay que tener en cuenta que para poder aplicar la transformación de *watershed*, ambos marcadores son necesarios, tanto el externo como el interno. Por ello, se realiza el OR lógico de ambos (Figura 2.22 e).

Tras esto, ya podemos aplicar el método de *watershed* con marcadores. La función *watershed* con marcadores, inundará las zonas a partir de los marcadores internos, hasta llegar los límites impuestos por el gradiente de la imagen. Puede existir el caso en el cuál un marcador interno se encuentre justo encima de un límite, esto implicaría que se seguiría inundando externamente a éste. La creación del marcador externo, calculado anteriormente, es precisamente para evitar que el método inunde en zonas que están fuera de nuestro interés.

Del resultado obtenido tras aplicar el método de *watershed* (Figura 2.22f) obtendremos el resultado final (Figura 2.22g), una imagen donde se han seleccionado únicamente las zonas de interés, el cerebro.

Se muestra un ejemplo visual de los resultados obtenidos en cada paso. Como ya hemos visto el proceso del cálculo de la máscara auxiliar, omitiremos este paso.

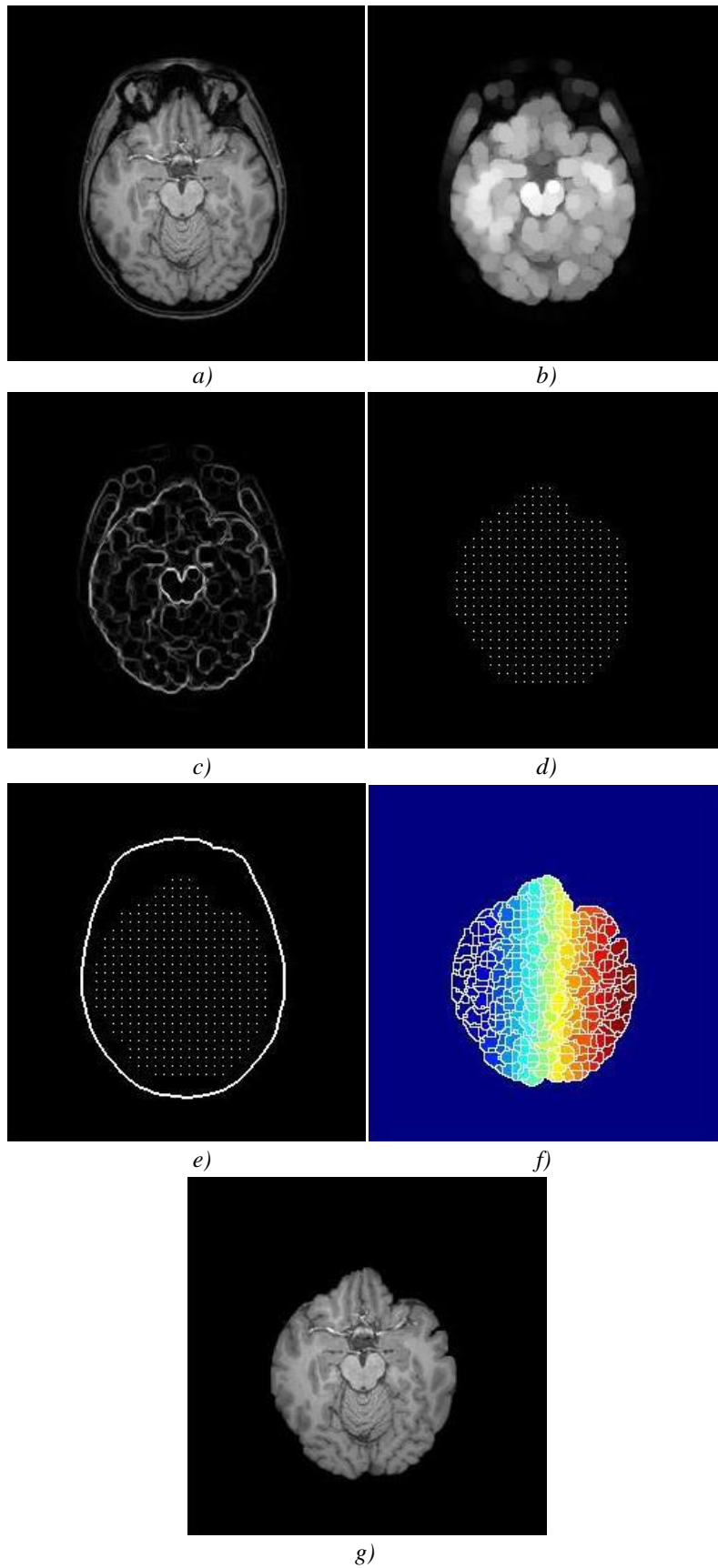


Figura 2.22 Ejemplo de los pasos seguidos en el método Watershed estratificado, para la imagen de referencia. a) Imagen original. b) Apertura de la imagen a).c) Gradiente de la imagen de la imagen b). d) Marcador interno. e) Marcador final. f) Regiones del watershed. g) Resultado final.

Tras todos estos pasos, se procederá a implementar el método para el resto de cortes. En primer lugar, se recorrerán las imágenes desde la imagen de referencia hasta el último elemento del volumen que forma el Paciente. Se realizarán una serie de pasos que a continuación se explicarán, y se recorrerá el Paciente en el otro sentido, es decir, desde la imagen de referencia hacia el primer corte, realizando los mismos pasos.

Por ello, vamos a hacer un breve esquema de los pasos que sigue el método en el resto de cortes.



Figura 2.23. Descripción del método Watershed Estratificado. Pasos a seguir para cada una de las imágenes, a partir de la imagen de referencia.

En primer lugar, se van a explicar los pasos que sigue el método cuando partimos de la imagen de referencia y crecemos hacia el final del volumen.

Como se ha comentado al inicio del apartado, se va a emplear la máscara auxiliar para el resto de cortes del volumen y se actualizará dicha máscara para que se adapte a cada uno de los cortes. Por tanto, el primer paso que se realiza es dicha actualización. Esto será una erosión de la máscara.

Este paso es un proceso complicado debido a que las imágenes no varían igual para todos los Pacientes, ni la velocidad de cambio es la misma entre cortes cercanos a la imagen de referencia del volumen, o entre dos cortes más alejados de la imagen de referencia. Es decir, que se presenta el problema de por qué valor se ha de erosionar la máscara, o bien cada cuánto se debe erosionar.

Tras muchas observaciones, se decidió que la máscara permaneciera constante durante las 30 imágenes continuas a la elegida de referencia y que a partir de esta imagen, y con un incremento de 3 cortes, se realizaría una erosión de la imagen de tamaño 3. Esto es porqué, debido a que la imagen de referencia es elegida según el criterio de que contenga zonas de ojos, la máscara obtenida para dicha imagen tiene un tamaño relativamente pequeño. Esto implicaba que por mucho que el tamaño del cerebro aumentase o disminuyese un poco al movernos entre los diferentes cortes que forman el volumen de imágenes de los pacientes, la máscara estaba comprendida dentro del cerebro, y mostraba unos resultados correctos. Se puede observar en la siguiente Figura 2.24.

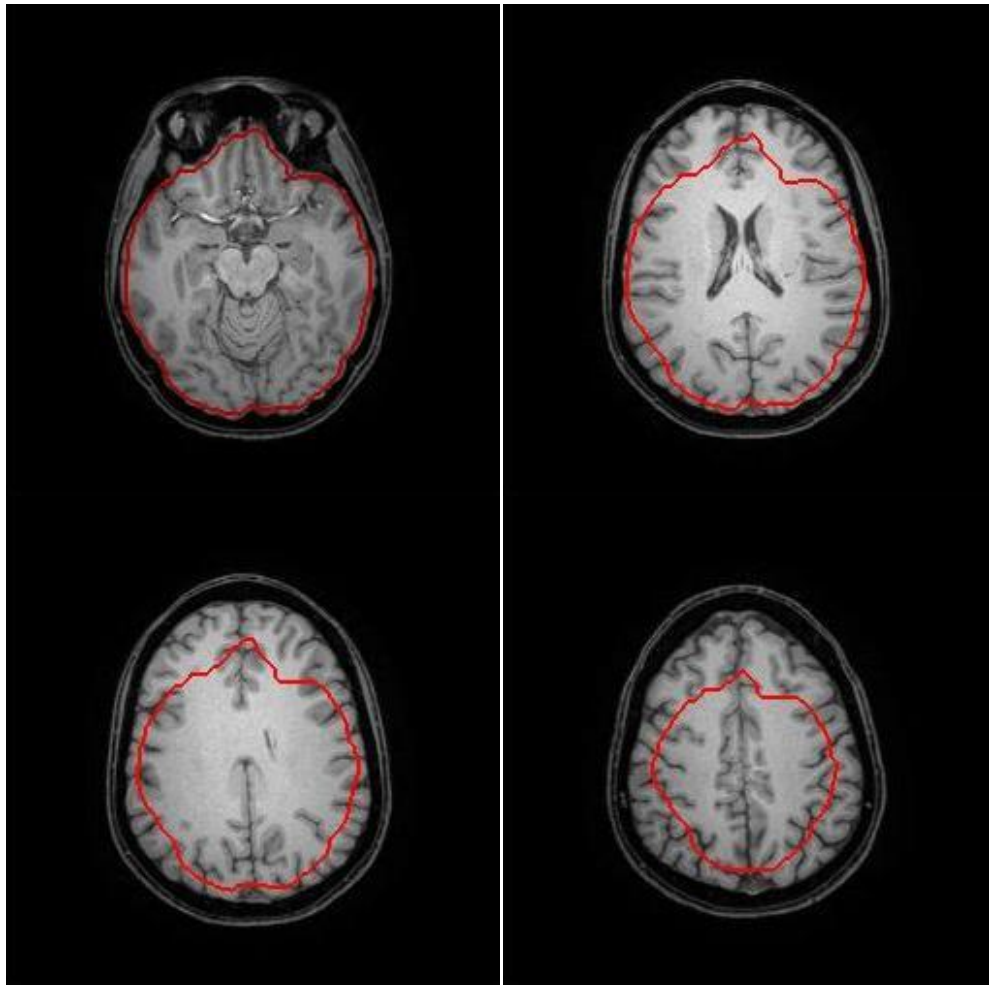


Figura 2.24 Evolución de la máscara

Cabe destacar que debido a que la máscara está continuamente erosionándose, llega un momento en el cual ya está completamente erosionada, y deja de poder aplicarse el método. Esto no nos provoca ningún problema, ya que esto ocurre en las imágenes del Paciente que ya no tienen interés para nuestro estudio. Imágenes en las que el cerebro ya es muy pequeño, o en las que aparecen muchos elementos que no son cerebrales.

Una vez actualizada la máscara, se debe crear el marcador final de cada corte. En primer lugar, se halla el marcador interno. Esto se realiza con la AND entre los marcadores estratificados y la máscara actualizada. Los marcadores estratificados serán los mismos que los obtenidos para la imagen de referencia. Tras esto, se calcula el marcador final, a partir del marcador externo hallado también para la imagen de referencia, y el marcador interno que se acaba de obtener.

A continuación se aplicará el método de *watershed*. Para ello, también será necesario recalculer el gradiente para cada uno de los cortes.

Con el resultado obtenido con la transformación *watershed*, se calculará el resultado final de cada corte.

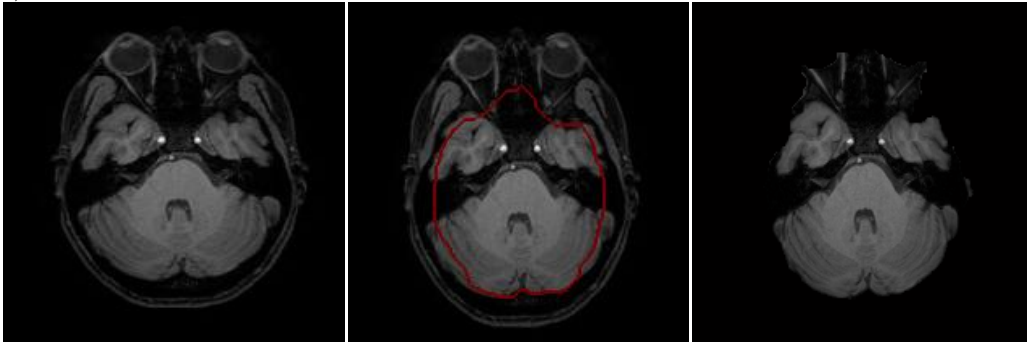
Una vez explicados los pasos seguidos cuando se recorre el volumen hacia la imagen final, se comenta la principal diferencia que hay cuando se recorre el volumen hacia la imagen inicial.

En general los pasos seguidos son los mismos. La diferencia se encuentra a la hora de actualizar la máscara. Lo que ocurre ahora, es que en las imágenes desde la imagen de referencia a la inicial, el tamaño del cerebro va disminuyendo muy rápidamente, y pronto empiezan a aparecer diferentes componentes no cerebrales. Debido a esto, se decidió que la máscara se erosionaría con un disco de radio 2, cada dos imágenes, empezando por la imagen segunda tras la de referencia.

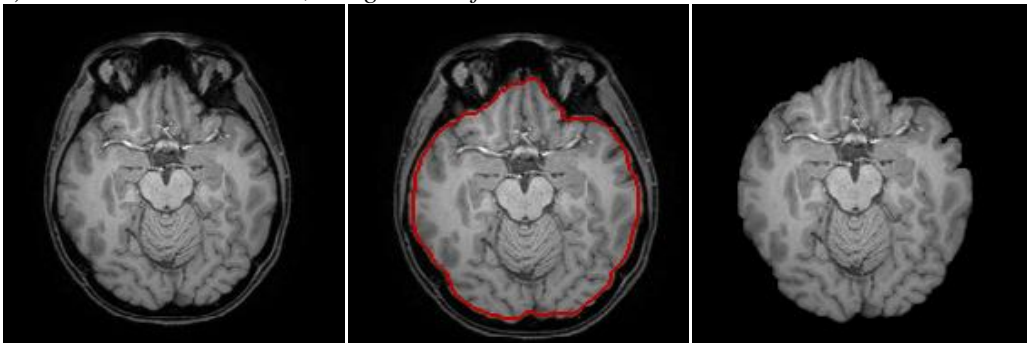
Como los pasos seguidos en esta parte del método son los mismos que para la imagen de referencia, exceptuando la actualización de la nueva máscara, no se va a hacer una representación visual de cada paso, pero sí se van a mostrar algunos ejemplos donde se observa la evolución de la máscara (Figura 2.25). En esta figura se muestra cómo a medida que los cortes se van alejando del corte de referencia, la máscara se va erosionando y haciendo más pequeña, para adaptarse al tamaño real de cada corte. Se demuestra cómo, por mucho que la máscara vaya disminuyendo, siempre está comprendida en la zona cerebral, y por tanto, el resultado final contiene dicha zona.

Inicialmente, en la Figura 2.25a, se presenta la imagen de referencia con su correspondiente máscara auxiliar. Los cortes siguientes muestran cómo se ha actualizado dicha máscara, y los resultados para cada paso.

a) Corte 42 del Paciente



b) Corte 58 del Paciente, Imagen de referencia



c) Corte 104 del Paciente

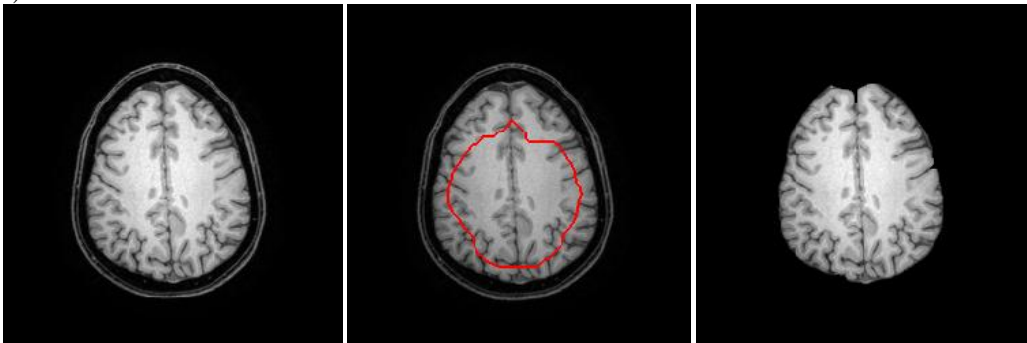


Figura 2.25 Diferentes ejemplos de variación de la máscara. En la primera columna mostramos la imagen original del Paciente. A continuación, se muestra la máscara del corte seleccionado. Por último, se muestra el resultado final.

Tras todos estos pasos, se ha obtenido un volumen de imágenes ya segmentadas gracias al empleo del método *watershed* estratificado. En este volumen se encuentran las imágenes donde ya se ha eliminado las zonas no pertenecientes al cerebro.

En resumen, en este método se ha introducido el empleo de marcadores estratificados en el método de *watershed*, y se han tenido que distinguir dos fases. Una primera fase para el cálculo de la máscara auxiliar, y una segunda fase donde ya no se calculará ninguna máscara, sino que se actualiza la máscara auxiliar adaptándose a cada uno de los cortes. Finalmente, se obtienen resultados como los mostrados en la Figura 2.25, para todo el volumen del Paciente.

2.3.3 Watershed Estocástico

El siguiente método a presentar es el *watershed* estocástico. Una vez visto los resultados obtenidos por el método *watershed* estratificado, se decidió realizar unas pequeñas variaciones al método del *watershed*. El cambio más importante que se introdujo, fue el empleo de una nueva versión del *watershed*, la transformada *watershed* estocástico, explicado en el apartado 2.2.2. En dicho apartado se explica que este nuevo método trata de introducir el uso de marcadores aleatorios para construir una función densidad de probabilidad de contornos con la que se definirán las regiones más significativas, la *pdf*. Esta pdf obtenida servirá para hacer una nueva tirada de la transformada *watershed*, donde los marcadores internos empleados esta vez, volverán a ser estratificados.

A continuación se va a explicar más detalladamente el método. Para ello se muestra es siguiente esquema de la Figura 2.26

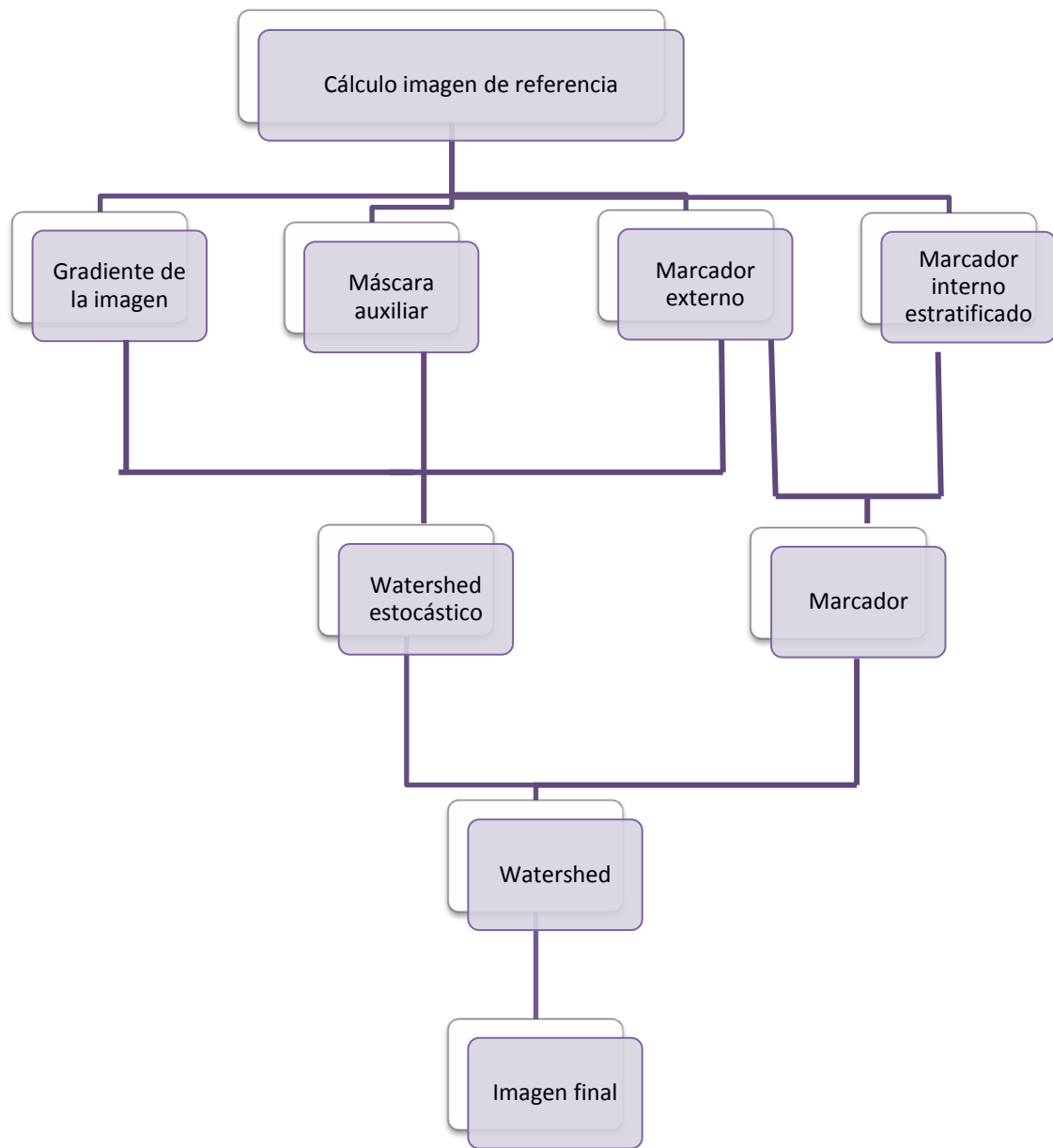


Figura 2.26 Esquema del método watershed estocástico, para la imagen de referencia

Cabe mencionar, que los pasos aquí explicados son, al igual que en el método anterior, para la imagen elegida como referencia. Más tarde se explicarán las modificaciones que sigue este método para el resto de cortes del volumen.

Siguiendo el esquema mostrado en la Figura 2.25, el primer paso a seguir es la elección de la imagen de referencia. Como principal diferencia con el método *watershed* estratificado, la imagen de referencia no será elegida por el usuario, sino que será hallada automáticamente. Para ello, se diseñó una función que calculaba la imagen de referencia, haciendo una comparación con todas las máscaras obtenidas para todos los cortes del volumen, y eligiendo el corte del volumen que posee mayor área cerebral. Veamos visualmente a qué se refiere esto (Figura 2.26).

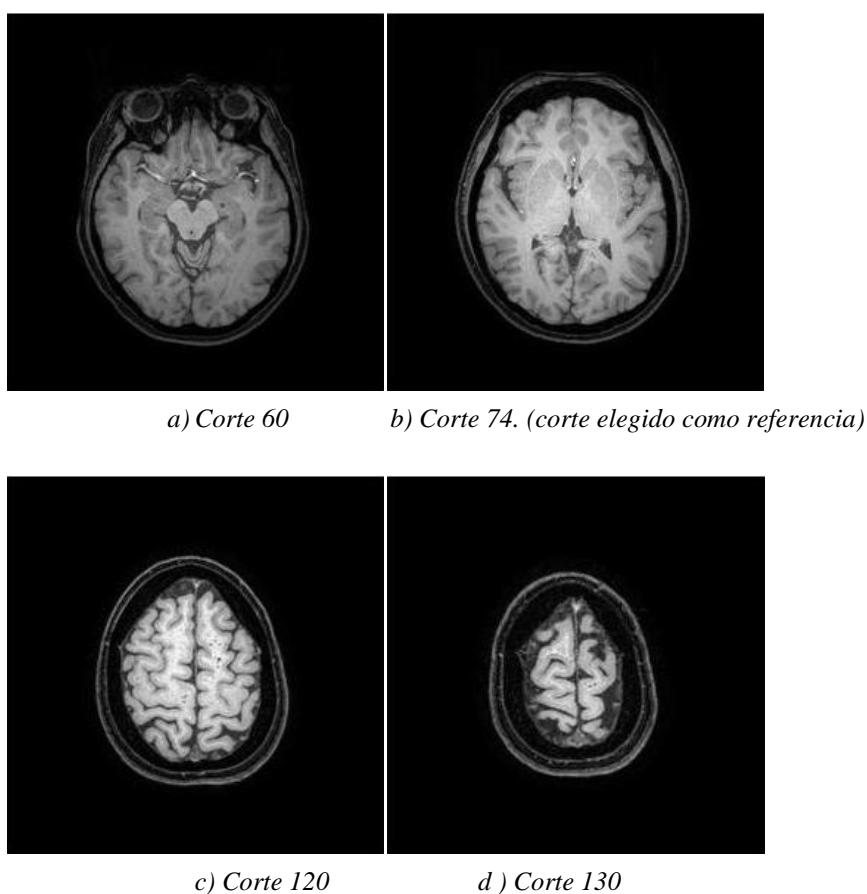


Figura 2.27 Explicación visual del área cerebral mayor.

En esta figura se ve como el corte 74 posee mayor área cerebral. Se comprueba fácilmente como los cortes 120 y 130 son más pequeños, y que también el corte 60, en cuanto a zona cerebral se refiere, también es más pequeña. Por tanto, la función diseñada, nos devolverá, para este caso, la posición 74.

Se aprecia que a medida que la imagen se acerca a la zona donde aparecen ojos, como en la Figura 2.27 a, el área de toda la imagen es mayor, pero la del cerebro ha disminuido. Por otro lado, a medida que el volumen se acerca a la parte superior de la cabeza, Figura 2.27 c y d, la zona cerebral se va haciendo más pequeña.

Una vez obtenida la imagen de referencia, se realizarán los mismos pasos seguidos en el método *watershed* estratificado. La única modificación que se realiza, la podemos encontrar a la hora de calcular el marcador interno. Esto es debido a que ahora, la imagen de referencia ya no es una imagen donde se apreciaban parte de los ojos, sino que es una imagen donde solo hay cerebro. Esto implica una serie de modificaciones para poder calcular la máscara auxiliar. En general, para esta imagen de referencia, se realizarán los mismos pasos, lo que cambiará será el valor con el que erosionemos o dilatemos dicha imagen.

