Índice

MARCO DEL TRABAJO	5
AGRADECIMIENTOS	6
INTRODUCCIÓN	7
CAPÍTULO I: MEDICINA: HERRAMIENTAS MÉDICAS DE NEUROCIR ESTEREOTÁXICA	.UGÍA 9
0.1 Introducción	9
0.2 Estereotaxia	10
0.3 Atlas cerebral	11
0.4 Imágenes 3D	11
0.5. VISUALIZACIÓN	12
0.5 1 Formas de visualización	12
0.5.2 Communica de contra	12
0.5.2 Generación de cortes	13
0.5.3 Registración entre el referencial del marco estereotáxico y el de la imagen 3D	13
0.5.4 Sincronización entre el referencial de la imagen 3D y el del atlas	13
0.5.5 Algunas herramientas adicionales	14
0.6 Aporte de la segmentación y registración	14
1 CAPÍTULO II: ASPECTOS RELEVANTES DEL PROBLEMA DE LA SEGMENTACIÓN	16
1.1 Variables del problema	17
1.1.1 Problemas relacionados con el tipo de estudio	17
1 1 1 1 La superposición de niveles de intensidad	17
1.1.1.2 El ruido en las imágenes	
1.1.1.3 Volumen parcial	
1.1.1.4 Gradientes	19
1.1.1.5 Eco, resonancia, reverberación	19
1.1.1.6 Susceptibilidad al artefacto	20
1.1.2 Anisotropía de las imágenes 3D	20
1.1.3 Problemas relativos a la naturaleza del cerebro	21
1.1.3.1 Bordes mal definidos	21
1.1.3.2 Variación anatómica normal	21
1.1.3.3 Bordes no basados en la intensidad de la imagen	21
1.1.4 Otros problemas	22

1.1.4.1 La ubicación del cerebro dentro de la imagen 3D	22
1.1.4.2 Los parámetros variables de cada imagen / estudio en particular	22
1.1.4.3 El movimiento	
1.1.5 Efectos del ruido de las imágenes CT o MRI	23
1.1.6 Detección de contornos con máscaras 3D	23
1.2 PRESENTACIÓN DE LAS DISTINTAS ESTRATEGIAS DE SEGMENTACIÓN	23
2 CAPÍTULO III: SOLUCIÓN PROPUESTA	25
2.1 Aspectos de la solución	25
2.2 Elementos de soporte	
2.2.1 Morfología matemática	30
2.3 Proceso de segmentación	31
2.3.1 Ajuste de la imagen médica 3D – Atlas cerebral	31
2.3.1.1 Ajuste de niveles de gris	
2.3.1.2 Ajuste de tamaño	
2.3.1.3 Rotación del cerebro	
2.3.2 Segmentación de un órgano	35
2.3.2.1 Identificación y cálculo de centro de masa	
2.3.2.2 Cálculo de acuerdo al centro de masa de los órganos ya procesados	36
2.3.2.3 Ubicación de semilla	
2.3.2.4 Segmentación y definición de bordes	40
2.3.2.5 Estructura completa	41
3 CAPÍTULO IV- RESULTADOS, CONCLUSIONES Y PERSPECTIVAS DEL TRABAJO	42
3.1 Ejecución de ejemplo	42
3.1.1.1 Imagen original	43
3.1.1.2 Ajuste de la imagen médica 3D	43
3.1.1.3 Segmentación de un órgano	44
3.1.1.4 Imagen 3D segmentada	45
3.1.1.5 Otros resultados	
3.2 Resultados	47
3.2.1.1 Pruebas con los elementos estructurales	47
3.2.1.2 Determinación del coeficiente ¢	48
3.2.1.3 Problemas resueltos	
3.3 CONCLUSIÓN	51
3.4 Continuación del trabajo	52
3.4.1.1 Perfeccionamiento de técnicas	
3.4.1.2 Extensión del trabajo	
4 APÉNDICE A – MORFOLOGÍA MATEMÁTICA	54
4.1 Introducción	54

55 57 59 60 60 62 62
55 57 59 60 60 62 62
57 59 60 60 62 62
59 60 62 62
60 60 62 62
60 62 62
63
63
65
65
68
69
69
69
70
72
72
73
74
74
74
75
75
75
76
77
77
78
79

6.1.1 Introducción	81
6.1.2 Descripción de los métodos de segmentación	
6.1.3 Segmentación basada en Umbralización (Thresholding)	
6.1.3.1 Descripción algorítmica 6.1.4 Segmentación basada en detección de bordes 3D	
6.1.4.1 Descripción algorítmica 6.1.5 Segmentación utilizando Crecimiento de Regiones	
6.1.5.1 Descripción algorítmica 6.1.6 Algoritmos Topológicos de segmentación	
6.1.6.1 Descripción algorítmica 6.1.7 Segmentación por Contornos Activos	
6.1.7.1 Descripción algorítmica 6.1.8 Algoritmos de segmentación basados en Redes Neuronales	
6.1.8.1 Descripción algorítmica	
7 APÉNDICE D – ESTRUCTURA DE LA BASE DE DATOS	90
8 APÉNDICE E- PSEUDO CÓDIGOS	
8.1 Algoritmo principal	
8.2 UBICACIÓN DE LA SEMILLA	
8.3 Erosión con tolerancia	
8.4 DILATACIÓN	
9 APÉNDICE F - IMPLEMENTACIÓN	104
GLOSARIO	110
TRABAJOS PUBLICADOS	112
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	

Marco del Trabajo

Este trabajo se lleva a cabo dentro del marco de un proyecto de herramientas de asistencia a la neurocirugía estereotáxica. El objetivo de este proyecto es obtener una herramienta para la neurocirugía que, utilizando imágenes como resonancia magnética (MRI), tomografía computada (TC), etc., componga representaciones virtuales del cerebro, con el fin de asistir al neurocirujano antes y durante la intervención, para dar mejor seguridad al paciente y facilitar el diagnóstico y planeamiento preoperatorio; y aportar un soporte tanto didáctico como de entrenamiento a estudiantes y residentes de neurocirugía

El proyecto incluye varios trabajos de grado (realizados y en curso) que conforman un conjunto de herramientas que resuelven distintos aspectos del mismo. Dentro de este contexto se inserta la necesidad de obtener una visualización más completa de las estructuras cerebrales, que se logra por medio de la segmentación y la registración.

El proyecto se realiza dentro del marco de un convenio, firmado oportunamente, entre la Facultad de Ingeniería de la U.B.A. y el Hospital Dr. Cosme Agerich. Los directores del proyecto son, por parte de la Facultad de Ingeniería, el profesor Jose Fransisco Zelasco; y por parte del Hospital Argerich, el Dr. Eduardo Pasqualini, del Servicio de Estereotáxia y Radiocirugía. El trabajo se lleva a cabo en las instalaciones del Laboratorio de Estereología (Facultad de Ingeniería), y en el consultorio del Dr. Pasqualini, en el Hospital Dr. Cosme Argerich.

Consideramos que este proyecto puede ser un aporte de-informático interesante a la comunidad científica de la medicina relacionada con la neurocirugía y la neurología.

Agradecimientos

A los hermanos, a nuestros viejos, a las novias, a pepe y a pascua.

Introducción

Un sistema neurofuncional está compuesto por grupos de neuronas que transmiten e integran señales atinentes a una función cerebral determinada. Como ejemplo, podemos citar los sistemas motor, sensitivo, visual y auditivo. La estructura anatómica macroscópica y microscópica de estos sistemas neurofuncionales ha sido objeto de estudio de la Neuroanatomía y Neurofisiología clásicas. Los conocimientos acumulados durante décadas han sido confirmados y ampliados gracias al empleo de equipos de adquisición de imágenes de Resonancia Magnética Nuclear (RMN funcional y espectroscopía por RMN), Tomografía por Emisión de Positrones (PET), Tomografía Computada (TC), Tomografía Computada por Emisión Simple de Fotones (SPECT), Angiografía Digital, etc., que permiten el estudio del funcionamiento del cerebro humano sano o enfermo, "in vivo".

Una lesión en un sistema neurofuncional, o en un vaso sanguíneo, puede ser la causa de trastornos irreversibles Por esta causaeso se requiere una cuidadosa atención en la planificación de una intervención quirúrgica, razón por la cual la ubicación de estas estructuras debe ser bien conocida de manera de minimizar el riesgo.

Debido a la "Revolución de las Imágenes" que introdujo en la medicina las técnicas de adquisición y tratamiento de imágenes digitales, la neurocirugía dejó de ser exploradora. Las distintas patologías quirúrgicas cerebrales <u>son se abordadas abordan</u> con conocimiento previo de su exacta localización, extensión y naturaleza. Poco a poco se han ido imponiendo los criterios de mínima invasión y mínimo daño colateral en los abordajes quirúrgicos y la planificación preoperatoria ha pasado a un primer plano con la utilización de la información brindada en conjunto por imágenes obtenidas por los distintos métodos mencionados ut supra.

Esto ha llevado a desarrollar un planeamiento preoperatorio importante que involucra técnicas que tienen como objetivo minimizar estos riesgos. La utilización de imágenes obtenidas por distintos métodos, como los mencionados anteriormente, permiten confirmar y localizar los sistemas neurofuncionales y los flujos sanguíneos. Se obtiene así información vital que redunda en diagnósticos más precisos, en facilitar el análisis preoperatorio y también, durante la intervención quirúrgica, en disponer de guías y referencias oportunas que faciliten la operatoria. Para enriquecer esta información se procede a la registración, que consiste básicamente en adaptar un atlas cerebral a la morfología de un cerebro dado. Esto permite obtener un modelo del cerebro del paciente con mucha más información y detalles que los que son perceptibles en cualquier tipo de imagen médica. Entre la información aportada se encuentran la visualización de órganos que no son identificables en algunos tipos de estudio y la subdivisión de un órgano en diversas estructuras funcionales. Para que esto pueda ser llevado a cabo se requiere que la imagen cerebral esté segmentada apropiadamente de manera de disponer de los datos necesarios para adaptar el Atlas Cerebral a la imagen del paciente.

Este trabajo presenta una solución robusta al problema de la segmentación que además provee una ventaja adicional para la posterior registración, que consiste en el hecho de que cada estructura segmentada está en correspondencia unívoca con su órgano homólogo en el atlas cerebral, es decir, se sabe perfectamente a qué órgano pertenece cada objeto segmentado, lo cual no suele ser—obtenidoerse por los métodos tradicionales de segmentación.

Existen numerosas técnicas de segmentación, tales como las basadas en umbrales[16], detección de bordes 3D [17], crecimiento de regiones [13][14][15], topología [18][19], contornos activos [21] y redes neuronales [22][23]. La solución que se presenta, está basada en la familia de *Crecimiento de Regiones* y su

aporte novedoso radica en el hecho de aprovechar información conocida acerca de las estructuras buscadas (imitando un sistema de respuesta perceptual), la <u>eual-que</u>está disponible a través de un Atlas Cerebral y su base de datos asociada.

Esta información se usa para poder adaptar el Atlas Cerebral a la imagen cerebral 3D a analizar, y determinar, para cada sistema neurofuncional, la forma y ubicación de la semilla que se utilizará al aplicar *Crecimiento de Regiones*. También se utiliza en la aplicación de morfología matemática[4] para la determinación de bordes y, en consecuencia, ayuda a la eliminación de uniones (generadas a causa del ruido en la imagen) con otras estructuras. Las estructuras de interés son aquellas tratadas en las intervenciones estereotáxicas por lo que se excluyen los órganos más externos del cerebro y se estudian aquellos cercanos al centro del mismo.

A continuación se abordan, en el capítulo I, nociones relativas a las intervenciones estereotáxicas que resultan oportunas para la comprensión del trabajo. Se continúa con una presentación de los aspectos más relevantes del problema de la segmentación en imágenes cerebrales 3D, en el capítulo II. El capítulo III describe detalladamente la solución propuesta, finalizando el último capítulo con la presentación de los resultados generados, las conclusiones obtenidas y las perspectivas del trabajo.

Capítulo I: Medicina: Herramientas médicas de neurocirugía estereotáxica

0.1 Introducción

Con el objeto de facilitar el diagnóstico de lesiones cerebrales, la operatoria de diversas prácticas invasivas, y aportar tanto un soporte didáctico como de entrenamiento a estudiantes y residentes de neurocirugía, se han desarrollado herramientas que consisten, esencialmente, en la posibilidad de visualizar cortes virtuales de imágenes cerebrales 3D o Atlas Cerebrales. Sin embargo, estas herramientas solo muestran la misma imagen que se ve en la tomografía, pero en forma interactiva. Para dar un valor agregado a este tipo de proyectos, pensamos en un algoritmo que permita identificar automáticamente cada órgano del cerebro que se desea visualizar, y que establezca una correspondencia entre dichos órganos en el cerebro del paciente y en el atlas, de manera que se puedan superponer ambas imágenes reduciendo al mínimo sus diferencias, y maximizando su utilidad.

Cualquier daño en un sistema neurofuncional, el cual está compuesto por grupos de neuronas que transmiten y coordinan señales, o en un vaso sanguíneo puede provocar daños funcionales graves y no reversibles v.g.: una hemianopsia - disminución o pérdida completa de la visión en una mitad del campo visual de uno o ambos ojos -, parálisis, hemorragias, entre otros. Por esta razón estos sistemas y el aparato circulatorio del cerebro representan zonas de riesgo para el neurocirujano encargado de la intervención y debe ser conocer bien conocida su ubicación de manera de evitar todo tipo de lesión.

Esto ha llevado a desarrollar un planeamiento preoperatorio importante que involucra técnicas que tienen como objetivo minimizar estos riesgos, por ejemplo, estudiando el modo de abordaje a la lesión, el cual puede ser estereotáxico, endovascular o por microcirugía en cerebro expuesto[12].

En la actualidad existen numerosas técnicas para la obtención de imágenes cerebrales. Entre ellas podemos citar a-las tomografías computadas (TC), imágenes de resonancia magnética funcional (fMRI), tomografías por emisión de positrones (PET), tomografías computada por emisión de fotones simples (SPECT), técnicas angiográficas, etc.

El estudio de dichas imágenes es de gran ayuda para el profesional en las fases de diagnóstico, análisis preoperatorio e incluso durante la misma intervención, sirviendo como referencia auxiliar que facilita el procedimiento.

El área del cerebro que es objeto de operaciones de estereotaxia (y de muchos otros tipos de intervenciones) es aquella ubicada en el centro del mismo. En la misma se pueden encontrar los principales centros nerviosos, es por ello que se ha desarrollado un estudio muy minucioso de esta región [3][11]. De aquí se infiere que se debe tener la zona identificada con la mayor precisión posible, ya que un pequeño error en una intervención podría provocar daños funcionales irreversibles. Dada su importancia y complejidad, la esterotaxia funcional es un tema propio dentro del universo de la neurocirugía; por esta razón y las características mencionadas, se ha decidido enfocar el estudio de este trabajo a la zona esterotáxica.

En este capítulo comentamos algunas nociones básicas sobre temas médicos (a los <u>euales que</u> se aplica este trabajo) y sobre herramientas que son de utilidad para el especialista al enfrentarse a problemas de

los nombrados anteriormente. Veremos en un principio qué es y qué abarca la **estereotaxia**. Luego a-cuál es el beneficio que un especialista encuentre en **segmentar y registrar** una imagen; y por último una noción del tema **Herramientas de Visualización**.

0.2 Estereotaxia

La utilización de guías mecánicas para alcanzar puntos intracraneales con un instrumento quirúrgico, (sondas, electrodos, biopsias y semejantes), fue propuesta en 1873, cuando se realizaron experimentos con animales.

Los primeros elementos y principios de estereotaxia fueron descriptos en 1906 por Henry Clarke y Víctor Horsley, quienes afirmaron que "por estos medios cada milímetro cúbico del cerebro podría ser estudiado y registrado".

Un marco estereotáxico es un mecanismo físico utilizado para posicionar instrumentos, con una gran precisión, en un espacio tridimensional.

Para localizar un objetivo intracraneal en el espacio definido por el marco, debe ser expresado en coordenadas del marco estereotáxico. Para ello se deben cumplir tres puntos importantes:

- ✓ El objetivo debe ser visualizado por algún medio de los ya mencionados. (MRI, TC, etc.)
- ✓ Sobre la imagen es necesario que exista un conjunto de puntos, cuyas posiciones son conocidas con respecto al sistema referencial del marco y se debe poder generar un sistema de coordenadas a partir del mencionado conjunto de puntos. El referencial obtenido se debe poder transformar al referencial definido por el marco. Es decir, se debe disponer de los elementos que permitan relacionar los referenciales del marco y de las imágenes, incluida la generada por el Atlas Cerebral al que nos referiremos más tarde.
- ✓ Debe existir un método para verificar la posición del objetivo con respecto al marco y de esta manera confirmar la posición de los instrumentos guiados estereotáxicamente.

Existen marcos que utilizan el sistema de coordenadas cartesiano y otros que utilizan el sistema de coordenadas polares, pero el más utilizado es el primero, por razones prácticas mecánicas.

El concepto de arco-cuadrante fue descripto por Leksell en 1949, consiste de un arco y un cuadrante, donde la rotación sobre el eje horizontal está definida por el cuadrante, mientras el arco define la rotación respecto del eje vertical. El arco-cuadrante define una esfera, la sonda es dirigida en forma perpendicular a la tangente del arco y al cuadrante, hasta una profundidad igual al radio de la esfera. De esta manera, se alcanza el objetivo ubicado en el isocentro¹. Para lograr que el punto intracraneal esté ubicado en el centro de la esfera, algunos sistemas desplazan la cabeza del paciente, y otros desplazan el arco-cuadrante manteniendo fija la cabeza del paciente.

Los investigadores han trabajado sobre la base de los primeros sistemas estereotáxicos, mejorando sus prestaciones de acuerdo a sus propias necesidades, en consecuencia hoy existe una amplia variedad de instrumentos. Estos tienen sus respectivas ventajas y desventajas, en general todos se adaptan a unos pocos casos particulares, y se puede afirmar que no se ha logrado acabadamente un instrumento apto para todos los casos; sin embargo, se puede afirmar que en todos los casos ayuda mucho tener una imagen 3D, con los órganos del área a tratar identificados. Esta identificación por software aporta mucho, pues este tipo de

¹ El Isocentro define un punto fijo en el espacio en el que convergen todos los rayos de radiación. En este caso se refiere al punto que se intenta alcanzar con la sonda.

imágenes es en escala de grises, y mientras una computadora puede identificar fácilmente 256 (o más) niveles de gris, el ojo humano difícilmente pueda distinguir más de 30 tonalidades. En la gran mayoría de ellos se encuentran similitudes con los primitivos elementos descriptos por Clarke y Horsley.

0.3 Atlas cerebral

Un atlas cerebral le permite al neurocirujano definir y ubicar estructuras cerebrales en un espacio tridimensional, ver relaciones entre ellas, además de poder contrastar el atlas con el cerebro de uno o más individuos. Estos describen aspectos de la estructura del cerebro, sus funciones y sus relaciones, a lo que se agregan esquemas de indexación y nomenclaturas. Luego de una apropiada registración (para lo cual es necesario una buena segmentación), de una imagen 3D del cerebro del paciente se puede aportar toda la información mencionada a la respectiva imagen vinculándola con la lesión y su entorno. El aporte es mayor si se logra adaptar o deformar el atlas a la forma del cerebro a investigar.

La utilidad del atlas depende de un sistema de coordenadas apropiado, de una correcta registración que aplique buenos métodos de deformación y de una adecuada estrategia de visualización, la cual está estrechamente vinculada con el tema central de nuestro trabajo.

La registración es necesaria para aportar, con una métrica precisa, la información del atlas cerebral, a la imagen 3D de un paciente en particular. El éxito de cualquier atlas depende de que tancuan bien la anatomía y sus puntos de referencia están descriptos. Veremos que en nuestro caso resulta sumamente importante la completitud de datos que provee el Atlas y su base asociada, tanto para cada una de las estructuras neurofuncionales (proveyendo datos como ubicación, aspectos relacionados con la forma, etc.) como para diferentes estudios (RMI, TC, etc.), aportando información relativa a niveles de gris en cada tipo de estudio, órganos que son visibles, etc.. De esta manera, toda la información almacenada podrá ser utilizada en los procesos de segmentación y registración.

En general, al referirnos a un Atlas Cerebral, pensamos en una o un conjunto de imágenes (2D o 3D) junto a textos que describen al cerebro en su extensión. Sin embargo existe la posibilidad de acompañar al atlas con una base de datos que brinde información adicional a estas imágenes. Esta información puede ser incluir diversas clases de datos, como fisiológicos, técnicos, estadísticos, etc. que exceden (en general) el alcance de los Atlas Médicos.

0.4 Imágenes 3D

Entre las imágenes médicas, las imágenes 3D son de inmensa utilidad y su tratamiento automático se ha desarrollado en forma importante en los últimos años debido al desarrollo de aplicaciones médicas. En estas imágenes es común que el voxel sea un paralelepípedo o un prisma rectangular. La información se toma de un sistema tomográfico como un conjunto de planos paralelos para poder construir un objeto de tres dimensiones. Estos planos dan la información que consiste en el nivel de gris y la ubicación de cada prisma. La altura del voxels está dada por la separación entre dichos planos.

La resolución en un plano es mucho mayor a la definida por la separación entre los mismos, es decir, por lo general una imagen de un plano es de 256*256 píxeles y la cantidad de planos es de 80. Como ejemplo se puede ver que las dimensiones de un voxel de una tomografía computada son 0.8 mm² * 2 mm o más. Dicha diferencia de valores direccionales se conoce con el nombre de anisotropía.

Las imágenes de resonancia magnética tienen la ventaja intrínseca de la digitalización en tres dimensiones, pero tienen relativamente poca resolución y carecen de contraste anatómico en subregiones importantes. Una resolución de 150 placas, separación de 2 mm y planos de imágenes de 256*256 píxeles no alcanza para describir con suficiente precisión y detalle la complejidad de muchas estructuras neuroanatómicas.