En la Figura 2. 28 se muestra la diferencia de la máscara auxiliar de este método con la máscara que contenía ojos del método anterior.

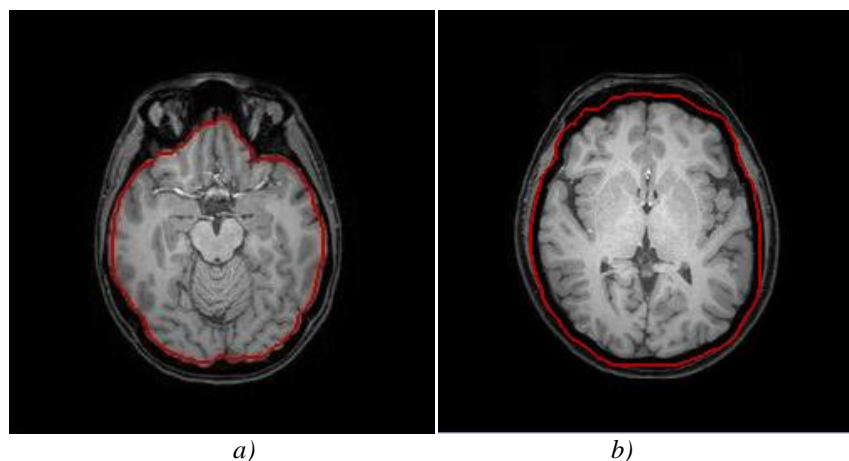


Figura 2.28 a) Máscara obtenida para el método *watershed* estratificado. b) Máscara obtenida para el método *watershed* estocástico.

A continuación se llamará a la transformada *watershed* estocástico. La principal diferencia de esta transformada con respecto a la explicada en el método anterior, es que los marcadores internos serán impuestos de manera aleatoria, en el espacio comprendido por la máscara auxiliar. El resultado de esta función será la imagen *pdf* nombrada anteriormente (Figura 2.29 c). Cabe destacar que ya que los marcadores internos se sitúan de manera aleatoria, este método nunca dará los mismos resultados, ni siquiera para un mismo paciente.

Una vez tenemos la imagen *pdf*, se debe volver a lanzar la función *watershed* con marcadores, al igual que en el método anterior. La imagen de entrada a esta función, no será el gradiente de la imagen, sino que se empleará la imagen *pdf* obtenida previamente en la transformada *watershed* estocástico. Esta vez los marcadores internos no serán aleatorios, sino que se emplean marcadores estratificados, del mismo modo que en el método anterior. Siempre adaptándose a la máscara elegida como auxiliar.

Finalmente, con el resultado obtenido de esta última tirada del método *watershed* con marcadores, ya se puede obtener el resultado final (Figura 2.29 g).

Se muestran los resultados de cada paso visualmente.

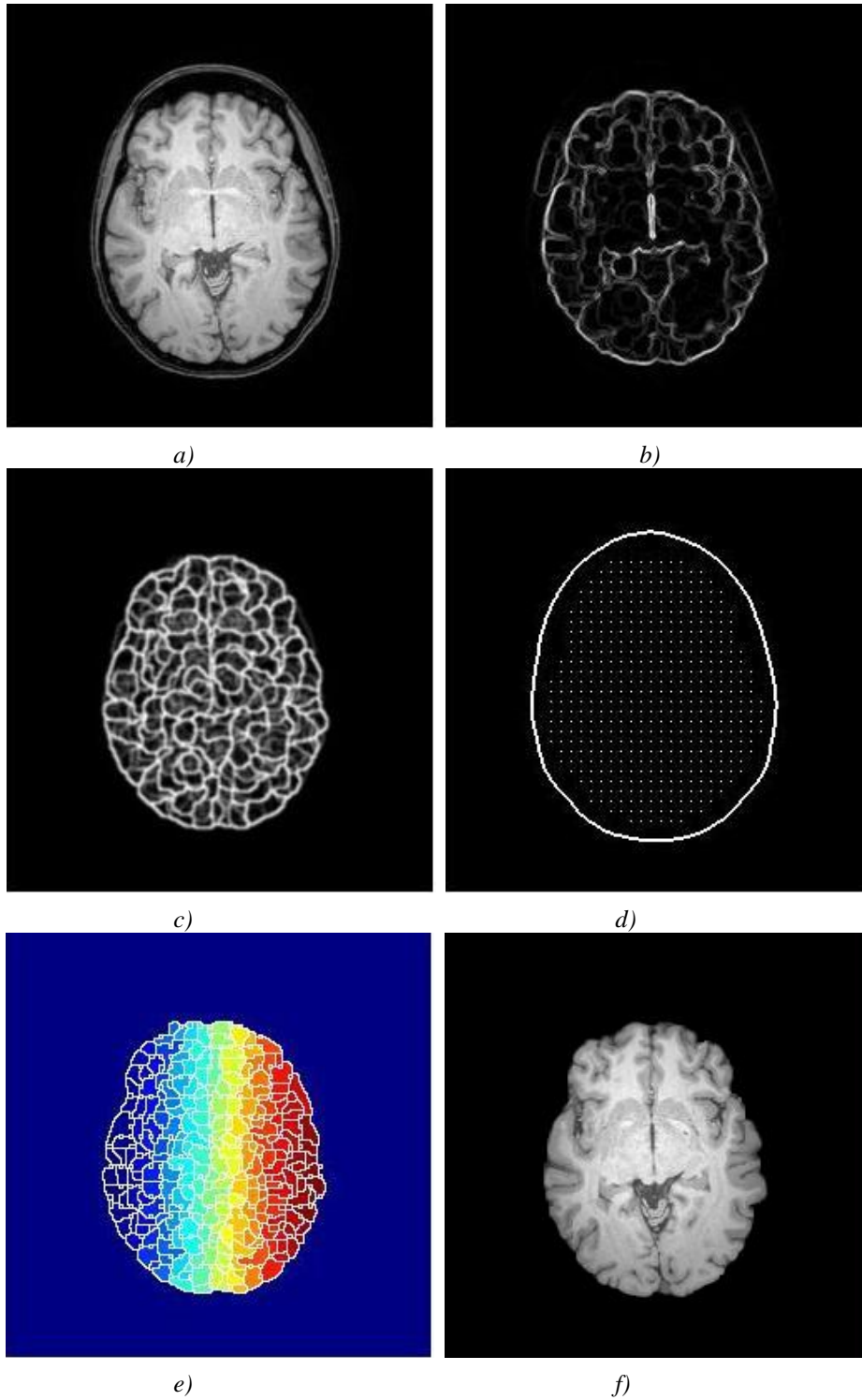


Figura 2.29 Método watershed estocástico. Representación visual de los pasos. a) Imagen original. b) Gradiente de la Imagen a. c) Resultado tras aplicar el método watershed estocástico (pdf) d) Marcador final. e) Resultado tras aplicar watershed. f) Resultado final.

Los pasos seguidos anteriormente se aplican sobre la imagen elegida como de referencia. Para el resto de cortes que componen el volumen, los pasos a realizar serán los mismos pero el espacio donde se van a lanzar los marcadores internos se va a ir modificando, al igual que ocurría en el método anterior. Es decir, ahora no se volverá a calcular la máscara de cada corte, sino que se irá modificando la máscara creada como auxiliar.

Como se ha comentado en el método anterior, la principal problemática de estos métodos es conseguir una máscara la cual se adapte de forma apropiada al corte con el cual estamos trabajando, ya que será la zona donde se lancen los marcadores internos. Tal y como hemos explicado en el apartado 2.3.2, queremos obtener unos resultados coherentes desde el punto de vista clínico. Es decir, que los resultados obtenidos para un corte cualquiera, no varíen de forma drástica entre dicho corte y el corte siguiente en el volumen.

Una vez sabemos esto, vamos a explicar los pasos que sigue el método cuando partimos de la imagen de referencia e incrementamos los cortes del volumen hacia el corte final o bien hacia el principio de éste.

Los pasos a seguir son prácticamente los mismos que en la imagen de referencia. Se emplea el mismo marcador externo para todo el volumen del paciente, y se actualiza la máscara auxiliar para cada uno de los cortes, realizando una serie de transformaciones matemáticas a dicha máscara, erosionándola.

Para cada una de las imágenes, se llamará al método *watershed* estocástico, y tras éste se hará una nueva tirada del método *watershed* con marcadores, al igual que en la imagen de referencia. Finalmente se obtendrá la imagen resultante.

Al igual que en el método *watershed* estratificado, la principal dificultad de estos pasos es conseguir un marcador interno que se adapte a cada uno de los cortes del volumen. Como se explicó en el apartado anterior, este paso es muy complicado debido a la forma en la que varía un corte cerebral al corte siguiente. La principal diferencia que encontramos con este método y el explicado en el apartado 2.2.2, es que al elegir una imagen de referencia en una posición central en el volumen del paciente, la zona cerebral no varía por igual si se recorre el volumen hacia el final de éste, o bien hacia el inicio. Esto no se observaba tanto en el método anterior, ya que se partía de una imagen de referencia cercana al principio del volumen (donde se apreciaban los ojos), y la máscara era más pequeña.

Ahora, tenemos diversos problemas. Por un lado que el tamaño del cerebro no varía igual para todos los pacientes, es decir, hay algunos en los que las imágenes se mantienen constantes durante muchos cortes consecutivos, y otras en las que hay una gran variación entre un corte y el siguiente. Además, encontramos el problema de que la forma del cerebro de los Pacientes puede ser muy distinta entre ellos, o bien que de un corte al siguiente cambia de una forma completamente distinta al de otros dos cortes consecutivos. Debido a todo esto, se han realizado una gran serie de pruebas para ver como se adapta de la mejor forma posible la máscara, ya que este método requiere que la máscara se adapte bastante bien a la zona cerebral para mostrar unos resultados correctos.

Finalmente, el resultado óptimo consistía en erosionar la máscara por un elemento estructurante circular de tamaño fijo ($r=2$) cada un número de cortes determinado ($n=2$). El tamaño de la erosión se aumentó en una unidad ($r=3$) en tres cortes concretos, a lo largo del recorrido del volumen. Esto consigue aumentar la velocidad de adaptación de la máscara al tamaño del cerebro pero sin erosionarse excesivamente. Hacia los extremos del volumen, la erosión con un elemento estructurante circular producía una máscara demasiado alargada en comparación a la forma del cerebro. Por tanto, se requería modificar la forma de erosionar la imagen para poderla adaptar a esta nueva variación. El elemento estructurante empleado fue el mostrado por la matriz A.

$$A = \begin{bmatrix} 1 & & 1 \\ & 1 & \\ 1 & & 1 \end{bmatrix}$$

En la Figura 2.30, se un mismo corte de un mismo paciente. Con estas imágenes, se pretende ver las diferentes formas de erosionar la máscara. La Figura 2.30 a, se considerada como referencia para la explicación. La Figura 2.30 b es el resultado de erosionar la máscara de la Figura 2.30 a aplicando una erosión con un disco de radio 2. La Figura 2.30 c también es el mismo corte, pero esta vez erosionando la máscara con el elemento estructurante A.

De esta selección de imágenes, se observa como la máscara de la Figura 2.30 b, se erosiona por igual en todas las zonas de la máscara. En cambio, en la Figura 2.30 c, la erosión se mantiene constante por los lados, y se consigue erosionar solamente las esquinas. De esta forma, tal y como se ha explicado antes, se consigue una mejor adaptación a la forma cerebral en estos cortes del volumen.

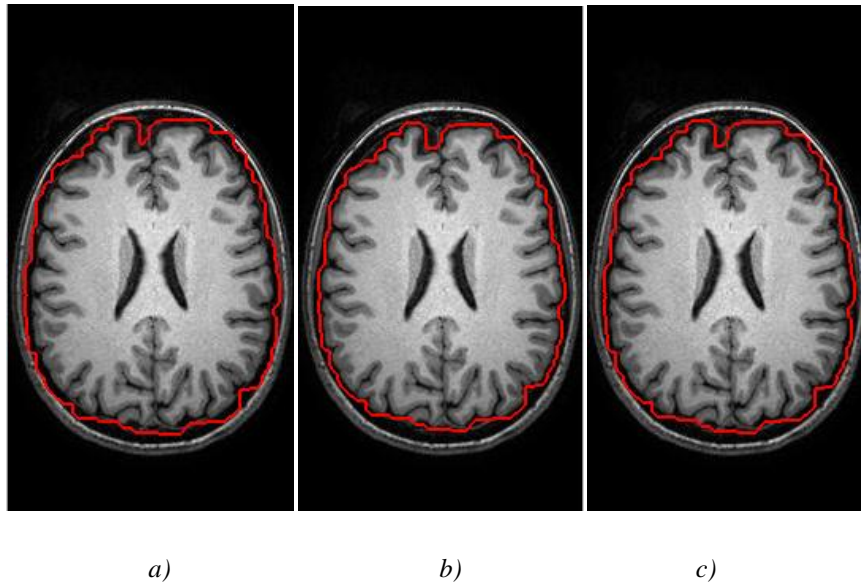
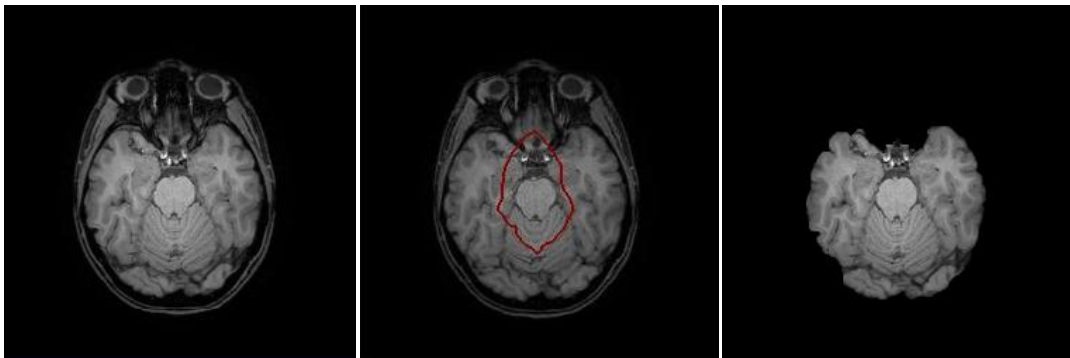


Figura 2.30 Comparativa de las diferentes formas de erosionar la máscara.

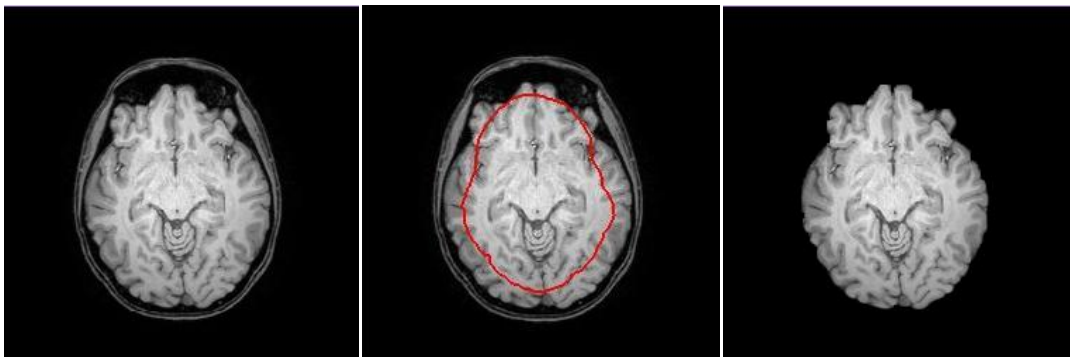
En la Figura 2.31, se puede comprobar la evolución de dicha máscara para diferentes cortes del volumen. De esta forma se aprecia mejor la evolución del tamaño del cerebro.

Una vez visto cómo se incrementa la máscara desde la imagen de referencia hasta la imagen final del volumen, procedemos a explicar qué ocurre cuando se recorre el volumen hacia la imagen inicial. La diferencia entre movernos hacia el principio del volumen o hacia el fin, está en la forma de actualizar la máscara. Como se puede observar cuando visualizamos los Pacientes, la forma de variar del cerebro no es igual según el sentido en el que nos movemos. Es decir, desde la imagen central hacia el inicio, empiezan a aparecer los ojos muy rápidamente, y el cerebro disminuye más su tamaño que en el caso de movernos desde la imagen de referencia hasta la imagen final. Por ello en esta parte del método, simplemente se erosiona la máscara con un disco de radio 3, a cada corte del volumen. En la Figura 2.31 se ven algunos ejemplos.

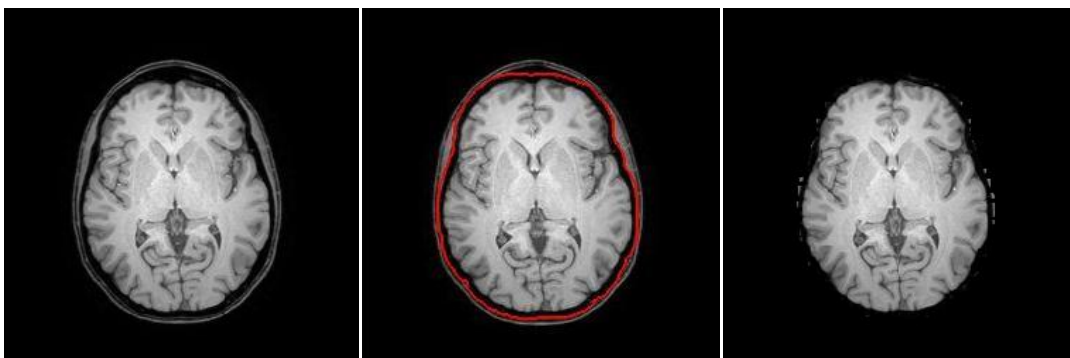
a) Corte 53



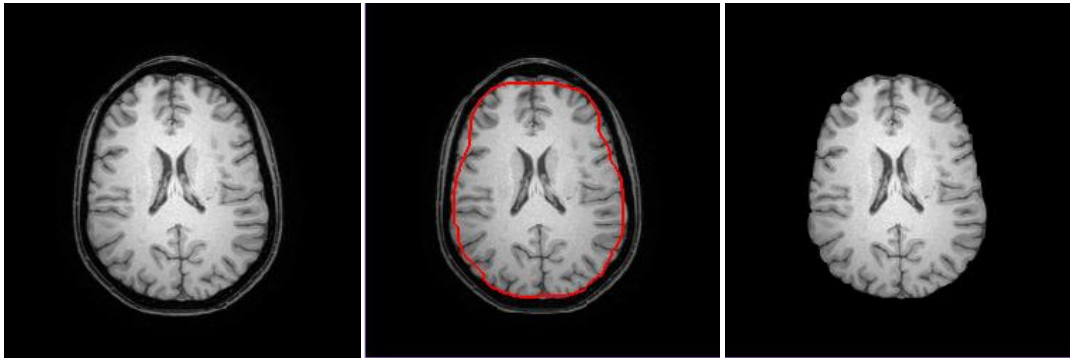
b) Corte 64



c) Corte 74 (Imagen de referencia)



d) Corte 89



e) Corte 96



f) Corte 111

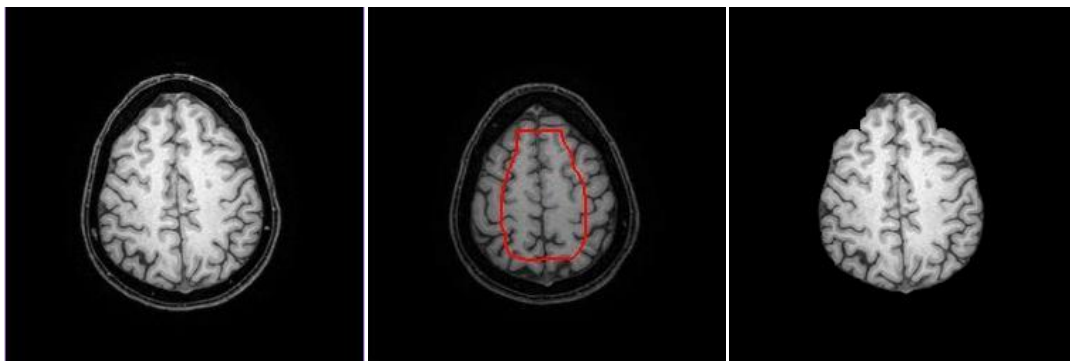


Figura 2.31 Evolución de la máscara a lo largo del volumen. En la primera columna se muestra la imagen original del Paciente. A continuación, se muestra la máscara del corte seleccionado. Por último, se muestra el resultado final.

Destacar como en el método anterior, que debido a la velocidad con la que se erosionan las máscaras, llega un momento en el cual está completamente erosionada y ya no se puede aplicar el método. Como en el caso anterior, esto ocurre para las imágenes de los Pacientes en el cuál el cerebro es muy pequeño y ya no es de nuestro interés. Por tanto, no supone un inconveniente.

En resumen, en el método *watershed* estocástico, se introduce la novedad de aplicar dos variantes del método *watershed*. Por un lado, el estocástico, del cual se obtiene una imagen de pdf, que servirá como imagen de entrada para una segunda tirada del método *watershed* con marcadores. La máscara se erosiona adaptándose a cada uno de los cortes. Como se observa en la Figura 2.31, se aprecia como no se erosiona por igual para todos los cortes, y se observan las diferentes formas de erosionarse la máscara, intentando siempre adaptarse a la forma que tiene el cerebro en cada corte. Los resultados obtenidos se adecuan bastante a lo esperado, aunque para algunas imágenes se pierde información, o selecciona más de la deseada.

2.3.4 Watershed Pseudoestocástico

Para terminar, se va a presentar el último método implementado. Se trata del método *Watershed* Pseudoestocástico.

Tras haber analizado los resultados obtenidos por los métodos anteriores, y viendo cómo se comportaban los métodos con las diferentes formas de *watershed* implementadas, se decidió usar una última modificación del *watershed*, el método *watershed* pseudoestocástico. Con esto se pretendía que los resultados finales se adaptaran un poco mejor a lo esperado, es decir, a la extracción completa del cerebro. Con los métodos anteriores, para algunos de los cortes los resultados observados no son lo esperados, ya que no se consigue aislar completamente el cerebro. En algunos casos se seleccionan zonas del cráneo que no interesan, o bien se pierde parte del cerebro que si es importante.

El método introduce la novedad de que ahora, los marcadores que se van a emplear en el método *watershed* pseudoestocástico, ya no serán totalmente aleatorios como en el método anterior, sino que se elegirán de una manera aleatoria pero imponiendo una restricción a la aleatoriedad de estos marcadores para evitar la segmentación de regiones no deseadas.

En primer lugar, un número N de marcadores aleatorios uniformes se generan dentro de la región delimitada por una máscara auxiliar. En segundo lugar, el número de marcadores válidos está limitado a aquellos que están situados en píxeles cuya intensidad es similar a la intensidad de una semilla inicial perteneciente al objeto que desea ser segmentado, en nuestro caso el cerebro.

Así que, sólo los marcadores situados en los píxeles más intensos, lo que asegura que se encuentran dentro del cerebro, serán tenidos en cuenta.

Para poder aplicar el método *watershed*, los marcadores internos serán pseudo-aleatorios y el marcador externo elegido será elegido como en todos los métodos anteriormente vistos, es decir, como el gradiente de una máscara, la cual contendrá toda la zona de la cabeza.

En concreto, los pasos para generar los marcadores internos son los siguientes:

- 1- Inicializar la función de salida $m(x_i) = 0 \forall x_i \in E; P = \text{Card}(E)$
- 2- Calcular la función de distribución acumulada $cf_d(x_i) = \frac{\sum_{k \leq i} \theta(x_k)}{\sum_{k=1}^P \theta(x_k)}$, donde $\theta(x_k)$ representa una distribución Gaussiana.
- 3- Generar N marcadores aleatorios r_N
- 4- Desde $j=1$ hasta N
 - 4 a- $r_j \sim U(1, P)$
 - 4 b- Encontrar el valor de s_j para que $r_j < cf_d(X_{s_j})$
 - 4 c- $m(X_{s_j}) = 1$

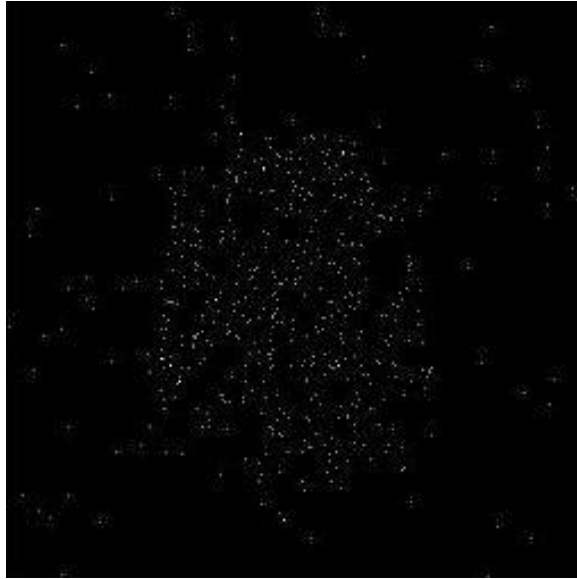


Figura 2.32 Ejemplo de la función que genera marcadores aleatorios

Al igual que hemos hecho con los otros métodos, vamos a desarrollar la explicación del método. Empezaremos con el procedimiento a seguir para la imagen de referencia, siguiendo el esquema de la Figura 2.33, y más tarde se explicarán los pasos a seguir para el resto de cortes, siguiendo el esquema de la Figura 2.35.