Hay muchos aspectos a tener en cuenta cuando se trabaja con imágenes 3D. Los más importantes son: la gran cantidad de datos (2-45MB) a ser procesados -preferentemente en tiempo real-, la necesidad de almacenar semejante cantidad de datos, y la manipulación y visualización de las imágenes 3D resultantes de las complejas estructuras anatómicas internas y externas -nuevamente, preferentemente en tiempo real. Tradicionalmente, para el diagnóstico de enfermedades por imágenes médicas 3D, la velocidad se sacrifica en aras de la reconstrucción exacta de la imagen.

0.5 Visualización

0.5.1 Formas de visualización

Para visualizar cortes de la imagen 3D en planos arbitrarios se procede buscando la intersección de la imagen 3D con dicho plano, mostrando en cada píxel de dicho plano los valores de gris que surjagen de cada voxel interceptado. Esta visualización se logra dividiendo la imagen 3D en dos partes con un plano, y mostrando la figura formada sobre el plano. A esta figura se denomina corte virtual, por ejemplo, una placa axial de una resonancia magnética es un corte. Para decidir acerca del corte que interese visualizar, se toma como referencia la posición del instrumento quirúrgico guiado por el marco estereotáxico. El corte es calculado en función de parámetros dados por el marco estereotáxico y, además, se define un punto intracraneal (llamado también punto objetivo) determinado por alguna posición que se quiera alcanzar con el instrumento. También es fundamental la dirección de abordaje, que está ligada a la posición del instrumento guiado por el marco.

A partir de los cortes, el neurocirujano puede comparar estructuras, y ayudado por la registración realizada por software y un atlas adecuado, puede evaluar distintas formas de abordaje comparando riesgos, obtener información precisa e inmediata sobre los sistemas neurofuncionales afectados por una cierta dirección de abordaje, detectar anomalías o deformaciones estructurales, y una variedad de otras utilidades hasta llegar a las funcionalidades de un navegador cerebral. Conocer a priori las estructuras afectadas por el eventual paso del instrumento, es de suma importancia para analizar y planificar la forma de abordaje más conveniente. Tener la posibilidad de deformar el atlas cerebral de acuerdo a la imagen que está siendo analizada, así como tener una buena registración de los órganos de la imagen es de suma utilidad, pues si bien algunos cerebros pueden ser isomorfos, esto no implica que sus órganos internos lo sean; con lo cual resulta muy dificil encontrar 2 cerebros iguales.

Dado que el atlas puede ser almacenado como una imagen 3D, también sería posible visualizar en el atlas, por medio de cortes apropiadamente direccionados y a partir de parámetros de posición de un instrumento y dirección de abordaje, la forma más conveniente de realizar la intervención pero esta vez teniendo en cuenta, además, estructuras sensibles y no visibles al ojo humano o en un determinado tipo de estudio, pero sí a un software adecuado que indica su ubicación. En estos casos es muy útil realizar la deformación del atlas a la forma y tamaño de la imagen 3D del paciente en cuestión para poder hacer las comparaciones necesarias.

0.5.2 Generación de cortes

En el sistema arco-cuadrante la dirección de abordaje está dada por dos ángulos (uno desde el plano horizontal y otro desde el plano vertical) y la posición del punto intracraneal está determinada por la distancia recorrida por el instrumento desde el borde del arco y hacia el interior del cerebro. Esta distancia es conocida como profundidad. De acuerdo con estos parámetros se pueden generar los cortes paralelo, perpendicular y axial, coronal y sagital[7].

En la práctica, el neurocirujano está entrenado para reconocer las estructuras neurofuncionales observadas sobre los cortes axiales. Está menos habituado a reconocer estructuras sobre los cortes sagitales, particularmente cuando no pertenecen a la línea media, y en general, sobre los coronales. Por supuesto, le es más difícil reconocer estructuras cuando los cortes corresponden a planos de direcciones arbitrarias. Es por ello que sería de gran ayuda posibilitar la visualización de los cortes axiales centrados en el extremo del instrumento cuando el mismo está ingresando en una dirección arbitraria. Es decir, mientras el instrumento entra poder visualizar simultáneamente, el corte normal al instrumento en su extremo, el corte axial centrado en el extremo del instrumento y el corte de ángulo elegido, paralelo a la trayectoria.

0.5.3 Registración entre el referencial del marco estereotáxico y el de la imagen 3D

La necesidad de tener ambos referenciales sincronizados surge de la idea de poder señalar un punto en la imagen 3D y saber su posición exacta en el cerebro del paciente, y viceversa. Para sincronizar los referenciales del marco estereotáxico y de la imagen 3D es necesario establecer un sistema de marcas de manera tal que se puedan observar en la resonancia magnética (y por lo tanto en la imagen 3D). Estas marcas se deben poder ubicar luego en el espacio estereotáxico. En la imagen 3D, se deben reconocer y registrar las posiciones de las marcas, mientras que en el espacio estereotáxico las marcas deben ser medidas para poder calcular y registrar su posición. En función de estos puntos que podemos ubicar tanto en la imagen como en el espacio estereotáxico, podemos calcular una función de roto-traslación que define la correspondencia entre ambos referenciales. Entonces, con esta correspondencia, cualquier punto del espacio estereotáxico puede ser ubicado en la imagen 3D del cerebro en estudio y viceversa.

Un ejemplo de resolución de este problema es un sistema de marcas físicas. Consiste en colocar sobre la cabeza del paciente "tatuajes" que se reflejen en la resonancia magnética y que perduran hasta el momento de la intervención. De esta manera se obtienen puntos homólogos de los cuales se pueden deducir sus posiciones en ambos referenciales. Entre las ventajas de este sistema se encuentra <u>en</u>el hecho que <u>en los</u> pacientes disminuye el trauma de la intervención <u>en los pacientes</u> y que <u>son es</u> de fácil implementación.

0.5.4 Sincronización entre el referencial de la imagen 3D y el del atlas

Para lograr que un punto en el atlas y un punto en la imagen 3D se correspondan, se debe escalar el atlas de modo tal que se ajuste a la imagen, y además se debería hacer coincidir sus cortes sagitales centrales. La selección de este tipo de corte se debe a sus características de simetría.

Para el caso del atlas, encontrar este corte es simple, tan solo es necesario indicar el segmento de recta formado por la intersección entre el corte sagital y uno de sus cortes axiales. Por otro lado, en el caso de la imagen 3D, puede ocurrir que el corte sagital central no sea el correcto, debido a una inclinación de la cabeza en el momento en que se efectuó la resonancia magnética, en este caso, se debe indicar en varios cortes axiales, el segmento de recta formado por la intersección de cada uno de ellos con el corte sagital. De esta manera se puede establecer una rotación para corregir dicha variación. Si el neurocirujano considera que

el corte sagital central es correcto se determina de manera análoga al caso del atlas. Este corte puede estar girado y desplazado con respecto al corte correspondiente en el atlas, para acoplar completamente ambos cortes es necesario marcar puntos pertenecientes al corte sagital central del atlas y luego encontrar y expresar los mismos puntos en el corte sagital de la imagen 3D. Así se puede establecer una función de correspondencia entre la imagen 3D del paciente y el atlas cerebral.

0.5.5 Algunas herramientas adicionales

Una herramienta adicional que se puede tener en cuenta es la de generación de videos[8]; que se componen de secuencias de cortes. Con ellos, el profesional de la medicina puede realizar trabajos preoperatorios y trabajos de diagnóstico. Como trabajo preoperatorio le ayuda a la planificación del abordaje, mostrándole rápidamente las estructuras neurofuncionales puestas en juego en una cierta forma de intervención quirúrgica. En forma de diagnóstico permite visualizar deformaciones u otro tipo de anomalías en el cerebro entre otras posibilidades.

Otra utilidad interesante consiste en almacenar cualquier corte, con el fin de poder realizar comparaciones entre cortes del mismo paciente u otro, control de evolución, evaluación de casos, etc. Este almacenamiento se realiza con los parámetros de marco e instrumento, de manera de poder reproducir esta situación y hacer comparaciones en el tiempo.

0.6 Aporte de la segmentación y registración

La registración de una imagen consiste en el enriquecimiento de la misma con información no visible o dificilmente identificable en la imagen. En el caso de imágenes cerebrales, este enriquecimiento puede llevarse a cabo indicando qué estructura neurofuncional corresponde a cada parte de la imagen, o mostrando órganos internos dentro de cada estructura neurofuncional que no son visibles debido a que tienen el mismo nivel de gris y luminosidad. Para lograr una buena registración es necesario previamente obtener una segmentación óptima. Se llama segmentación al análisis y la identificación de los distintos objetos dentro de una imagen, como objetos en sí mismos; esto es, definir su área y límites.

La tecnología permite a la medicina obtener imágenes cada vez más descriptivas y detalladas de distintas partes del cuerpo humano, lo que permite que las intervenciones y tratamientos ya no sean exploradores sino que se pueda realizar el análisis previo requerido para lograr el resultado deseado.

Por ejemplo, en el planeamiento del tratamiento de radiación, los radiólogos necesitan calcular el mejor camino para aplicar la radiación al tumor, a la vez que evitan perjudicar estructuras críticas como pueden ser los ojos u otros órganos. Para llevar a cabo esta tarea, la clave es tener un conjunto de imágenes (CT o MR) del paciente y marcar los bordes de las estructuras en cada imagen (segmentar) para luego poder identificar cada una, determinar <u>euales cuáles</u> son las más críticas (registrar), y luego utilizar el contorno resultante para armar el modelo 3D. Cuando la fase de segmentación es automática, el tiempo requerido para el planeamiento del tratamiento puede ser reducido drásticamente.

En el caso de la neurocirugía, el cirujano debe saber cuál es el camino más conveniente para llevar a cabo una práctica invasiva intentando minimizar el daño al tejido bueno, y evitando alterar los sistemas neurofuncionales críticos. Cualquier daño en un sistema neurofuncional o en un vaso sanguíneo, puede provocar daños funcionales graves e irreversibles en el paciente. Entonces todo el campo donde se realizará la operación representa zonas de riesgo para el encargado de la intervención, y debe ser bien conocido de manera de evitar cualquier tipo de lesión. Si el neurocirujano pudiese disponer de una representación 3D del

cerebro a intervenir, podría realizar un planeamiento de la intervención. Esta representación se logra tomando un conjunto de imágenes obtenidas por algunos de los estudios (CT o RMI) y armando dentro de una computadora una representación 3D del mismo. Sin embargo, de esta manera sólo se visualiza el resultado de los estudios, que no tienen una buena definición, en tres dimensiones. Lo que el médico necesita es tener identificado claramente cada uno de los sistemas neurofuncionales en el mayor detalle posible, con sus límites bien demarcados. De esta manera, en cada corte, cada ángulo de visión de la imagen, puede observar en detalle que órganos podrían resultar afectados y las zonas de riesgo. Nuevamente, para lograr este resultado es necesario realizar una registración de la imagen, luego de una adecuada segmentación.

Es necesario aclarar que estos beneficios que ofrece la tecnología a la medicina, no son fáciles de obtener; pues si tanto la segmentación como la registración no son llevadas a cabo con un procedimiento que permita obtener excelentes resultados, la información que dispondrán los médicos o radiólogos para realizar el análisis previo al tratamiento, no será tan completa y detallada; lo que puede causar que resulte insuficiente para efectuar una evaluación adecuada.

1 Capítulo II: Aspectos relevantes del problema de la segmentación

Uno de los principales objetivos en el campo del reconocimiento de patrones y visión computarizada, es la segmentación de objetos o de regiones de interés. Antes de que un algoritmo de registración pueda ser aplicado, se debe lograr dividir la imagen en componentes estructurales. La segmentación cobra vital importancia para el proceso de datos adquiridos a través de diferentes estudios médicos. Los mismos permiten obtener imágenes del interior del cuerpo humano que luego, por medio de la segmentación y registración, podrán ser descompuestas en sistemas u objetos, que definen cada uno de los diferentes órganos.

Las técnicas de segmentación de imágenes 2D han sido estudiadas por mucho años. En visión computarizada 3D, el análisis dinámico atrajo a muchos investigadores a transformar una secuencia de imágenes de dos dimensiones en una escena en términos de objetos con forma tridimensional.

Las imágenes médicas 3D, también llamadas imágenes médicas 3D rendering² o imágenes de visualización de volumen, son el resultado del proceso de transformación rápida y exacta de superficies o volúmenes reales en prismas (extensión del píxel a la tercera dimensión) para presentar información 3D. Estas crean descripciones de estructuras, porciones seleccionadas de volúmenes o volúmenes enteros, que se pueden visualizar por diferentes mecanismos. Estas imágenes 3D suelen tener ruido³, por lo que se suele realizar un preprocesamiento antes de su visualización para poder observar mejor la información que contienen.

Estas estructuras están basadas en el concepto de *voxel*, prisma referenciado en el sistema de coordenadas de las imágenes médicas. La importancia del modelo voxel está dada por su uso en modalidades médicas como CT, MRI, SPECT, y PET para el rendering de la imagen 3D. El voxel se asume como la unidad de información de las imágenes médicas 3D. Como se ha dicho, un voxel es la extensión en 3D de un píxel en el plano. Los voxels tienen dimensiones predeterminadas, son paralelepípedos formados por la división del espacio, por planos perpendiculares a cada eje del referencial 3D ortogonal. En imágenes médicas caracterizan una imagen en base a algunos parámetros físicos, tales como atenuación de los rayos X para CT, densidad y movilidad de protones para las MRI, el valor asignado a cada voxel es la intensidad correspondiente al parámetro físico. Las medidas de un voxel de CT son 0.8 mm x 0.8 mm x 1-15 mm. Para representar un volumen, se combina un conjunto de matrices 2D (se "apilan" planos), para formar una matriz 3D de voxels, la tercera dimensión del voxel está dada por la distancia entre los cortes[2].

El análisis de imágenes médicas cerebrales requiere una precisa segmentación de los datos morfológicos, entendiendo como segmentación, cualquier técnica que extraiga un objeto o superficie de interés de una escena. La extracción de un objeto en una imagen medica es delicada, debido a que muchos tejidos pueden aparecer dentro de un mismo voxel o ser indistinguibles en la imagen. La presencia de más de un tejido, lo que sucede frecuentemente en imágenes cerebrales, causa una mala clasificación de los voxels. La posterior aplicación de algoritmos, tales como la registración automática de diferentes modalidades o la visualización de datos volumétricos, entre otros, permite identificar estos tejidos indistinguibles a la vista. Estos algoritmos requieren una adecuada segmentación 3D como paso inicial.

² Rendering es un término general para la creación de estructuras o volúmenes en una pantalla de computación usando una secuencia de operaciones para transformar la estructura / volumen de información de un objeto en el espacio (una estructura de datos en memoria) al espacio en la pantalla (CRT).

³ Se denomina ruido a la distorsión que ha sufrido una imagen.

1.1 Variables del problema

Seguidamente, se enuncian y detallan distintos aspectos vinculados con la segmentación de imágenes cerebrales. Las principales dificultades que presenta segmentar una imagen médica 3D son: el ruido frecuente en cualquier imagen realizada tanto con la técnica de CT o MRI, la anisotropía de las imágenes 3D, la dificultad para detectar contornos por medio de máscaras 3D y el complicado manejo de funciones matemáticas en cuatro dimensiones como extensión de la noción de superficie en imágenes 3D.

El proceso de segmentación no <u>sólo</u> consiste sólo en tomar la decisión de asignar cada voxel <u>ena</u> una clase genérica de tejido, ni tampoco etiquetar cada voxel como perteneciente a un sistema neurofuncional (o una estructura neuroanatómica). Como hemos visto, una de las mayores dificultades de esta tarea es que generalmente no se posee información suficiente en la imagen para segmentar completamente las estructuras.

A continuación, nombramos los problemas más comunes por los que resulta dificultoso la utilización de rutinas automáticas para segmentar imágenes cerebrales 3D

Problemas Relacionados con el tipo de estudio

- La superposición de niveles de intensidad
- El ruido en las imágenes
- Volumen Parcial
- Gradientes
- El eco, la resonancia y la reverberación al hacer el estudio.
- Susceptibilidad al artefacto.

Anisotropía de las imágenes 3D

Problemas relativos a la naturaleza del cerebro

- Bordes mal definidos
- Variación Anatómica Normal
- Bordes no basados en la intensidad de la imagen

Otros Problemas

- La ubicación del cerebro dentro de la imagen 3D
- Los parámetros variables de cada imagen / estudio en particular
- El movimiento

1.1.1 Problemas relacionados con el tipo de estudio

Se trata de aquellos que son intrínsecos al tipo de estudio a realizar, generalmente debido a limitaciones o caracterísicas propias del aparato utilizado a tal fin. Entre ellos encontramos:

1.1.1.1 La superposición de niveles de intensidad

Distintos sistemas neurofuncionales tienen distintas características que dan como resultados diversas intensidades de señal (al realizarse el estudio). Las intensidades de la señal para distintas estructuras cerebrales suelen superponerse. También algunos tejidos que no son parte del cerebro pueden tener la misma intensidad que dichos órganos.

El tálamo es la estructura central de materia gris que tiene un promedio de intensidad intermedia porque, en realidad, es una mezcla de materia gris y materia blanca. El borde posterior del tálamo resulta muy

difícil de identificar por el hecho que separa el tálamo de otras estructuras de materia gris, que tienen intensidades similares.

La buena segmentación del tálamo es muy relevante, pues es una estructura muy importante en la estereotaxia y neurocirugía funcional.

1.1.1.2 El ruido en las imágenes

Podemos identificar 2 clases de ruido dentro de las imágenes méedicas 3D.

- El ruido intrínseco producido por el estudio.
- El ruido producido al llevar la imagen resultante del estudio a la imagen 3D sobre la cual se aplicará el algoritmo; y el ruido inherente a la resolución de la imagen (resultante del estudio)

Ruido intrínseco del estudio

Una técnica común para la obtención de imágenes médicas 3D es tomar varios planos o "cortes" del objeto o estructura a analizar y apilarlos unos sobre otros. Esto produce una noción de cubo o imagen tridimensional. Esta imagen, entonces, representa un cubo "Imperfecto" o anisotrópico⁴ ya que no tiene la misma definición (en píxeles) en sus 3 ejes. Esto ocurre tomando cualquier conjunto de planos obtenidos del estudio, pues actualmente todos los estudios reflejan imágenes 2D. Para que la imagen generada no resulte anisotrópica, el estudio debe tener exactamente la misma escala en sus 3 ejes. En este caso la anisotropía resulta ser el ruido propio del estudio.

Sin embargo, si bien lo que se observa en las imágenes resultantes del estudio parece ser un corte del órgano, no lo es. Se puede decir que es la representación gráfica en términos de luminosidad de una masa de tejido. El ancho de esta masa está determinado por la separación de los planos; y el lado se puede decir que es el píxel. Esto implica ruido en la imagen y un empeoramiento de definición propio del estudio.

Por ejemplo, tomemos la siguiente situación hipotética: Si se hace un corte a 10 mm de altura del órgano, no se verá en la imagen una membrana que se encuentre a 10,1 mm. Sin embargo, en los estudios realizados por RMI, etc., si esta membrana contrasta en luminosidad con el tejido que se encuentra a 10 mm. sin duda se podrá percibir una sombra de la misma en el estudio.

Otra causa de imperfecciones en las imágenes resultantes del estudio es que los planos que ellas forman no son perfectamente paralelos ni están necesariamente alineados entre sí. Esto se debe a que durante el estudio el paciente hace movimientos, que por mínimos que sean, alteran la calidad de la imagen resultante. En general estas diferencias no son perceptibles al ojo humano, pero generan ruido que es perjudicial al procesarlas en una computadora.

Ruido producido

<u>Hoy en día no es tarea trivial</u>ograr tener la imagen lista para aplicar el algoritmo no es tarea trivial hoy en día, sobre todo si no se dispone de la última tecnología en artefactos médicos.

Una posibilidad (que convine evitar) es tomar todas las imágenes que responden a planos axiales y digitalizarlas (mediante un scanner), logrando tener las imágenes en algún formato gráfico conocido, para luego armar la "pila" de estos planos que forman la imagen 3D.

⁴ Anisotropía: Ver mas adelante Anisotropía de las imágenes 3D

Otra posibilidad es hacer lo mismo pero tomando imágenes, mediante alguna interface, directamente del resonador o instrumento de estudio. Esto otorga una calidad mucho mayor al resultado de apilar los planos y formar la imagen 3D, dado que no posee todo el ruido generado al escanear y manipular la imagen. Sin embargo conserva el ruido generado por la anisotropía y el que los planos no sean paralelos.

La manera natural de mejorar el problema de la anisotropía (cuando la diferencia es grande, se pueden perder valiosos detalles de la imagen) es aumentando la cantidad de planos a generar en el estudio, pero esta cantidad tiene un máximo acotado. Sin embargo, esta diferencia se podría reducir aun más tomando varios estudios, y superponiéndolos entre sí. Lamentablemente (en principio) no hay forma de garantizar que la posición del paciente sea exactamente la misma ni la diferencia entre los cortes generados en el primer estudio y el/los subsiguiente/s.

Hay infinidad de maneras de obtener la imagen 3D necesaria para el algoritmo. Estas varían en el método de obtención, tiempo de procesamiento necesario o complejidad de la solución. Sin embargo, aunque la imagen obtenida sea de una excelente calidad, siempre posee ruido y no refleja al 100% los pequeños detalles de los tejidos cerebrales.

1.1.1.3 Volumen parcial

El efecto de volumen parcial (cuando un píxel representa maás de un tipo de tejido) empaña la distinción de intensidades entre 2 clases de tejidos distintas, como el borde de ambos- i.e. el ventrículo, siempre se ve gris entre el blanco y CSF, pero en algunas partes realmente hay materia gris. Los límites de la separación del hemisferio izquierdo y derecho, el cerebro y el cerebelo, y el final del cerebelo son difíciles de demarcar porque en ambos lados de los bordes hay tejido con una escala de grises muy similar, entonces parecen ser el mismo.

1.1.1.4 Gradientes

La falta de homogeneidad propia de este tipo de estudio causa variaciones de intensidad a través de la imagen obtenida. Las mismas no inciden en el análisis de un radiólogo, pero pueden afectar el cálculo de umbrales para métodos basados en gradientes. Diferentes partes del conjunto de datos pueden arrojar diferentes resultados y un umbral general puede ser inapropiado para tratar la imagen en su conjunto.