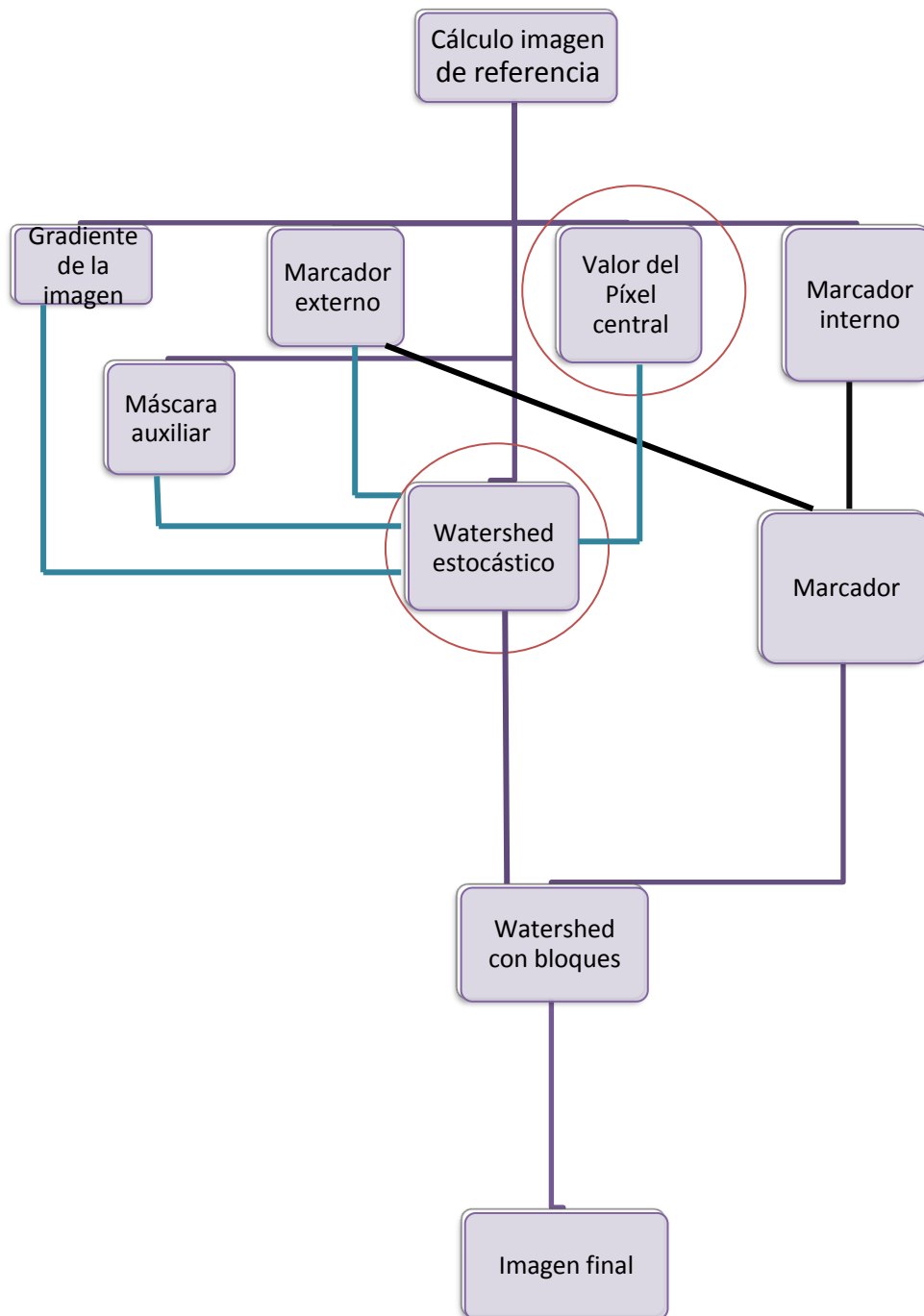


Figura 2.33 Esquema del método watershed pseudoestocástico. En círculo rojo mostramos los pasos diferentes al método anterior.

En primer lugar, debemos encontrar la posición de la imagen de referencia. En este método, al igual que en método watershed estocástico, la elección de la imagen de referencia no será manual (como en el método watershed estratificado) sino que emplea para ello la función nombrada en el apartado 2.3.3 donde se halla el corte cuya área cerebral es más grande. La máscara de dicho corte será la empleada como máscara auxiliar para el cálculo de las máscaras pertenecientes al resto de cortes del volumen. Como en el método anterior, la máscara se adaptará a cada corte.

Para poder lanzar el nuevo *watershed*, será necesario pasarle como variables de entrada: la imagen de referencia, el gradiente de dicha imagen, el marcador externo, las coordenadas de un determinado píxel que pertenezca a la zona que se desea segmentar (el cerebro), un valor de varianza que seleccionaremos a nuestro interés y por último, la máscara auxiliar obtenida de la imagen de referencia, que será donde se lanzarán los marcadores internos.

Para ello, será necesario calcular el gradiente de la imagen, tal y cómo se ha realizado en todos los métodos anteriores. El marcador externo y la máscara de la imagen de referencia también serán calculadas siguiendo los pasos del método anterior. Además, y como novedad de este nuevo método, se necesita como variables de entrada un píxel de referencia. Dado que lo que pretendemos es seleccionar únicamente el cerebro, el valor del píxel elegido será el del píxel con mayor intensidad (Figura 2.34), ya que éste píxel siempre pertenecerá a la zona del cerebro.



Figura 2.34 Situación del píxel de mayor intensidad

Este valor, será empleado dentro de la llamada a la nueva función *watershed*, para determinar los marcadores internos válidos sobre los cuales se basará dicho método. Los marcadores internos serán elegidos de forma aleatoria, pero se limitarán a aquellos cuya varianza de intensidad con respecto al píxel de referencia sea menor de un umbral. Dicha varianza máxima también se le pasa al método.

A continuación, y debido a que la imagen de salida del nuevo método *watershed* sigue siendo una *pdf*, se deberá hacer una última tirada de la transformada de *watershed*. Para ello, será necesario que calculemos de nuevo el marcador interno. Como se ha comentado previamente, este punto es una de las diferencias más importantes de este método con respecto a

los anteriores. Los puntos sobre los cuales se lanzará el método de *watershed* con marcadores, ya no serán puntos estratificados, sino que serán una serie de puntos aleatoriamente elegidos, según como se ha explicado al inicio de este capítulo.

Debido a que los marcadores se crean aleatoriamente, los resultados ofrecidos por este método nunca serán iguales, incluso para un mismo paciente. Esto puede ser perjudicial en el caso de que, por ejemplo, todos los marcadores se lanzaran en la mitad de la imagen, en lugar de estar repartidos en la imagen completa. Esto puede pasar, pero sería un caso muy extremo, en ninguna de las pruebas realizadas ha ocurrido.

A partir del resultado obtenido tras aplicar el método de watershed, se conseguirá el resultado final que se observa en la Figura 2.35 f.

A continuación, se presenta un ejemplo visual del resultado que obtenemos en cada uno de los pasos anteriores.

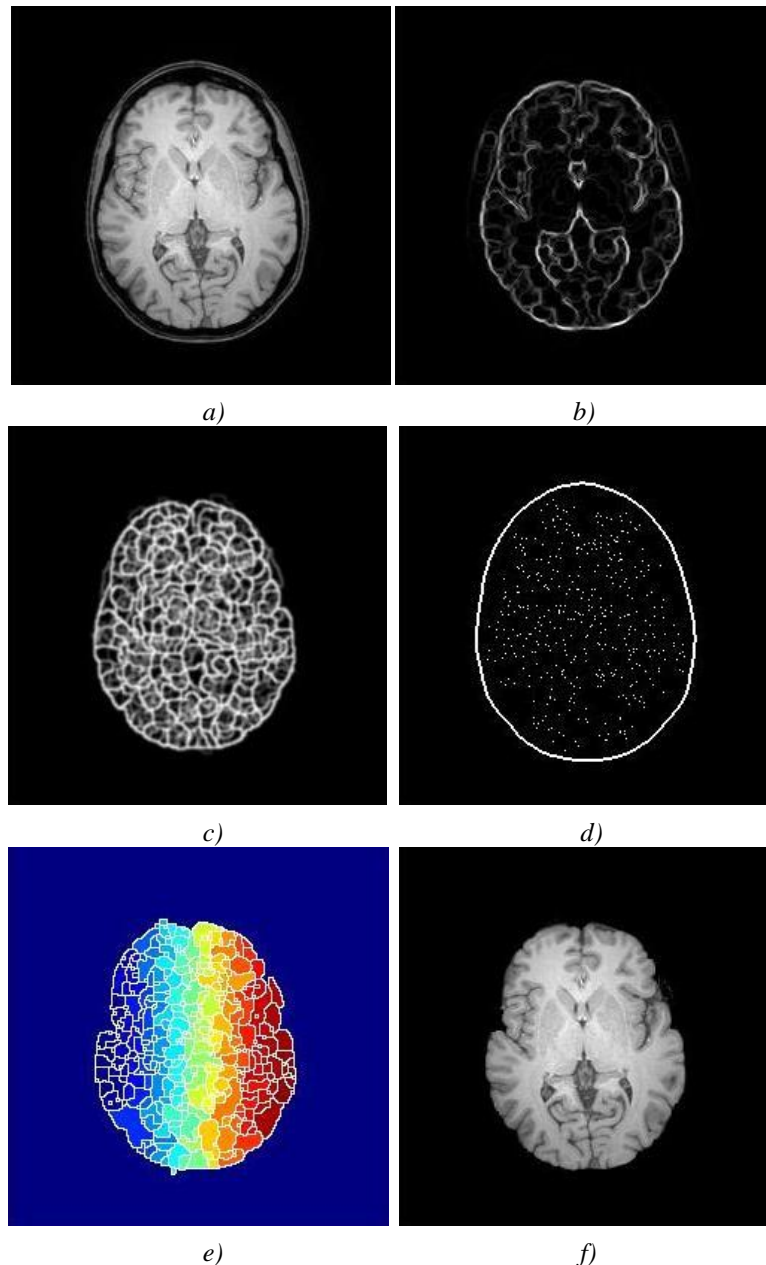


Figura 2.35 Método watershed pseudoestocástico. Representación visual del método paso a paso. a) Imagen de referencia. b) Gradiente de la imagen a). c) Resultado de aplicar watershed estocástico. d) Marcador final. e) Resultado de aplicar watershed. f) Imagen final.

Al igual que en los apartados anteriores, los pasos seguidos hasta aquí son los que se siguen para la imagen elegida como de referencia. Llegados a este punto, se realiza el procedimiento para el cálculo del resto de cortes que componen el volumen. Siempre diferenciando desde el corte de referencia hacia el principio del volumen, o bien hacia el final.

La principal diferencia entre recorrer el volumen hacia una parte u otra, la encontramos de nuevo en la forma de actualizar la máscara. Otra vez los pasos a seguir para el resto del volumen son los mismos que para el corte elegido como de referencia, pero recalculando el marcador interno cada vez, ya que éste depende de la actualización de la máscara.

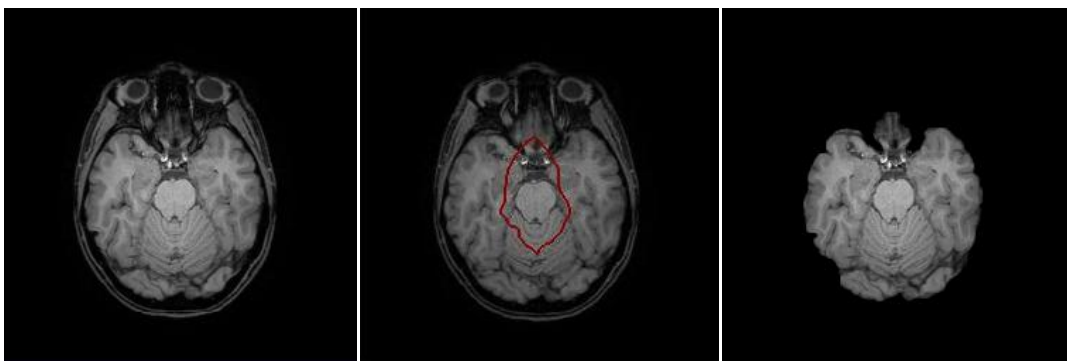
Como hemos explicado en todos los métodos anteriores, la búsqueda de una máscara que se adapte perfectamente a la imagen es un proceso bastante complicado. Debido a ello, se decidió que para este método la actualización de la máscara debería seguir una serie de pasos, muy parecidos a los seguidos en la actualización de la máscara del método *watershed* estocástico, pero variando ligeramente algunos de ellos.

Con este método el resultado óptimo para la adaptación de la máscara consistía en erosionarla por un elemento estructurante circular de tamaño fijo ($r=1$) cada un número de cortes determinado ($n=3$) durante los elementos centrales del volumen (los 25 primeros cortes respecto a la imagen referencia). Durante el resto del volumen el modo de adaptación de la máscara fue el mismo que en el método Watershed Estocástico (apartado 2.3.3).

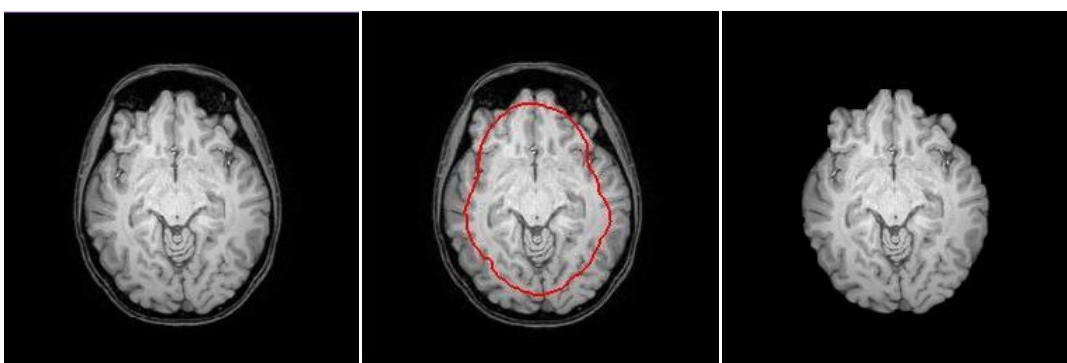
Al igual que ocurría en el resto de métodos aquí explicados, debido a la velocidad con la que se erosiona la máscara, llega un momento en el cual está completamente erosionada y ya no se puede aplicar el método. Al igual que en el resto de casos, esto ocurre para las imágenes de los Pacientes en el cuál el cerebro es muy pequeño y ya no nos es de nuestro interés. Por tanto, no es ningún inconveniente.

En la Figura 2.36 se muestran diferentes casos de adaptación de la máscara.

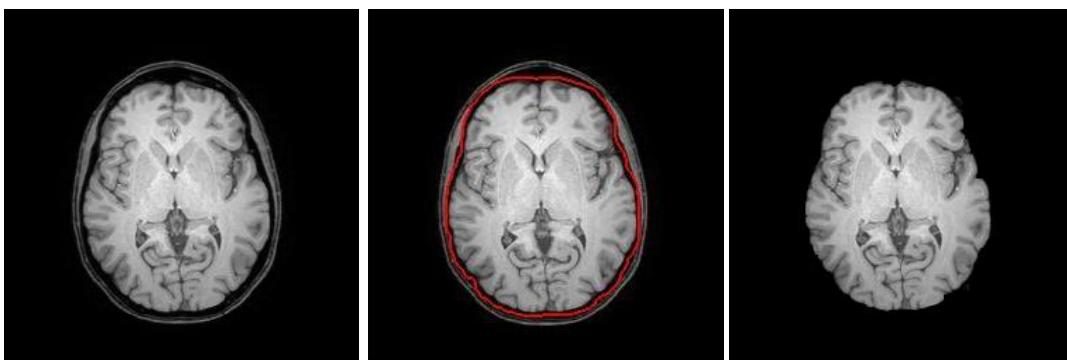
a) Corte 53



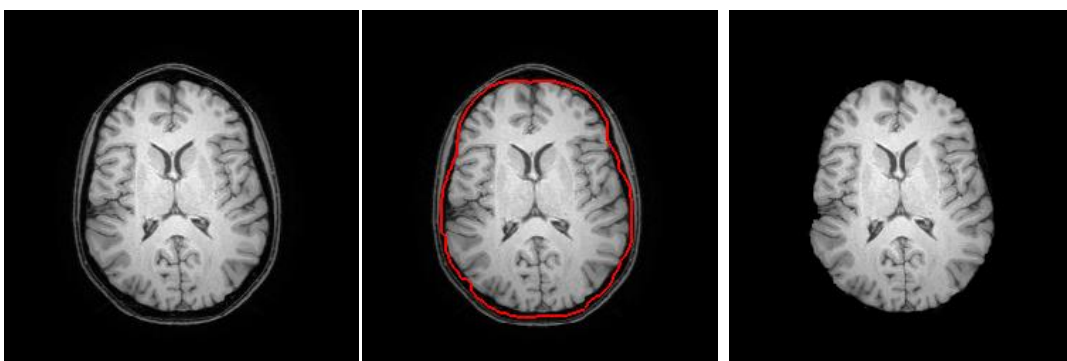
b) Corte 64



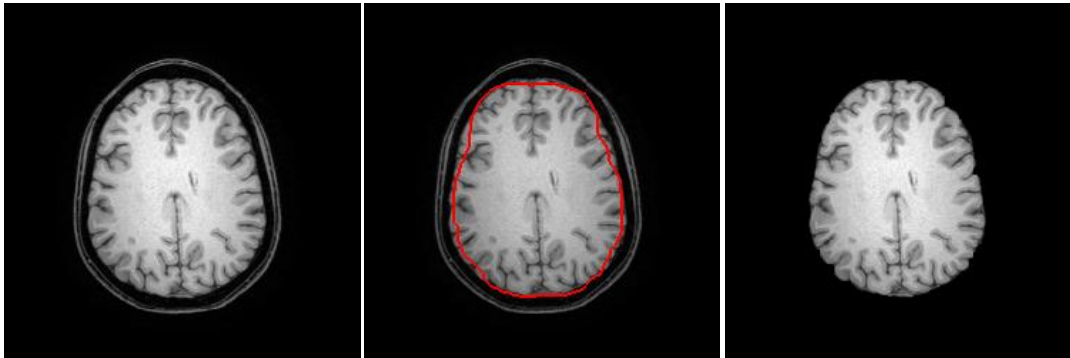
c) Corte 74 (Imagen de referencia)



d) Corte 82



e) Corte 96



f) Corte 111

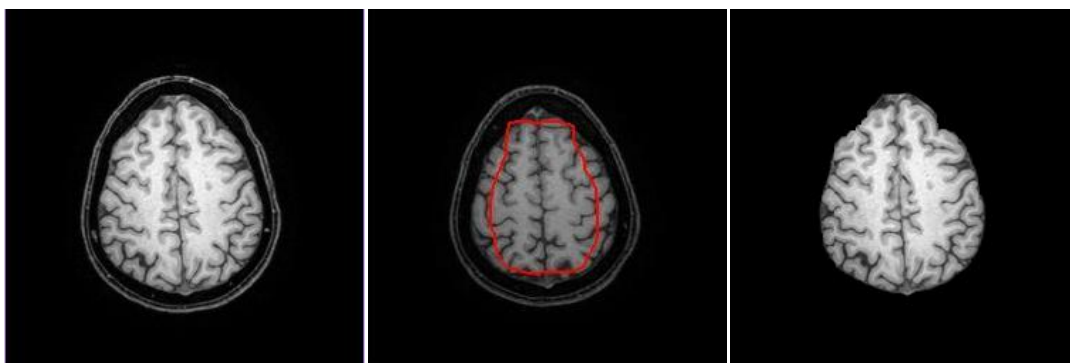


Figura 2.36 Evolución de la máscara. En la primera columna mostramos la imagen original del Paciente. A continuación, se muestra la máscara del corte seleccionado. Por último, se muestra el resultado final.

Al igual que en el método anterior, en la Figura 2.36 se observa lo complicado que es conseguir una máscara correcta donde se generen los marcadores necesarios para cada uno de los cortes debido a la diferentes variaciones del tamaño del cerebro. Se observa como las máscaras intentan abarcar la mayor parte de las zonas cerebrales y de esta forma conseguir obtener una segmentación final del cerebro apropiada, objetivo principal de este proyecto.

Para finalizar, recordar que en este método se ha introducido una nueva variante del método *watershed*, la variante *watershed* pseudoestocástico. Este método introducía la diferencia de que los marcadores empleados ya no eran totalmente aleatorios, sino que se impone una restricción a la aleatoriedad basada en la intensidad de la imagen.

2.4 Presentación interfaz gráfica

2.4.1 Elementos que la forman

Este proyecto ha sido diseñado sobre la aplicación gráfica GUIDE de MATLAB, para así facilitar su uso a personas que no estén familiarizadas con MALAB ni con las funciones implementadas. El aspecto elegido para el programa ha sido el que podemos ver a continuación.

En primer lugar, vamos a presentar que es cada elemento.

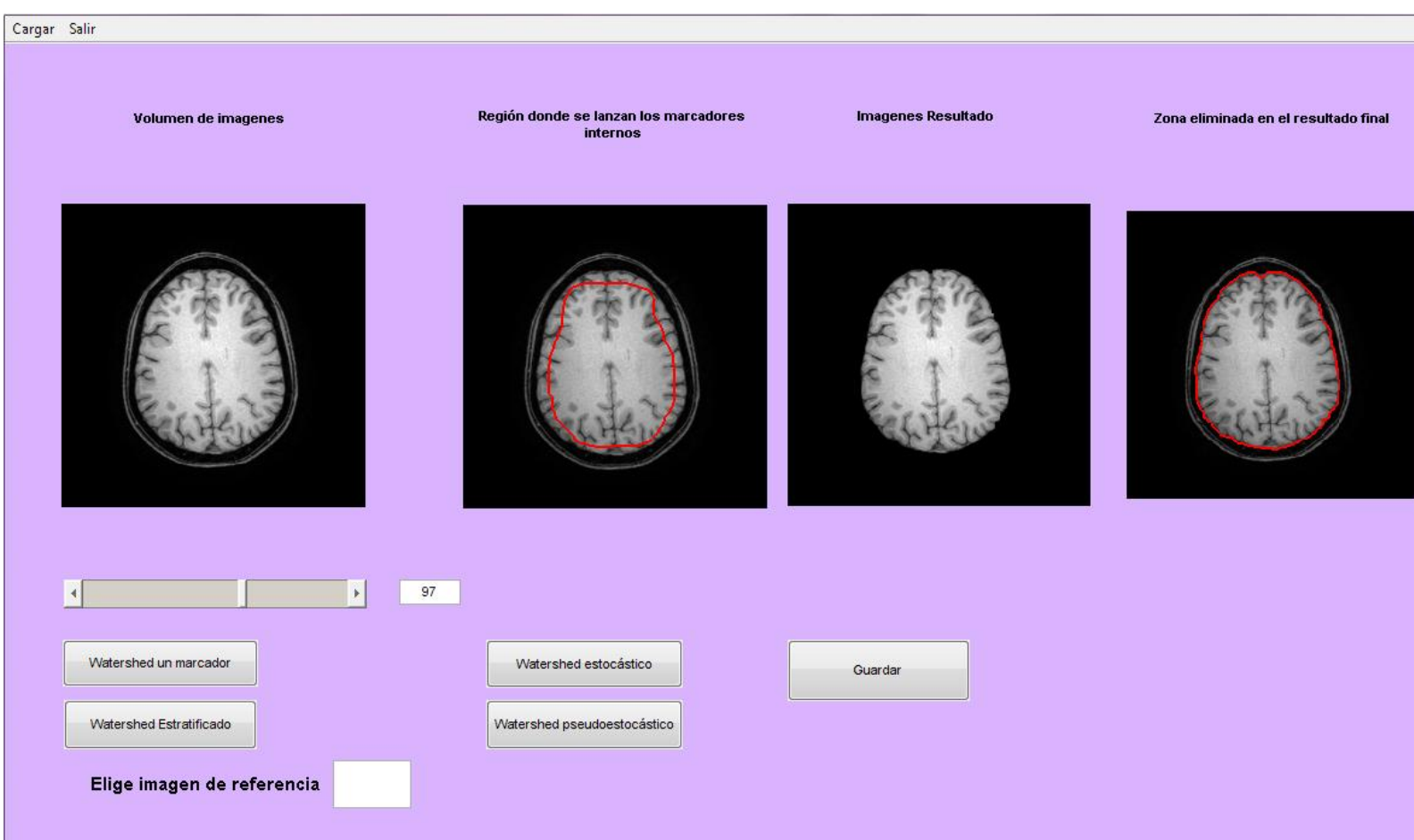


Figura 2.37 GUIDE del proyecto

Arriba de toda la figura, podemos encontrar dos botones, uno llamado cargar, y el otro llamado salir. Con el botón de salir, podemos o bien salir del MATLAB, o bien salir de la guide. En cuanto al botón de cargar, tenemos la opción de cargar un volumen de imágenes de un paciente completo para poder aplicarle un método, o bien cargar un archivo .mat donde ya tenemos los resultados guardados y solamente deseamos visualizarlos.

A continuación podemos observar 4 imágenes distintas. En la primera se muestran el estudio RM de un Paciente (volumen de datos). Gracias a la ayuda del slider que está situado abajo, podemos ver uno a uno cada corte que compone un Paciente.

En la segunda imagen, observamos la imagen original del Paciente, y en color rojo mostramos la máscara que se empleará para aplicar el método del *watershed* y limita donde son lanzados los marcadores internos utilizados en cada uno de los métodos implementados. La siguiente muestra el resultado final tras aplicar cualquiera de los métodos aquí implementados. Podemos observar la imagen original, con las partes que no son del cerebro eliminadas. Gracias a estas imágenes, se puede comprobar el comportamiento de nuestros métodos. Finalmente, la última imagen que se muestra, es la imagen original y en rojo se marca la zona que compone el resultado final. Es decir, lo de dentro de la zona roja, será lo mismo que vemos en la imagen resultado, y lo de fuera es la materia que se elimina.

Debajo de la primera imagen, tenemos el slider gracias al cual nos podemos desplazar por todo el volumen de imágenes, tanto del Paciente, como una vez aplicado el método. Las imágenes se desplazan por igual, y se muestra el número de imagen en el cuadro de texto que podemos encontrar al lado. Es decir, cuando estemos sobre la imagen 97, como en el ejemplo, en el cuadro de texto se visualiza el 97, y las imágenes que se observan son todas correspondientes al corte 97.

A continuación encontramos los botones con los cuales podremos aplicar el método. Los métodos ya los hemos explicado con anterioridad, así que ahora simplemente vamos a nombrarlos.

En primer lugar tenemos el botón “Watershed un marcador”, con el cual llamamos al método que tiene el mismo nombre. Lo mismo ocurre para el resto de botones: “Watershed estratificado”, “Watershed estocástico” y “Watershed pseudoestocástico”

Por último, tenemos el botón guardar, gracias al cual podemos grabar la prueba que acabamos de realizar, en archivos .mat, para así poder visualizar y analizar los resultados en cualquier momento.

2.4.2 Pasos a seguir

Una vez explicado para qué se emplea cada elemento, vamos a ver los pasos que se deben seguir cada vez que se quiera realizar una prueba.

En primer lugar, con el botón cargar situado arriba de la interfaz, se carga el Paciente sobre el cuál queremos trabajar. Cuando seleccionamos este botón, nos aparece una serie de carpetas, las cuales tienen una colección de imágenes de formato “.dicom”. De un mismo Paciente, podemos tener cientos de imágenes de los diferentes cortes que forman el cerebro. La función cargar distingue si volumen de datos es Axial o Sagital. En caso de ser Sagital, se realizará la conversión para que los resultados se muestren en formato Axial. Una vez seleccionado, nos aparecerán las diferentes imágenes que lo forman, en la primera columna, tal y como vemos en la siguiente Figura 2.37.

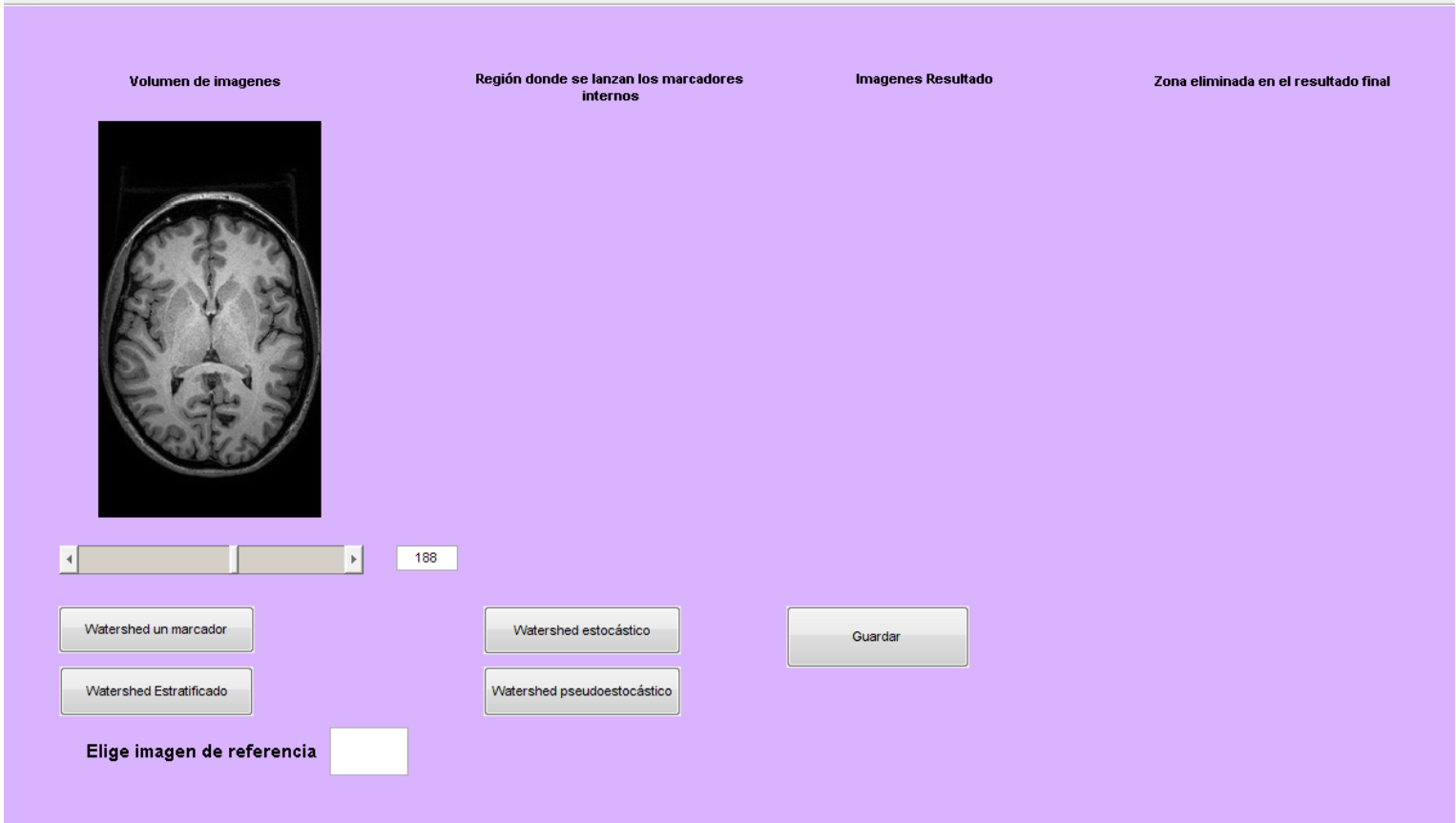


Figura 2.38 Primer paso. Elección del paciente.

Una vez tenemos el Paciente seleccionado, podemos desplazarnos con el slider, para poder visualizar todos los elementos que forman el volumen.

El siguiente paso es seleccionar el método sobre el cuál queremos trabajar. Simplemente hemos de darle al botón del método elegido. En el caso de que el método elegido sea “Watershed estratificado”, deberemos elegir qué imagen queremos que sea la imagen de referencia y luego deberemos darle al botón.

Una vez damos al botón, hemos de esperar a que el método termine para poder disfrutar de los resultados. Como hemos dicho anteriormente, estos métodos nos devuelven 3 grupos de imágenes. Gracias al botón guardar, podemos grabar todos los resultados, empleando las variables globales que hemos ido creando en los pasos anteriores. Las imágenes se guardan en formato “.mat”.

A continuación podemos volver a probar otro método, o bien cargar los resultados que teníamos de otra prueba. Esto lo conseguimos mediante la opción cargar, eligiendo “.mat”. Esta función nos carga las variables y nos las muestra en el momento, sin necesidad de ejecutar ningún método. Es interesante para poder comparar los resultados obtenidos.

Finalmente, podemos salir de la guide o bien salir del MATLAB.

3. Resultados

La validación de la precisión de los algoritmos implementados es un requisito indispensable previo a su utilización en estudios clínicos. En la siguiente sección se comparan los diferentes métodos implementados en este proyecto, sobre las diferentes formas de extraer el cerebro. En este apartado se pretende discutir cuál de todos los métodos empleados es el más apropiado, y por qué. En vista de los resultados obtenidos, solo se han hecho valoraciones de los métodos *watershed* estocástico y *watershed* pseudoestocástico, ya que son los que mejores resultados presentan.

Para la validación de los resultados, es necesaria una nueva máscara con la que poder comparar los resultados obtenidos en los métodos desarrollados. Dado que se carecía de bases de datos públicas que incorporasen esta información, dicha máscara se hallará mediante el programa MIPAV [46]. Este programa permite seleccionar de forma manual la zona cerebral de cada corte, extrayéndola de la parte del cráneo y obteniendo así una nueva máscara segmentada manualmente que será considerada como imagen de referencia o ground truth. Una vez obtenidas dichas máscaras, se comparan éstas con las resultantes tras aplicar uno de los métodos, o bien *watershed* estocástico o bien *watershed* pseudo-estocástico. Los parámetros hallados en la comparación son los coeficiente de Jaccard (JC) y Dice (S), también llamados coeficientes de solape de volúmenes, los cuales son unos estimadores cuantitativos que describen el grado de asociación o semejanza entre los elementos comparados.

$$JC = \frac{|A \cap B|}{|A \cup B|}$$

$$S = \frac{2|A \cap B|}{|A| + |B|}$$

Donde A y B las regiones segmentadas por el algoritmo y por un experto, respectivamente. En nuestro caso se consideran las imágenes obtenidas con el MIPAV como las imágenes del experto. Ambos coeficientes varían de 0 a 1. Si JC o S es igual a uno, la segmentación es perfecta. Además se cumple que:

$$S = \frac{2JC}{1 + JC}$$

La fracción de verdaderos positivos (TPF) se calcula dividiendo los píxeles clasificados correctamente como cerebro (TP) por el número total de píxeles considerados cerebro realmente. Por lo que respecta a la fracción de falsos positivos (FPF), se establece dividiendo los píxeles mal clasificados como cerebro (FP) por el número total de píxeles no-cerebro reales.

$$TPF = \frac{TP}{\text{Píxeles cerebro}}$$

$$FPF = \frac{FP}{\text{Píxeles no cerebro}}$$

En líneas generales, los resultados se han obtenido para 12 pacientes diferentes, donde cada una de las imágenes son obtenidas mediante resonancia magnética, explicado en el apartado 1 de este proyecto. Se han comparado 5 cortes distintos de cada uno de los pacientes, desde la imagen de referencia, incrementando o decrementando la posición de los cortes dentro del volumen de cada paciente. El valor de los incrementos o decrementos será igual para todos los pacientes. En concreto, se incrementa de 10 en 10 cuando recorremos el volumen hacia la

parte inferior de la cabeza, y se decrementan 4 posiciones cuando se recorre el volumen hacia la parte de los ojos.

En primer lugar se analizan los resultados obtenidos en el método *watershed* estocástico, apartado 3.1, y a continuación los resultados presentados en el método *watershed* pseudo-estocástico, apartado 3.2.

3.1 Comparativa de los resultados halladas en el método *watershed* estocástico

En este punto, se pretende comparar los resultados hallados con el método *watershed* estocástico y las máscaras obtenidas con el programa MIPAV.

En el Anexo A, se muestra las imágenes obtenidas como resultado final para este método. En primer lugar, hay una columna donde aparece el corte original de cada paciente, a continuación se encuentra el resultado tras aplicar el método *watershed* estocástico, en la siguiente columna se presenta el resultado que se obtiene con la máscara de MIPAV (ground truth), y finalmente, los resultados obtenidos de los coeficientes de Jaccard y Dice, TPF y FPF de cada uno de los cortes presentados.

En este apartado, se va a realizar una tabla comparativa donde se calcula la media para cada uno de los Pacientes, de todos los coeficientes. Los coeficientes calculados son: la media de los coeficientes de Dice, la media de los coeficientes de Jaccard y tras estos se calcularán los TPF y FPF.

Además se presenta una fila con la media obtenida para este método. Para su cálculo se han empleado todos los Pacientes analizados.

PACIENTE	COEFICIENTE DICE	COEFICIENTE JACCARD	TPF	FPF
Paciente 1	0.9476 ± 0.0170	0.9008 ± 0.0306	0.9184 ± 0.0454	0.0157 ± 0.0175
Paciente 2	0.9363±0.0235	0.8809±0.0415	0.9391±0.0389	0.0294±0.0340
Paciente 3	0.9600±0.0251	0.9239± 0.0453	0.9684± 0.0262	0.0195± 0.0140
Paciente 4	0.9667± 0.0180	0.9360± 0.0332	0.9486± 0.0396	0.0057± 0.0039
Paciente 5	0.9649± 0.0123	0.9324± 0.0227	0.9672± 0.0159	0.0172± 0.0193
Paciente 6	0.9341± 0.0200	0.8770± 0.0356	0.9479± 0.0334	0.0322± 0.0232
Paciente 7	0.8100± 0.1760	0.7058± 0.2130	0.9832± 0.0105	0.2282± 0.3125
Paciente 8	0.9717± 0.0095	0.9450± 0.0179	0.9672± 0.0158	0.0087± 0.0115
Paciente 9	0.9572± 0.0178	0.9184± 0.0325	0.9619± 0.0198	0.0163± 0.0185
Paciente 10	0.9682± 0.0136	0.9386± 0.0252	0.9781± 0.0098	0.0148± 0.0147
Paciente 11	0.9639± 0.0144	0.9305± 0.0267	0.9576± 0.0306	0.0134± 0.0200
Paciente 12	0.9419± 0.0410	0.8925± 0.0722	0.9674± 0.0193	0.0276± 0.0307
MEDIA TOTAL	0.9435±0.0323	0.8985±0.0497	0.9587±0.0254	0.0357± 0.0433

Tabla 1. Tabla Comparativa de los resultados obtenidos por el método de *watershed* estocástico.

Se puede apreciar claramente que los resultados son bastante buenos. Los resultados óptimos se observarían cuando los coeficientes de Jaccard y Dice son 1, y en este método tienen valor de 0.8985 y 0.9435 respectivamente. Lo mismo ocurre con la TPF, cuyo valor obtenido es 0.9587 y el valor de la FPF, el cuál debe ser próximo a 0 y tiene un valor de 0.0357.

En cuanto a los pacientes en particular, se observan diferencias entre unos y otros. Esto es debido a lo que se ha explicado a lo largo de este proyecto. Un paciente puede tener características completamente distintas a otro, lo cual puede dificultar la correcta extracción del cráneo. Esto puede ser debido al tamaño del cerebro, la distancia entre el cerebro y el cráneo, también se ve influido por la calidad de las imágenes de resonancia, entre otras cosas. Por ejemplo, el Paciente 8 presenta los mejores resultados, y en cambio el Paciente 7 presenta los peores. Esto puede ser debido a que el Paciente 8 tiene el cerebro muy bien localizado, centrado en la imagen y alejado del cráneo, y en cambio, el Paciente 7, tiene el cerebro muy pegado al cráneo.

3.2 Comparativa de los resultados halladas en el método *watershed* pseudoestocástico

En este apartado se muestran una comparativa entre los resultados hallados con el método *watershed* pseudoestocástico y las máscaras obtenidas con el programa MIPAV.

Como en el método anterior, los resultados se presentan en el Anexo B y aparecen 4 columnas. En la primera columna se muestra el corte original del paciente, en la siguiente se ofrece el resultado obtenido con el método pseudoestocástico, a continuación la máscara hallada con el método de MIPAV con la que se hará la comparación, y por último, los coeficientes de Jaccard y Dice, TPF y FPF para cada una de las imágenes.

En este apartado, se hará un balance general del método, viendo la media de los coeficientes de Jaccard y Dice, así como los parámetros de TPF y FPF para todos los pacientes. Estos resultados se presentan en la tabla 2. También se incluyen los parámetros calculados para todo el método en general son las siguientes:

PACIENTE	MEDIA COEFICIENTES DICE	MEDIA COEFICIENTES JACCARD	TPF	FPF
Paciente 1	0.9425±0.0094	0.8914±0.0168	0.8966±0.0138	0.0045±0.0035
Paciente 2	0.9368±0.0188	0.8816±0.0330	0.9065±0.0410	0.0118±0.0061
Paciente 3	0.9724±0.0030	0.9463±0.0058	0.9623±0.0142	0.0064±0.0062
Paciente 4	0.9567±0.0174	0.9174±0.0316	0.9723±0.0235	0.0266±0.0227
Paciente 5	0.9687±0.0046	0.9393±0.0087	0.9522±0.0082	0.0056±0.0033
Paciente 6	0.9333±0.0209	0.8754±0.0366	0.9156±0.0392	0.0179±0.0109
Paciente 7	0.8342±0.1429	0.7337±0.1847	0.9724±0.0153	0.1684±0.2077
Paciente 8	0.9752±0.0051	0.9516±0.0097	0.9607±0.0113	0.0033±0.0016
Paciente 9	0.9649±0.0059	0.9322±0.0111	0.9487±0.0162	0.0058±0.0054
Paciente 10	0.9699±0.0095	0.9417±0.0177	0.9717±0.0076	0.0105±0.0065
Paciente 11	0.9716±0.0037	0.9448±0.0071	0.9523±0.0094	0.0034±0.0013
Paciente 12	0.9578±0.0195	0.9195±0.0354	0.9555±0.0101	0.0125±0.0103
MEDIA TOTAL	0.9487±0.0217	0.9062±0.0332	0.9472±0.0175	0.0231±0.0238

Tabla 2. Tabla Comparativa de los resultados obtenidos por el método de watershed pseudoestocástico.

Al igual que en el otro método, los resultados varían de unos pacientes a otros, y esto afecta a la hora de calcular la media. Por ejemplo, los coeficientes que mejor resultado presentan, en líneas generales, son los del Paciente 8 y en cuanto a los peores los del Paciente 7. Comparando para esos pacientes el coeficiente de Dice, el Paciente 8 tiene un valor de 0.9752 y el Paciente 7 tiene un valor de 0.8342. Esto presenta una diferencia de 0.1410, que si se compara con el resto de Pacientes, es una diferencia muy elevada.

3.3 Comparativa de los métodos

Una vez analizados ambos métodos por separado, se procederá hacer una tabla comparativa para ambos métodos:

	Watershed estocástico	Watershed pseudo- estocástico
Coficiente Dice	0.9435±0.0323	0.9487±0.0217
Coficiente Jaccard	0.8985±0.0497	0.9062±0.0332
FPF	0.0357±0.0254	0.0231±0.0175
TPF	0.9587±0.0433	0.9472±0.0238

Tabla 3. Tabla Comparativa de los resultados obtenidos por el método de watershed estocástico frente a los obtenidos con el método watershed pseudoestocástico.

De esta forma, se observa que por muy poca diferencia, el método que se ha desarrollado en este proyecto que presenta mejores resultados es el método *Watershed Pseudoestocástico*. A pesar de que el comportamiento de ambos métodos es similar, debe

destacarse que aunque la diferencia entre los parámetros calculados sea pequeña, en general mejoran con el watershed pseudoestocástico.

4. Conclusiones

En este proyecto final de carrera se han presentado distintos métodos para la detección automática del cerebro a partir de un estudio de resonancia magnética. Su objetivo final es incluir el método que presente mejores resultados en un sistema de ayuda al diagnóstico de diversas enfermedades cerebrales. La extracción del cerebro, aislándolo del cráneo y otras estructuras anatómicas facilitan el diagnóstico automático de las patologías bajo estudio.

En primer lugar, y basándonos en todos los previos métodos ya investigados acerca de la extracción del cráneo, se decidió desarrollar un método que realizase la extracción del cerebro, mediante el empleo del método de segmentación *watershed*.

El primer paso en este proyecto, fue realizar un sencillo método de *watershed* con un solo marcador. Este método empleaba como único marcador un cuadrado colocado en el centro de la imagen. Este método no presentaba los resultados esperados debido a que la máscara donde se sitúa el marcador interno, se calculaba para cada una de las imágenes, y como se ha demostrado anteriormente, esto no era posible clínicamente ya que no existía una continuidad entre los cortes. Tras esto, se tomó la decisión de emplear un número mayor de marcadores. Para ello se decidió colocar marcadores estratificados. Se decidió emplear la misma máscara para todas las imágenes, con el fin de solucionar los problemas de continuidad presentados en el método anterior. Esta máscara era calculada a partir de una imagen de referencia, y se erosionaba a medida que se procesaba el volumen según el tamaño del cerebro. Este método empezaba a presentar resultados más adecuados a lo que se esperaba, pero todavía no eran del todo idóneos.

A continuación, se decidió emplear el método *watershed* estocástico. Este método es una variante del método *watershed*. Éste trata de introducir un enfoque estocástico basado en el uso de marcadores aleatorios. El objetivo del método es construir una función densidad de probabilidad de contornos con la que se definirán las regiones más significativas. Una vez conseguida la pdf, se procede a realizar una nueva tirada del método *watershed* con marcadores, empleando como marcadores los estratificados del método anterior. Este método ya presentaba mejores resultados, pero se decidió seguir investigando para ver si había una posible variante del método que presentase unos resultados más precisos.

Por este motivo se decidió probar el método *watershed* pseudoestocástico, en el cual los marcadores empleados ya no eran totalmente aleatorios como en el método anterior, si no que se imponía una restricción a la aleatoriedad de estos marcadores para evitar la segmentación de regiones no deseadas. Los resultados obtenidos también eran satisfactorios.

Debido a que los últimos dos métodos presentaban unos resultados muy similares y ambos correctos, se decidió hacer una comparación de estos resultados, para poder saber cuál de los dos era más preciso. Como se ha demostrado en el apartado de resultados, de todos los métodos desarrollados en este proyecto, el que presenta mejores resultados es el método *watershed* pseudoestocástico. Por tanto, los resultados obtenidos con dicho método, son los que presentan una mejor extracción del cráneo, y los que se emplearán para líneas futuras que requieran un método donde el paso inicial sea la extracción de la zona cerebral de un paciente.

Dada la importancia de conseguir una correcta extracción del cráneo para el análisis clínico de las imágenes, los métodos de extracción deben estar en constante estudio y mejora de las funcionalidades. Podemos destacar como líneas futuras:

- Aumentar la celeridad del algoritmo implementándolo en otro lenguaje de programación como C/C++ o Java.
- Emplear el resultado de un corte para establecer la máscara donde se lanzarán los marcadores del corte siguiente con el objetivo de mejorar, si cabe, la continuidad de los resultados.
- Validar cuantitativamente la segmentación del volumen de un paciente completo.
- Seguir segmentando el resto de estructuras cerebrales para ayudar en el proyecto BRAIM.

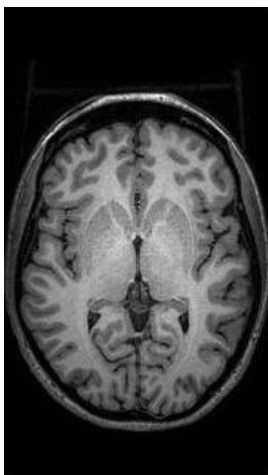
ANEXO A

Paciente1

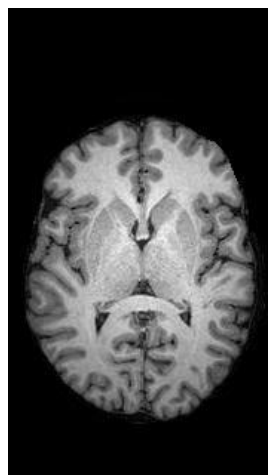
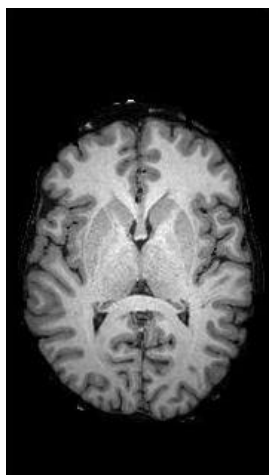
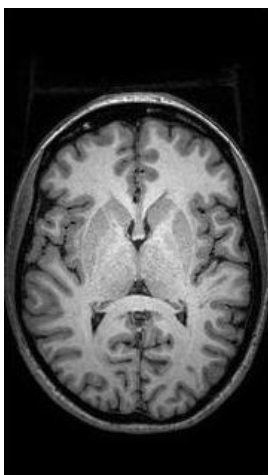
Imagen Original

Resultado watershed

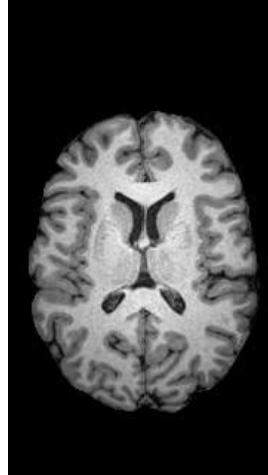
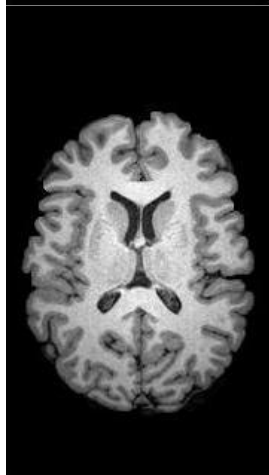
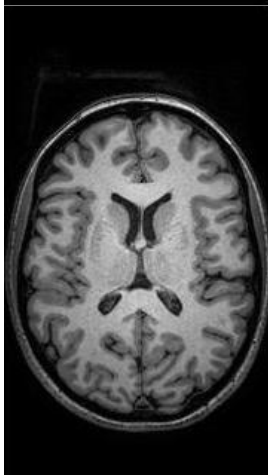
Resultado MIPAV



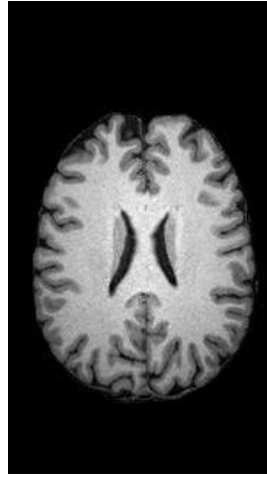
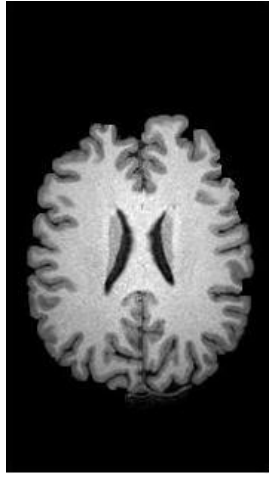
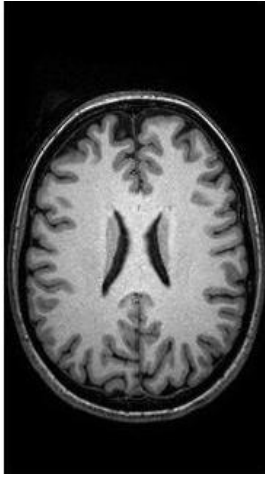
DS1=0.9583
JC1=0.9200
TPF1= 0.9335
FPF1= 0.0123



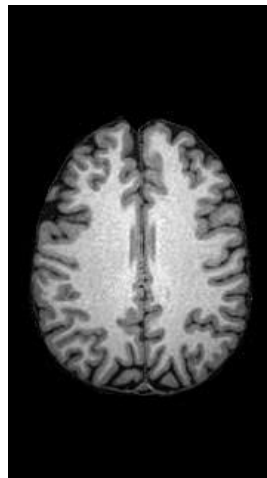
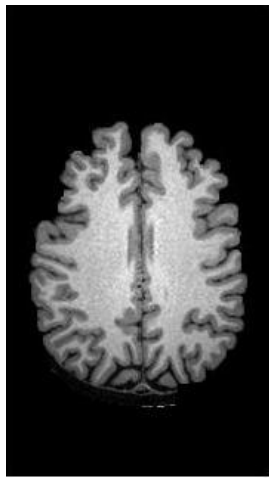
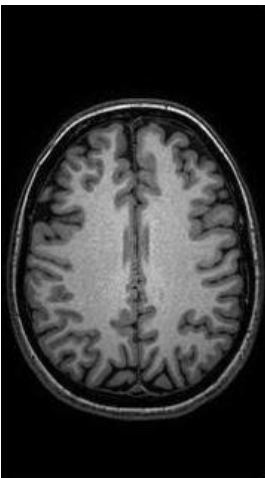
DS2=0.9626
JC2=0.9279
TPF2= 0.9786
FPF2= 0.0459