La *figura 2-1* muestra el efecto de un gradiente de intensidad A, el histogramala función fue tomadao de cada mitad del cerebro y el borde gris-blanco fue utilizado como "valle" (o base) entre los picos de gris y blanco. El contorno rojo fue escogido calculando los umbrales con el lado izquierdo de la imagen y el amarillo fue elegido usando el lado derecho. El borde rojo está consistentemente ubicado dentro del amarillo (el umbral blanco-gris resultó tener una mayor intensidad usando el lado izquierdo de la imagen).

1.1.1.5 Eco, resonancia, reverberación.

Muchos de los estudios de donde obtenemos las imágenes se realizan por medio de la emisión de algún tipo de onda. Dada una de estas imágenes, se puede observar en los bordes de los tejidos y de algunas áreas, ecos producidos por efecto del estudio, que introducen un leve nivel de ruido en la imagen, estorbando perturbando sobre todo, en la detección de bordes.



Figura 2-1 Ejemplo de determinación de bordes a través de gradientes

1.1.1.6 Susceptibilidad al artefacto.

Esto se refiere a que cada paciente tiene una susceptibilidad diferente al artefacto que realiza el estudio, por lo tanto un estudio que se realice con exactamente los mismos parámetros a 2 pacientes, puede tener resultados muy diferentes en niveles de gris, contrastes, etc. (descontando, claro está, la forma de los órganos).

1.1.2 Anisotropía de las imágenes 3D

Por ejemplo Een los estudios de, por ejemplo, RMI o CT, la dimensión de corte (o distancia entre 2 cortes), suele ser mayor que la dimensión de los lados del píxel de las imágenes 2D correspondiente. Por lo

tanto, la imagen médica 3D, resultado de apilar los planos, adolece de un efecto de anisotropía; es decir que los voxels que componen la imagen no tienen igual dimensión en sus 3 ejes, son prismas de base cuadrada y altura mayor que el lado de la base. Este fenómeno afecta, entre otros, el cálculo de la función gradiente que; es utilizada frecuentemente en algoritmos de segmentación y permite detectar cambios bruscos en los el niveles de gris de una imagen y de esta manera identificar bordes de un objeto.

Debido a la anisotropía, la función gradiente no puede utilizarse, al menos sin modificaciones específicas; por consiguiente estos algoritmos de segmentación no pueden extenderse de 2D a 3D de manera trivial. Es por esta razón que, para segmentar las imágenes médicas 3D, se evitan algoritmos basados en el cálculo del gradiente.

Sin embargo, este tipo de algoritmo no es el único afectado por el efecto de la anisotropía en las imágenes. Se observa que la pérdida de definición en uno de los 3 ejes afecta a todas las técnicas de segmentación, pues distorsiona la imagen a ser procesada.

1.1.3 Problemas relativos a la naturaleza del cerebro

Incluyen aquellos que derivan de las características del cerebro humano. Los aquí considerados son:

1.1.3.1 Bordes mal definidos

El ruido generado en las imágenes, deficiencias en el método de obtención de las imágenes y la misma forma del cerebro hacen que los bordes no siempre estén bien definidos. De la misma manera que al tener 2 tejidos muy similares se ven como el mismo en el resultado del estudio. Si estas neuroestructuras cerebrales no tienen algún tejido que las separe o permita diferenciarlas, difícilmente el contorno de ambas esté bien definido.

1.1.3.2 Variación anatómica normal

Cada cerebro tiene su propia forma. Si bien todos tienen la misma estructura y los mismos órganos, las formas de los cerebros pueden ser drásticamente diferentes. Basta con observar los cráneos y se puede ver como hay más ovalados, más redondos, más anchos, más pequeños; y así infinidad de variaciones que hacen que un estudio siempre sea diferente a otro.

También se sabe que las regiones anatómicas no son necesariamente homogéneas. ej: la materia blanca es muy brillante para el cuerpo calloso, pero va variando las intensidades en otras locaciones (i.e. la varianza es espacialmente correlativadependiente).

1.1.3.3 Bordes no basados en la intensidad de la imagen

No todos los bordes anatómicos se basan en la diferencia de intensidad de grises. Por ejemplo, se puede identificar un borde entre las regiones izquierda y derecha de materia blanca del cuerpo calloso.

La resolución espacial de la imagen no es suficiente para resolver completamente todas las regiones de tejidos discontinuos, definiendo un contorno para cada neuro-estructura. Es por esto que algunas veces un límite de una estructura neurofuncional ese identificado utilizando información que no es la intensidad del cuadro actual del cerebro; sino que se toma de los cuadros (imágenes) adyacentes.

En otros casos, se puede utilizar un algoritmo de reconstrucción de curvas que termine de trazar el límite del órgano de acuerdo a los distintos puntos que ya fueron identificados como pertenecientes al borde.

La definición de un contorno también puede ser deducida con otras herramientas, o puede ser identificada de otra fuente de información. Por ejemplo mediante un atlas cerebral, como es el caso de este trabajo, o puede ser trazada arbitrariamente, es decir; ¿hasta dónde o de qué manera se pueden dividir las distintas estructuras neurofuncionales?.

En la siguiente imagen, por ejemplo, los bordes fueron decididos y dibujados por una persona, a mano.



Figura 2-2. Muestra de bordes no basados en la intensidad de grises

1.1.4 Otros problemas

1.1.4.1 La ubicación del cerebro dentro de la imagen 3D

Se trata de obtener de la imagen 3D generada por el estudio sólo el área correspondiente al cerebro. Esta tarea resulta compleja pues el cerebro sólo es una región especifica dentro de una imagen con otras regiones de intensidades similares

1.1.4.2 Los parámetros variables de cada imagen / estudio en particular

Los diferentes parámetros de las imágenes suelen ser un problema clásico en este tipo de algoritmos. Las digitalizaciones obtenidas de diferentes resonadores (o del mismo resonador pero no a la vez) y para cada tipo de tejido el uso de parámetros diferentes producen intensidades absolutas diferentes, contrastes diferentes y diferente calidad general de la imagen.

1.1.4.3 El movimiento

Al hacer un estudio a un ser vivo, éste está en constante movimiento. Por más que, en el caso de una RMI, el paciente esté totalmente quieto, existe el movimiento "interno" causado por vasos sanguíneos y músculos, el funcionamiento interior propio del cuerpo. Estos movimientos provocan que en la imagen haya ruido o repique alrededor de donde se produce el movimiento.

1.1.5 Efectos del ruido de las imágenes CT o MRI

Como ya se mencionó anteriormente el ruido que, en mayor o menor grado, tienen las imágenes de CT o MRI, puede perjudicar la calidad de los resultados de la segmentación.

Si se utiliza un algoritmo de <u>umbralización (thresholding)</u>⁵ para segmentar la imagen, donde las intensidades de los píxeles de una imagen son muestreadas en un histograma, el ruido dificulta una buena elección del umbral apropiado.

Cuando los algoritmos utilizan operadores de borde, que son generalmente sensibles al ruido, se suelen producir elementos espurios que hacen difícil determinar razonablemente los límites de una región.

En imágenes médicas 3D existen distintos procesos para eliminar el ruido aunque, en general, no lo logran acabadamente. Es por ello que surge la necesidad de disponer de algoritmos de segmentación robustos al ruido, que aporten un resultado adecuado. Los algoritmos más afectados por el ruido son los basados en thresholding y en última instancia los que, de manera general, se orientan hacia la detección de bordes.

1.1.6 Detección de contornos con máscaras 3D

La detección de contornos es el proceso que permite extraer límites de objetos, de sombras, de superficies marcadas, como también cambios de orientación de superficie, texturas, etc. Para imágenes en tonos de gris, un contorno se manifiesta como una transición brusca en sus niveles de gris, que indica el fin de una región y el comienzo de otra.

Para determinar estas discontinuidades los algoritmos de segmentación 2D utilizan máscaras que calculan el módulo y la dirección del gradiente (v.g. máscara de Sobel, etc.). Esta técnica se caracteriza por el incremento de su dificultad al intentar aplicarla en 3D. También se utilizan máscaras para determinar puntos y líneas particulares (como se puede observar en el **punto 2** del **Apéndice C**).

Si bien estas máscaras son de fácil manejo en dos dimensiones, no resultan tan simples cuando se extienden a tres. En efecto, la extrapolación de estas máscaras a tres dimensiones es complicada, los cálculos engorrosos y finalmente los algoritmos pueden resultar muy lentos. Estas dificultades se pueden ver incrementadas debido a la anisotropía. Sin embargo se utilizan, como se verá en el **Apéndice C**.

1.2 Presentación de las distintas estrategias de segmentación.

De la gran cantidad de algoritmos y estrategias posibles existentes para la segmentación de imágenes, repasamos brevemente las que resultan más interesantes y mostramos un análisis a grandes rasgos de estos métodos para poder obtener sus características y saber cuáles pueden aportar beneficios a la solución propuesta.

Los Algoritmos más comunes son Thresholding - Detección de Bordes 3D - Regiones Crecientes - Criterio topológico (watersheeds) - Contornos Activos - Redes neuronales.

Se puede ver un análisis más detallado acerca de los mismos en el Apéndice C.

⁵ Thresholding es un proceso por el cual aquellos voxels que estén dentro o sobre el borde de un órgano son se determinandos solamente por el valor de cada voxel. Usualmente, el usuario selecciona un rango de valores de voxels el cual se presume está dentro del objeto y si un voxel está fuera significa que no pertenece al mismo. Los voxels dentro del volumen son luego examinados uno por uno, aquellos voxels que caen dentro del rango seleccionado se utilizan para un procesamiento más detallado de la superfície descripta.

<u>Thresholding</u>: Su característica principal es que el objeto se elige (o queda aceptado) si su color es mayor que un umbral o pertenece a una ventana de umbrales. No se recomienda mucho para este tipo de imágenes, pues el ruido suele generar objetos que no existen en realidad[16].

Detección de Bordes 3D: Se marcan puntos que son parte del borde del objeto y luego se intenta reconstruir dicho borde mediante mascaras 3D y otras técnicas. Puede dar buenos resultados, pero en este caso resulta ineficiente al tener la ventaja de contar con el atlas, que aporta mucha información acerca del objeto[17].

<u>Regiones Crecientes:</u> Una de sus mayores dificultades es la de seleccionar la semilla. Este tema <u>se</u> debe resolverse exitosamente si se pretende obtener un resultado adecuado. Otra dificultad es lograr una buena política de corte; es decir, definir un umbral adecuado para detener la segmentación y evitar la unión de estructuras distintas. El ruido también afecta a este método [13][14][15].

<u>Criterio topológico (watersheeds)</u>: Según el nivel de gris se asigna una "altura" al punto y donde se produce una cuenca en la imagen se reconoce un objeto[18].

2 Capítulo III: Solución propuesta

El concepto básico de la solución propuesta es aprovechar información conocida acerca de cada sistema neurofuncional, como sucede en los mecanismos de respuesta perceptual. Esta información se utiliza en el algoritmo de segmentación (Crecimiento de Regiones) para determinar la ubicación y forma de la semilla, y de ser necesario para ajustar su ubicación, así como también para asistir a la correcta determinación de los bordes de las estructuras neurofuncionales (con la aplicación de la morfología matemática). La información se obtiene de una base de datos que contiene datos de un Atlas Cerebral[7] genérico. Para cada órgano se conocen características y parámetros utilizados en los procedimientos de segmentación y en los algoritmos basados en morfología matemática. Esta propuesta permite automatizar el proceso de segmentación y el conocimiento de<u>l</u> a qué-órgano pertenece cada estructura segmentada, para asegurar una mejor registración de la imagen cerebral.

2.1 Aspectos de la solución

En líneas generales, un algoritmo de crecimiento de regiones comienza seleccionando un conjunto conexo de puntos⁶ llamado semilla. Se define este conjunto de la siguiente forma:

Semilla: Conjunto conexo de puntos en el espacio 3D.

La misma debe estar contenida dentro del objeto a segmentar, ya que los valores de los puntos pertenecientes a ella se utilizarán como guía durante el resto del proceso de segmentación. El algoritmo analiza recursivamente los puntos vecinos⁷ a aquellos que forman el conjunto mencionado. Si dichos vecinos cumplen con un criterio determinado, <u>son se</u> incorpora<u>dosn</u> al conjunto. Este criterio suele exigir similitud de intensidad de niveles de gris <u>con</u> respecto a los puntos que fueron encontrados dentro de la semilla. El proceso se detiene cuando no existen vecinos del conjunto que cumplan con el criterio de aceptación. La información acerca de la forma y ubicación de las semillas estará almacenada, junto con otras características de los sistemas neurofuncionales, en La Base de Datos asociada.⁸

En cuanto a los algoritmos de morfología matemática, se utilizarán aplicando operaciones de apertura con elementos estructurales seleccionados especialmente para cada órgano y almacenados también en la base de datos del Atlas Cerebral. En su forma básica, las operaciones de apertura se pueden utilizar para separar objetos o suavizar sus bordes.

Selección de los algoritmos de la solución propuesta

En el capítulo anterior hemos visto-mencionado las distintas familias de algoritmos que se utilizan en la segmentación y algunas soluciones para este problema. Ahora debemos hacer la selección del método más conveniente para armar el algoritmo final que debe dar una segmentación correcta y óptima de cada estructura "de interés" de una imagen cerebral 3D.

La idea principal reside en la utilización de información disponible acerca de la imagen a procesar. Esta información comprende todo lo que puede aportar un atlas cerebral, como información extra acerca de las imágenes cerebrales 3D. Por ejemplo, el nivel de gris esperado para cada órgano dependiendo del estudio, la ubicación esperada de los mismos, etc. Todo los datos disponibles sobre los estudios cerebrales están

⁶ En ciertos casos, por abuso de lenguaje, nos referimos a voxels llamándolos puntos.

⁷ Ver definición de vecino en Cálculo de acuerdo al centro de masa de los órganos ya procesados.

⁸ El algoritmo se explica detalladamente en el Apéndice C:

desarrollados más adelante en **Elementos de soporte**. Para poder adoptar este *conocimiento* y llegar a una solución satisfactoria, se buscó un algoritmo teniendo en cuenta, principalmente, que sus problemas puedan ser neutralizados aprovechando la información disponible sobre el atlas cerebral.

Se evaluó en un principio la posibilidad de utilizar un método del estilo de "watersheds", ya que es de los más frecuentemente utilizados, y sus resultados parecen ser satisfactorios en los estudios investigados[18][24]. Sin embargo, sus mayores problemas residen en el cálculo del gradiente. En particular las imágenes cerebrales tienen conocidos problemas de anisotropía y de ruido, factores que dificultan en gran medida el uso de gradientes. Para obtener un buen resultado se suelen aplicar pre-procesamientos particulares sobre la imagen para poder soslayar estos problemas. A pesar de ello, las soluciones obtenidas en este campo en particular siguen teniendo problemas. Por otro lado el estudio de posibles pre-procesamientos escapa al alcance de este trabajo, pues lo que se pretende principalmente no es mejorar la imagen sino, dada una imagen, obtener el mejor resultado posible. Además, la información que conocemos a priori, residente en el Atlas Cerebral y la base de datos asociada, poco sirve para mejorar el resultado de este método, pues no contribuye con la resolución de problemas asociados con el ruido y / o anisotropía.

En el caso de los métodos basados en la detección de bordes 3D, podemos decir que tienen cierta relación con la familia de algoritmos de crecimiento de regiones. De estos dos algoritmos, el primero se basa en detectar las diferencias en los niveles de grises para poder marcar los bordes, mientras que el segundo, contrariamente, toma los voxels cuyo nivel de gris es similar y los va marcando como pertenecientes al objeto que se está segmentando, de esta forma se obtiene la estructura neurofuncional esperada. En el caso de la detección de bordes 3D podemos observar resultados interesantes, pero resulta complicado encarrilar un borde en caso que este se aparte del órgano que debe representar. Y, dado que la información disponible comprende órganos cerebrales y sistemas neurofuncionales, no resulta simple diferenciar los bordes pertenecientes a los mismos de aquellos que forman parte del resto del cerebro (ej.: corteza cerebral). Pero el principal problema es que el ruido propio de este tipo de imágenes produciría una marcada sobresegmentación que dificultaría la identificación de las estructuras buscadas. Esta tarea no parece remunerativa a la luz de las pruebas realizadas y observando los resultados obtenidos al aplicar el método de *crecimiento de regiones*.

Las pruebas nos llevaron a pensar que el método más adecuado para lo que queríamos lograr <u>el</u> <u>objetivo buscado</u> era un<u>o</u> <u>método</u> de la familia de <u>eCrecimiento de <u>rR</u>egiones</u>. El principal problema que tiene este tipo de algoritmos es la correcta selección y ubicación de la semilla, y dada la información que disponemos, como la ubicación esperada del órgano, el nivel de gris esperado de acuerdo al estudio, etc., este paso se simplifica notablemente. Una vez seleccionado el algoritmo para segmentar la imagen pasamos a desarrollar los posibles inconvenientes que pueden derivar de la aplicación de este método. Posteriormente, al describir la solución propuesta, veremos cómo serán reducidos.

Uno de los principales inconvenientes en los algoritmos de *Crecimiento de Regiones*, es la dificultad en la selección de las semillas. No es trivial encontrar automáticamente una semilla que represente un objeto dado en lugar de una estructura generada por el ruido, particularmente en las imágenes cerebrales 3D. Esta dificultad ha sido, en muchas investigaciones relacionadas con segmentación de imágenes, la causa de la utilización de otros algoritmos más complejos en lugar de éste que, como veremos, resulta bastante simple. La incorrecta ubicación de la semilla trae consecuencias drásticas en este método, pues un órgano inexistente o una estructura generada por el ruido pueden segmentarse como un determinado órgano cerebral, obteniéndose un resultado incorrecto. Esta selección errónea puede generar una "reacción en cadena", ya que al segmentarse una estructura incorrecta, los voxels contenidos en la misma no serán tenidos en cuenta en la segmentados, los mismos no podrán reconocerse completamente. Es por esto que al aplicar un algoritmo de

crecimiento de regiones se hace especial hincapié en la ubicación inicial de las semillas para cada estructura a reconocer.

El tamaño y forma de la semilla también son muy importantes ya que en la mayoría de los algoritmos de *crecimiento de regiones* el criterio de aceptación de voxels está dado por la pertenencia a un determinado rango de niveles de gris. Dicho rango suele calcularse a partir de los niveles de gris encontrados dentro de la semilla. Por ello, los puntos contenidos dentro de la misma deben ser tan representativos del objeto a segmentar como sea posible, pues la incorrecta selección del umbral puede afectar seriamente el resultado de la segmentación. En el caso que el rango sea demasiado amplio, la aplicación de crecimiento de regiones puede dar como resultado una sub-segmentación de la imagen; esto es, la identificación de varios órganos o varias partes de distintos órganos como una misma estructura. Por el contrario, si el umbral seleccionado es demasiado pequeño, entonces el efecto que causará será el de sobre-segmentación, es decir, que se obtendrá una gran cantidad de objetos, siendo muchos de ellos parte de una misma estructura neurofuncional. En cualquiera de ambos casos la segmentación es insatisfactoria. Es pPor lo visto que-la correcta selección de un umbral para cada objeto resulta indispensable en la aplicación del algoritmo. Y para lograrlo se necesita una semilla que sea lo suficientemente grande para proveer una buena descripción estadística del órgano en cuestión y lo suficientemente pequeña para caber dentro del mismo.

Aún si la semilla <u>es-se</u> determinada correctamente, y con una selección de umbrales adecuados, existen otros factores que se deben tener en cuenta. El objeto segmentado puede contener "huecos" causados por la presencia de regiones ruidosas que no caen dentro de los umbrales de segmentación. Estos "huecos", que pueden ser producidos por el ruido y/o por una mala selección de los umbrales, están formados por voxels o conjuntos de voxels que, al no tener un nivel de gris dentro del rango esperado, no quedan marcados como pertenecientes al órgano que se está segmentando. No obstante, por su posición dentro de la imagen 3D, son parte del mismo. Sin embargo, si bien con la correcta selección de la semilla es posible reducir este problema, no debe restársele atención al mismo, pues aún se pueden encontrar estos huecos en imágenes ruidosas. Más adelante veremos cómo, mediante la aplicación de morfología matemática, se los puede eliminar del órgano segmentado.



Figura 3-1. Ejemplo de un órgano que muestra "agujeros" al ser segmentado. Este tema se trata en detalle en **Morfología Matemática** de este capitulo.

Adicionalmente, en todas las técnicas de segmentación, existe el problema de determinación de bordes. Particularmente en este tipo de imágenes resulta muy difícil (a veces incluso para el ojo humano) reconocer los bordes de un objeto, principalmente debido al ruido, bajo contraste o baja resolución. Este hecho suele provocar la unión de objetos que están separados en la realidad o la división de un objeto en

varios. En algunos casos dos órganos que están claramente separados, con un nivel de gris similar, pueden resultar en uno solo luego de la segmentación, pues debido al ruido de la imágenes se forma un "puente" que "une" ambos órganos y provoca que el algoritmo ignore el borde que los separa. La determinación de bordes se complica aún mas cuando dos o más estructuras están en contacto en la realidad y además sus niveles de grises son similares. Este problema afecta notoriamente el resultado final de la segmentación, por lo que se necesita de un trato particular para eliminarlo o reducirlo al punto de que no sea incidente en la imagen final segmentada. Posteriormente en **Problemas Resueltos, Capítulo IV,** se ve cómo <u>se utiliza</u> la información disponible en la base de datos del Atlas Cerebral es utilizada, conjuntamente con los algoritmos de morfología matemática, para paliar esta dificultad.

2.2 Elementos de soporte

Como vimos, la solución se basa en el concepto de asistir automáticamente a la segmentación utilizando información disponible al momento de llevarla a cabo y posteriormente al aplicar algoritmos de morfología matemática. Para poder obtener los datos necesarios para ejecutar correctamente el algoritmo, disponemos de la base de datos del Atlas Cerebral. Este elemento de soporte guarda toda la información necesaria que permite llegar al resultado deseado.

La base de datos se divide básicamente en 2 grandes grupos: El **Conjunto de sistemas neurofuncionales**, que brinda la información propia de cada neuro-estructura a segmentar y los **Parámetros de ajuste**, que proporcionan la información necesaria para adaptar los datos del atlas a las características de la imagen del cerebro del paciente para que el algoritmo funcione correctamente. Seguidamente veremos las entidades de la base de datos; en el apéndice D se detalla su estructura.