DS3=0.9591
JC3=0.9215
TPF3=0.9331
FPF3=0.0106



DS4=0.9281
JC4=0.8659
TPF4= 0.8660
FPF4=0.00015



DS5=0.9015
JC5=0.8206
TPF5=0.8804
FPF5= 0.0095

MEDIA
COEFICIENTE DICE
0.9425

MEDIA
COEFICIENTE JACCARD
0.8914

TPF
0.8966

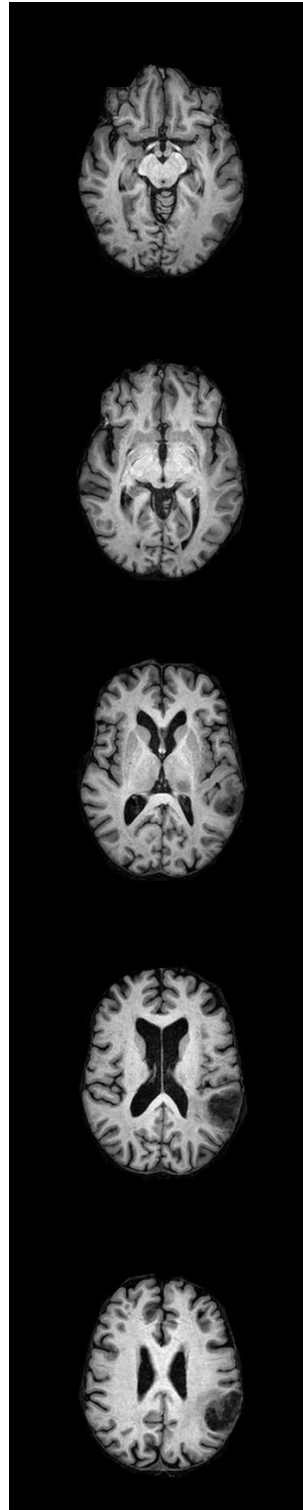
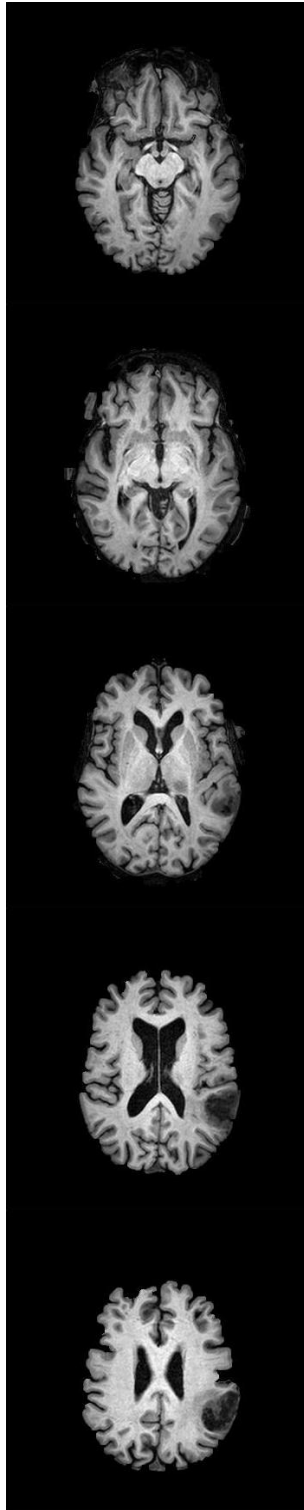
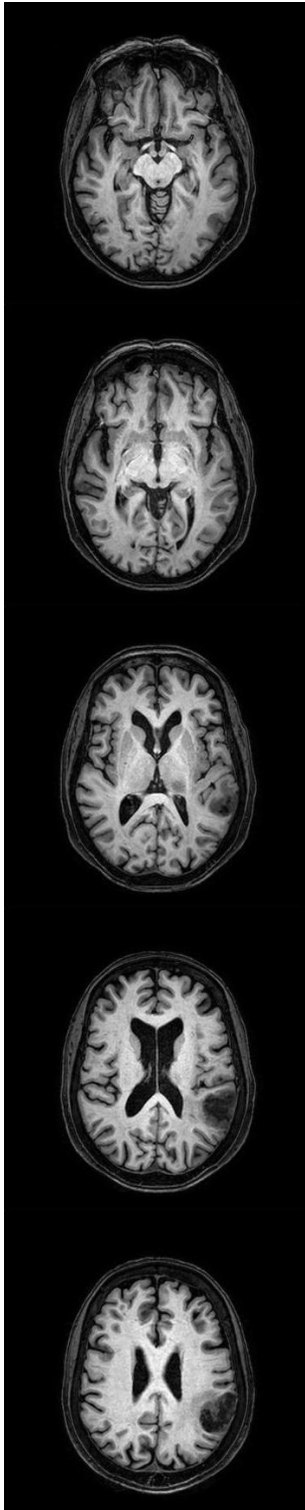
FPF
0.0045

Paciente2

Imagen Original

Resultado watershed

Resultado MIPAV



DS1=0.9078
JC1=0.8311
TPF1= 0.9436
FPF1=0.0577

DS2=0.9171
JC2=0.8469
TPF2= 0.9953
FPF2=0.0741

DS3=0.9596
JC3=0.9224
TPF3=0.9479
FPF3=0.0123

DS4=0.9581
JC4=0.9196
TPF4=0.9224
FPF4=0.0013

DS5=0.8833
JC5=0.7910
TPF5=0.8890
FPF5=0.0019

MEDIA
COEFICIENTE DICE
0.9368

MEDIA
COEFICIENTE JACCARD
0.8816

TPF
0.9065

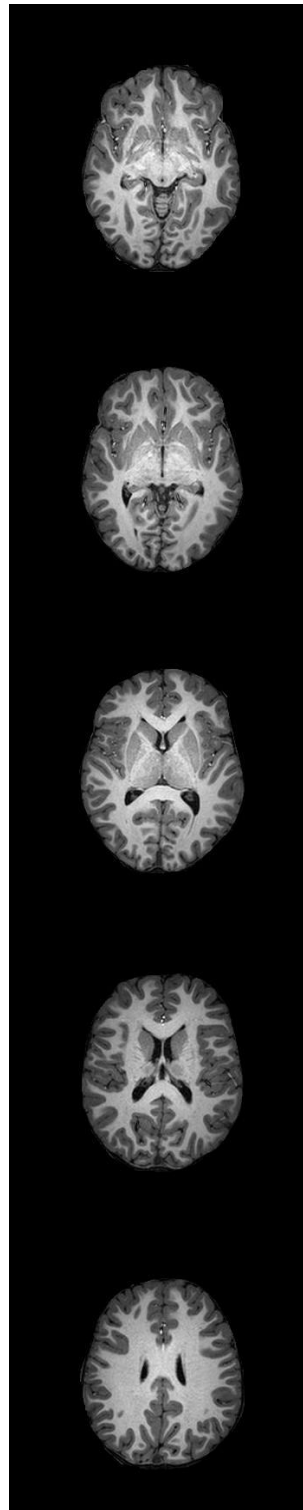
FPF
0.0118

Paciente 3

Imagen Original

Resultado watershed

Resultado MIPAV



DS1=0.9586
JC1=0.9205
TPF1=0.9811
FPF1=0.0243

DS2=0.9169
JC2=0.8465
TPF2=0.9849
FPF2=0.0633

DS3=0.9745
JC3=0.9503
TPF3=0.9645
FPF3=0.0061

DS4=0.9768
JC4=0.9547
TPF4=0.9587
FPF4=0.0017

DS5=0.9365
JC5=0.8806
TPF5=0.9530
FPF5=0.0021

MEDIA
COEFICIENTE DICE
0.9724

MEDIA
COEFICIENTE JACCARD
0.9463

TPF
0.9623

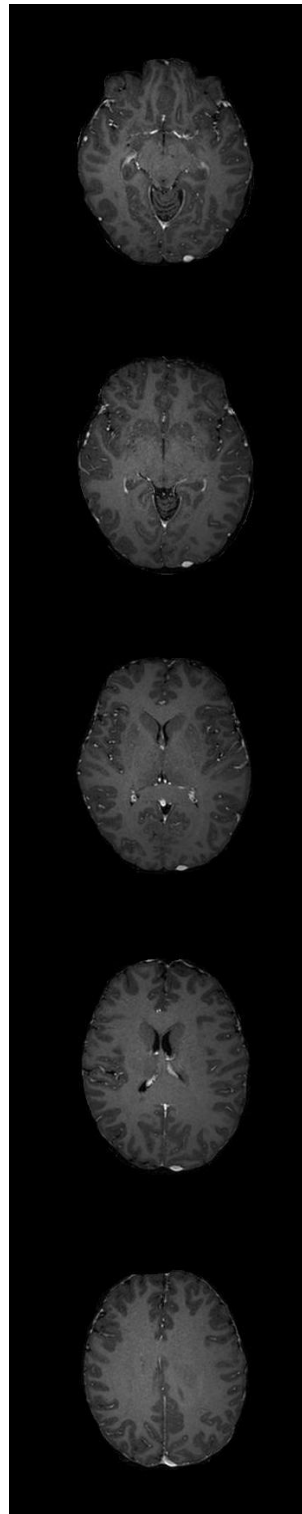
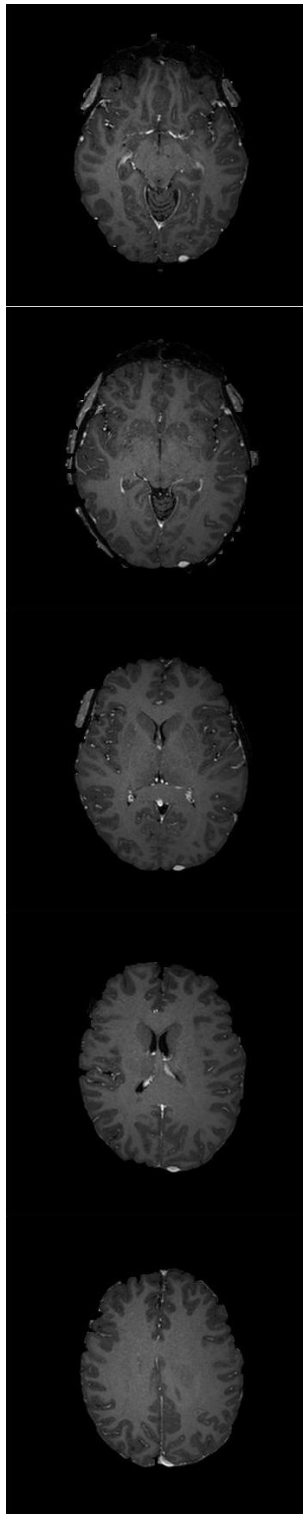
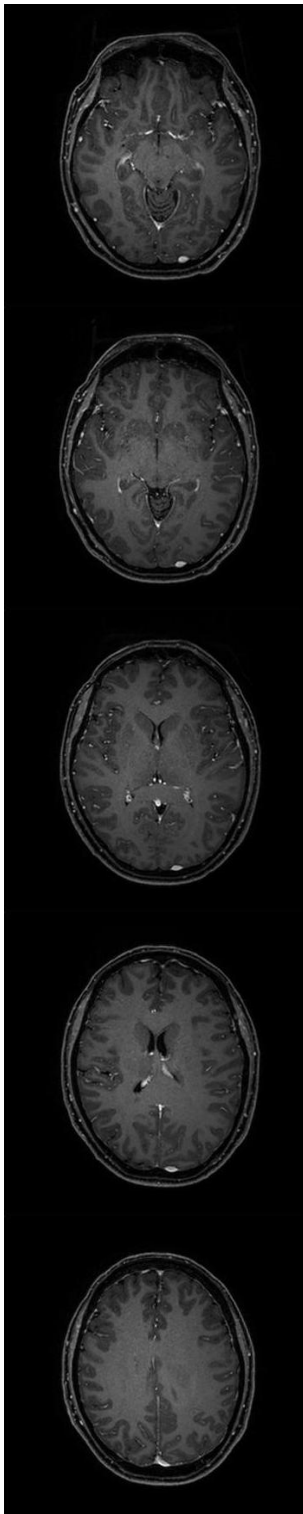
FPF
0.0064

Paciente 4

Imagen Original

Resultado watershed

Resultado MIPAV



DS1=0.9793
 JC1=0.9594
 TPF1=0.9880
 FPF1=0.0125

DS2=0.9382
 JC2=0.8835
 TPF2=0.8887
 FPF2=0.0027

DS3=0.9790
 JC3=0.9588
 TPF3=0.9672
 FPF3=0.0041

DS4=0.9594
 JC4=0.9220
 TPF4=0.9294
 FPF4=0.0037

DS5=0.9313
 JC5=0.8714
 TPF5=0.9694
 FPF5=0.0056

MEDIA
COEFICIENTE DICE
 0.9567

MEDIA
COEFICIENTE JACCARD
 0.9174

TPF
 0.9723

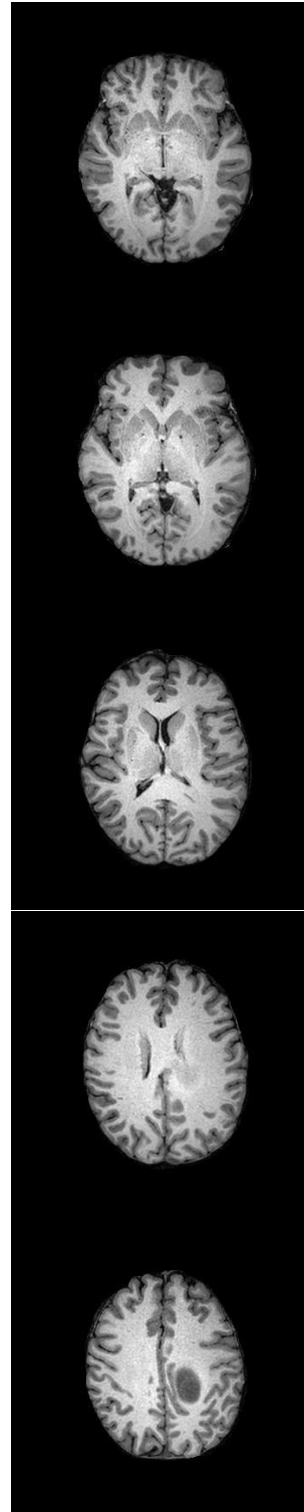
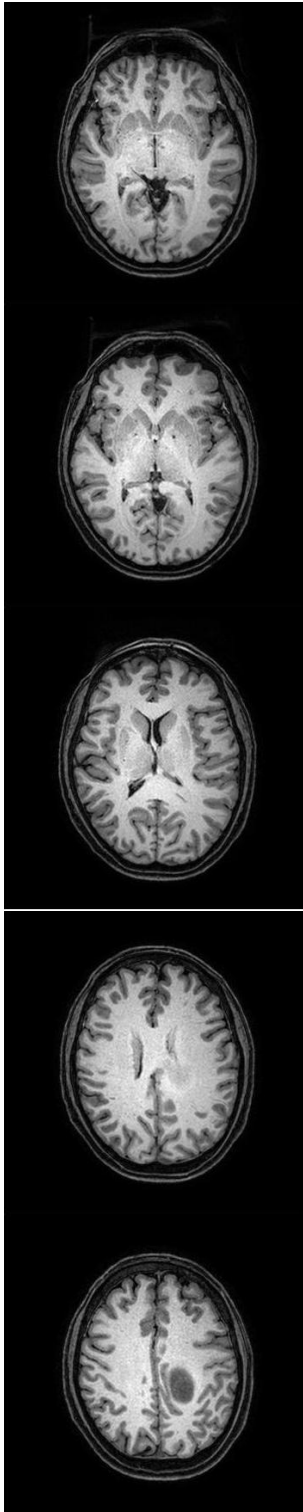
FPF
 0.0266

Paciente 5

Imagen Original

Resultado watershed

Resultado MIPAV



DS1=0.9681
JC1=0.9382
TPF1=0.9695
FPF1=0.0151

DS2=0.9447
JC2=0.8951
TPF2=0.9907
FPF2=0.0494

DS3=0.9642
JC3= 0.9309
TPF3=0.9668
FPF3=0.0173

DS4=0.9702
JC4=0.9422
TPF4=0.9463
FPF4=0.0019

DS5=0.8953
JC5=0.8104
TPF5=0.9625
FPF5=0.0025

MEDIA
COEFICIENTE DICE
0.9687

MEDIA
COEFICIENTE JACCARD
0.9393

TPF
0.9522

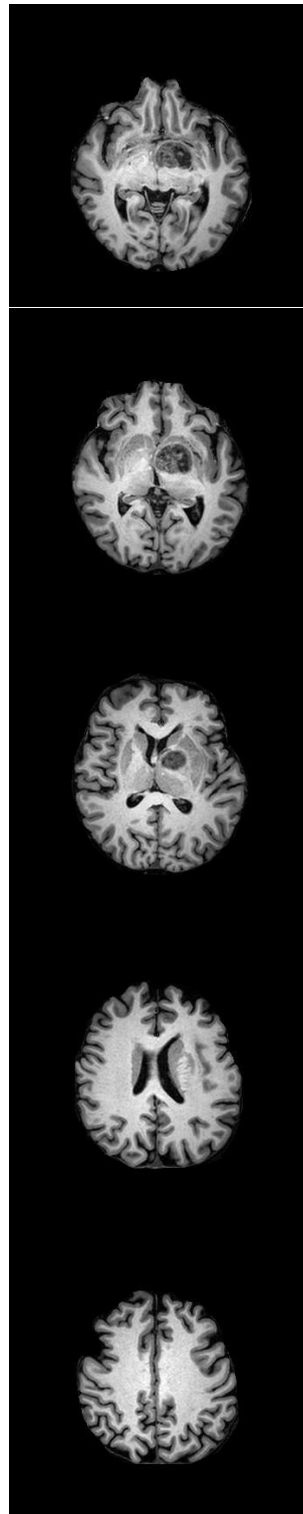
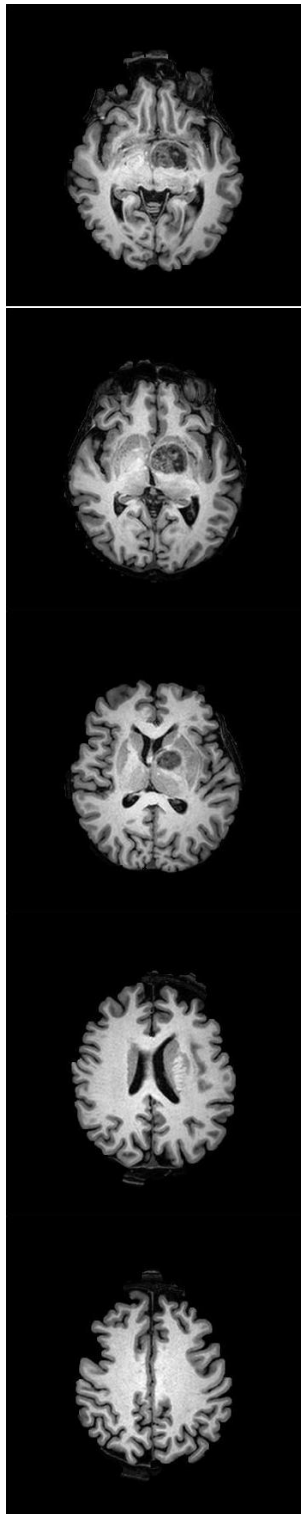
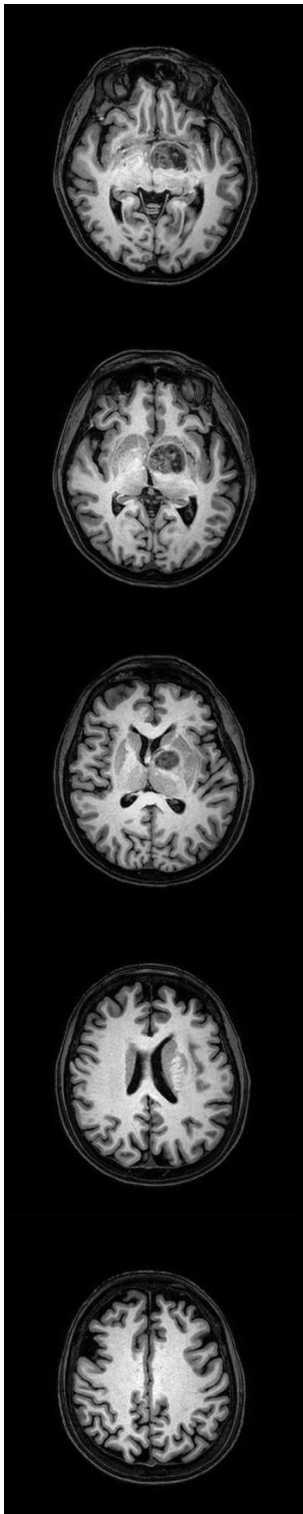
FPF
0.0056

Paciente 6

Imagen Original

Resultado watershed

Resultado MIPAV



DS1=0.9178
JC1=0.8482
TPF1=0.9541
FPF1=0.0494

DS2=0.9210
JC2=0.8536
TPF2=0.9893
FPF2=0.0644

DS3=0.9639
JC3=0.9303
TPF3=0.9612
FPF3=0.0135

DS4=0.9458
JC4=0.8971
TPF4=0.9364
FPF4=0.0169

DS5=0.8744
JC5=0.7768
TPF5=0.8988
FPF5=0.0170

MEDIA
COEFICIENTE DICE
0.9333

MEDIA
COEFICIENTE JACCARD
0.8754

TPF
0.9156

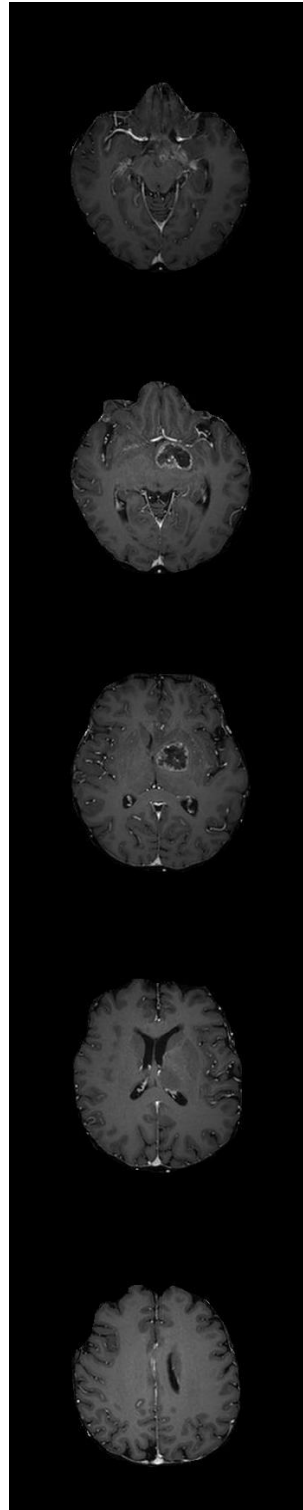
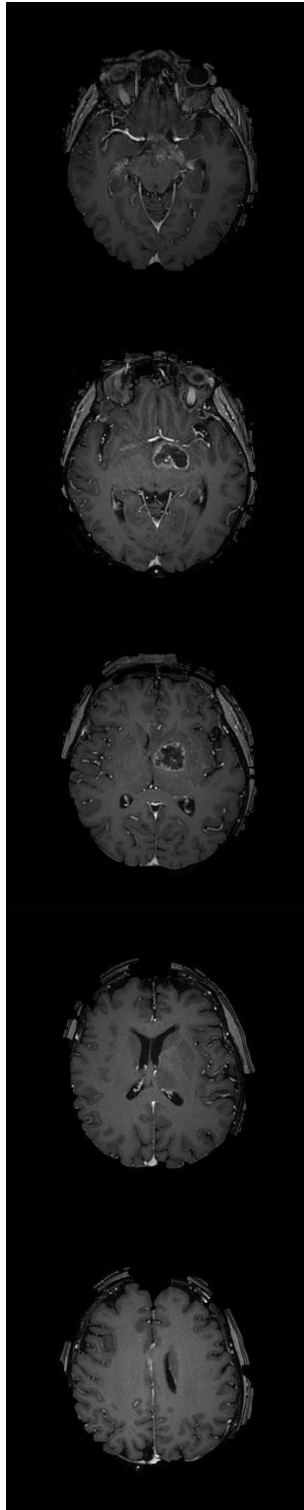
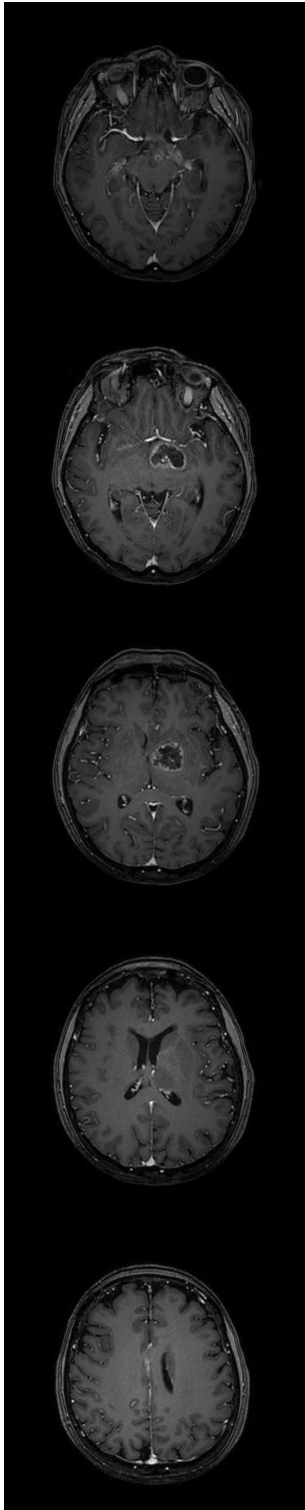
FPF
0.0179

Paciente 7

Imagen Original

Resultado watershed

Resultado MIPAV



DS1=0.8428
JC1=0.7284
TPF1=0.9799
FPF1=0.1295

DS2=0.4988
JC2=0.3322
TPF2=0.9940
FPF2=0.7855

DS3=0.9070
JC3=0.8298
TPF3=0.9913
FPF3=0.0832

DS4=0.9064
JC4=0.8288
TPF4=0.9836
FPF4=0.0733

DS5=0.9114
JC5=0.8373
TPF5=0.9674
FPF5=0.0694

MEDIA
COEFICIENTE DICE
0.8342

MEDIA
COEFICIENTE JACCARD
0.7337

TPF
0.9724

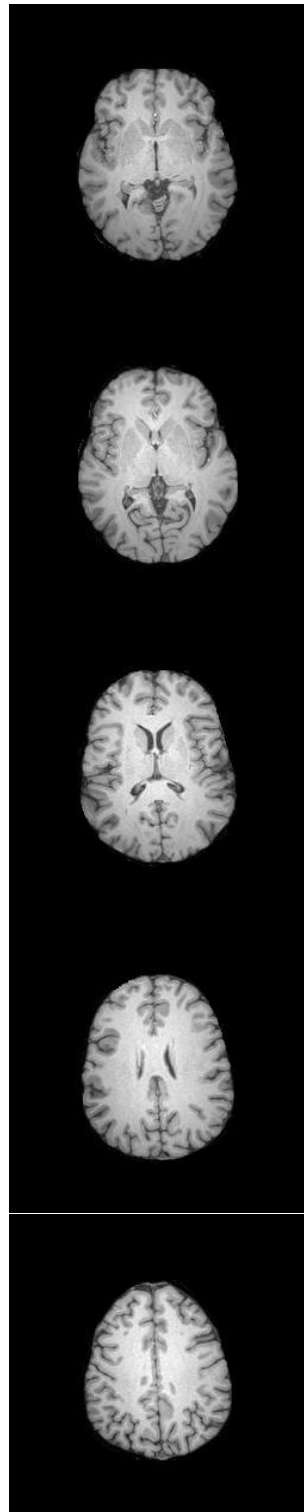
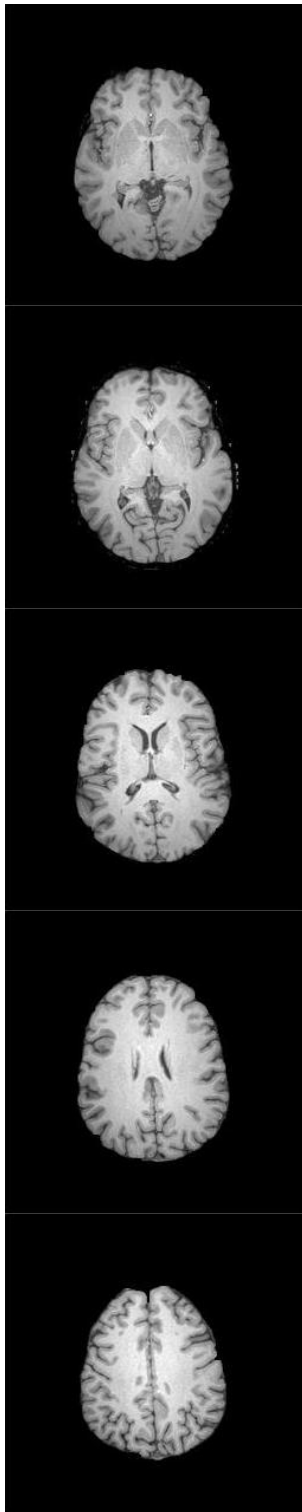
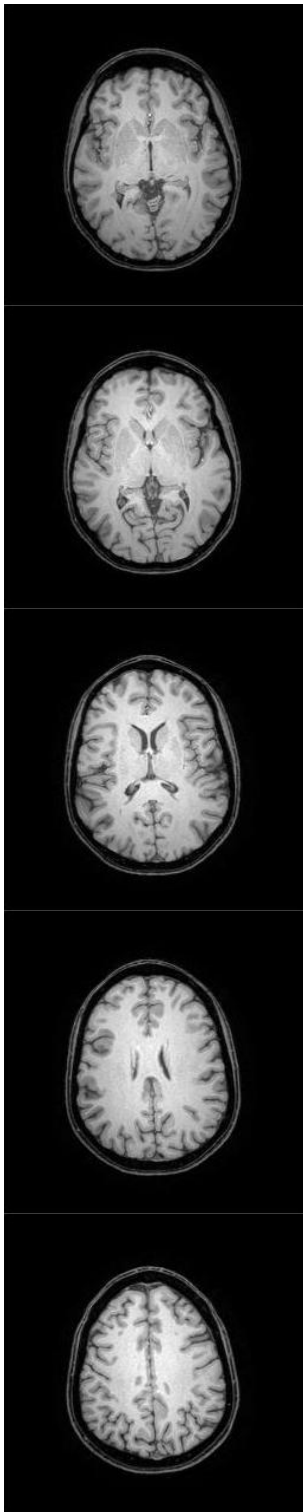
FPF
0.1684

Paciente 8

Imagen Original

Resultado watershed

Resultado MIPAV



DS1=0.9750
JC1=0.9513
TPF1=0.9633
FPF1=0.0047

DS2=0.9572
JC2=0.9179
TPF2=0.9900
FPF2=0.0291

DS3=0.9805
JC3=0.9617
TPF3=0.9703
FPF3=0.0033

DS4=0.9784
JC4=0.9577
TPF4=0.9667
FPF4=0.0032

DS5=0.8975
JC5=0.8140
TPF5=0.9459
FPF5=0.0030

MEDIA
COEFICIENTE DICE
0.9752

MEDIA
COEFICIENTE JACCARD
0.9516

TPF
0.9607

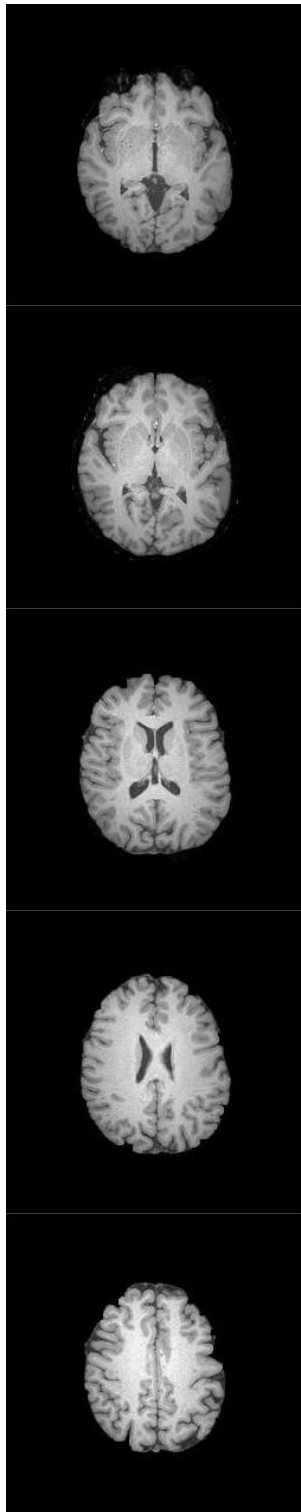
FPF
0.0033

Paciente 9

Imagen Original

Resultado watershed

Resultado MIPAV



DS1= 0.9400
 JC1=0.8868
 TPF1=0.9554
 FPF1=0.0262

DS2=0.9356
 JC2=0.8791
 TPF2=0.9963
 FPF2=0.0443

DS3=0.9702
 JC3=0.9420
 TPF3=0.9602
 FPF3=0.0065

DS4=0.9704
 JC4=0.9426
 TPF4=0.9507
 FPF4=0.0028

DS5=0.9018
 JC5=0.8211
 TPF5=0.9470
 FPF5=0.0017

**MEDIA
 COEFICIENTE DICE**

0.9649

**MEDIA
 COEFICIENTE
 JACCARD**

0.9322

TPF

0.9487

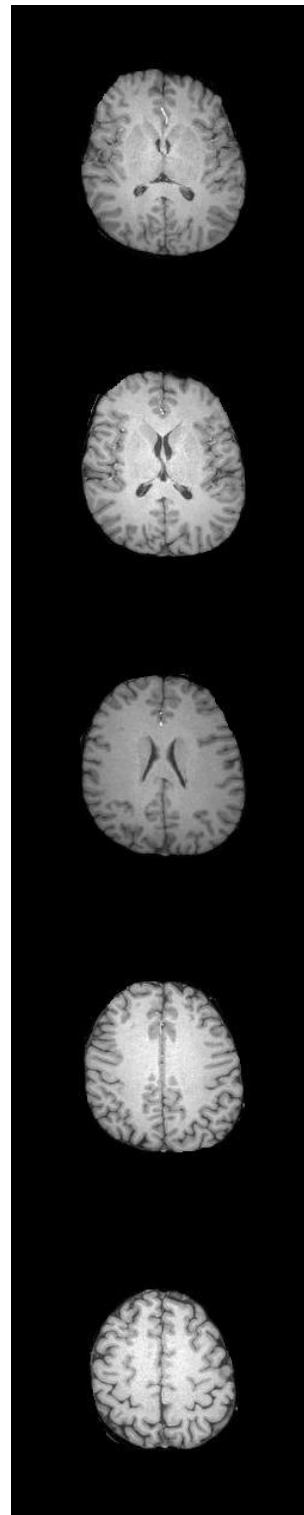
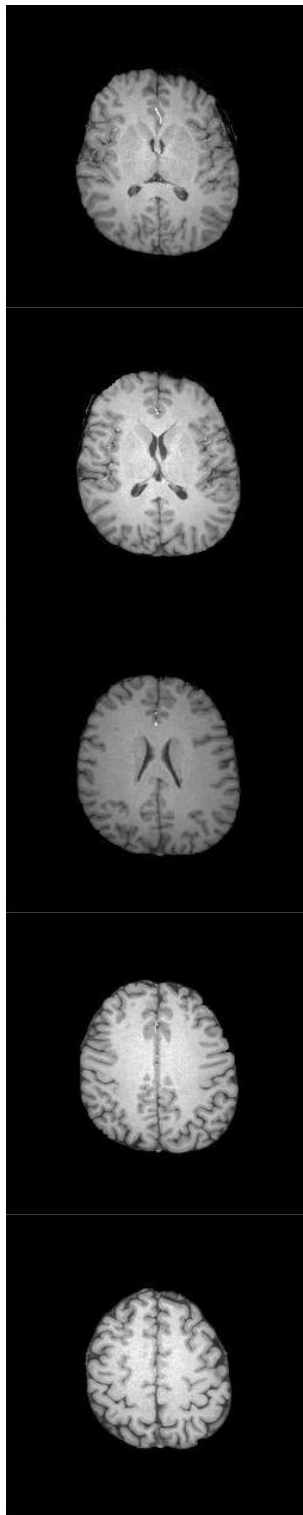
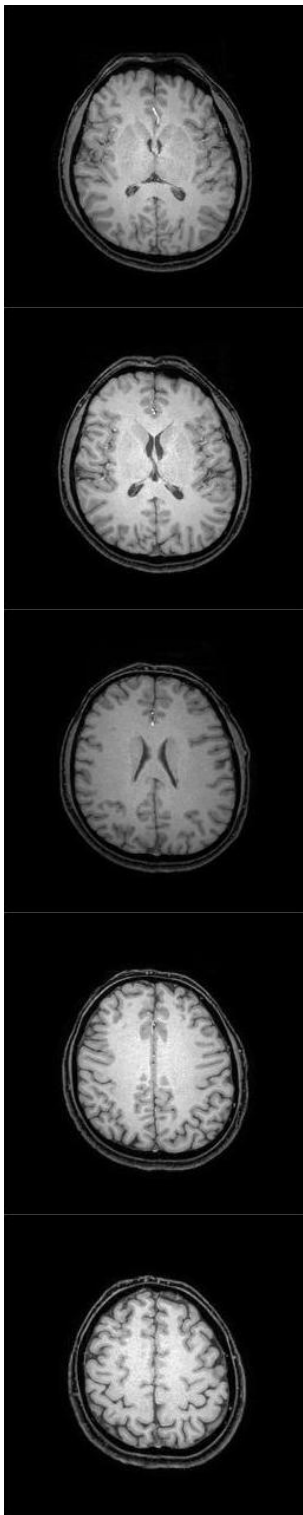
FPF

0.0058

Paciente 10
Imagen Original

Resultado watershed

Resultado MIPAV



DS1=0.9730
 JC1=0.9473
 TPF1=0.9753
 FPF1=0.0109

DS2=0.9443
 JC2=0.8945
 TPF2=0.9948
 FPF2=0.0407

DS3=0.9767
 JC3=0.9545
 TPF3=0.9771
 FPF3=0.0086

DS4=0.9766
 JC4=0.9543
 TPF4=0.9689
 FPF4=0.0050

DS5=0.8683
 JC5=0.7672
 TPF5=0.9744
 FPF5=0.0086

MEDIA
COEFICIENTE DICE
 0.9699

MEDIA
COEFICIENTE JACCARD
 0.9417

TPF
 0.9717

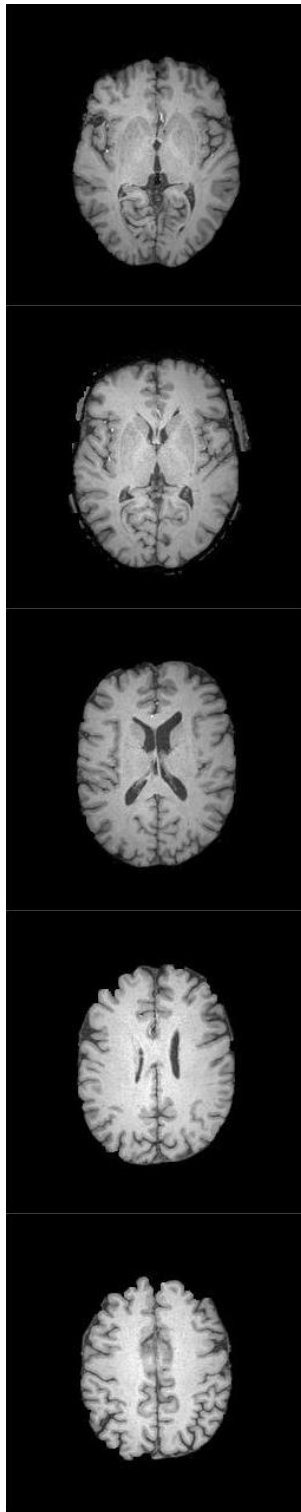
FPF
 0.0105

Paciente 11

Imagen Original

Resultado watershed

Resultado MIPAV



DS1=0.9692
JC1= 0.9403
TPF1=0.9647
FPF1=0.0119

DS2=0.9464
JC2=0.8982
TPF2=0.9935
FPF2=0.0484

DS3=0.9810
JC3=0.9626
TPF3=0.9686
FPF3=0.0028

DS4=0.9710
JC4=0.9436
TPF4=0.9508
FPF4=0.0032

DS5=0.8796
JC5=0.7851
TPF5=0.9103
FPF5=0.0009

**MEDIA
COEFICIENTE DICE**

0.9716

**MEDIA
COEFICIENTE
JACCARD**

0.9448

TPF

0.9523

FPF

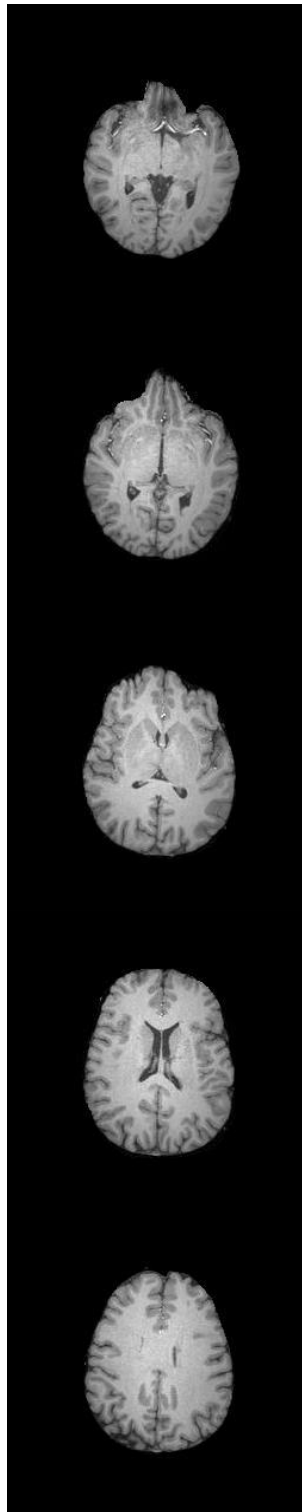
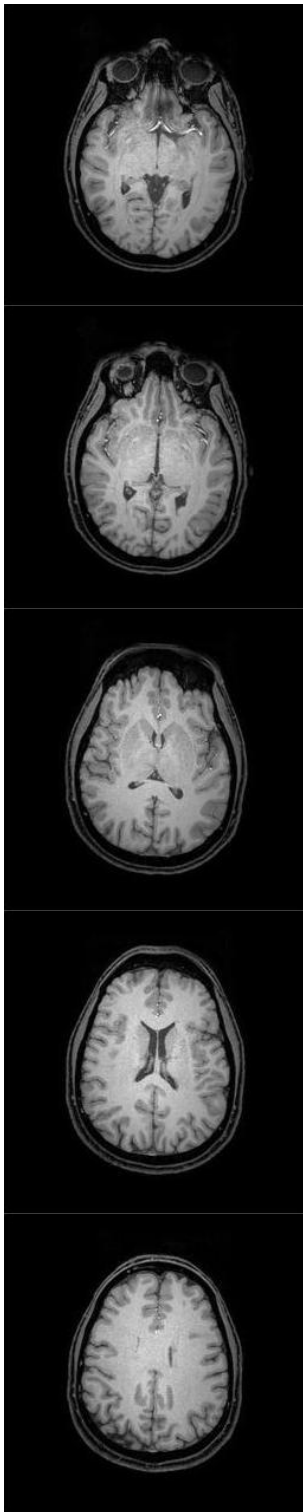
0.0034

Paciente 12

Imagen Original

Resultado watershed

Resultado MIPAV



DS1=0.9079
JC1=0.8314
TPF1=0.9460
FPF1=0.0420

DS2=0.8880
JC2=0.7986
TPF2=0.9975
FPF2=0.0745

DS3=0.9633
JC3=0.9293
TPF3=0.9730
FPF3=0.0156

DS4=0.9750
JC4=0.9513
TPF4=0.9607
FPF4=0.0034

DS5=0.9338
JC5=0.8758
TPF5=0.9599
FPF5=0.0026

MEDIA
COEFICIENTE DICE
0.9578

MEDIA
COEFICIENTE JACCARD
0.9195

TPF
0.9555

FPF
0.0125

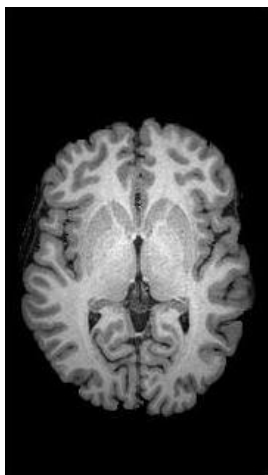
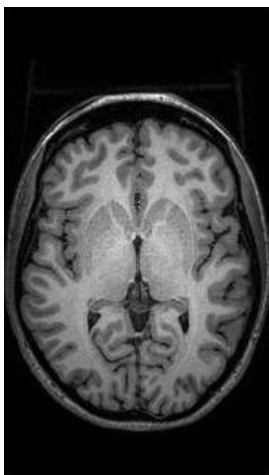
ANEXO B

Paciente1

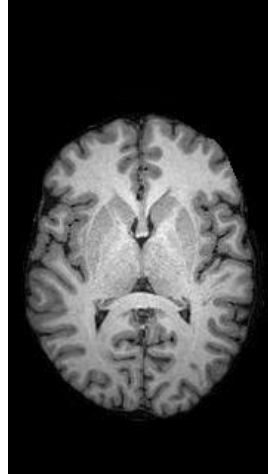
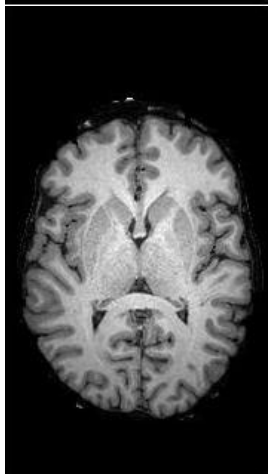
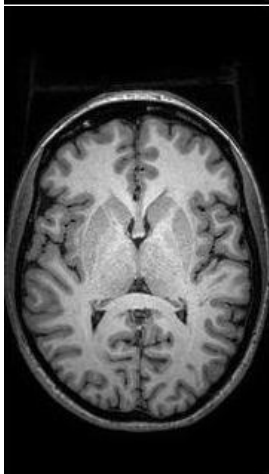
Imagen Original

Resultado watershed

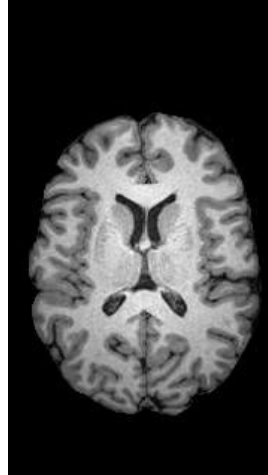
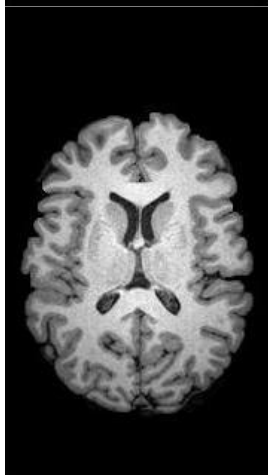
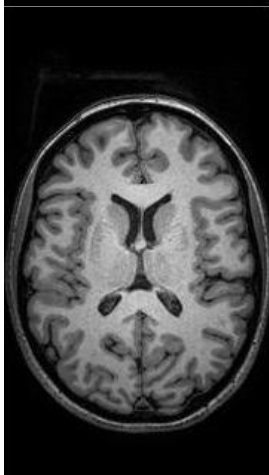
Resultado MIPAV



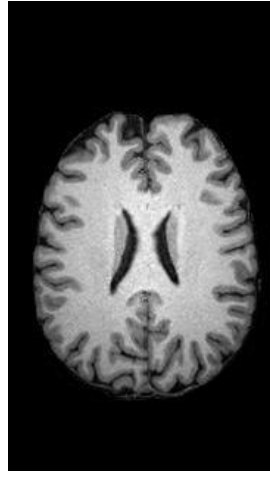
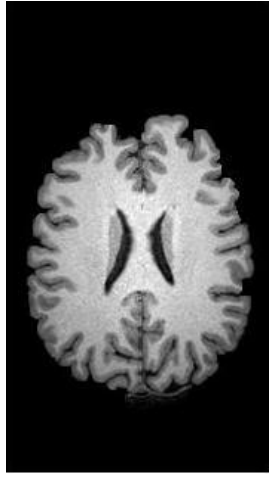
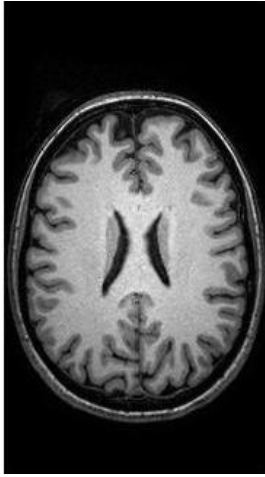
DS1=0.9448
JC1=0.8954
TPF1=0.8975
FPF1=0.0020



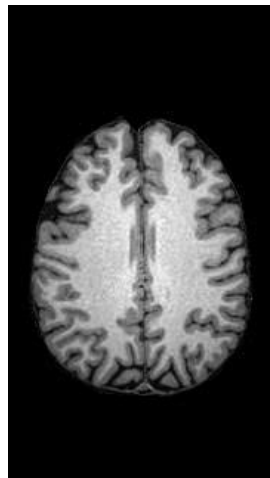
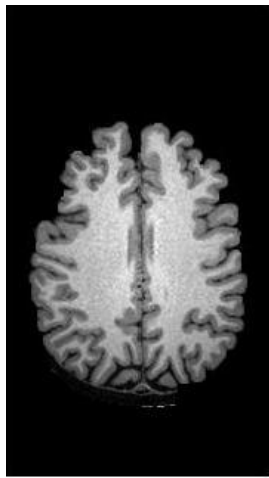
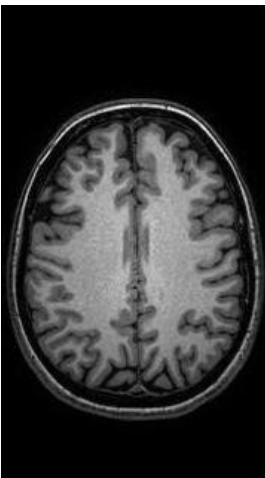
DS2=0.9477
JC2=0.9005
TPF2=0.9028
FPF2=0.0021