- Conjunto de sistemas neurofuncionales. Se trata de un conjunto de órganos que son visibles en el tipo de estudio médico en cuestión y que deberán ser segmentados en la imagen procesada. Para cada uno de estos sistemas neurofuncionales se dispone de la siguiente información:
 - Orden de procesamiento. El orden de procesamiento de los órganos es muy importante, pues los resultados de la segmentación de cada uno pueden incidir en la segmentación de los siguientes. Por eso se intenta segmentar primero los órganos del centro, que generalmente aparecen mejor definidos en la imagen y en los cuales la ubicación de la semilla para la segmentación resulta más precisa. De esta manera, al segmentar nuevos órganos, se podrá utilizar la información brindada por los ya segmentados para obtener un resultado certero.
 - Ubicación del centro de masa o centroide en el atlas cerebral. Este dato es vital (intuitivamente) para la ubicación de la estructura neurofuncinal y de la semilla dentro de la misma. Debe ser lo más preciso posible ya que lo más probable es que la ubicación de un órgano en el atlas no coincida exactamente con la ubicación del mismo dentro del cerebro estudiado. Si bien más adelante se verá que existe un procedimiento para resolver el problema de una posible semilla ubicada fuera del objeto buscado, siempre es conveniente tener la mejor aproximación posible. El interrogante que se plantea en este punto es ¿en que parte del órgano del atlas se considera que debe ubicarse la semilla? La respuesta más intuitiva es "en el centro". De esta forma se puede asegurar la mayor probabilidad que la semilla esté completamente dentro de la neuroestructura. Sin embargo, al pensar con más detenimiento podemos darnos cuenta que "el centro" no es una respuesta válida, pues es necesaria una definición precisa de cuál es el centro de un órgano. Buscando minimizar el

error mencionado y teniendo en cuenta que la forma de los órganos no es necesariamente esférica, definimos "el centro" como el punto que maximiza la mínima distancia hacia los bordes del objeto, y en este trabajo lo llamamos "centro de masa" o "centroide". Más adelante se verá en detalle cómo se re-calcula este centro para cada órgano.

- Rango de luminosidades esperado. El rango de luminosidad esperado en el órgano a segmentar es un dato de notoria relevancia, y su conocimiento antes de efectuar la segmentación brinda una gran ayuda al algoritmo. Básicamente permite verificar que la semilla esté ubicada adecuadamente dentro de la estructura que se está por reconocer. Si esto no ocurre, se puede corregir su posición para acercarnos al rango de luminosidad esperado para el órgano en cuestión. Ciertamente este dato puede ser determinante en el resultado de la segmentación, pues los resultados son muy sensibles al mismo. Es por lo dicho que se trató de que los valores de este umbral sean los más amplios posibles. Por esta misma razón se introdujo la mejora de tener 2 rangos, uno que es el más deseado y otro que indica el máximo tolerable. Posteriormente se verá cómo se aplican estos rangos.
- Lista de operaciones a aplicar. Esta lista provee las operaciones que se aplicarán a la neuroestructura que está siendo delimitada y el orden en que deben aplicarse. De esta forma el algoritmo provee una lista de operaciones, que podemos tomar como *primitivas* del mismo, y para cada órgano se define qué operaciones deben aplicarse, en qué orden, y los parámetros más adecuados para las mismas. Las posibles operaciones son la dilatación, erosión, segmentación, determinación del centro de masa, aplicación del filtro mediana; y entre los parámetros que pueden utilizar se encuentran umbrales de luminosidad, elementos estructurales y semillas.
- Parámetros de ajuste. Estos parámetros son usados para ajustar cierta información almacenada en la base de datos <u>a cada juego de imágenes</u>; como ser (i.e. niveles de gris), a cada juego de imágenes.

Como se pudo observar en los capítulos anteriores, las principales causas de que la segmentación resulte insatisfactoria dependen de la calidad de la imagen. Teniendo en cuenta este argumento y con el conocimiento de que cada estudio posee distintos valores en sus parámetros, esto es contraste, definición, luminosidad, etc., damos cuenta de que es necesario lograr de alguna forma una correspondencia entre los valores de cada estudio en particular y los almacenados en la base de datos. De lo contrario se puede dar el caso que una imagen con excelente definición pueda resultar en una segmentación incorrecta al no tener, por ejemplo, el rango de luminosidad acorde con el almacenado en la base de datos. Para evitar este tipo de inconvenientes se utilizan los parámetros de ajuste, pues ellos son utilizados en las funciones que adaptan los valores almacenados en la base de datos a las características propias de la imagen 3D del estudio en cuestión. También se utilizan para adaptar diferencias de escala entre el cerebro y el atlas cerebral.

Vale la pena aclarar que el Atlas Cerebral y su base de datos asociada se<u>rán ereados crean</u> y <u>cargados</u> <u>cargan</u> por una única vez. Cuando se estudie un cerebro en particular, los datos almacenados serán adaptados automáticamente para ajustarse a este.

Actualmente la base de datos contiene los parámetros necesarios para procesar imágenes de tipo RMI-T2. Para tratar imágenes de otros tipos de estudio, sólo sería necesario completar los datos correspondientes. Esta diferenciación se debe, por ejemplo, a que los niveles de gris que se espera encontrar dentro de un órgano pueden variar drásticamente de un estudio a otro. Incluso puede haber órganos que sean visibles en un tipo de estudio y no en otro. Lo mismo ocurre con la mayoría de los parámetros almacenados en la base de datos.

2.2.1 Morfología matemática

En este trabajo <u>L</u>a morfología matemática[4] en este trabajo es utilizada, entre otras cosas, como herramienta para delimitar correctamente los bordes de las neuroestructuras segmentadas. Sus operaciones básicas son la erosión y dilatación, de las cuales derivan la apertura y clausura. Utilizaremos principalmente operaciones de apertura (erosión seguida de dilatación) que sirven mayormente para separar objetos y delimitar bordes.

Repasando brevemente lo que muestra el apéndice A, podemos decir que la *dilatación* es la transformación morfológica que combina dos vectores utilizando la suma. Esta operación toma el elemento estructural (EE) indicado y apoya su centro sobre cada punto del objeto a dilatar, marcando todos los puntos contenidos en *EE* como parte del objeto resultante. De esta forma, al recorrer los puntos más externos del objeto con *EE*, se puede ver claramente como se va *dilatando* el objeto original para formar el objeto final. La *erosión*, es la transformación morfológica que combina dos conjuntos usando el concepto de inclusión. Esta operación toma el elemento estructural *EE* en cuestión y apoya su centro sobre cada punto *P* del objeto *O* a erosionar; pero sólo en el caso que *EE* esté completamente dentro de *O* es cuando se marca a *P* como perteneciente al conjunto de salida. Si parte de *EE* quedara fuera del objeto en cuestión, entonces *P* no será parte del resultado. Se puede observar cómo al recorrer los puntos más externos de objeto. Si bien resulta más intuitivo pensarlo en un espacio de dos dimensiones, la misma idea se puede aplicar en un entorno tridimensional.

La combinación de erosión y dilatación, en ese orden, da como resultado la operación conocida como apertura. El resultado intuitivo de esta operación es el colocar el elemento estructural EE sobre cada punto P de O, agregando al conjunto de salida todos los puntos de EE, pero sólo en el caso en que el mismo se encuentre completamente contenido en el objeto O. De esta manera se puede imaginar que EE "pinta" con todos sus puntos los lugares en los que está contenido completamente en O. Asimismo se llega a resultados como, por ejemplo, suavizar bordes o cortar uniones entre dos objetos que sean demasiado angostas como para permitir que EE quepa completamente en ellas.

Esta operación de apertura parece ser totalmente adecuada para el problema que se intenta resolver, pues permite eliminar las deformaciones del borde y puentes con otros órganos, producidos generalmente por el ruido.

Sin embargo las operaciones de dilatación y erosión como se definen en el **apéndice** A^9 no son totalmente aplicables para lo que intentamos lograr, pues si bien las utilizamos para corregir el error aportado por el ruido en la imagen, la "forma" de este error puede impedir la correcta aplicación de estas operaciones. A continuación se muestra un ejemplo que impide que la erosión dé el resultado deseado luego de su aplicación:

⁹ En el Apéndice A se definen mas formalmente los conceptos de morfología matemática.

Supongamos una imagen cerebral 3D donde el ruido haya provocado que luego de la segmentación de un determinado órgano O, el mismo haya quedado delimitado de manera aceptable pero con "huecos" en su interior, esto es, voxels cuyo nivel de gris no se encuentra dentro de los umbrales definidos por el algoritmo (llamemos genéricamente a uno de ellos V). Al aplicarle la erosión a este objeto, los voxels que estén en la vecindad de V no serán identificados como pertenecientes al órgano, cuando corresponde que sí lo sean. Esto se debe a que al intentar colocar el elemento estructural en un punto cercano a V, el mismo no quedará completamente contenido en el objeto si "toca" al punto V, ya que este no es parte de dicho objeto. Por lo tanto los puntos en la vecindad de V quedarán fuera del resultado de la erosión "agrandando" aún mas el "hueco". Para evitar este comportamiento indeseado, se introdujo-introduce un porcentaje de tolerancia en la erosión¹⁰. Esta tolerancia representa el máximo porcentaje de puntos del elemento estructural EE que pueden estar fuera del objeto sin que se descarte al punto donde está centrado EE como parte de la salida. De esta manera se evita que los "huecos" mencionados impidan que el elemento EE esté dentro del sistema neurofuncional que se está segmentando; cuando la dilatación toma lugar, produce una estructura compacta (*Fig. 4-10*). Esta tolerancia, o porcentaje de aceptación, es propia de cada aplicación de los elementos estructurales.

Este mecanismo puede provocar que en la erosión de una zona con poco ruido el elemento *EE* sea aceptado aún cuando parte de sus puntos estén fuera de la estructura. De esta manera se corre el riesgo que el conjunto de salida sufra un cierto aumento en su volumen respecto de la estructura neurofuncional original. Por esta razón, se debe ajustar lo mejor posible esta tolerancia. Lo ideal sería tener tolerancia 0%, pero se necesitaría alguna clase de filtro para poder eliminar completamente el ruido. Posibles modificaciones al algoritmo, como la mencionada, son vistas en el **Capítulo IV- Resultados, Conclusiones y Perspectivas del Trabajo**.

Naturalmente existen otras posibles modificaciones a las operaciones de morfología matemática, o métodos que permitan llegar al mismo resultado. Una idea intuitiva es la de rellenar los "huecos" con la operación de dilatación; sin embargo, esta solución no es la más feliz pues puede traer complicaciones al intentar "tapar" los "huecos" que estén cerca del borde del órgano que se está segmentando, y deformar el límite del mismo, que es precisamente lo que se intenta definir correctamente. También tendería a aumentar el volumen de las uniones no deseadas con otros órganos. Como agregado final cabe destacar que la utilización del *porcentaje de aceptación* permite hacer una parametrización simple y efectiva.

2.3 Proceso de segmentación

El algoritmo que compone el proceso de segmentación se puede dividir básicamente en 3 pasos principales:

- Ajuste de la imagen médica 3D (cerebro del paciente en estudio)
- Segmentación de una estructura neurofuncional
- Definición / delimitación de bordes de la estructura neurofuncional segmentada

2.3.1 Ajuste de la imagen médica 3D – Atlas cerebral

Una imagen cerebral 3D, puede ser un estudio de muy buena calidad gráfica o puede contener ruido, poca definición o pequeños trastornos que dificulten su tratamiento. No obstante, en cualquiera de los casos la imagen 3D posee un conjunto de parámetros propio. Estos comprenden niveles de gris, luminosidad, contraste

¹⁰ Erosión con Tolerancia. Ver Apéndice A – Erosión binaria

y tamaño del cerebro dentro la imagen. Por último existe un parámetro característico en este tipo de estudio, que es la rotación del cerebro dentro del *cubo* que forma la imagen cerebral 3D; esto equivale a decir que no necesariamente el cerebro está alineado con el referencial de la imagen.

Los datos que posee la base de datos asociada al Atlas Cerebral están orientados a un cerebro medio de un adulto, incluyendo los parámetros antes mencionados. Si la diferencia entre estos valores y los de la imagen a segmentar es suficientemente grande, entonces el resultado del algoritmo será inadecuado. Es por ello que resulta de vital importancia adaptar todos estos datos del *cerebro* de entrada a los valores almacenados.

En la práctica la modificación de estos valores produciría un aumento del error en los cálculos, por lo que no son eambiadoscambian, sino que se definen funciones de transformación. Estas funciones se encargan de tareas como calcular, a partir de un punto en el Atlas, su punto homólogo en la imagen, y viceversa. También se hacen transformaciones de escala para adaptar los puntos de la imagen a los del cerebro y adaptaciones de los niveles de gris esperados en los órganos.

2.3.1.1 Ajuste de niveles de gris

Parte de la información que se guarda en la base de datos consiste en los umbrales que se utilizarán para validar la semilla en el proceso de segmentación. Estos umbrales son muy importantes ya que describen los niveles de gris aproximados que se espera encontrar dentro de un órgano determinado. Los factores nombrados anteriormente como contraste, luminosidad, método de digitalización de la imagen, etc., pueden hacer variar estos umbrales para un mismo órgano entre distintos estudios. Existen numerosas maneras de adaptar estos umbrales, por ejemplo teniendo en cuenta los histogramas de las imágenes y entre qué puntos de dichos histogramas caen los umbrales especificados. Sin embargo, en este caso no se ahondó en el estudio de estas técnicas. Es por ello que, el ajuste a realizar sobre los umbrales consiste en obtener la diferencia entre el promedio de niveles de gris de la imagen estudiada y el promedio de niveles de gris de las imágenes tomadas en cuenta para la creación de la base de datos. La adaptación de umbrales se llevará a cabo simplemente aplicando esta diferencia sobre los mismos.

2.3.1.2 Ajuste de tamaño

Para el ajuste de escalas, se procede a verificar el tamaño del cerebro dentro de la imagen, esto es, obtener las dimensiones del cerebro que se encuentra virtualmente suspendido dentro de un cubo. La idea es obtener el menor cubo que contenga completamente al cerebro estudiado. Para ello se aplica un algoritmo que consiste en realizar una segmentación con un umbral muy alto. Al resultado de esta operación se le aplica una apertura con un elemento estructural grande y con una tolerancia para la erosión relativamente alta. De esta forma se obtiene un cubo que contiene una estructura de las dimensiones del cerebro y de la cual se pueden obtener fácilmente las dimensiones del cubo buscado. Así se eliminan sobrantes e información escrita que normalmente aparece en las imágenes médicas como complemento para el profesional que las analiza. El objetivo final es obtener una relación de escala entre el cerebro estudiado y el representado por el atlas cerebral.

Si llamamos Dist(<eje>) a la función que nos devuelve la mayor distancia o ancho en el eje indicado y llamamos X, Y y Z a los ejes del referencial del cerebro del atlas y X', Y' y Z' a los del referencial de la imagen a segmentar, entonces las relaciones quedarían de la siguiente manera:

RelaciónX = Dist(X) / Dist(X')

RelacionY = Dist(Y) / Dist(Y') RelacionZ = Dist(Z) / Dist(Z')

2.3.1.3 Rotación del cerebro.

Dado que la imagen del cerebro puede no estar alineada con su sistema referencial, algunos de los parámetros tomados de la base de datos, como ser la ubicación en la imagen de las semillas de segmentación, deberán ser ajustados. En este caso dichos vectores, que fueron calculados para un atlas que sí estaba alineado con su sistema referencial, tendrán que ser rotados para adaptarse al sistema referencial del cerebro. Por lo tanto, antes de aplicar el algoritmo de segmentación a cualquiera de los órganos buscados, se deberán calcular los parámetros que describan la rotación necesaria.

Debido a la diversidad de formas y tamaños de cerebros que pueden existir en los seres humanos, la forma más efectiva de alinear ambos cerebros (del paciente y del Atlas Cerebral) es, emulando técnicas utilizadas en el área médica, tomar sus planos medios en el espacio $3D^{11}$ y hacerlos paralelos. Llamamos el plano medio π , al plano definido por la separación de ambos hemisferios cerebrales. Sin embargo al paralelizar los planos π , sólo obtenemos una alineación en R². Una forma de alinear en el eje restante sería utilizar la recta que pasa por los puntos CA-CP¹², y que está contenida en el plano medio. Al alinear dichas rectas y los planos π de la imagen cerebral 3D del paciente y del Atlas Cerebral, ambos cerebros se encuentran alineados. Sin embargo, la pobre calidad y la anisotropía de los estudios tratados dificultaron mucho el reconocimiento de los puntos CA y CP. Dado que este reconocimiento no es el objetivo central del trabajo y que la rotación en este eje no suele ser grande y teniendo en cuenta que el algoritmo es tolerante a ubicaciones imprecisas de las semillas, se optó por no disponer de esta rotación. Es decir que sólo se alinea por el plano π .

Obtención del plano medio (π)

Lograr la obtención del plano medio π no es una tarea trivial; Aquí se pone en práctica un método que resulta sencillo y efectivo a la vez.

Se lleva a cabo un muestreo de los puntos q_i que marcan la división entre ambos hemisferios, mediante la aplicación de máscaras (*figura 3-2*). Estos puntos denotan el punto medio entre ambos hemisferios para cada plano axial *i* que forma parte de la imagen 3D. q_i representa el punto medio del lóbulo frontal mientras que p_i representa el punto medio del lóbulo occipital y temporal (la parte posterior del





(a) (b) **Figura 3-2.** (a) Mascara A, para el lóbulo occipital. (b) Mascara B, para el lóbulo frontal

cerebro). De esta manera se obtiene cierta cantidad de puntos que representan al plano π . Ahora bien,

¹¹ Al referirnos al espacio 3D o Imagen 3D, nos referimos a una imagen 3D de dimensión finita y voxels anisotropicos.

¹² CA-CP. Los puntos marcados por la Cesicura Anterior y Cesisura Posterior del cerebro. Ambos deben intersecar con el plano medio π .

mediante este conjunto de puntos debemos definir el plano π como el más cercano a todos los puntos. Para llevar a cabo esta tarea se aplica sobre los mismos la técnica de mínimos cuadrados[6], que permite obtener mediante una serie de puntos en R³, el plano que minimiza la suma de los cuadrados de las distancias entre los puntos y el plano.

La técnica de *Mínimos Cuadrados* permite obtener, en última instancia, el vector normal al plano que se busca. Como fue mencionado, para la obtención de los puntos p_i y q_i se utiliza un método de aplicación de máscaras 3D. Este método toma 2 mascaras, A y B, una para la parte frontal del cerebro y otra para la parte posterior del mismo.

Luego se recorre un área -previamente determinada en la base de datos- con la máscara, buscando dónde esta encaja mejor (*figura 3-3 (b*)). Básicamente se toma cada plano que corresponde a un corte axial del



Figura 3-3. Plano 27 de una imagen cerebral 3D de 42 cortes. Aplicación de mascaras para obtención de porcentaje de aceptación. El caso **b** determina el punto q_i que marca la división entre ambos hemisferios. (a) Mascara en posición inicial. (b) Mascara con mejor ubicación encontrada (c) Mascara en posición final.

cerebro y se arma una imagen binaria, donde los puntos que se espera representen al cerebro tienen valor 1, mientras que el resto tiene valor 0. Esto se determina por umbrales almacenados en la base de datos. Para saber dónde la máscara "encaja mejor" se utiliza la función *fpa* que retorna el porcentaje de coincidencia de la máscara con el plano.

Masc : Conjunto de puntos de la Mascara

Plano : Conjunto de puntos del Plano

Pv : define el conjunto de puntos con valor lleno del conjunto indicado

Ps : define el conjunto de puntos con valor vacío del conjunto indicado

 $fpa = #(Pv(Masc) \cap Pv(Plano)) + #(Ps(Masc) \cap Ps(Plano))$

(Masc)

Porcentaje de coincidencia (fpa): la cantidad de puntos con valor X de la máscara que se encuentran superpuestos con puntos con valor X del plano, sobre la cantidad total de puntos de la máscara, donde X puede ser 0 ó 1.

Luego, se selecciona la posición de la mascara con la que se obtuvo el mayor porcentaje de coincidencia y se agrega dicha posición al conjunto de candidatos para la definición de π . De esta manera en este conjunto se incorporan dos puntos por plano, uno por cada máscara. Una vez que se obtienen los puntos candidatos, se aplica el método de *Mínimos Cuadrados* sobre este conjunto y se obtiene el plano π .

Optimización:

La generación del conjunto de puntos candidatos puede no ser del todo correcta. Es decir, que se pueden incluir puntos donde, efectivamente, la función *fpa* dé el valor más alto, pero que aún así no sea el punto perteneciente al plano π (debido al error y ruido en la imagen y a las irregularidades propias del cerebro). Para tener en cuenta esto, se toma el 10 % de puntos (del conjunto candidato) más lejanos a π y se extraen de este conjunto para poder calcular el plano π definitivo.

2.3.2 Segmentación de un órgano

Una vez que se tiene el cerebro de la imagen cerebral 3D con sus parámetros ajustados (el tamaño adecuado, una escala de grises compatible con la del Atlas y la posición en el espacio 3D alineada a la del Atlas Cerebral), se procede a la segmentación.

Este algoritmo de segmentación actúa identificando un órgano por vez, en el orden indicado en el repositorio de datos. Este orden está optimizado para lograr el mejor resultado en la segmentación, como se verá más adelante. Luego, para cada órgano que a segmentar se realizan los siguientes pasos

Identificación del centro de masa

Se identifica el centro de masa del órgano a segmentar en la imagen 3D del paciente.

Cálculo de acuerdo al centro de masa de los órganos ya procesados

Tomando en cuenta las formas de las estructuras ya segmentados, y cómo eéstas pueden influir en sus objetos adyacentes, se modifica la ubicación del centro de masa del órgano que se está por segmentar para que quede más aproximado al centro real del órgano en el cerebro del paciente.

Ubicación de semilla

Se ubica la semilla en el lugar más representativo.

Segmentación y morfología matemática con tolerancia

Se lleva a cabo la segmentación, la *erosión con tolerancia* para eliminar las fracciones identificadas que no forman parte del órgano; y se aplica la dilatación para obtener el órgano segmentado con la forma y tamaño originales de la imagen cerebral 3D del paciente.

2.3.2.1 Identificación y cálculo de centro de masa

Para cada órgano O, se obtienen de la base de datos las coordenadas en Z³ de su centroide C en el Atlas Cerebral. Estas coordenadas son recalculadas con la función de escalamiento y rotación F^{13} para obtener el centro de masa en la imagen 3D del cerebro del paciente. En este punto se colocará la semilla para la segmentación.

2.3.2.2 Cálculo de acuerdo al centro de masa de los órganos ya procesados

Vecinos

Se dice vecinos a los voxels adyacentes en el espacio 3D al voxel de referencia. Esta adyacencia está dada por la conectividad. Un voxel v_1 puede ser vecino de otro v_2 con *conectividad 26*, sin serlo con *conectividad 6*. Para fijar este concepto definimos conectividad de la siguiente manera:

Sean,

 $p_i = (x_i, y_i, z_i) y p_j = (x_j, y_j, z_j) 2$ puntos en el espacio 3D.

Def: vecinos con 26-conectividad (o total):

decimos que un punto p_i <u>es vecino de</u> p_j si

 $(p_i \Leftrightarrow p_j) \land (|\mathbf{x}_i - \mathbf{x}_j| \le 1 \land |\mathbf{y}_i - \mathbf{y}_j| \le 1 \land |\mathbf{z}_i - \mathbf{z}_j| \le 1)$

Def: vecinos con 6-conectividad (o por caras):

decimos que p_i <u>es vecino de</u> p_j si

 $(p_i \Leftrightarrow p_j) \land (|\mathbf{x}_i - \mathbf{x}_j| + |\mathbf{y}_i - \mathbf{y}_j| + |\mathbf{z}_i - \mathbf{z}_j| = 1)$

Si bien gran parte de las pruebas realizadas, fueron hechas con vecindades de 6-conectividad, al referirnos a los vecinos de un voxel en el informe, puede asumirse cualquier tipo de conectividad.

Enfoque

Uno de los principales objetivos del trabajo es lograr que el algoritmo funcione correctamente sobre distintos cerebros para los que se realiza el estudio. De un paciente a otro lLa ubicación de las estructuras neurofuncionales pueden tener variaciones substanciales. E De un paciente a otro esta variación podría afectar los resultados del algoritmo de segmentación, ya que el punto donde se ubica la semilla¹⁴ está almacenado en la base de datos y debería corresponder con un punto ubicado en el interior del órgano buscado. Si bien el procedimiento de ubicación de la semilla prevé<u>ce</u> situaciones en las que esto no ocurr<u>ea</u> y está preparado para corregirlas, es deseable que esto suceda en la menor cantidad de casos posible. Para ello se busca que el algoritmo, en forma dinámica, modifique progresivamente la ubicación de las semillas de los órganos no segmentados a medida que vaya avanzando en la segmentación de estructuras. Esta adaptación podría implementarse de diversas maneras. Se eligió una de baja complejidad que dio resultados satisfactorios y que muestra lo interesante de incluir esta adaptación dinámica. No forma parte del objetivo de este trabajo profundizar sobre este punto y su estudio puede quedar para una realización ulterior.

Desarrollo

¹³ Esta función fue calculada anteriormente, al ajustar los parámetros y tamaños de la imagen cerebral 3D del paciente.

¹⁴ En este trabajo lo denominamos "centro de masa"
Sea O un órgano del atlas que debe ser segmentado. Se puede prever una diferencia entre el centro de masa estimado en la base de datos y el óptimo, teniendo en cuenta la ubicación de las estructuras que ya han sido detectadas para intentar predecir la localización de las restantes. Si bien dentro de este enfoque existen muchas posibilidades, la más simple y provechosa resultó ser la de observar los órganos que pueden tener contacto con O y ver si los mismos pueden provocar algún desplazamiento en él. Tomando un órgano V ya segmentado y vecino de O, pueden darse dos situaciones:

- a) Que la estructura que se segmentó al buscar el órgano V (a la que llamaremos sV) se encuentre en una posición levemente diferente de la de V pero sin invadir el espacio ocupado por O según el atlas.
- b) Que *sV* invada el espacio que debería ocupar *O*.

En la primera situación se puede suponer que la variación de posición entre $V ext{ y } sV$ podría verse reflejada en una variación similar entre $O ext{ y su correspondiente segmentación } (sO)$. Sin embargo esto no necesariamente es así, por lo que no correspondería tomar medidas en este caso.

En el segundo caso sí podemos estar prácticamente seguros de que sO estará desplazado con respecto a O. Es allí donde se calculará cuál es la distancia d que O se ha visto desplazado por V. De está forma se podrá mover el centro esperado de O según una función de d.

Para llevar a cabo esto, se almacena en la base de datos pares de puntos más cercanos que pertenecen respectivamente a O y a V. Es decir, los puntos po y pv pertenecientes a O y V respectivamente que están más cerca entre sí (fig.3-4(a)). El procedimiento trazará, en la imagen que contiene los resultados de las segmentaciones ya realizadas, una recta entre po y pv y avanzará por la misma hacia po y alejándose de pv. Si sV no invadió el espacio de O, estos puntos deberían estar vacíos (no deberían pertenecer a la estructura sV). Si esto no ocurre, se medirá la distancia entre pv y el primer punto vacío, es decir, el primer punto fuera de la estructura sV; y se tom.ará esta como el desplazamiento en O provocado por V (fig.3-4(b)). Este procedimiento se aplicará con los otros órganos vecinos de O para seguir adaptando el centro de masa. Las





Figura 3-4. (a) Puntos po y *pv* según figuran en el atlas cerebral. (b) De acuerdo a la recta *po-pv* obtenida de la imagen original, se calculó la distancia *d* que se debe mover el centro de masa para el órgano O.

variaciones calculadas con respecto a un vecino son independientes de aquellas observadas para otro, lo cual puede no ser siempre estrictamente correcto. Sin embargo, esto mantiene una gran simplicidad con resultados acordes a los necesarios; pues, por las características observadas en las imágenes, se deduce que es altamente improbable que se produzca un desplazamiento inducido por más de un órgano.

Si el órgano O, del cual sé esta identificando el centro de masa, no es el primero en ser segmentado, entonces se lleva a cabo esta reubicación del centro de la masa C de acuerdo al centro de masa de cada órgano anterior, C'.

2.3.2.3 Ubicación de semilla

El procedimiento comienza por ubicar la semilla en el centro de masa C calculado anteriormente. Su forma y dimensión están almacenadas en la base de datos. Luego se verifica que los niveles de gris de los puntos contenidos en la semilla queden dentro del umbral indicado, con una cierta tolerancia de puntos fuera del rango (también almacenada en la base de datos). Si este es el caso, queda la semilla posicionada y está listo para aplicar el algoritmo. Si, por el contrario, los niveles de gris de los puntos contenidos en la semilla no quedan dentro del umbral (aún con el rango de tolerancia), se comienza una búsqueda en la periferia de C con el fin de encontrar una ubicación en la cual la semilla cumpla las condiciones esperadas. Esta exploración se lleva a cabo en los vecinos del punto C, y luego sus vecinos, hasta encontrar el sitio esperado. Si la búsqueda se extiende más allá de un radio determinado, el umbral de niveles de gris esse extiende<u>cido</u> levemente y la búsqueda vuelve a comenzar desde el punto original. Se continúa aplicando este comportamiento hasta encontrar una ubicación satisfactoria de la semilla en el órgano que se desea segmentar. De esta forma se obtiene la posición de la semilla para poder aplicar el algoritmo de segmentación.

Seguidamente se muestra una formalización del procedimiento de aceptación de la semilla:

: imagen de entrada
: semilla centrada en el origen de coordenadas
: punto fijo \in <i>I</i> ; coordenadas donde se posicionará el origen de la semilla en la imagen 3D,
que se determina a partir del "centro de masa" de la estructura cerebral en el atlas.
: límite inferior del umbral de grises esperado para el órgano O
: límite superior del umbral de grises esperado para el órgano O
: Nivel de gris del punto <i>p</i> .
: coeficiente que define el porcentaje requerido de puntos de S dentro del umbral [ui, us],
siendo $0 \le r \le 1$
: conjunto de puntos de I contenidos en S cuyo nivel de gris se encuentra dentro del umbral
$[U_i', U_s']$, donde el punto C es el "centro de masa" o centroide definido en la sección 3.2. En
este punto es donde se "ubicará" la semilla.
Definición:

 $\mathbf{P}_{\mathbf{A}} = \{ p \in I / (p \in S) \land (U_i' \leq Ng(p) \leq U_s') \}$

Entonces decimos que la *S* es aceptada en el punto *C* si:

$$\frac{\# \mathbf{P}_{\mathbf{A}}}{\# \mathbf{S}} \ge r$$

En este procedimiento se corre el riesgo de que la semilla caiga en otro órgano que tenga un rango de luminosidad cercano al órgano buscado. En este caso la semilla sería aceptada y se procedería a la segmentación del órgano incorrecto, lo cual crearía una reacción en cadena que terminaría con reconocimientos erróneos en varios o todos los órganos restantes. Sin embargo, las probabilidades de que esto ocurra son ínfimas por los siguientes factores: primero, los órganos no son tan pequeños, sus centros de masa no están tan cerca unos de otros y los distintos cerebros no son tan diferentes como para que sea probable que una semilla, al no encontrar el órgano buscado, inicie una búsqueda en la periferia del centro esperado y encuentre antes un órgano erróneo que al verdadero. Segundo, esto debería ocurrir con dos órganos no procesados, ya que si el órgano encontrado erróneamente es uno que ya ha sido segmentado, el algoritmo lo ignorará y seguirá buscando el correcto. Es en este punto donde también se ve la importancia del orden de segmentación, almacenado en la base de datos. Como los primeros órganos en ser segmentados son los cercanos al centro del cerebro, el error al ubicar la semilla será menor que con los órganos más externos. Cuando el proceso llegue a estos últimos, quedarán menos estructuras sin segmentar y por lo tanto será menos probable que la semilla termine siendo aceptada incorrectamente.

Cabe tener en cuenta que si el algoritmo arroja un resultado incorrecto por causa de la baja calidad de la imagen, este hecho será inevitablemente detectado por la persona que utilice dicha salida ya que esta dispondrá de la imagen original y una simple comparación pondrá en evidencia cualquier posible error.

En el caso que no se logre ubicar la semilla y el umbral de nivel de gris que se está verificando exceda el máximo indicado en la base de datos, entonces quiere decir que la imagen no es tratable por su muy baja calidad o su altísimo nivel de ruido. De esta forma el algoritmo determina la imagen como no procesable.

Una de las funciones que cumple la semilla, y por lo que es necesaria su correcta ubicación en el órgano, es ser la fuente de los umbrales de gris que se tomarán como representativos de la estructura a segmentar.

La definición de estos umbrales es la siguiente:

Sean,

Ι	: imagen 3D de entrada
S	: semilla aceptada en el punto C.
С	: "centro de masa" actual, determinado una vez que la semilla fue aceptada.
So	: puntos en I pertenecientes a S
	<i>Def:</i> So = { $p \in I / (p \in S)$ }
μ:	promedio de niveles de gris de los puntos de so
k	: constante de adaptación de umbral $\in R$.
σ	: desviación estándar de los niveles de gris de los puntos de So

el umbral $[U_i, U_s]$ estará entonces definido por:

 $U_i = \mu - \sigma . k$ y $U_s = \mu + \sigma . k$

Al estar la semilla correctamente ubicada, se procede a calcular el promedio (μ) y la desviación estándar (σ) de los niveles de luminosidad de todos los puntos contenidos en la semilla. Una vez obtenidos, estos valores serán utilizados para obtener los umbrales que se usarán en la segmentación como (U_i , U_s) = (μ - σ .k, μ + σ .k), donde k está configurada en la base de datos para cada órgano. Para mayor claridad, llamamos al valor a sumar y restar a μ **coeficiente** ϕ , de manera que queda definido:

Coefficiente $\phi = \sigma.k$.

En el apéndice D se puede observar un seudo código sobre este procedimiento. Este coeficiente permite sortear el problema descripto en 2.1.1.4.

Nota: Por abuso de notación usamos $\mu y \sigma$ en lugar de $\overline{X} y s$

2.3.2.4 Segmentación y definición de bordes

Luego de tener la semilla correctamente ubicada y los valores para obtener los umbrales (μ - σ .k, μ + σ .k), comienza el procedimiento de segmentación, aplicando el algoritmo de *Crecimiento de Regiones*[13]. Más formalmente, la salida del procedimiento de Crecimiento de Regiones está dada por la siguiente serie

Sea,

$$P_{A} = \{ p \in I / (p - C \in S) \land (U_{i} \leq Ng(p) \leq U_{s}) \}$$

$$O_{S_{0}} = P_{A}$$

$$O_{S_{i+1}} = O_{S_{i}} \cup \{ v / (v \notin O_{S_{i}}) \land (v \text{ es vecino de } p \in O_{S_{i}}) \land (U_{s} \leq Ng(v) \leq U_{s}) \}$$

la serie finaliza cuando
$$O_{S_{i+1}} = O_{S_{i}}$$

De esta forma queda definido el conjunto Os, que es la salida del algoritmo de crecimiento de regiones.

Al finalizar la segmentación, como resultado queda una imagen en la cual se encuentra la estructura buscada, pero esta, muy probablemente, aparecerá unida a otras estructuras. Este resultado <u>esse</u> deb<u>eido</u> a la pobre definición de bordes en la imagen cerebral 3D original (ver *Fig. 4-5 (a)*). Para solucionar esto, se aplica la morfología matemática Θ *(morphing)*. La base de datos contiene una lista de operaciones para cada órgano que puede incluir erosión, dilatación, segmentación y determinación del centro de masa.

El procedimiento a ejecutar para obtener un resultado satisfactorio luego de la primera aplicación de *Crecimiento de Regiones* es:

- a) Erosión: la erosión con un elemento estructural *E* almacenado en la base de datos. Este elemento fue previamente diseñando para erosionar en forma óptima el órgano en cuestión; teniendo en cuenta el porcentaje de aceptación¹⁵, también obtenido de la base de datos y particular para cada elemento estructural, para cada órgano. En este punto cabe aclarar que decimos "para cada elemento estructural, para cada órgano" debido a que, como veremos más adelante, un órgano puede ser procesado con más de un elemento estructural. Finalmente, la imagen resultante es la neuroestructura buscada "reducida" en tamaño, completamente aislada de otros tejidos pertenecientes a otras estructuras que pudieron ser identificadas en la primera segmentación.
- b) <u>Re-Segmentación</u>: Luego, se realiza una segmentación, la cual elimina estructuras periféricas que están ahora separadas del órgano gracias a la erosión. De esta forma, el órgano queda exactamente igual que en la imagen anterior, pero sin ningún tipo de tejido (ajeno al mismo) alrededor. Este proceso se puede observar en la *figura 4-4 (a)* y (b).

¹⁵ Visto en capítulo III, Morfología Matemática.

c) <u>Dilatación</u>: Por último, se aplica una dilatación con el elemento estructural *E* que restaura el órgano a su forma y tamaño original como una estructura compacta y aislada.

De esta forma queda el órgano completamente identificado con sus bordes correctamente definidos.

Como ya hemos visto, la segmentación normalmente no arroja buenos resultados, con algunos "huecos" debido al ruido presente en las imágenes. Dado esto, una erosión estándar con un elemento estructural E grande (lo cual se necesita para eliminar las uniones indeseadas) tendería a fallar en la búsqueda de ubicaciones en las que E estuviera totalmente contenido en el objeto. Para resolver este tema, una tolerancia específica para cada estructura es leída de la base de datos.

Para mejorar los resultados en ciertas estructuras neurofuncionales se utiliza un método de aproximación (de grueso a fino) en la aplicación de morfología matemática. El procedimiento consiste en, como primera medida, obtener una aproximación grosera del centro de masa real del órgano, ya que el almacenado en la base de datos puede no ser apropiado para el procedimiento que estamos describiendo. Para lograr esto, se procede a aplicar primero estos pasos - segmentación, erosión, dilatación - usando un elemento estructural grosero. De esta forma se obtiene una aproximación del objeto. Seguidamente, se calcula el centro de masa sobre esta aproximación. A partir de allí, se procede a aplicar la secuencia de erosión, segmentación y dilatación más de una vez, pero en diferentes regiones de la estructura y con diferentes elementos estructurales para cada región. Las regiones son previamente delimitadas y son relativas al centro de masa obtenido en el primer paso. Los elementos estructurales almacenados en la base de datos han sido seleccionados particularmente para cada división. De esta forma, si un órgano (por ejemplo) tiende a ser esférico en su parte superior y puntiagudo en su parte inferior, <u>a pesar de su irregularidad</u> quedará correctamente segmentado a pesar de su irregularidad si se utilizan elementos estructurales que se adapten a cada región. Con esta facilidad, una estructura particularmente irregular puede tener *n* elementos estructurales asociados, cada uno diseñado para adaptarse mejor a cierta región de la misma.

2.3.2.5 Estructura completa

Cuando el procedimiento para un determinado órgano termina, se toma el siguiente órgano a segmentar según el orden almacenado. Los datos para la siguiente estructura neurofuncional son leídos de la base de datos y el proceso es aplicado nuevamente. Aquí se tiene especial cuidado en la elección del centro de masa que es desplazado una vez más; según se describió anteriormente Esta modificación logra que el procedimiento tenga en cuenta la verdadera forma del cerebro del estudio en análisis y utilice la información generada en tiempo de ejecución por él mismo en vez de apoyarse exclusivamente en las coordenadas almacenadas en la base de datos, las cuales corresponden a los centros de masa de las estructuras detalladas en el Atlas Cerebral.

3 Capítulo IV- Resultados, conclusiones y perspectivas del trabajo

En este capitulo se muestra como se llega al resultado final, comenzando con la imagen inicial y siguiendo por todos los pasos del algoritmo hasta lograr tener la imagen finalmente segmentada. De esta forma se pueden apreciar los resultados obtenidos luego de la aplicación completa del algoritmo y su capacidad de segmentar imágenes cerebrales 3D. Previo a las concusiones del trabajo, se detallan los ensayos realizados que fueron determinantes en la configuración del atlas y el diseño del algoritmo final. Por último se podrá observar qué mejoras se pueden intentar con este trabajo y como extender el mismo.

3.1 Ejecución de ejemplo

Dentro de las pruebas y ajustes realizados para la obtención del algoritmo y la base de datos final, se llevaron a cabo gran cantidad de ensayos. Ahora veremos un ejemplo de la aplicación del algoritmo a un estudio tipo, para poder observar sus resultados.

El caso es de un cerebro adulto, con un estudio del tipo CT-2, que dispone de 42 cortes axiales con 4 mm entre los planos. Esto afecta notablemente a-la calidad de la imagen pues pueden perderse detalles muy importantes al existir tanta distancia entre los mismos. Se eligió este ejemplo debido a la particularidad del estudio y a los buenos resultados a pesar de la mala calidad de la imagen 3D que se segmentó.

La imagen fue obtenida mediante la digitalización del estudio; la misma se hizo sobre los cortes (o planos) axiales de la tomografía. Una vez escaneados los cortes, se procedió a "apilarlos" en la misma imagen, conformando una imagen 3D. Como dificultad adicional se debieron alinear las imágenes, rotándolas, para que el cerebro quede bien formado en tres dimensiones y evitar el defasaje entre planos. Se podrá observar que, por la forma en que se construye, la imagen resulta ser de baja calidad. La diferencia de contrastes y luminosidades de los distintos planos al momento de realizar el estudio, la digitalización del resultado y la rotación de algunos planos para obtener su alineación contribuyen al ruido y son causantes de un deterioro de la calidad.

A continuación se mostrará un seguimiento detallado de los pasos del algoritmo que son llevados a cabo para obtener la solución final, los órganos segmentados. Por razones de claridad de los resultados, en este informe, las imágenes que se visualizarán son cortes generados de la segmentación 3D realizada al cerebro original, es decir, sin adaptarlo.

3.1.1.1 Imagen original



figura 4-1 (a). Plano Axial número 22 del cerebro a segmentar.



figura 4-1 (b). Plano Sagital número 102 del cerebro a segmentar. Aquí se puede observar el efecto de la anisotropía.



figura 4-1(c). Plano Parietal numero 148 del cerebro a segmentar.

En este caso se puede observar el mismo grosor especial en los planos del eje Z, al igual que en la *figura 4-1 (b)*; y también se puede observar el efecto de la anisotropía.

En a *figura 4-1* se pueden observar textos y escrituras que generan ruido en la imagen. Los mismos deben ser eliminados para disminuir el error del resultado. En la *figura 4-1(b)* se puede observar el efecto de la anisotropía, en la *figura 4-1(c)* se observa el mismo grosor especial en los planos del eje Z, al igual que en la *figura 4-1(b)* y también se puede observar el efecto de la anisotropía.

En esta figura se observa que la calidad de la imagen a segmentar es pobre. Sin embargo, se pueden distinguir con relativa claridad ciertos órganos, como ser (a) el Ventrículo-(a), (b) el Núcleo Caudal (b) y (c) el Núcleo Ventricular-(c), marcados en cada una de las imágenes. También se puede apreciar, sobre todo en las *figuras 4-1(b) y 4-1(c)* que dos órganos parecen estar unidos; es decir, se tocan y tienen un nivel de gris muy similar. Claramente el algoritmo de segmentación debe resolver esta situación, identificando cada órgano como es debido. En **Problemas Resueltos, Capítulo IV**, se verá cómo, utilizando la segmentación 3D y la morfología matemática 3D, se puede identificar correctamente-a cada órgano.

3.1.1.2 Ajuste de la imagen médica 3D

Aquí tiene lugar el ajuste de la imagen, calculando la diferencia en los niveles de gris, tamaño y rotación. Estas modificaciones <u>en la práctica</u> no se llevan a cabo<u>en la práctica</u>, sino que se calcula un coeficiente de ajuste, que se explican en **Ajuste de la imagen médica 3D**, en el **Capítulo III**.



Figura 4-2. Plano 22 del Cerebro en estudio con el tamaño adaptado.

Luego, al hacer el ajuste de tamaño, se intenta identificar únicamente la parte de la imagen que corresponde al cerebro (si bien puede ser toda). Esto permite trabajar con una imagen más limpia, evitando el uso excesivo e innecesario de memoria y procesar partes de la imagen cuyo resultado no interesa.