DS3=0.9538
JC3=0.9117
TPF3=0.9158
FPF3=0.0038



DS4=0.9364
JC4=0.8805
TPF4=0.8850
FPF4=0.0041



DS5=0.9030
JC5=0.8231
TPF5=0.8817
FPF5=0.0106

MEDIA
COEFICIENTE DICE
0.9425

MEDIA
COEFICIENTE JACCARD
0.8914

TPF
0.8966

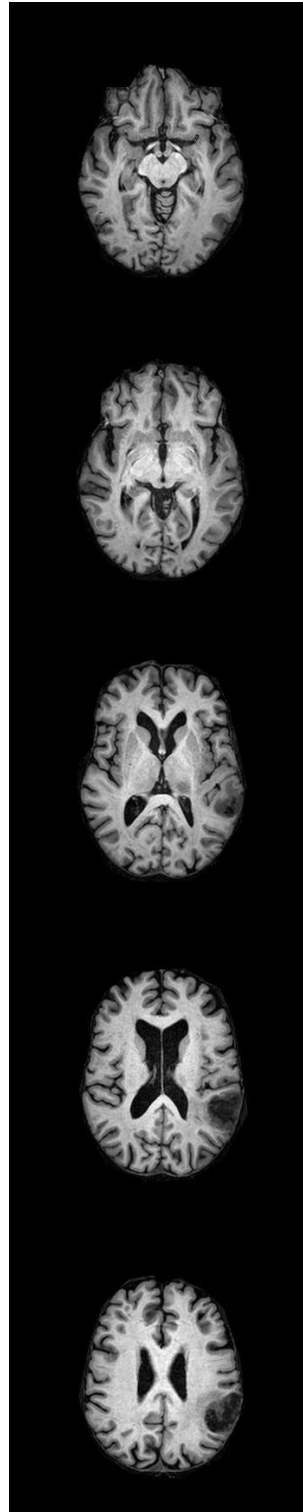
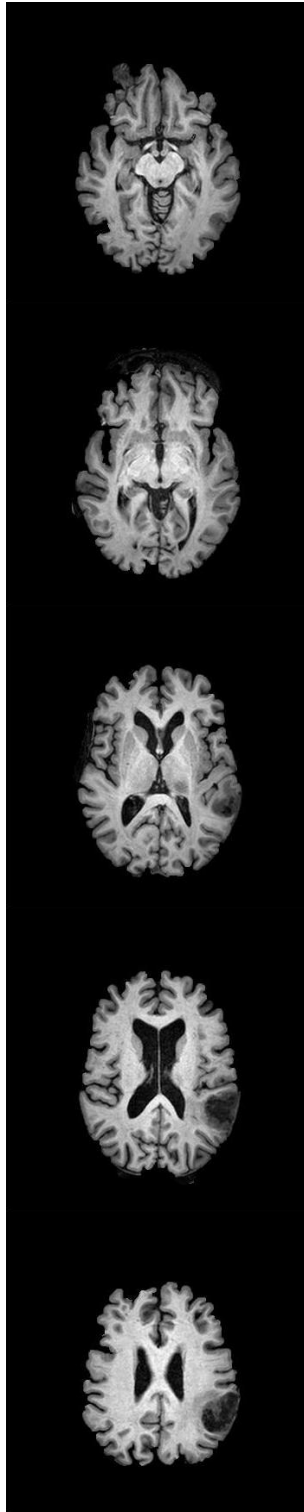
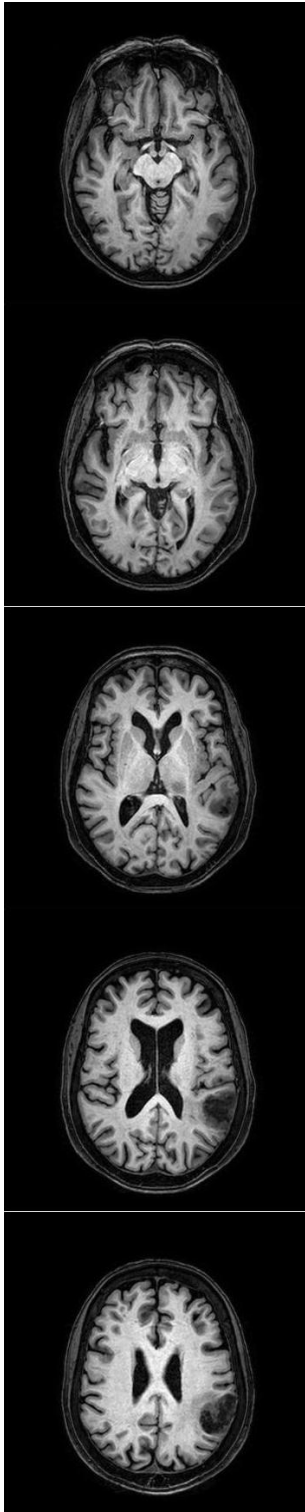
FPF
0.0045

Paciente2

Imagen Original

Resultado watershed

Resultado MIPAV



DS1=0.9229
JC1=0.8568
TPF1=0.8846
FPF1=0.0138

DS2=0.9565
JC2=0.9166
TPF2=0.9615
FPF2=0.0207

DS3=0.9485
JC3=0.9020
TPF3=0.9266
FPF3=0.0121

DS4=0.9445
JC4=0.8949
TPF4=0.9063
FPF4=0.0054

DS5=0.8701
JC5=0.7701
TPF5=0.8534
FPF5=0.0070

MEDIA
COEFICIENTE DICE
0.9368

MEDIA
COEFICIENTE JACCARD
0.8816

TPF
0.9065

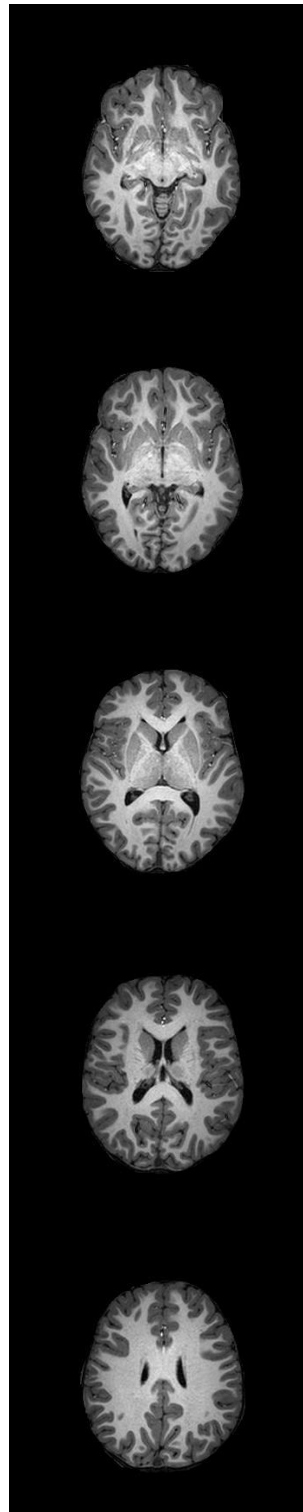
FPF
0.0118

Paciente 3

Imagen Original

Resultado watershed

Resultado MIPAV



DS1=0.9693
JC1=0.9405
TPF1=0.9757
FPF1=0.0138

DS2=0.9730
JC2=0.9474
TPF2=0.9782
FPF2=0.0126

DS3=0.9698
JC3=0.9413
TPF3=0.9458
FPF3=0.0019

DS4=0.9769
JC4=0.9548
TPF4=0.9589
FPF4=0.0017

DS5=0.9365
JC5=0.8805
TPF5=0.9530
FPF5=0.0021

MEDIA
COEFICIENTE DICE
0.9724

MEDIA
COEFICIENTE JACCARD
0.9463

TPF
0.9623

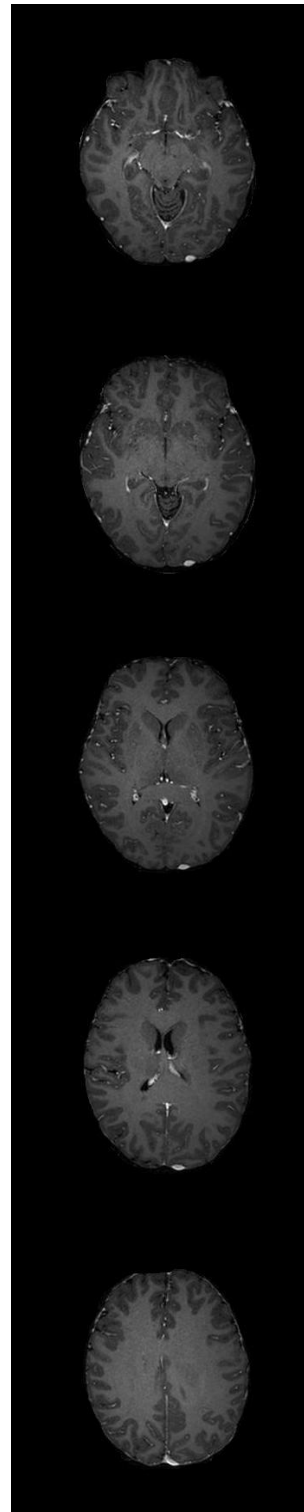
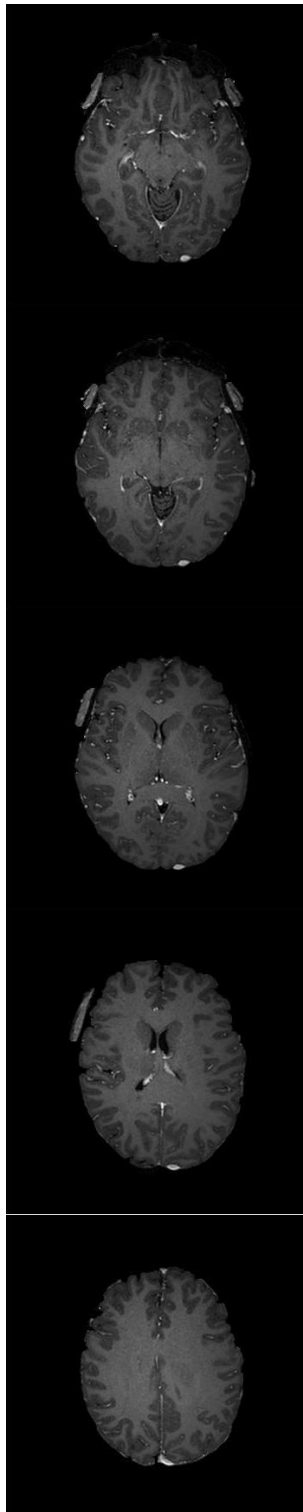
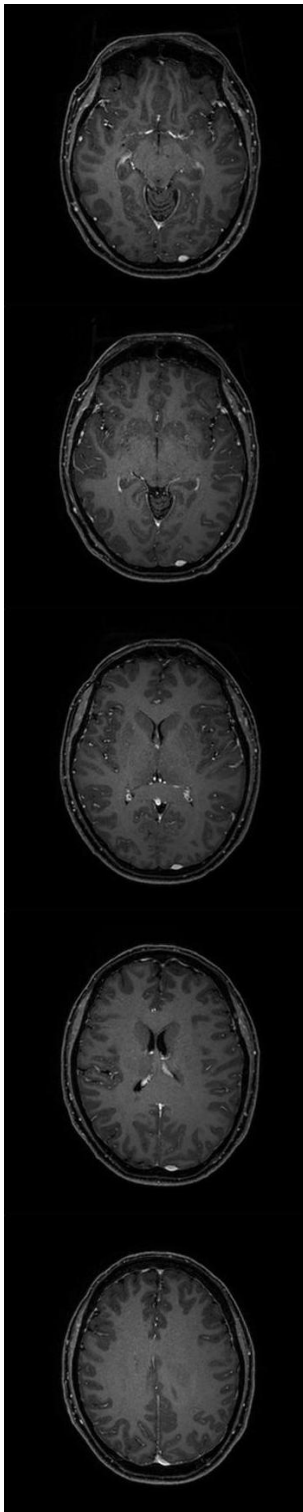
FPF
0.0064

Paciente4

Imagen Original

Resultado watershed

Resultado MIPAV



DS1=0.9299
JC1=0.8690
TPF1=0.9926
FPF1=0.0595

DS2=0.9508
JC2=0.9062
TPF2=0.9849
FPF2=0.0402

DS3=0.9737
JC3=0.9488
TPF3=0.9745
FPF3=0.0127

DS4=0.9599
JC4=0.9229
TPF4=0.9321
FPF4=0.0047

DS5=0.9349
JC5=0.8777
TPF5=0.9774
FPF5=0.0158

**MEDIA
COEFICIENTE DICE**

0.9567

**MEDIA
COEFICIENTE
JACCARD**

0.9174

TPF

0.9723

FPF

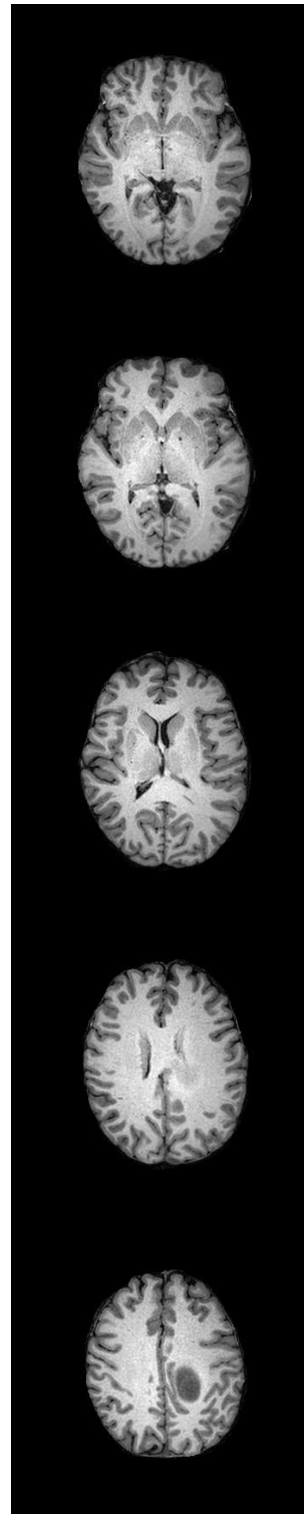
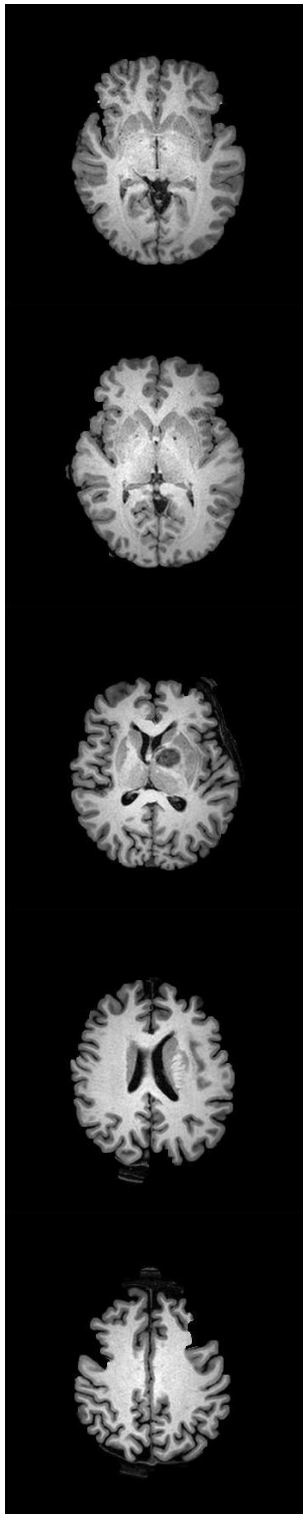
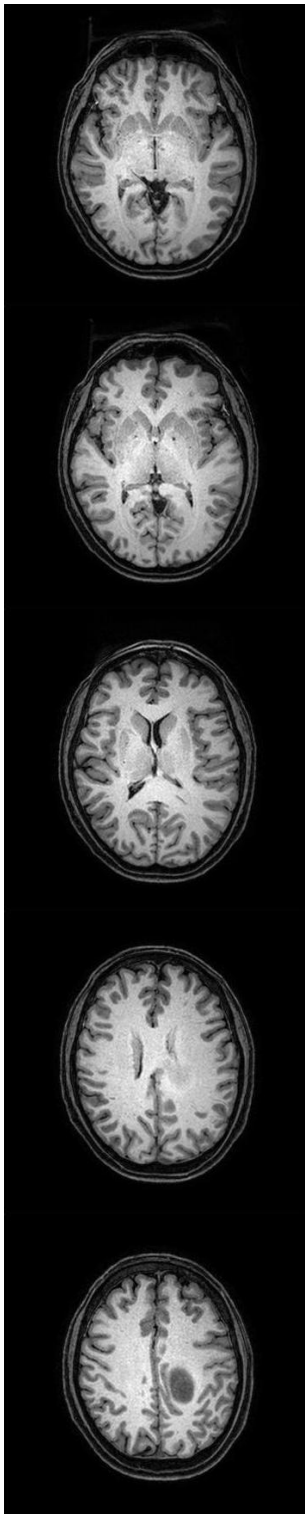
0.0266

Paciente 5

Imagen Original

Resultado watershed

Resultado MIPAV



DS1=0.9703
JC1=0.9424
TPF1=0.9474
FPF1=0.0024

DS2=0.9744
JC2=0.9501
TPF2=0.9534
FPF2=0.0016

DS3=0.9678
JC3=0.9376
TPF3=0.9539
FPF3=0.0078

DS4=0.9617
JC4=0.9261
TPF4=0.9423
FPF4=0.0073

DS5=0.9038
JC5=0.8245
TPF5=0.9641
FPF5=0.0088

MEDIA
COEFICIENTE DICE
0.9687

MEDIA
COEFICIENTE JACCARD
0.9393

TPF
0.9522

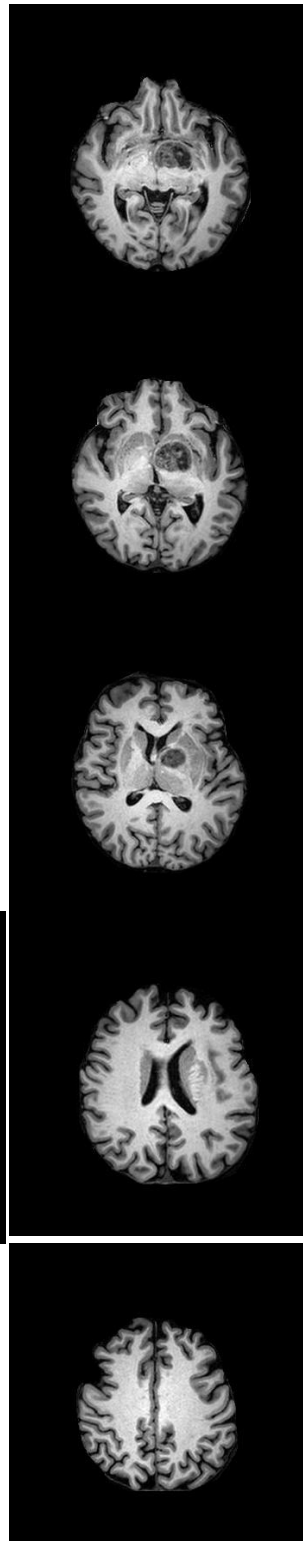
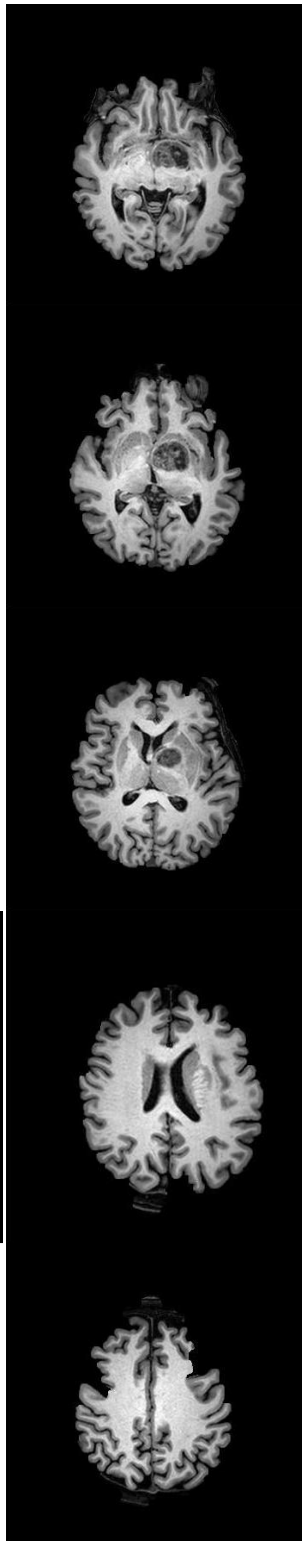
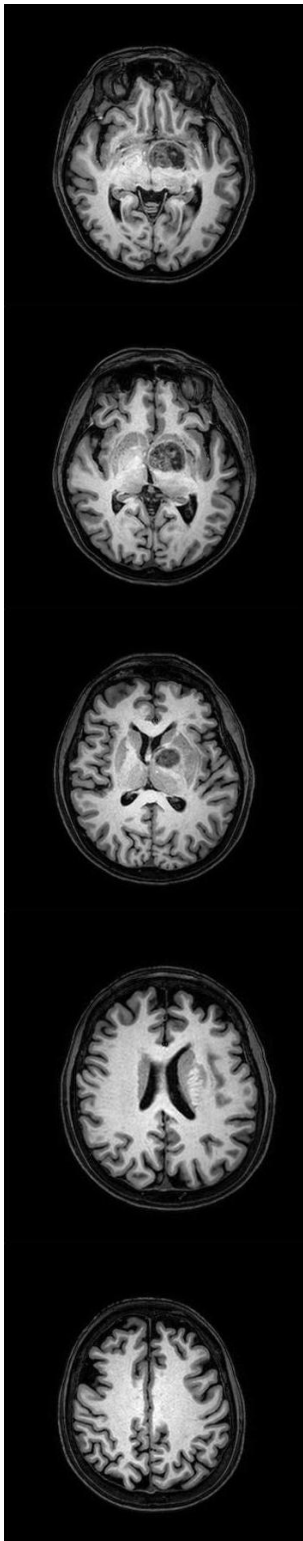
FPF
0.0056

Paciente 6

Imagen Original

Resultado watershed

Resultado MIPAV



DS1=0.9324
JC1=0.8734
TPF1=0.9182
FPF1=0.0203

DS2=0.9335
JC2=0.8753
TPF2=0.9529
FPF2=0.0359

DS3=0.9612
JC3=0.9253
TPF3=0.9463
FPF3=0.0092

DS4=0.9367
JC4=0.8810
TPF4=0.9064
FPF4=0.0111

DS5=0.8690
JC5=0.7683
TPF5=0.8545
FPF5=0.0132

MEDIA
COEFICIENTE DICE
0.9333

MEDIA
COEFICIENTE JACCARD
0.8754

TPF
0.9156

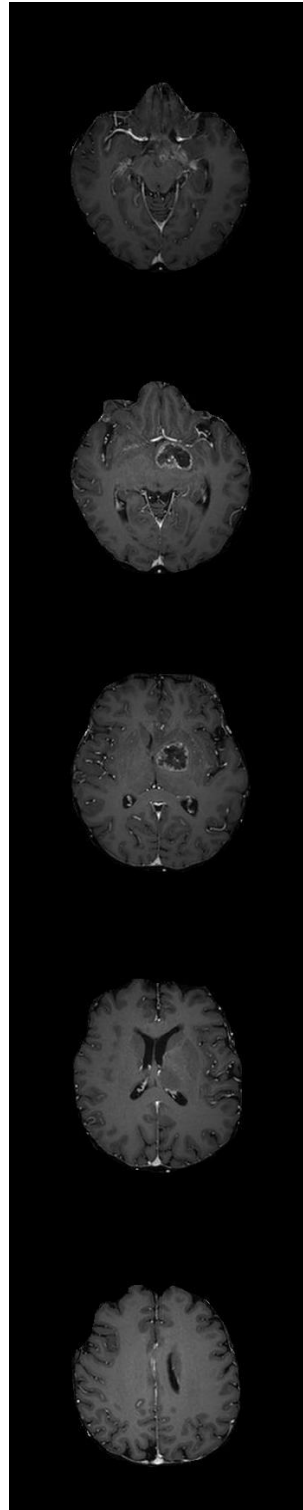
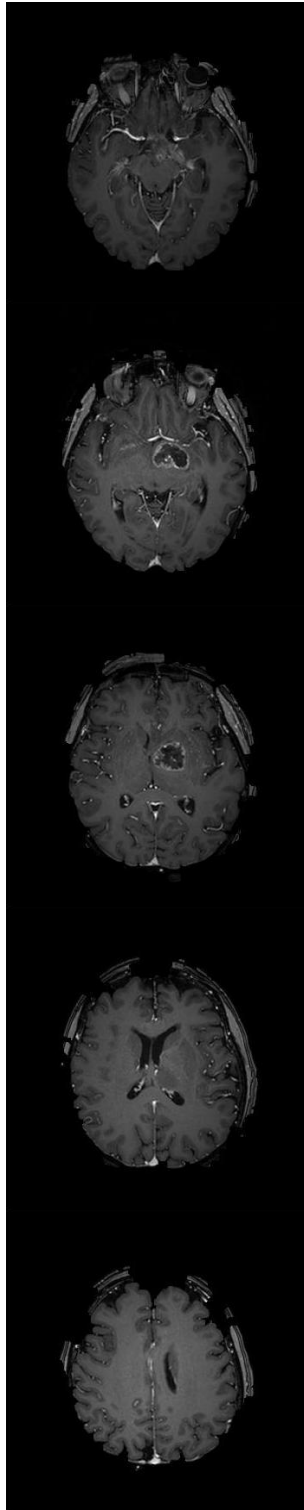
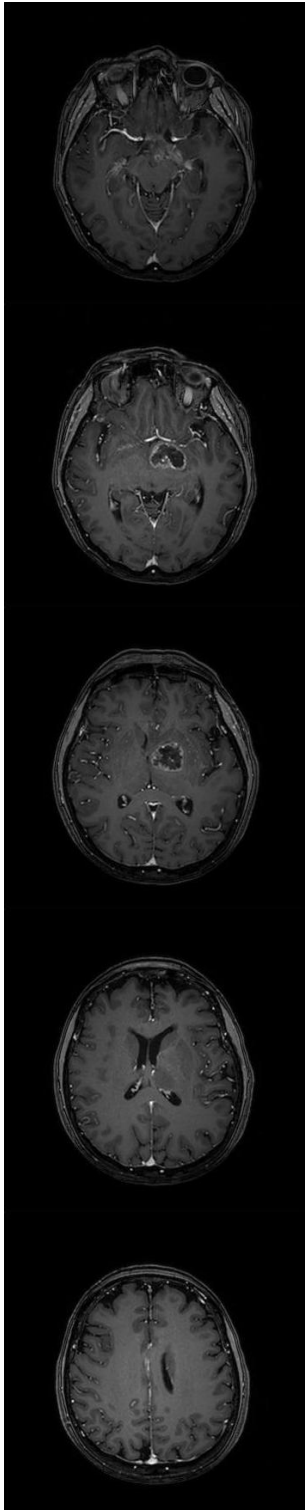
FPF
0.0179