Figura 4-3. Visualización de cortes axial y coronal con el plano π marcado del cerebro ajustado en tamaño.

En la *figura 4-3* se puede observar la detección del plano medio, llamado π^{16} , que indica la rotación que tiene el cerebro en estudio respecto del utilizado como Atlas Cerebral.

3.1.1.3 Segmentación de un órgano

En la *figura 4-4* se pueden ver los principales pasos en el proceso de segmentación de un órgano en la imagen cerebral 3D. Estos pasos son: segmentación inicial, erosión (con tolerancia), segunda segmentación, y dilatación. Con esta secuencia de pasos aplicados de la forma que se explica en el capítulo III, se logra obtener la definición de un objeto en la imagen 3D.

¹⁶ Ver capítulo III, **Obtención del plano medio (\pi)**.

Como se ve en la *figura 4-4*, se realiza la segmentación de la figura inicial (*figura 4-2*) y su resultado se puede observar en la *figura 4-4 (a)*. Debido a la similitud entre los niveles de grises de los distintos órganos (y al ruido) en este tipo de imágenes, la segmentación claramente abarcó el objeto en cuestión completamente pero, a su vez, también otros objetos o partes de neuro-estructuras de la imagen 3D. Es aquí que se ve la necesidad de aplicar la morfología matemática para definir correctamente los bordes del objeto. Luego se aplica el proceso de erosión y el resultado es, como muestra la *figura 4-4 (b)*, el órgano que se intenta segmentar un poco más pequeño, pero completamente aislado de las neuro-estructuras y otros objetos que fueron incluidos en la primera segmentación. De esta forma, al hacer nuevamente la segmentación de la







Figura 4-4. (a) Cerebro total segmentado. (b) Cerebro Segmentado – erosionado con elemento estructural. (c) Cerebro erosionado y vuelto a segmentar, para aislar el órgano a identificar. (d) Cerebro dilatado y órgano segmentado.

figura 4-4 (b), se logra tener el órgano aislado, y sin rastro de ningún otro que aparecía en las imágenes anteriores a la *figura 4-4 (c)*. Por último, al aplicar la dilatación, el órgano en cuestión vuelve a su tamaño original, con los bordes bien definidos y sin ruido que confunda el objeto segmentado con otras estructuras, logrando de esta manera el resultado deseado.

3.1.1.4 Imagen 3D segmentada

(c)

Luego de ver cómo se obtiene un órgano segmentado, basta con aplicar este procedimiento a la lista de órganos que se desea segmentar, para obtener el cerebro completamente procesado. El único detalle que resta tener en cuenta es el orden en que se segmentarán las neuro-estructuras. Al comenzar por las del centro,

el error al utilizar el centro de masa almacenado en el atlas es menor. Cuando se llega a las más externas, el procedimiento de ajuste de centro de masa debería corregir las pequeñas diferencias que pudieran existir. También las estructuras centrales suelen estar mejor definidas en la imagen, lo que proporciona un resultado más adecuado. Este orden de segmentación mejora el resultado de las estructuras que se procesarán luego, pues un mismo punto de la imagen no puede pertenecer a 2 órganos a la vez; y se reduce la cantidad de puntos que pueden generar error en la segmentación de un órgano.

En la *figura 4-5* se puede observar cómo queda el cerebro que estuvimos estudiando, con 7 de sus órganos segmentados.





Figura 4-5. (a) plano 20 del cerebro en estudio. (b) plano 20 de 7 órganos segmentados del cerebro en estudio.

3.1.1.5 Otros resultados

A continuación se presentan resultados obtenidos a partir de un juego de imágenes de menor calidad. Si bien las mismas fueron obtenidas de forma digital directamente desde el resonador, carecen de un contraste adecuado. En muchas de ellas fue muy complicado encontrar los órganos a simple vista. Sin embargo, la mala definición en algunos cortes fue compensada por la información 3D, con lo que el algoritmo obtuvo resultados satisfactorios. En la figura *figura 4-6* se presentan cortes centrales de la imagen original y de la resultante.



Figura 4-6. (a) plano 20 del cerebro en estudio. (b) plano 20 de 7 órganos segmentados del cerebro en estudio.

3.2 Resultados

Luego de las numerosas pruebas realizadas mediante la utilización de diferentes conjuntos de parámetros, se logró obtener un conjunto de resultados satisfactorios para su análisis. Si bien todos los parámetros son importantes para la correcta determinación de los órganos, en primer lugar podemos arriesgar que el más crucial a tener en cuenta resultó ser la forma de los elementos estructurales.

Se hicieron distintos tipos de pruebas, referentes a los diferentes elementos estructurales que es posible utilizar, y su incidencia en el resultado. También se experimentó variando los niveles de gris esperados y <u>los</u> máximos y mínimos a tener en cuenta según el órgano; y el coeficiente ϕ a tomar para que la segmentación sea óptima (en los casos generales). La complejidad real que presentan estos ensayos es la combinación de las diferentes variables y los resultados que se obtienen a partir de ellas. Por ejemplo, al tomar un valor más alto en ϕ , se obtiene una mayor superfície reconocida, y por lo tanto el elemento estructural (y la erosión) deben estar más orientados a definir mejor los bordes que a sanar los huecos que tenga el objeto, pues, si bien no se anulan por completo, son menos frecuentes con esta configuración.

Los resultados de las pruebas fueron muy buenos, aún con órganos que el ojo humano no identificó fácilmente. En los casos donde la definición era pobre, fue compensada por los procesos de morfología matemática y la información del Atlas Cerebral, de esta forma el procedimiento arrojó un conjunto de órganos compactos (*figura 4-5 (b*)).

Por último, veremos un detalle de las pruebas que se hicieron variando los elementos estructurales y luego los valores de ϕ , ya que ambos son parámetros difíciles de encontrar y de los que más influyen en el resultado final. Un parámetro no tan influyente en el resultado es el nivel de gris esperado en el objeto a segmentar, pues el algoritmo sólo lo utiliza como una primera aproximación que indica si la semilla fue ubicada o no dentro del órgano. Por lo tanto las pruebas sobre la definición de esta variable no aportan novedades, aunque el ajuste del nivel promedio de gris sí result $\theta = 0$ importante al tratar estudios distintos.

3.2.1.1 Pruebas con los elementos estructurales

En un principio, los elementos estructurales fueron cubos reducidos en tamaño que cabían completamente en el órgano que se intentaba segmentar. Este caso daba como resultado del proceso una





Segmenta **Eisuna genes** (3) elemento estructural elíptico, que encaja correctamente en la parte superior Pag.: 47 **Eisugan 4-7** (ca) aluver(b) eternetural statica idal de la ternetural figura muy deformada, debido a la diferencia entre los bordes del elemento (cúbico) y la neuro-estructura (máas bien curva). Luego, se decidió probar con elementos más acordes a cada órgano. En estos ensayos, los elementos estructurales eran versiones reducidas de órganos del Atlas. La intención era que quepa-cupiera completamente dentro de la estructura a segmentar, y, dado que su forma era muy similar, delimitara correctamente los bordes. Sin embargo, a pesar de parecer una buena idea, los resultados, sin ser malos, no cumplieron con las expectativas. Supongamos un órgano como el de la *figura 4-7*. En principio, este parece muy simple de segmentar y erosionar debido a su forma poco compleja, y un elemento estructural isomorfo, reducido en tamaño, parecería servir para marcar bien los límites de sus formaciones particulares (*figura 4-7 (b)*, la parte superior izquierda del órgano no puede contener al elemento estructural, lo que provoca un deterioro en la imagen final.

En otros ensayos, se utilizaron simples estructuras elípticas (seleccionadas para adaptarse lo mejor posible al órgano, sin pérdida de generalidad). Se obtuvieron muy buenos resultados en todos los casos, logrando segmentar una estructura compacta. Las estructuras elípticas funcionaron mejor efectivamente, y dan una idea de más generalidad. Sin embargo, en algunos casos se perdió un poco de precisión en la forma del órgano. Este resultaba correctamente segmentado, pero algunos detalles de su contorno no quedaban identificados. Por ejemplo, si en un órgano cuya la parte superior es curva, pero en su borde inferior es más afilado, al aplicar un elemento estructural elíptico, posiblemente la punta inferior no quede identificada al 100% como resultado del proceso de apertura. Para resolver este detalle, se toma en cuenta que el elemento estructural (tanto en la erosión como en la dilatación), cuando se acerca a un borde, se acerca la misma zona del elemento estructural que el límite que se intenta reconocer. Es decir, al procesar la parte superior de la estructura, la porción del *EE* que más se acerca a esta zona es justamente la superior, como se muestra en la figura 4-8 (a). Tomando este principio, se decidió pulir levemente los elementos estructurales, de manera que el borde de los mismos "encaje" de la mejor manera posible en el contorno del órgano a reconocer (ver figura 4-8 (b); esta modificación se lleva a cabo de manera de obtener un mejor resultado, pero evitando perder la generalidad del elemento estructural, que debiera ayudar a segmentar el mismo órgano de distintos estudios, es decir, distintas estructuras de morfología similar.

3.2.1.2 Determinación del coeficiente ¢

A los efectos de determinar los valores de gris de los voxels de un órgano, se calcula μ y el coeficiente ϕ se utiliza para asegurar un valor dado de probabilidad de acierto en la elección de los umbrales de nivel de gris de una estructura en un estudio particular; con el objetivo de que sólo los puntos pertenecientes al objeto, sean identificados como tales. Originalmente, este coeficiente estaba fijo en uno. Se calculaba σ de los niveles de gris, tomando como muestra los voxels pertenecientes a la semilla (cuando esta quedaba incluida en el órgano¹⁷), y se configuraba como gris máximo y gris mínimo $\mu \pm \sigma$ respectivamente. Para ciertos órganos el resultado de la segmentación era satisfactorio, sin embargo, al tratarse otras neuro-estructuras, no lo era tanto. Se observó claramente que muchos puntos que estaban dentro del objeto, quedaban fuera del mismo luego de la segmentación. Esto se debía a que el centro del objeto resultaba más bien homogéneo, mientras que los bordes eran relativamente más difusos. Otro caso ocurre cuando, en el estudio, la estructura aparece con un cierto "degrade", es decir que el nivel de gris va modificándose homogéneamente a lo largo del objeto.

¹⁷ Ver Capítulo III. **Ubicación de Semilla**.

El coeficiente ϕ , que es-normalmente es mayor que σ (ver capítulo <u>3111</u>), se utiliza para asegurar mayor probabilidad de acierto en la elección de los valores de nivel de gris de una estructura en un estudio. El objetivo es que todos los puntos pertenecientes al objeto, sean identificados-identifiquen_como tales. Se trata de determinar un ϕ que establezca un mejor umbral que el que proporciona σ . Como fue mencionado, originalmente, este coeficiente, que se define como σ .k, tenía k fijo en 1. De diversas pruebas se dedujo que el coeficiente ϕ (valor a sumar a μ para saber en qué rango de gris se aceptan los puntos como pertenecientes al órgano) es más bien un atributo de una estructura cerebral (o un conjunto de ellas), que de toda la imagen. Se decidió, entonces, asignar un valor particular a la k que define ϕ , en la segmentación de cada objeto; y las pruebas dieron un mejor resultado, incrementado considerablemente la calidad de la estructura segmentada. Este valor, según el órgano, se almacena en la base de datos y, por una razón de generalidad, no es un número muy fino. Sus valores oscilan entre 1 y 2.5, y se varían generalmente de a 5 décimas. Si se pudiera determinar el valor ideal para cada órgano, se llegaría una segmentación óptima; pero de esta forma se logra mantener una misma configuración en la base de datos, con resultados eficientes para distintos pacientes a los que se haya realizado un mismo tipo de estudio.

3.2.1.3 Problemas resueltos

Uno de los problemas más comunes en este tipo de procedimientos, es que, por diversas causas, dos o más órganos pueden ser identificados como el mismo (es decir, quedar unidos) en el proceso de segmentación.

En la solución propuesta, el procedimiento de eliminación de uniones no deseadas se basa en la morfología matemática, particularmente en operaciones de apertura. Los elementos estructurales que se utilizarán con cada sistema neuro-funcional y que se encuentran almacenados en la base de datos del atlas cerebral, están especialmente seleccionados para ser efectivos con diferentes variantes del órgano en cuestión, es decir, funcionan para distintos cerebros. Los elementos estructurales son seleccionados (o creados) correctamente para poder eliminar uniones generadas por el ruido, pero también, son capaces de separar estructuras que están en contacto en la realidad, puesto que se conoce la forma de las mismas.



Figura 4-9. (a) Imagen sin segmentar. Órganos **A** y **B** parecen ser el mismo. (b) Imagen segmentada. Se identifico correctamente el limite del órgano **A** respecto del **B**.

En las *figuras 4-9 (a) y 4-9 (b)* se puede ver un ejemplo donde 2 objetos parecen estar unidos, sin embargo el algoritmo detecta que esta unión es propia de la imagen y no del objeto en la realidad e identifica al órgano con sus bordes reales. Esto se debe a que la unión se evidencia en un plano 2D. Sin embargo, en 3 dimensiones la unión es suficientemente pequeña como para que el elemento estructural no quepa en ella. De esta forma, con la morfología matemática, se logra identificar el borde correcto del órgano que se está segmentando.



Figura 4-10. Esta figura muestra como el problema de tener un "hueco" que aparece al segmentar la imagen (debido a la poca calidad de la misma) es resuelto con la morfología matemática.

Para resolver el problema de los "huecos", también se utiliza la morfología matemática. Los elementos estructurales son elegidos en forma acorde para poder "cerrar" estos agujeros, en caso que los haya, con los procesos de erosión y dilatación (mediante el porcentaje de tolerancia para la erosión). Este procedimiento prácticamente no afecta la imagen resultado (con los bordes bien definidos).

En la *figura 4-10* se puede ver un ejemplo de este problema (<u>para facilitar su visualización</u>, en la primera imagen se oscureció expresamente para facilitar su visualización en la figura el sector que produce el "hueco"). Se observa como luego de la primera segmentación se mantiene el "hueco" en el órgano que se intenta segmentar, pero después

de aplicar los procesos de morfología matemática, se obtiene como resultado un órgano compacto y sin deficiencias. El procedimiento se puso a punto y optimizó para corregir los casos más finos de este tipo de problemas; pues de intentar "cerrar" huecos que sean muy significativos, se corre el riesgo de tomar como

hueco una formación real del órgano lo que daría un resultado erróneo. Otro efecto de aumentar demasiado el porcentaje de tolerancia, es el posible ensanchamiento de manera apreciable de los límites del órgano de manera apreciable.

3.3 Conclusión

De acuerdo a las pruebas y resultados, podemos concluir que este método brinda una excelente solución en términos de segmentación y provee una valiosa base para la registración. Las características y la información de un Atlas Cerebral genérico brindan la asistencia necesaria y robustecen el algoritmo, para que eéste resuelva los conflictos en forma automática. El proceso se complementa con la morfología matemática que contribuyó a una mejora substancial en la definición de los objetos obtenidos por el proceso segmentación. Estimamos también que, gracias a las precauciones tomadas en términos del calculo del centro de masa (de acuerdo a los órganos ya segmentados) aún en caso de lesiones particulares la segmentación se podría llevar a cabo automáticamente con éxito en la mayoría de los casos. Estas ideas podrían ampliarse o explotarse con numerosas técnicas que no son tratadas en este trabajo, y generalizarse a otros órganos. No se descarta el uso de un método específico para problemas particulares que pudieran presentarse. La modularidad del algoritmo permitiría, en particular, reemplazar la morfología matemática por otras técnicas como reconocimiento de curvas, deformación elástica, u otro procedimiento de búsqueda o reconocimiento de bordes o estructuras.

En este trabajo se escogió el algoritmo de "crecimiento de Regiones" para la segmentación; utilizándose información extraída del atlas para ayudar al algoritmo y solucionar deficiencias, logrando resultados máas que satisfactorios. Si otro fuera el método de segmentación utilizado, posiblemente deberían encontrarse y almacenarse en la base otras características de la imagen, en este caso de los órganos cerebrales, para poder asistir al algoritmo.

Disponer de ciertos parámetros oportunamente almacenados, obtenidos a partir de los diferentes órganos y estructuras descriptas en el atlas cerebral ha sido determinante en la mejora de los resultados logrados en la segmentación automática de imágenes cerebrales. A pesar que los parámetros más difíciles de configurar resultaron ser el coeficiente ϕ y los elementos estructurales, todos los parámetros del atlas cerebral tienen importancia y es necesario que se determinen con atención. Si algún parámetro tuviera un valor inadecuado o fuera de rango, el procedimiento podría arrojar un resultado insatisfactorio. Los parámetros que se utilizan en este algoritmo fueron elegidos como para lograr la correcta segmentación. Sin embargo, este conjunto de parámetros podría, eventualmente, ampliarse según la calidad de las imágenes o algún otro inconveniente particular. Todo dato que aporte información certera sobre las estructuras a segmentar podría ser extraído del atlas cerebral e incluíido en la base de datos. No obstante, se debe tener en cuenta cuál es la relación beneficio-rendimiento del algoritmo cuando se incluve un nuevo parámetro. El procedimiento aquí descrito y utilizado es sencillo, de complejidad acotada y velocidad satisfactoria dando muy buenos resultados. Una buena implementación puede obtener el producto en cuestión de segundos. Esta performance y los buenos resultados obtenidos nos permiten pensar que la configuración actual es adecuada. Mas aún, se puede decir que una vez terminado el algoritmo de segmentación se avanzó sobre la registración por lo que se podría pensar en integrar la registración en un proceso de mutua nutrición.

La limitación eventual reside en que este algoritmo no es aplicable a todo tipo de imágenes. Su aporte consiste en conocer previamente ciertas características de la imagen que se desea segmentar. En el caso de las imágenes medicas 3D, esta condición es fácil de cumplir pues siempre se sabe que órgano se está estudiando. Sin embargo, si el órgano presenta deformaciones severas, el resultado podría estar comprometido. Puesto que estas deformaciones se conocen de antemano se podría pensar en un eventual ajuste de parámetros.

En este tipo de algoritmo la calidad de las imágenes es muy importante, sin embargo, y esta es una ventaja que lo distingue, para este algoritmo esta condición no es determinante. El ajuste automático de umbrales en niveles de gris (entre otros) hace posible, aún con dificultades de calidad de imagen, seguir obteniendo buenos resultados. Creemos que el hecho de contar con información almacenada, extraída del Atlas Cerebral, asegura resultados que no pueden alcanzarse de otro modo, debido a que, conforme a las tendencias más avanzadas, modeliza mecanismos de respuesta perceptual. En el caso de las imágenes médicas 3D, su aplicación resultó extremadamente beneficiosa permitiendo lograr una segmentación considerablemente precisa de las estructuras cerebrales

3.4 Continuación del trabajo

Como se pudo apreciar en el capítulo anterior, el algoritmo propuesto aporta muy buenos resultados al problema de la segmentación y provee una meritoria base para la registración. Sin embargo, queda claro que este trabajo puede tomarse como un punto de partida y se pueden aportar cambios y mejoras en muchos aspectos. Particularmente estos avances corresponden a temas como detección de bordes y deformación elástica. Es importante tener en cuenta el costo que implica realizar el perfeccionamiento (tanto en tiempo de investigación como el de ejecución del algoritmo) con relación al beneficio que aporta. Según lo investigado no hemos encontrado algoritmos que resuelvan satisfactoriamente el problema de segmentación de imágenes cerebrales. Si bien existen programas comerciales (a los cuales no tuvimos acceso) con funcionalidades similares, tenemos entendido que los mismos requieren algún tipo de asistencia manual por parte del usuario, la cual no es necesaria en el presente trabajo.

A continuación se enumeran puntos donde se puede profundizar la investigación para el obtener mejores resultados en el campo, utilizando la idea propuesta.

3.4.1.1 Perfeccionamiento de técnicas

Para mejorar los resultados obtenidos con el procedimiento presentado, se pueden implementar varios cambios. Un grupo de estos cambios corresponde al perfeccionamiento de técnicas para la implementación de funciones que ya se realizan en este momento. Las posibles funciones a perfeccionar son:

Redimensión del cerebro: Al comienzo del proceso, se debe encontrar la relación entre el cerebro del paciente en estudio y el atlas cerebral, para poder ajustar de la mejor manera posible los datos almacenados en la base de datos¹⁸. En este momento la relación que se toma es lineal de acuerdo a las dimensiones exteriores, es decir, las dimensiones del cráneo. Se podrían recurrir a algoritmos basados en deformación elástica y de búsqueda de puntos homólogos, para obtener una función de relación que logre una aproximación más exacta.

Identificación de bordes: Actualmente la definición de los bordes en los órganos segmentados se realiza con operaciones de morfología matemática. Con este método se logra un excelente resultado pues corrige el problema de identificación de bordes y la anulación de "huecos" en las estructuras de la imagen

¹⁸ Ver capítulo III, Ajuste de Tamaño.

3D¹⁹. Sin embargo se podría intentar perfeccionar la demarcación de los límites agregando alguna técnica de detección de bordes como se puede ver en [17] o [25] y el llenado de los "huecos" con filtros apropiados.

Información Disponible: La información disponible actualmente es suficiente para obtener buenos resultados, no obstante, se puede incluir muchos otros datos que permitirían llegar <u>a</u>resultados más precisos. Este conjunto posible de datos adicionales es muy grande, y se deben seleccionar los adecuados dependiendo de las técnicas que se implementen. A su vez, es necesario evaluar la relación costo-beneficio que producen los parámetros agregados.

3.4.1.2 Extensión del trabajo

Puesto que el método presentado en este trabajo modeliza la respuesta perceptual, sería interesante adquirir mayor experiencia en este campo, ampliando las posibles operaciones a aplicar a la imagen médica 3D. Seguidamente veremos algunas propuestas de ampliación del algoritmo que, por estar fuera del alcance de este trabajo, no fueron incluidas.

Registración de órganos segmentados: Como se pudo observar, este trabajo brinda una excelente base para la registración de imágenes cerebrales 3D. De aquí que la primera idea de continuación de este trabajo que surge naturalmente, es la realización de un proceso de registración de la imagen segmentada. Esta ampliación no sólo debería registrar la imagen tratada, sino también agregar los órganos que en la segmentación aparecen como uno solo, pues esa división no es identificable gráficamente.