Paciente 7

Imagen Original

Resultado watershed

Resultado MIPAV



DS1=0.8601
JC1=0.7545
TPF1=0.9772
FPF1=0.1107

DS2=0.5822
JC2=0.4106
TPF2=0.9708
FPF2=0.5379

DS3=0.9257
JC3=0.8617
TPF3=0.9914
FPF3=0.0643

DS4=0.9011
JC4=0.8200
TPF4=0.9739
FPF4=0.0736

DS5=0.8993
JC5=0.8171
TPF5=0.9489
FPF5=0.0553

MEDIA
COEFICIENTE DICE
0.8342

MEDIA
COEFICIENTE JACCARD
0.7337

TPF
0.9724

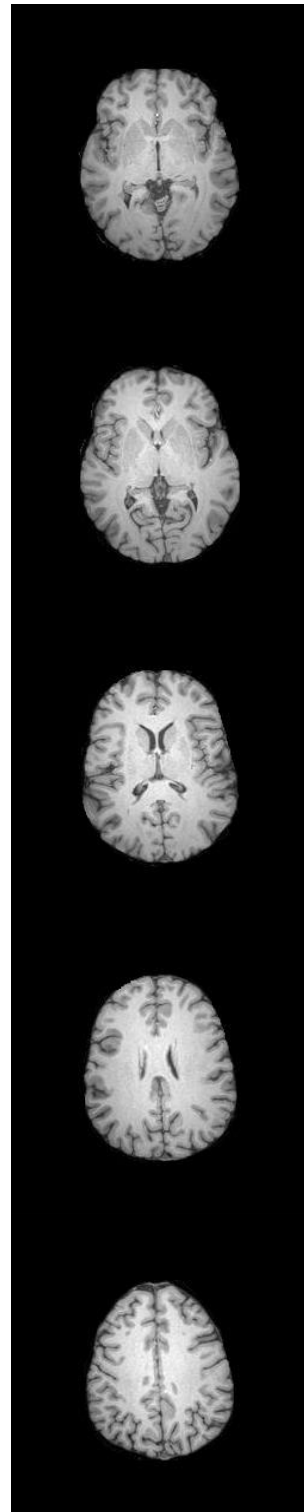
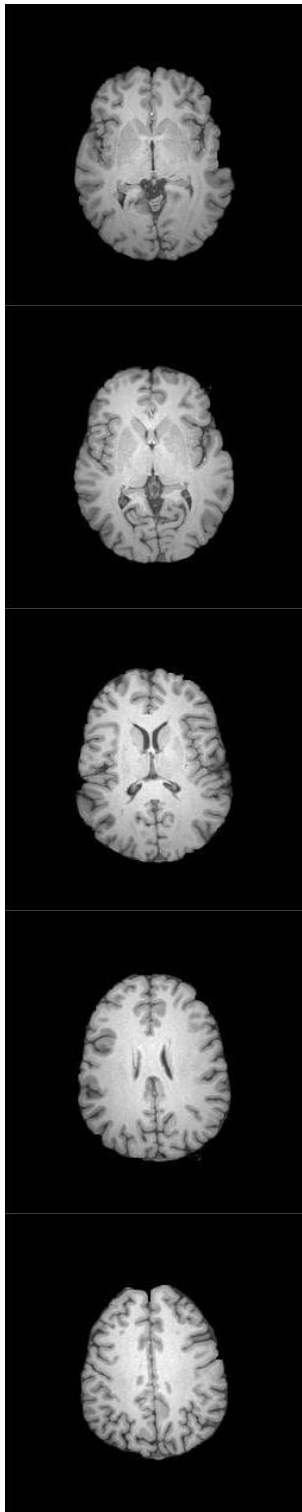
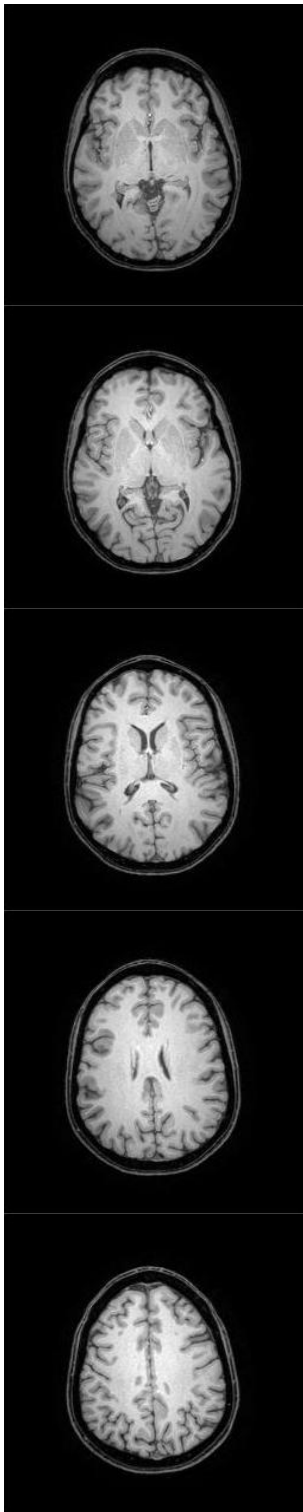
FPF
0.1684

Paciente 8

Imagen Original

Resultado watershed

Resultado MIPAV



DS1=0.9739
JC1=0.9491
TPF1=0.9534
FPF1=0.0017

DS2=0.9782
JC2=0.9574
TPF2=0.9724
FPF2=0.0058

DS3=0.9793
JC3=0.9595
TPF3=0.9653
FPF3=0.0022

DS4=0.9777
JC4=0.9564
TPF4=0.9674
FPF4=0.0039

DS5=0.8967
JC5=0.8127
TPF5=0.9449
FPF5=0.0029

MEDIA
COEFICIENTE DICE
0.9752

MEDIA
COEFICIENTE JACCARD
0.9516

TPF
0.9607

FPF
0.0033

Paciente 9

Imagen Original

Resultado watershed

Resultado MIPAV



DS1=0.9571
JC1=0.9178
TPF1=0.9231
FPF1=0.0020

DS2=0.9611
JC2=0.9250
TPF2=0.9666
FPF2=0.0149

DS3=0.9716
JC3=0.9448
TPF3=0.9571
FPF3=0.0044

DS4=0.9652
JC4=0.9327
TPF4=0.9504
FPF4=0.0061

DS5=0.9014
JC5=0.8205
TPF5=0.9464
FPF5=0.0017

MEDIA
COEFICIENTE DICE
0.9649

MEDIA
COEFICIENTE JACCARD
0.9322

TPF
0.9487

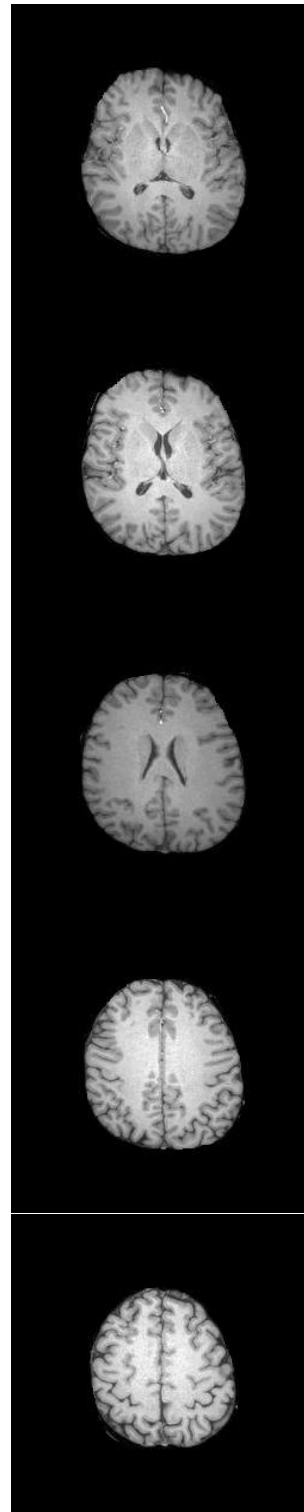
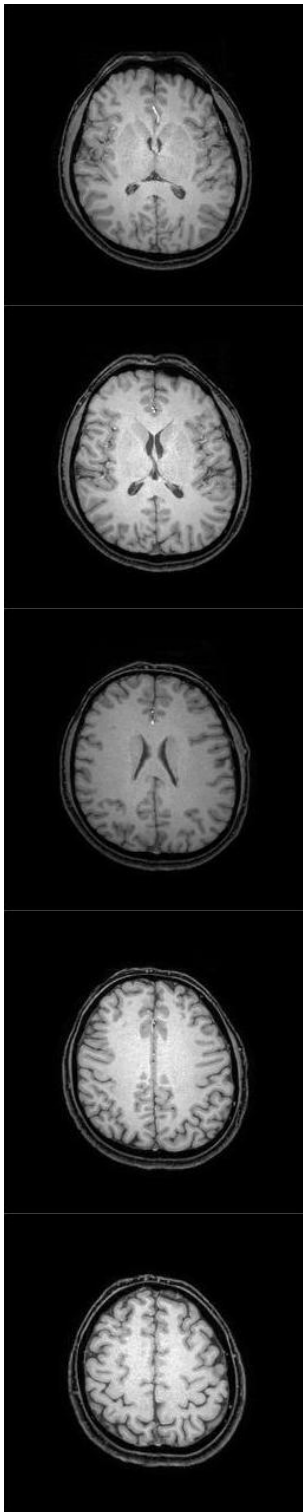
FPF
0.0058

Paciente 10

Imagen Original

Resultado watershed

Resultado MIPAV



DS1=0.9741
 JC1=0.9494
 TPF1=0.9610
 FPF1=0.0045

DS2=0.9785
 JC2=0.9579
 TPF2=0.9820
 FPF2=0.0091

DS3=0.9727
 JC3=0.9468
 TPF3=0.9694
 FPF3=0.0086

DS4=0.9538
 JC4=0.9117
 TPF4=0.9722
 FPF4=0.0216

DS5=0.8681
 JC5=0.7669
 TPF5=0.9742
 FPF5=0.0086

MEDIA
COEFICIENTE DICE
 0.9699

MEDIA
COEFICIENTE JACCARD
 0.9417

TPF
 0.9717

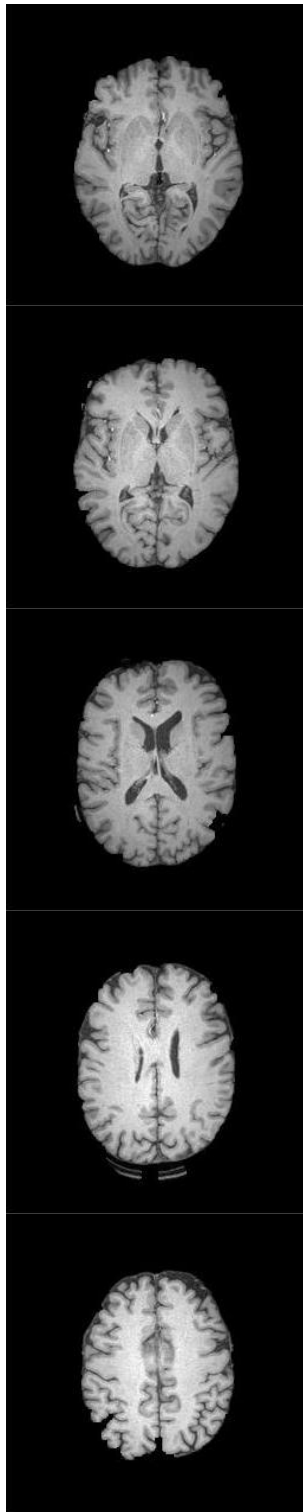
FPF
 0.0105

Paciente 11

Imagen Original

Resultado watershed

Resultado MIPAV



DS1=0.9718
JC1=0.9451
TPF1=0.9532
FPF1=0.0039

DS2=0.9747
JC2=0.9506
TPF2=0.9605
FPF2=0.0047

DS3=0.9719
JC3=0.9454
TPF3=0.9502
FPF3=0.0023

DS4=0.9744
JC4=0.9500
TPF4=0.9602
FPF4=0.0045

DS5=0.8951
JC5=0.8102
TPF5=0.9374
FPF5=0.0017

MEDIA
COEFICIENTE DICE
0.9716

MEDIA
COEFICIENTE JACCARD
0.9448

TPF
0.9523

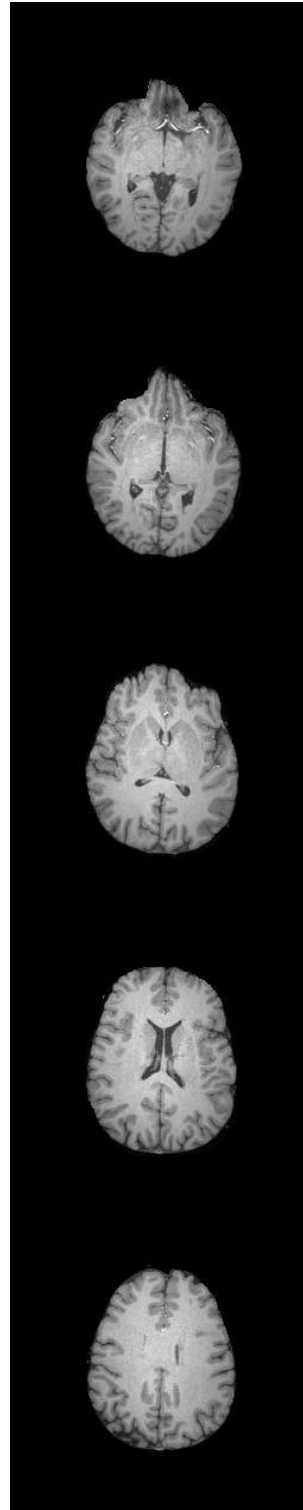
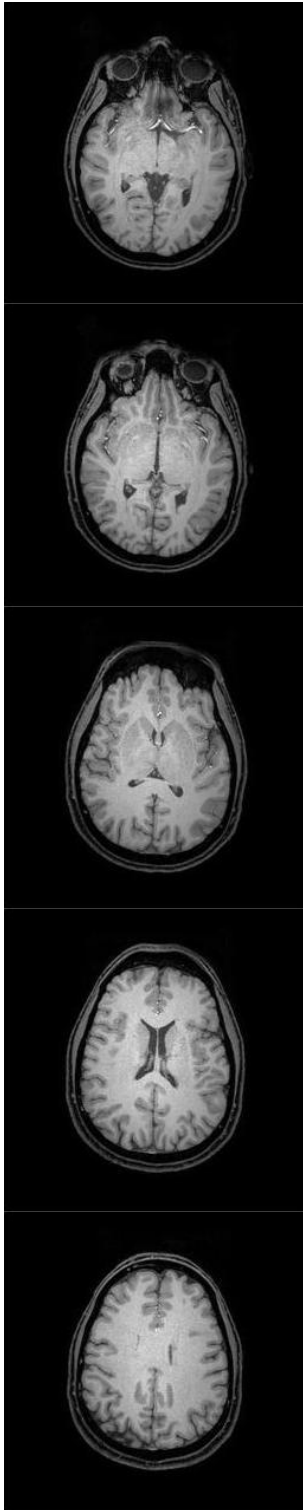
FPF
0.0034

Paciente 12

Imagen Original

Resultado watershed

Resultado MIPAV



DS1=0.9258
JC1=0.8619
TPF1=0.9394
FPF1=0.0274

DS2=0.9548
JC2=0.9136
TPF2=0.9656
FPF2=0.0170

DS3=0.9621
JC3=0.9269
TPF3=0.9601
FPF3=0.0119

DS4=0.9708
JC4=0.9433
TPF4=0.9526
FPF4=0.0034

DS5=0.9337
JC5=0.8757
TPF5=0.9598
FPF5=0.0026

MEDIA
COEFICIENTE DICE
0.9578

MEDIA
COEFICIENTE JACCARD
0.9195

TPF
0.9555

FPF
0.0125

5. Referencias

- [1] Haines, D. E. *Principios de Neurociencia*. Elsevier.
- [2] Smith, S. M. (2002). Fast Robust Automated Brain Extraction. En *Human Brain Mapping* (págs. 143-155).
- [3] H. Suzuki y J. Toriwaki, «Automatic segmentation head MRI images by knowledge guided thresholding,» *Comput. Med. Imaging Graph.*, vol. 15, n° 4, p. 233, 1991.
- [4] R. M. Haralick y L. G. Shapiro, «Image segmentation techniques,» *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, vol. 29, n° 1, pp. 100-132, 1985.
- [5] P. Anbeek, K. L. Vincken y M. A. Viergever, «Automated MS-Lesion Segmentation by K-Nearest Neighbor Classification,» de (*MICCAI 2008 Workshop*, 2008).
- [6] J. K. Sing, D. K. Basu, M. Nasipuri y M. Kundu, «Segmentation of MR Images of the Human Brain Using Fuzzy Adaptive Radial Basis Function Neural Network,» *Pattern Recognition and Machine Intelligence* 3776, pp. 364-368, 2005.
- [7] Shanthi, K. J.; Kumar, M. Sasi; Kesavadas, C., “Neural network model for Automatic segmentation of brain MRI System”. 7th International Conference on Simulation and Scientific Computing, (2008) ,pp.1125 –1128
- [8] Magnotta, V.A., Heckel, D., Andreasen, N.C., Cizadlo, T., Corson, P.W., Ehrhardt, J.C., Yuh, Y.T.C., “Measurement of brain structures with artificial neural networks: two- and three-dimensional applications”. *Radiology*, Vol.211, pp. 781-790.
- [9] Dawant, B.M., Zijdenbos, A.P., Margolin, R.A., “Correction of intensity variations in MR images for computer-aided tissue classification”. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, Vol.12, No.4, pp. 770-781.
- [10] Hall, L.O., Bensaid, A.M., Clarke, L.P., Velthuizen, R.P., Silbiger, M.S., Bezdek, J.C., “A comparison of neural network and fuzzy clustering techniques in segmenting magnetic resonance images of the brain”. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, Vol.3, No.5, pp. 672-682.
- [11] Li, C., Goldgof, D.B., Hall, L.O., “Knowledge-based classification and tissue labeling of MR images of human brain”. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, Vol. 12, (1993), pp.740-750.
- [12] Li, Y; Li, Z; Xue, Z., “Segmenting MR Images Using Fully-Tuned Radial Basis Functions (RBF)”, 9th International Conference on Control, Automation, Robotics and Vision, (2006), pp.1 – 6. pp.1112 – 1116.
- [13] Mingo, L.F; , Arroyo,F; Luengo, C; and Castellanos, J., “Enhanced Neural Networks and Medical Imaging”, *Lecture Notes in Computer Science*.Volume 1689,(1999), pp. 838.
- [14] Zhou, Y; Chen, H; Zhu, O., “The research of classification algorithm based on fuzzy clustering and neural network”. *IEEE International Sympos*
- [15] D. Tian y L. Fan, «A brain MR images segmentation method based on SOM neural network,» *1st international conference on bioinformatics and biomedical engineering*, pp. 686-689, 2007.
- [16] Tian D, Fan L (2007) A brain MR images segmentation method based on SOM neural network. In: The 1st international conference on bioinformatics and biomedical engineering, pp 686–689
- [17] Tian D, Fan L (2007) A brain MR images segmentation method based on SOM neural network. In: The 1st international conference on bioinformatics and biomedical engineering, pp 686–689
- [18] Dr.Samir Kumar Bandhyopadhyay, T. U. (2012). Segmentation of Brain MRI Image. *International Journal of Advanced Research in* .

- [19] D. García-Lorenzo, S. Francis, S. Narayanan, D. L. Arnold y D. L. Collins, «Review of automatic segmentation methods of multiple sclerosis white matter lesions on conventional magnetic resonance imaging,» *Medical Image Analysis*, vol. 17, pp. 1-18, 2013.
- [20] J. MacQueen, «Some methods for classification and analysis of multivariate observations,» de *Proceedings of the Fifth Berkeley Symposium on Mathematical Statistics and Probability*, 1967.
- [21] M. N. Ahmed, S. M. Yamany, N. Mohamed, A. A. Farag y T. Moriarty, «A Modified Fuzzy C-Means Algorithm for Bias Field Estimation and Segmentation of MRI Data,» *IEEE TRANSACTIONS ON MEDICAL IMAGING*, vol. 21, n° 3, pp. 193-199, 2002.
- [22] L. O. Hall, A. M. Bensaid, L. P. Clarke, R. P. Velthuizen, M. S. Silbiger y J. Bezdek, «A comparison of neural network and fuzzy clustering techniques in segmenting magnetic resonance images of the brain,» *IEEE Trans. Neural Netw.*, vol. 3, pp. 672-682, 1992.
- [23] P. L. Lions, J. M. Morel y T. Coll, «Image selective smoothing and edge detection by nonlinear diffusion,» *SIAM J. Numer. Anal.*, vol. 29, n° 1, pp. 182-193, 1992.
- [24] S. T. Acton y D. P. Mukherjee, «Scale space classification using area morphology,» *IEEE Trans. Image Process.*, vol. 9, n° 4, pp. 623-635, 2000.
- [25] «A novel kernelized fuzzy c-means algorithm with application in medical image segmentation,» *Artif. Intell. Med.*, vol. 32, n° 1, pp. 37-50, 2004.
- [26] R. N. Dave, «Characterization and detection of noise in clustering,» *Pattern Recogn. Lett.*, vol. 12, n° 11, pp. 657-664, 1991.
- [27] Y. A. Toliás y S. M. Panas, «On applying spatial constraints in fuzzy image clustering using a fuzzy rule-based system,» *IEEE Signal Process. Lett.*, vol. 5, n° 10, pp. 245-247, 1998.
- [28] T. Song y et al., «A modified probabilistic neural network for partial volume segmentation in brain MR image,» *IEEE Trans. Neural Netw.*, vol. 18, n° 5, pp. 1424-1432, 2007.
- [29] P. L. Chang y W. G. Teng, «Exploiting the self-organizing map for medical image segmentation,» *20th IEEE international symposium on computer-based medical systems*, pp. 281-288, 2007.
- [30] T. K. Moon, «The Expectation-Maximization Algorithm,» *IEEE Signal Processing Magazine*, vol. 13, n° 6, pp. 47-60, 2002.
- [31] D. Adalsteinsson y J. A. Sethian, «A fast level set method for propagating interfaces,» *J. Comput. Phys.*, vol. 118, pp. 269-277, 1995.
- [32] S. Z. Li, M. Liu y Y. Li, «Image segmentation algorithm using watershed transform and level set method,» 2007.
- [33] L. Vincent y P. Soille, «Watersheds in digital spaces: an efficient algorithm based on immersion simulations,» *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, vol. 13, n° 6, pp. 583-598, 1991.
- [34] J. A. Sethian, «A fast marching level set method for monotonically advancing fronts,» *Proc. Natl. Acad. Sci.*, vol. 93, n° 4, pp. 1591-1595, 1996.
- [35] S. W. Yoon, «Medical endoscopic image segmentation using snakes,» *IEICE Trans Inf Syst*, vol. 87, n° 3, pp. 785-789, 2004.
- [36] T. Mäkelä y et al., «A review of cardiac image registration methods,» *IEEE Trans. Med. Imaging*, vol. 21, n° 9, pp. 1011-1021, 2002.
- [37] K. J. Friston, J. T. Ashburner, S. J. Kiebel, T. E. Nichols y W. D. Penny, *Statistical Parametric Mapping: The Analysis of Functional Brain Images: The Analysis of Functional Brain Images*, Academic Press, 2011.
- [38] M. F. Tolba, M. G. Mostafa, T. F. Gharib y M. A-Megeed, «MR-Brain Image Segmentation Using

Gaussian Multi resolution Analysis and the EM Algorithm,» *ACM-IEEE 8th International Conference Of Enterprise Intelligent Computing*, vol. 2, pp. 165-170, 2003.

- [39] D. W. Shattuck y R. M. Leahy, «BrainSuite: An Automated Cortical Surface Identification Tool,» *Medical Image Analysis*, vol. 6, pp. 129-142, 2002.
- [40] D. W. Shattuck, S. R. Sandor-Leahy, K. A. Schaper, D. A. Rottenberg y R. M. Leahy, «Magnetic resonance image tissue classification using a partial volume model,» *NeuroImage*, vol. 13, nº 5, pp. 856-876, 2011.
- [41] B. Fischl, D. H. Salat, E. Busa, M. Albert, M. Dieterich, C. Haselgrove, A. Van der Kouwe, R. Killiany, D. Kennedy, S. Klaveness, A. Montillo, N. Makris, B. Rosen y A. M. Dale, «Whole Brain Segmentation: Automated Labeling of Neuroanatomical Structures in the Human Brain,» *Neuron.*, vol. 33, pp. 341-355, 2002.
- [42] S. M. Smith, M. Jenkinson, M. W. Woolrich, C. F. Beckmann, T. E. Behrens, H. Johansen-Berg, P. R. Bannister, M. De Luca, I. Drobnjak, D. E. Flitney, R. K. Niazy, J. Saunders, J. Vickers, Y. Zhang, N. De Stefano, J. M. Brady y P. M. Matthews, «Advances in functional and structural MR image analysis and implementation as FSL,» *NeuroImage*, vol. 23, pp. 208-219, 2004.
- [43] Serra, J. (1982). *Image Analysis and Mathematical Morphology*, volume I. Ac. Press, London.
- [44] González, Woods, Eddins. *Digital Image Processing using MATLAB*. Chap. 10 Ed: Pearson.
- [45] Jesús Angulo, Dominique Jeulin. Stochastic watershed segmentation. ISMM 2007, pp. 265-276.
- [46] MIPAV: <http://mipav.cit.nih.gov/clickwrap.php>