Nuevas Operaciones: Otra extensión que se podría llevar a cabo, es la generación de nuevas operaciones a aplicar a los órganos de la imagen 3D. Esta operación puede ser tanto de pre-tratamiento de la imagen, como lo sería algún filtro para mejorar su calidad; o una operación al final de la segmentación (de cada órgano o de la imagen en su conjunto) como ser-un suavizador de bordes o cualquier otro proceso que mejore la visualización del resultado. Debido a la modularidad de la implementación actual del algoritmo, se dispone de la estructura necesaria para que estas adiciones sean sumamente sencillas.

¹⁹ Ver capítulo III, Morfología Matemática.

4 Apéndice A – Morfología Matemática

4.1 Introducción

La palabra morfología usualmente denota la rama de la Biología que se dedica al estudio de la forma y estructura de los animales y plantas. Usaremos aquí la misma palabra en el contexto de morfología matemática.

La morfología matemática, que comenzó a finales de los años sesenta, forma, podría decirse, un cuerpo separado dentro del Análisis de Imágenes. Algunos de sus principales protagonistas son Matheron y Serra²⁰. Las referencias básicas utilizadas en este apéndice son [44] y [45].

La aproximación no morfológica al procesamiento de imágenes está próxima al cálculo, basándose como ya sabemos en los conceptos de delta de Dirac, *PSF*, y transformaciones lineales como la convolución. La morfología matemática se basa en geometría y forma, las operaciones morfológicas simplifican imágenes y conservan las principales características de formas de los objetos.

Un sistema de operadores como los de la morfología matemática es útil porque pueden componerse de manera tal que cuando actúan sobre formas complejas, son capaces de descomponerlas en sus partes que tienen sentido y separarlas de las partes que le son extrañas. Un sistema de operadores de este tipo y su composición permite que las formas subyacentes sean identificadas y reconstruidas de forma óptima a partir de sus formas distorsionadas y ruidosas. Además permite que cada forma se entienda en función de una descomposición, siendo cada entidad de esa descomposición una forma simple apropiada.

Un ejemplo familiar de sistema algebraico no morfológico, como hemos dicho, es la *convolución* y su representación en el dominio de las frecuencias. En este contexto cualquier función de duración finita "f" puede interpretarse como la suma de funciones sinusoidales. La distorsión de f puede modelarse como la adición de sinuidales o la convolución con algún núcleo. Cualquiera que sea la distorsión, el comprender que ocurre en términos de ondas permite el desarrollo de procedimientos para deshacer la distorsión no deseada, o la convolución no deseada, así como estimar, reconstruir, extraer o reconocer la imagen f original basándonos en la observación de la imagen distorsionada.

Lo que el álgebra de convolución hace con los sistemas lineales, lo hace la morfología matemática con las formas. Puesto que las formas contienen mucha información en la visión artificial, su importancia es evidente. Las operaciones morfológicas pueden simplificar los datos de la imagen, preservar las características esenciales y eliminar aspectos irrelevantes. Teniendo en cuenta que la identificación y descomposición de objetos, la extracción de rasgos, la localización de defectos e incluso los defectos en líneas de ensamblaje están sumamente relacionados con las formas, es obvio el papel de la morfología en visión artificial.

Las transformaciones morfológicas, si se usan, constituyen usualmente una parte intermedia de la secuencia del procesamiento de imágenes. En una primera fase, la imagen es digitalizada y preprocesada usando operadores de convolución locales y luego es segmentada para obtener una imagen binaria en la que se separan los objetos del fondo. Las operaciones morfológicas pueden formar una segunda fase que opera sobre la forma de esos objetos. El último paso del procesamiento evalúa los resultados de la morfología usando descriptores numéricos o sintácticos.

²⁰ Profesor Georges Matheron (1930-2000) – PhD. Jean Serra

La morfología matemática se puede usar, entre otros, con los siguientes objetivos:

- 1. Pre-procesamiento de imágenes (supresión de ruido, simplificación de formas),
- Destacar la estructura de los objetos (extraer el esqueleto, marcado de objetos, envolvente convexa, ampliación, reducción),
- 3. Descripción cualitativa de objetos (área, perímetro, etc).

En este trabajo, utilizamos la morfología matemática en los tres casos enumerados; con el objetivo de obtener un objeto compacto de una representación tridimensional no exacta, eliminando el ruido, marcando claramente su área o perímetro y destacando su estructura.

4.2 Operaciones básicas sobre conjuntos

Sean A y B son conjuntos en un n-espacio E^n con elementos $a = (a_1,..., a_n)$ y $b = (b_1,..., b_n)$ respectivamente siendo ambos n-uplas.

1. La traslación de *A* por $x \in E^n$ que se nota A_x se define como

$$A_{\mathbf{x}} = \{ c | c = a + x, \text{ para algún } a \in A \}.$$

2. La reflexión de B notada B^{\land} se define como

$$B^{\wedge} = \{x \mid x = -b, \text{ para algún } b \in B\}.$$

3. Por último la diferencia de dos conjuntos A y B, notada A - B, se define mediante

$$A - B = \{x \mid x \in A, x \notin B\}$$

4.3 Morfología binaria

El lenguaje de la morfología matemática binaria es el de la teoría de conjuntos. Los conjuntos eEn morfología matemática los conjuntos representan las formas presentes en imágenes binarias o de niveles de gris. El conjunto de todos los píxeles blancos en una imagen en blanco y negro (binaria) constituye una descripción completa de la imagen.

Los puntos en un conjunto sobre los que se aplica la transformación son el conjunto de puntos seleccionado y el complementario (el no seleccionado). En las imágenes binarias los puntos seleccionados son los que no pertenecen al fondo.

Las operaciones primarias morfológicas son la erosión y la dilatación. A partir de ellas podemos componer las operaciones de apertura y clausura. Son eéstas dos operaciones las que tienen mucha relación con la representación de formas, la descomposición y la extracción de primitivas.

4.3.1 Dilatación binaria

La dilatación es la transformación morfológica que combina dos vectores utilizando la suma. La dilatación binaria fue usada primero por Minkowski, y en la literatura matemática recibe el nombre de suma de Minkowski. Si A y B son conjuntos en un *n*-espacio E^n con elementos $a = (a_1, ..., a_n)$ y $b = (b_1, ..., b_n)$,

respectivamente, siendo ambos n-uplas, entonces la dilatación de A por B es el conjunto de todos los posibles vectores que son suma de pares de elementos, uno de A y otro de B.

Más formalmente, la dilatación de *A* por *B* se nota $A \oplus B$ y se define mediante

$$A \oplus B = \{ c \in E^n | c = a + b \text{ para algún } a \in A \text{ y } b \in B \}$$

al ser la suma conmutativa, la dilatación también lo es: $A \oplus B = B \oplus A$.

Se puede probar que las siguientes definiciones de la dilatación son equivalentes

 $A \oplus B = \{x | (\mathbf{B}^{\wedge})_{x} \cap A \neq \emptyset \} = \mathbf{U}_{b \in \mathbf{B}} A_{b}$

En la práctica los conjuntos $A ext{ y } B$ no son simétricos. El primer elemento de la dilatación, A, está asociado con la imagen que se está procesando y el segundo recibe el nombre de elemento estructural, la forma que actúa sobre A en la dilatación para producir $A \oplus B$.

Cuando se realiza una dilatación con un elemento estructural que contiene el cero, lo que realizamos es la expansión de una imagen y es fácil pensar en una implementación paralela. Algunos ejemplos se muestran en las *figuras a-1* y *a-2*. Es importante tener en cuenta que el sistema de coordenadas que se usará en este tema es (fila,columna).



Figura a-1. Ejemplo de dilatación. (a) Elemento estructural, *B*. (b) Imagen, *A*. (c) Resultado de la dilatación $A \oplus B$



Figura a-2. Otro ejemplo de dilatación. (a) Elemento estructural, B. (b) Imagen, A. (c) Resultado de la dilatación A \oplus B

La dilatación tiene las siguientes propiedades

- 1. La dilatación por el trasladado de un elemento estructural es el trasladado de la dilatación: $A \oplus B_t = (A \oplus B)_t$.
- 2. Propiedad distributiva: $A \oplus (B \cup C) = (A \oplus B) \cup (A \oplus C)$.
- 3. Asociatividad (iteración): $A \oplus (B \oplus C) = (A \oplus B) \oplus C$.
- 4. Crecimiento: $A \subseteq B \Longrightarrow A \oplus K \subseteq B \oplus K \quad \forall K$.

4.3.2 Erosión binaria

La erosión es la operación morfológica dual, un concepto que definiremos formalmente a continuación, de la dilatación. Es la transformación morfológica que combina dos conjuntos usando el concepto de inclusión. Si $A ext{ y } B$ son conjuntos en el espacio euclídeo *n*-dimensional, entonces la erosión de A por B es el conjunto de todos los elementos x para los que $x + b \in A$ para todo $b \in B$. La sustracción de Minkowski está muy relacionada con la erosión.

La erosión de A por B se nota $A \otimes B$ y su definición es

 $A \otimes B = \{x \in E^{n} | x + b \in A \text{ para todo } b \in B\}$

un ejemplo de erosión se encuentra en la figura a-3.



Figura a-3. Ejemplo de erosión. (a) Elemento estructural, B. (b) Imagen, A. (c) Resultado de la erosión A ® B



Figura a-4. (a) Elemento Estructural, B. (b) Imagen, A. (c)Resultado de la erosión con tolerancia A ®^t B.
(d) Resultado de la erosión A ® B

En este trabajo, utilizamos una variación de la erosión a la que llamamos erosión con tolerancia. La erosión con tolerancia de una imagen, A, por un elemento estructural, B, es el conjunto de todos los elementos

 $x \in E^n$ para los cuales *B* trasladado por *x* está parcialmente contenido en *A*. Esta parcialidad está especificada por el coeficiente *t*. La definición de erosión con tolerancia queda de la siguiente manera:

$$A \otimes^{t} B = \{x \in E^{n} \mid (\#\{b \in B \mid x + b \in A\} \mid \#B) \ge t\}$$

donde t es el coeficiente de tolerancia definido oportunamente. En la *figura a-4* se visualiza un ejemplo de la erosión con tolerancia.

La utilidad de la erosión puede apreciarse mejor cuando ésta se expresa de forma diferente. La erosión de *A*, por el elemento *B*, es el conjunto de todos los elementos $x \in E^n$ para los cuales *B* trasladado por *x* está contenido en *A*. La demostración es inmediata y se tiene

$$A \circledast B = \{ x \in E^n \mid B_x \subseteq A \}$$

Mientras que la dilatación puede representarse como la unión de los trasladados, la erosión puede representarse como la intersección de los trasladados negativos

$$A \otimes B = \bigcap_{b \in B} A_{-b}$$
.

La erosión se concibe usualmente como una reducción de la imagen original. En términos de teoría de conjuntos, <u>se suele pensar que</u> el conjunto erosionado se suele pensar que siempre está contenido en el original. Una transformación que cumple esta propiedad se dice antiextensiva. Sin embargo, la erosión es antiextensiva cuando el origen pertenece al elemento estructural. Esto es, si $0 \in B$, entonces $A \otimes B \subseteq A$, la demostración de esta propiedad, al igual que de las anteriores, es obvia.

Al igual que la dilatación, la erosión es también consistente con la inclusión: si $A \subseteq B$ entonces $A \otimes K \subseteq B \otimes K$.

Además la erosión por un elemento estructural mayor produce un resultado menor si $K \subseteq L$ entonces $A \otimes L \subseteq A \otimes K$.

La dilatación y la erosión son muy similares en el sentido de que lo que uno hace al objeto el otro lo hace al fondo. Esta relación puede formularse como una relación de dualidad.

Dos operadores son duales cuando la negación de una formulación empleando en el primero es igual a la misma formulación empleando el segundo operador en la variable negada.

Un ejemplo es la ley de DeMorgan que establece la dualidad entre la unión y la intersección $(A \cup B)^c = A^c \cap B^c$, siendo la negación el complementario.

En morfología la negación de un conjunto puede ocurrir de dos formas diferentes: en un sentido lógico, siendo la negación la complementación o en un sentido geométrico, siendo la negación el cambio de la orientación de un conjunto con respecto a los ejes de coordenadas. Esta negación recibe el nombre de reflexión.

Sea $B \subseteq E^n$, la reflexión de B : "B^" la hemos definido como:

$$B^{\wedge} = \{x | \text{ para algún } b \in B, x = -b\}$$

Como se ve en el siguiente teorema, el complemento de la erosión es la dilatación de un complemento por reflexión. La dualidad de dilatación y erosión usa negaciones lógicas y geométricas por los diferentes papeles jugados por la imagen y el elemento estructural.

Teorema. Dualidad de la erosión y la dilatación.

 $(A \otimes B)^{c} = A^{c} \oplus B^{\wedge}$

Demostración: puede encontrarse en [43]

Como corolario tenemos

Corolario.

$$(A \oplus B)^{c} = A^{c} \otimes B^{\wedge}$$

Algunas de las propiedades de la erosión se resumen en la lista siguiente

- 1. Propiedad Distributiva: $A \otimes (K \cup L) = (A \otimes K) \cap (A \otimes L)$
- 2. Localización: $(A \cap B) \otimes K = (A \otimes K) \cap (B \cap K)$

Finalmente, con respecto a la descomposición de elementos estructurales, una regla de la cadena para la erosión se verifica cuando el elemento estructural se puede descomponer mediante dilatación.

$$A \otimes (B \oplus C) = (A \otimes B) \otimes C$$

4.3.3 Algoritmos morfológicos basados en la erosión y la dilatación

Basándonos en la discusión anterior, podemos ahora abordar algunos usos prácticos de la morfología. Cuando trabajamos con imágenes binarias, la principal aplicación de la morfología es la extracción de componentes de la imagen que son útiles para la descripción y representación de formas, en particular consideraremos los algoritmos morfológicos para extraer fronteras, componentes conexas, envolventes





ightarrow b



В



Figura a-5. Extracción de fronteras de A usando la erosión, con el elemento estructural B

convexas y el esqueleto de una región. También es posible elaborar varios métodos para rellenar, aumentar, disminuir y podar regiones que se usan en conjunción con estos algoritmos como pre- o post- procesamiento.

En este apartado veremos sólo los algoritmos que están basados en erosiones y dilataciones simples



Figura a-6. Relleno de regiones. (a) Figura A, (b) Complemento de A, (c) elemento estructural B.(d), (e) y (f) Pasos del algoritmo. (g) resultado del algoritmo de relleno aplicado a A.

4.3.3.1 Extracción de fronteras

La frontera de un conjunto A, que se nota β (A), se puede obtener primero erosionando A por B y realizando posteriormente la diferencia entre A y su erosión. Es decir,

$$\beta(A) = A - (A \otimes B)$$

La *figura a-5* ilustra la mecánica de la extracción de fronteras, con un elemento estructural simple. Aunque el elemento estructural usado es muy simple, existen elecciones más complejas, por ejemplo de tamaño 5×5 que ampliaría el grosor de la frontera a dos o tres píxeles

4.3.3.2 Relleno de regiones

A continuación desarrollaremos un algoritmo simple basado en un conjunto de dilataciones, complementaciones e intersecciones para rellenar regiones. Veamos como hacerlo con un ejemplo, en la *figura a-6* tenemos una frontera, A, 8-conectada de una región, cuyo objetivo es rellenarla. Comenzamos con

un punto p dentro del objeto, es decir en la región, el objetivo es rellenar la región entera con unos (es decir, pintar los cuadros).

Estableciendo que todos los puntos no frontera son cero y determinan el complementario de A, *p* tiene el valor uno al comenzar el procedimiento. El siguiente procedimiento rellena la región con unos (píxeles grises).

$$X_k = (X_{k-1} \oplus B) \cap A^c$$
 $k = 1, 2, 3...$

donde $X_0 = p$ y *B* es el elemento estructural que se muestra en la *figura a-6(c)*. El algoritmo termina en la iteración *k* si $X_{k-1} = X_k$. La unión de los X_k y *A* es la frontera y la región rellena.





Es importante notar que el proceso anterior rellenaría la región entera si no hiciéramos la intersección con A^c , sin embargo esta intersección limita el proceso a la región de interés (este tipo de dilatación recibe a veces el nombre de *dilatación condicionada*). Es obvio que el proceso se puede extender a cualquier número de subconjuntos siempre que conozcamos puntos dentro de ellos. En el caso de no conocer a priori puntos que pertenezcan a la región a rellenar, necesitaremos un algoritmo (de otro tipo) que nos permita determinarlo. No es trivial encontrar una solución buena para este tipo de problemas.

4.3.3.3 Extracción de componentes conexas

Con el concepto de conectividad veamos como utilizar la morfología matemática para extraer componentes conexas, un concepto que es básico en muchas aplicaciones del análisis de imágenes. Supongamos que Y representa una componente conexa contenida en un conjunto A y supongamos que conocemos un punto p que pertenece a dicha región. Entonces, el siguiente procedimiento puede utilizarse para extraer Y

$$X_k = (X_{k-1} \oplus B) \cap A$$
 $k = 1, 2, ...$

donde $X_0 = p$, *B* es un elemento estructural apropiado, la condición de convergencia se establece como $X_{k-1} = X_k$ con $Y = X_k$. La *figura a-6* muestra un ejemplo de aplicación, la forma del elemento estructural supone 8-conectividad en los píxeles.



Figura a-8: Aplicación de la transformación ganancia-pérdida para encontrar esquinas superiores derechas

4.3.4 Transformación ganancia-pérdida

La transformación morfológica de ganancia-pérdida es una herramienta básica para la detección de formas.

Sea B = (J, K) donde *J* es el conjunto formado por los elementos de *K* asociados con el objeto y B_2 el asociado con el fondo, la **transformación ganancia-pérdida** se define como

$$A \otimes B = (A \otimes J) \cap (A^{c} \otimes K)$$

Por tanto, el conjunto A B contiene todos los puntos en los que simultáneamente J tiene una ganancia en A y K la tiene en A^{c} .

Utilizando la definición de diferencia de conjuntos y la relación dual entre la erosión y la dilatación, podemos escribir la ecuación anterior como

 $A\otimes B=(A \circledast J) - (A\otimes K^{\wedge})$

Un ejemplo de aplicación de la transformación ganancia-pérdida es la búsqueda de puntos aislados, si $J = \{(0, 0)\}$ y $K = \{(0, 1), (0, -1), (1, 0), (-1, 0)\}$, entonces $I \otimes B$ es el conjunto de todos los píxeles 4aislados. Por último, la *figura a-8* muestra como encontrar esquinas superiores derechas de imágenes usando transformaciones de ganancia-pérdida.

4.3.5 Algoritmos de morfología basados en la transformación gananciapérdida

4.3.5.1 Envolvente convexa

El concepto de envolvente convexa <u>ya</u> fue <u>ya</u>-introducido, siendo además un descriptor útil de las regiones de una imagen. Veamos ahora como obtener la envolvente convexa basándonos en la morfología matemática. Denotemos C(A) la envolvente convexa de un conjunto A, sean B^i , i = 1, 2, 3, 4 cuatro elementos estructurales. El procedimiento consiste en implementar la siguiente ecuación

 $X_k^i = (X \otimes \boldsymbol{\beta}^i) \cup A$ $i = 1, 2, 3, 4 \lor k = 1, 2, ...$



con $X_0^i = A$. Observemos que hemos usado la definición simplificada de la transformación ganancia-

Figura a-9. Cálculo de la envolvente convexa de un conjunto

pérdida con $\beta^i = (B^i, W - B^i)$. Sea ahora $D^i = X^i_{conv}$, donde el subíndice conv. indica convergencia en el sentido de que $X_k = X_{k-1}$. Entonces, la envolvente convexa de *A* es

$$C(A) = \mathrm{U}^{4}_{i=1} D^{i}$$

La *figura a-9* ilustra con un ejemplo el procedimiento para extraer la envolvente convexa. El origen está siempre en el centro del elemento estructural y los píxeles marcados \times no se usan para construir el complementario del elemento estructural

4.3.5.2 Disminución

La disminución de un conjunto *A* por un elemento estructural *B* puede ser definida en términos de la transformación ganancia-pérdida

$$A \otimes B = A - (A \otimes B) = A \cup (A \otimes B)^{\circ}$$

Una definición más útil para el adelgazamiento de *A* simétrico está basado en una sucesión de elementos estructurales como

$$\{B\} = \{B^1, B^2, \dots, B^n\}$$

donde B^i es una versión rotada de B^{i-1} . Usando este concepto definimos el adelgazamiento por una sucesión de elementos estructurales como

$$A\emptyset\{B\} = ((\dots((A\emptyset B^1)\emptyset B^2)\dots)\emptyset B^n)$$

en otras palabras el proceso es adelgazar A un paso con B^1 , entonces adelgazar el resultado con B^2 y así sucesivamente hasta B^n . El proceso se repite hasta que no ocurren cambios.

La figura a-10 muestra los elementos estructurales que son necesarios para construir la mconectividad de una región.



Figura a-10. Elementos estructurales para el cálculo de la m-conectividad

4.3.5.3 Ampliación

La ampliación es el dual morfológico de la disminución y se define mediante la expresión

$$A \Theta B = A \cup (A \otimes B)$$

donde *B* es un elemento estructural apropiado para la ampliación. Al igual que el adelgazamiento, la ampliación se puede definir también secuencialmente teniendo

$$A \Theta \{B\} = ((...(A \Theta B^{1}) \Theta B^{2})...) \Theta B^{n})$$

en el caso de la ampliación los elementos estructurales que se usan cambian los ceros por unos. Sin embargo, esta implementación directa no se suele usar, lo que se hace es adelgazar el fondo y luego calcular el complementario. En otras palabras, para ampliar *A*, calculamos $C = A^c$, lo adelgazamos creando *C* y luego calculamos C^c .

4.3.6 Apertura y clausura

Con los conceptos que hemos visto podemos comprender ahora mejor las razones por las que la dilatación y la erosión están muy relacionados con la forma. La erosión y la dilatación usualmente se emplean por pares, bien la dilatación seguida por la erosión o al revés. En cualquier caso, el resultado de esta aplicación sucesiva de erosiones y dilataciones es una eliminación de detalles menores que el elemento estructural, sin distorsionar la forma global del objeto.

Un aspecto fundamental de esta aplicación sucesiva es el hecho de que la aplicación sucesiva de erosiones y dilataciones es idempotente, es decir la aplicación sucesiva de estos operadores no cambia el resultado. La importancia práctica de este resultado es que las transformaciones idempotentes forman un estado completo de los algoritmos del análisis de imágenes ya que las formas podrían ser descritas en términos de los elementos estructurales bajo los cuales pueden ser abiertos o cerrados y quedarse igual.

Podría decirse que la apertura y la clausura corresponden dentro de la morfología a lo que las proyecciones ortogonales son al álgebra lineal. Una proyección ortogonal es idempotente y selecciona la parte de un vector que está en un determinado subespacio. Análogamente, la apertura y la clausura proporcionan los medios por los cuales seleccionar subformas y superformas de una forma compleja.

Como hemos visto, cuando el elemento estructural contiene el origen, la dilatación expande la imagen y la erosión la reduce. En esta sección discutiremos otras dos importantes operaciones morfológicas: apertura y clausura. La apertura generalmente suaviza los contornos de una imagen.

La apertura de A por un elemento estructural K se nota $A \circ K$, se define como

$$A \circ K = (A \otimes K) \otimes K$$

que en palabras establece que la apertura de A por K es simplemente la erosión de A por K, seguido de la dilatación del resultado por K.

La clausura de A por un elemento estructural K se nota $A \bullet K$, se define como

$$A \bullet K = (A \otimes K) \otimes K$$

que en palabras establece que la clausura de A por K es simplemente la dilatación de A por K, seguido de la erosión del resultado por K.

Si A no cambia con la apertura con K diremos que A es abierto con respecto a K. Si A no cambia con la clausura con K diremos que A es cerrado con respecto a K.

La habilidad de una apertura para seleccionar de un conjunto el subconjunto que se acopla al elemento estructural es clara por el teorema de caracterización

$$A \circ K = \{x \in A \mid \text{ para algún } t \in A \otimes K, x \in K_t \text{ y } K_t \subseteq A\}$$

La apertura de *A* por *K* selecciona los puntos de *A* que se acoplan a *K* en el sentido de que los puntos pueden ser cubiertos por alguna traslación del elemento estructural *K* que esté contenido completamente en *A*. Si tomamos un disco como elemento estructural suavizaremos los contornos, romperemos uniones estrechas entre partes de conjuntos y eliminaremos salientes estrechos. La clausura tiende a suavizar las secciones de contornos pero en sentido inverso, une separaciones estrechas y golfos (formas \supset) estrechos, elimina huecos y pequeñas discontinuidades en las fronteras.

Reorganizando la información del teorema de caracterización tendremos

 $A \circ K = \bigcup_{y \in A \otimes K} K_y = \bigcup (K_y \subseteq A) K_y$

lo que produce una imagen muy clara de lo que hace la apertura. La apertura $A \circ K$ se obtiene pasando el elemento estructural K dentro de A y no permitiéndole que salga. Hemos probado algo más, de la fórmula anterior se deduce que $A \circ K = A \circ K_x$ para cualquier x. Veamos una interpretación geométrica simple de la apertura. Supongamos que consideramos el disco que constituye un elemento estructural *K* como una bola plana que rueda en R^2 . La frontera de $A \circ K$ viene dada por los puntos de la frontera de *K* que alcanzan la parte más lejana de la frontera de *A* cuando *K* rueda alrededor de la parte interior de la frontera.



Figura a-11: Extracción de cuerpo y asa. (*a*) contiene la imagen *A*, (*b*) el elemento estructural *K*, (*c*) la apertura $A \circ K y(d) A - A \circ K$.

La *figura a-11* ilustra como podemos usar la apertura para descomponer objetos. Supongamos un cuadrado unido a un asa. El procedimiento descrito en la figura nos sirve para separar las dos partes.

Se cumple la dualidad entre apertura y clausura, es decir,

 $(A \bullet K)^{c} = A^{c} \circ \mathbf{K}^{\wedge}$

El teorema de caracterización para la apertura y la dualidad entre apertura y clausura nos lleva a la caracterización de la clausura que establece que

$$A \bullet K = \{x \mid x \in \mathbf{K}^{\wedge_t} \text{ implica } \mathbf{K}^{\wedge_t} \cap A \neq \emptyset \}$$

La clausura de *A* incluye todos los puntos que cumplen la condición de que cuando son cubiertos por un trasladado del reflejado del elemento estructural, este trasladado y *A* deben tener intersección no vacía. De nuevo esta transformación es invariante por traslaciones del elemento estructural.

La apertura y clausura con un elemento estructural isotrópico se usa para eliminar detalles específicos más pequeños que el elemento estructural sin distorsionar la forma global de los objetos.

De los teoremas de caracterización se sigue que la apertura es antiextensiva, $A \circ K \subseteq A$, y la clausura es extensiva, $A \subseteq A \bullet K$.

Otro aspecto significativo de estas operaciones es que son idempotentes, es decir,

$$X \circ B = (X \circ B) \circ B$$
$$X \bullet B = (X \bullet B) \bullet B$$

4.3.7 Algoritmos morfológicos basados en aperturas y clausuras

Veamos como se puede calcular el esqueleto morfológicamente.

Serra ([35]) entre otros probó que el esqueleto de un conjunto A puede ser expresado en términos de erosiones y aperturas. Esto es, con S(A) notando el esqueleto de A, se puede probar que

$$S(A) = \mathrm{U}^{L}_{l=0} S_{\mathrm{l}}(A)$$

con

$$S_{k}(A) = \mathrm{U}_{l=0}^{L} \{ (A \otimes lK) - [(A \otimes lK) \circ K] \}$$

donde $A \otimes lK$ denota la aplicación sucesiva de *l* erosiones a $A \ge L$ es el último paso iterativo antes de que *A* se erosione a un conjunto vacío. En otras palabras,

$$L = \max\{l | (A \otimes lK) \neq \emptyset\}$$

La formulación dada en las ecuaciones anteriores establece que el esqueleto de A puede obtenerse como la unión de los subconjuntos de esqueletos $S_k(A)$. Puede probarse también que

$$A = \mathrm{U}_{l=0}^{L} \left(S_{\mathrm{l}}(A) \oplus lK \right)$$

5 Apéndice B – Segmentación de imágenes

5.1 Introducción

Un paso importante en el análisis de imágenes es generalmente segmentar la imagen en regiones. Una región, en una imagen, es un grupo de píxeles conectados (un concepto que necesita ser definido precisamente) que tienen propiedades similares. Es obvio que las regiones son importantes para la interpretación de las imágenes pues pueden corresponder a objetos en la escena. Una imagen puede contener varios objetos y además cada objeto puede contener varias regiones que corresponden a partes del mismo.

Para que una imagen pueda ser interpretada correctamente, tiene que ser dividida en regiones que correspondan a objetos o partes de ellos. Sin embargo, debido a los errores de segmentación, la correspondencia entre regiones y objetos puede no ser perfecta y deberemos utilizar conocimiento específico en etapas posteriores de la interpretación de las imágenes (ej.: registración). Cuanto más precisa sea esta correspondencia, menos esfuerzo será necesario en las etapas posteriores de la interpretación de la imagen.

Si bien el algoritmo propuesto es presentado en 3D, en este apéndice hablaremos principalmente de la segmentación en dos dimensiones, para la mejor comprensión del texto.

5.2 Regiones y bordes

Consideremos una imagen simple que contenga diferentes objetos. El primer paso en el análisis para *entender* una imagen es particionar la imagen de forma que las regiones que representan diferentes objetos son marcadas explícitamente. Estas particiones pueden ser obtenidas a partir de las características de los niveles de gris en la imagen, o utilizando alguna otra. Así pues, podría decirse que los valores de gris en las posiciones de la imagen son las observaciones y que los otros atributos, como la pertenencia a regiones, deben obtenerse a partir de los niveles de gris. Existen varias maneras y familias de algoritmos para particionar una imagen en regiones; aquí trataremos principalmente dos aproximaciones: *segmentación basada en regiones* y *estimación de la frontera utilizando detectores de bordes*.

En la aproximación basada en regiones todos los píxeles que corresponden a un objeto se agrupan juntos y son se marcados marcan para indicar que pertenecen a una región. Este proceso recibe el nombre de *segmentación*. Los píxeles son asignados a regiones según algún criterio que los distingue del resto de la imagen. Dos principios muy importantes en la segmentación son valor de similitud y proximidad espacial. Dos píxeles pueden ser asignados a la misma región si tienen características similares de intensidad y si están próximos. La varianza de los niveles de gris en una región y la compactificación de una región pueden ser también usadas como valores de similitud y proximidad entre píxeles respectivamente.

Los principios de similitud y proximidad aparecen por la hipótesis de que los puntos de un mismo objeto producirán en la imagen píxeles con niveles de gris similares y próximos espacialmente. Obviamente, esto no es cierto en muchas situaciones. Podemos, sin embargo, agrupar píxeles en una imagen utilizando estos principios y usar conocimiento que depende del dominio para realizar la correspondencia objeto-región.

Al igual que hemos abordado el problema de la segmentación por similitud entre los niveles, es posible también realizar este proceso mediante lo que se denomina *disparidad*. El objetivo es encontrar los píxeles que se encuentran en las fronteras de las regiones. Estos píxeles, llamados bordes, pueden localizarse examinando los píxeles vecinos. Puesto que los píxeles llamados bordes están en la frontera de las regiones y éstas suelen tener diferentes niveles de gris a cada lado, lo que necesitamos es medir las diferencias entre los

píxeles vecinos. La mayoría de los detectores de bordes usan sólo las características de la intensidad para su detección, aunque algunos aspectos como la textura y el movimiento también aportan información. Observemos, por ejemplo, que en una segmentación para detectar objetos en movimiento la comparación se haría entre lo observado en dos imágenes consecutivas.

En imágenes ideales, una región estará acotada por un contorno cerrado. En principio, la segmentación de regiones y detección de bordes debería producir los mismos resultados. Las fronteras (cerradas) podrían obtenerse entonces a partir de las regiones utilizando un algoritmo de seguimiento de fronteras. Análogamente, las regiones <u>se</u> pueden obtenerse a partir de los bordes usando un algoritmo de relleno. Por desgraciaLamentablemente, en las imágenes reales es raro obtener tanto bordes a partir de regiones ni la segmentación de regiones ni la detección de bordes proporcionan información perfecta.

En este tema vamos a abordar la segmentación de imágenes desde los puntos de vista de la similitud y disparidad, aunque desde este punto de vista algo fue analizado en el tema anterior. Sin embargo, realizaremos una subdivisión adicional, los métodos de segmentación serán divididos en tres grupos en función de los rasgos dominantes que emplean. Primero *Conocimiento global* sobre la imagen o sus partes; este conocimiento se basa principalmente en el histograma de los rasgos, para continuar con la *segmentación basada en bordes* y la *segmentación basada en regiones*.

Antes de pasar a estudiar estos modelos de segmentación, definamos precisamente que entenderemos por segmentación. Una segmentación completa de una imagen R es un conjunto finito de regiones $R_1,...,R_s$ tales que

$$R = U^{S}_{i=1} R_{i} \qquad \qquad R_{i} \cap R_{j} = \emptyset \qquad \qquad i \neq j$$

5.3 Segmentación basada en "Thresholding" (Umbralización)

Consideremos el histograma de niveles de gris mostrado en la *figura b-1* correspondiente a una imagen f(x, y) compuesta de objetos oscuros sobre fondo luminoso, de forma que los píxeles en los objetos y fondo tienen niveles de gris agrupados en dos modas dominantes. Una forma obvia de extraer los objetos del fondo es seleccionar un umbral *T* que separe estas modas. Es decir, escribir

$$g(i, j) = \begin{cases} 1 & f(i, j) \ge T \\ 2 & f(i, j) < T \end{cases}$$

Esta ecuación tiene muchas modificaciones. Una posibilidad es segmentar la imagen en regiones de píxeles con nivel de gris en un conjunto D y el resto como fondo. También podemos utilizar umbrales múltiples, lo que produce imágenes no binarias con un conjunto muy limitado de niveles de gris, el proceso sería

$$g(i,j) = 1 \operatorname{si} f(i,j) \in D_1$$

$$= 2 \operatorname{si} f(i,j) \in D_2$$

$$= 3 \operatorname{si} f(i,j) \in D_3$$
...
$$= n \operatorname{si} f(i,j) \in D_n$$

$$= 0 \text{ en el resto}$$



Figura b-1. Imagen original y su histograma.

Este tipo de "umbralización multi-nivel" es generalmente menos fiable que la umbralización en dos regiones. La razón está en que es difícil establecer múltiples umbrales que aíslen regiones correctamente, especialmente cuando hay muchas modas (máximos locales).

Antes de seguir con el análisis de los métodos de umbralización, es importante tener en cuenta el papel de la iluminación en la segmentación. Si bien no será tratado en este trabajo, es posible encontrar mas información sobre el tema en [44].

Es claro que para hacer la segmentación más robusta, el umbral debería ser seleccionado automáticamente por el sistema. Tanto el conocimiento sobre la escena como el del problema a resolver y cualquier otro conocimiento debería ser usado para fijar el umbral. La información de la que podemos

disponer puede venir proporcionada por las características de los objetos, el tamaño de los mismos, la fracción de la imagen ocupada por los objetos y los diferentes tipos de objetos que pueden aparecer en la imagen.

5.3.1 Método P-cuantil

Este método usa conocimiento sobre el área o el tamaño del objeto que se desea extraer para segmentar la imagen. Supongamos que en una aplicación determinada los objetos ocupan alrededor del p por ciento del tamaño del área de la imagen. Utilizando este conocimiento es posible particionar la imagen de modo que asigne el p por ciento de los píxeles al objeto.

Es claro que el uso de este método es muy limitado. Sin embargo, en aplicaciones como preprocesamiento para reconocimiento de caracteres es muy útil.

5.3.2 Método de la Moda

Supongamos que una imagen contiene sólo dos regiones con diferente nivel de gris. El histograma de tal imagen puede considerarse como un estimador de la densidad de probabilidad del nivel de gris, p(z). Esta densidad es la suma o mixtura de dos densidades unimodales, una para la región luminosa y otra para la región oscura. Además, los parámetros de mixtura son proporcionales al área de cada región. Si la forma de la densidad es conocida o se supone conocida, es posible determinar un umbral, en términos de error mínimo que segmente la imagen en las dos regiones.

Veamos el proceso, supongamos que una imagen contiene dos valores combinados con ruido gausiano aditivo. La función de densidad de la mixtura es

$$p(z) = P_1 p_1(z) + P_2 p_2(z)$$

Donde P_1 y P_2 cumplen las condiciones $P_1 + P_2 = 1$ y las distribuciones asociadas a $p_1(z)$ y $p_2(z)$ son $\mu N(\mu_i, \sigma^{s_i}), i = 1, 2$, respectivamente. Si todos los parámetros son conocidos, podemos determinar el umbral fácilmente.

Supongamos que las regiones oscuras corresponden a fondo y las luminosas a objetos. En este caso, $\mu_1 < \mu_2$ y podremos encontrar un umbral *T* de modo que todos los píxeles con nivel de gris por debajo de él son considerados puntos de fondo y por encima puntos de objeto. Tendremos entonces que la probabilidad de clasificar erróneamente un punto de objeto como de fondo es

$$E_1(T) = \int_{-00}^{T} p_2(z) dz$$

y la probabilidad de clasificar erróneamente un punto de fondo como de objeto es

$$E_2(T) = \int_{0}^{0} p_1(z) dz$$

La probabilidad de error total es

$$E(T) = P_2 E_1(T) + P_1 E_2(T)$$

Para encontrar el umbral para el que este valor es mínimo derivamos la ecuación anterior y tendremos que el umbral debe satisfacer

$$P_1p_1(T) - P_2p_2(T) = 0$$

Aplicando este resultado a la distribución gaussiana, tomando logaritmos, tendremos
$$\log P_1 - \frac{(T - \mu_1)^2}{2\sigma_1^2} - \log(\sigma_1) = \log P_2 - \frac{(T - \mu_2)^2}{2\sigma_2^2} - \log(\sigma_2)$$

que produce una ecuación cuadrática en *T* que hemos de resolver. Si por ejemplo las dos varianzas son iguales y las notamos σ^2 tendremos que

$$T = \frac{\mu_1 + \mu_2}{2} + \frac{\sigma^2}{\mu_1 - \mu_2} * \log(P_1 / P_2)$$

En este caso si las probabilidades iniciales son iguales $P_1 = P_2$, el umbral óptimo es la media de las medias.

Es claro que para el análisis anterior necesitamos conocer los parámetros que caracterizan a las distribuciones, parámetros que en muchas ocasiones no son conocidos. Una posibilidad es usar el error cuadrático medio y minimizar

$$\sum_{i=1}^{n} [p(z_i) - h(z_i)]^2$$

donde la mixtura de las distribuciones normales se nota p(z), el histograma observado es h(z) y n es el número de puntos.

Junto a esta posibilidad de estimación de los parámetros, es también posible diseñar métodos iterativos. Una aproximación muy simple es la dada por el siguiente algoritmo para encontrar iterativamente el umbral.

Selección Iterativa del Umbral

- 1. Seleccionar un estimador inicial del umbral T. Un buen valor puede ser la media de la imagen.
- 2. Realizar la partición de la imagen utilizando este umbral T, obteniendo así las regiones R_1 y R_2 .
- 3. Calcular las medias de estas particiones, μ_1 y μ_2 , respectivamente.
- 4. Seleccionar un nuevo umbral $T = \frac{\mu_1 + \mu_2}{2}$
- 5. Repetir los pasos 2 a 4 hasta que las medias μ_1 y $\mu_2 \frac{1}{000}$ cambien.

5.3.3 Umbralización adaptativa

Si la iluminación de la escena es desigual, entonces el método que acabamos de describir puede no ser apropiado. La iluminación desigual puede ser debida a sombras o la propia dirección de la iluminación. En todos estos casos, el mismo umbral no puede ser usado en toda la imagen. Los métodos adaptativos examinan regiones pequeñas de la imagen y entonces analizan la subimagen para obtener un umbral de sólo esa región.

Una aproximación muy simple para segmentar este tipo de imágenes es particionar la imagen en $m \times m$ subimágenes y seleccionar un umbral para cada subimagen basado en su subimagen. La segmentación final de la imagen es la unión de las regiones de sus subimágenes.

5.3.4 Umbralización en estructuras de datos jerárquicas

La idea de la umbralización utilizando estructuras de datos jerárquicas está basada en los métodos de umbralización locales o adaptativos que acabamos de describir. La idea es detectar la presencia de una región en una imagen de baja resolución y dar a la región más precisión en imágenes de altas a total resolución. Algunos métodos trabajan sobre estructuras de datos piramidales, donde las imágenes de baja resolución se calculan a partir de las de alta resolución utilizando promedios de niveles de gris. Los métodos más sencillos comienzan en la imagen de menor resolución (la de nivel mayor en la pirámide) aplicando cualquiera de los métodos de segmentación que hemos discutido. El paso siguiente produce mejor precisión en la segmentación-los píxeles próximos a las fronteras son resegmentados en fondo u objeto. Este crecimiento en la precisión se repite para cada par de niveles de la pirámide hasta llegar al nivel de resolución total en el que se obtiene la segmentación total. Una gran ventaja de este método es la enorme reducción del nivel de ruido puesto que las segmentaciones iniciales están basadas en versiones alisadas de la imagen.

Otra alternativa es buscar píxeles *significativos* en la imagen y segmentar la imagen en regiones de tamaño apropiado. La estructura piramidal se usa de nuevo bien con tamaño 2×2 o 4×4 , en este segundo caso con solapamiento. Un detector de píxeles importantes se aplica a todos los píxeles de la pirámide -este detector se basa en ventanas de tamaño 3×3 y responde si el píxel central difiere de la mayoría de los píxeles en su entorno. Se supone entonces que la existencia de píxeles significativos viene dada por la presencia de regiones diferentes en la imagen con total resolución. La parte de la imagen original que ha producido este entorno 3×3 es entonces umbralizada. El umbral se determina como la media del nivel de gris del píxel significativo (media de la región) y la media de sus ocho vecinos (media del fondo).

Aunque en esta sección hemos discutido las principales aproximaciones a la detección de fronteras basada en la umbralización, existen muchas variaciones que no han sido mencionadas. Para mayor información del tema se pueden consultar principalmente los libros [44], [46] y [47].

5.3.5 Selección del umbral basada en características de la frontera

Uno de los aspectos más importantes de la selección del umbral es su capacidad para identificar de una forma consistente los picos del histograma. Esta característica es particularmente importante para la umbralización automática en aquellas situaciones en las que las características de la imagen pueden cambiar sobre un amplio rango de intensidades. Es claro que las posibilidades de seleccionar un buen umbral aumentan si los picos del histograma son altos, estrechos, simétricos y separados por valles profundos.

Una aproximación para mejorar la forma del histograma es considerar sólo aquellos píxeles que son parte de o están cerca de la frontera entre objetos y fondo. Aunque las ventajas de esta aproximación son obvias, es claro que su principal problema es la hipótesis implícita de que la frontera entre objetos y fondo es conocida.

5.4 Técnicas de segmentación basadas en bordes

Históricamente el primer grupo de métodos de segmentación, que es todavía hoy muy importante es el basado en información sobre bordes en la imagen. Las técnicas de segmentación basadas en bordes se basan en los bordes encontrados en la imagen por los detectores. Los métodos de extracción de fronteras que hemos estudiado en el tema anterior no pueden ser utilizados como un resultado de segmentación. Otros pasos posteriores han de seguir para combinar los bordes en cadenas de bordes (ver las técnicas de relajación) que corresponden con fronteras de objetos en la imagen. El objetivo final es alcanzar al menos una segmentación

parcial, es decir, agrupar bordes locales en una imagen donde sólo cadenas de bordes con una correspondencia con objetos en la imagen o partes de la imagen están presentes.

Existen diferentes métodos para la segmentación basada en bordes que difieren en la estrategia para la construcción de la frontera, así como en la cantidad de información previa que se incorpora en el método. Es obvio, que a mayor información mejor segmentación. En este capítulo discutiremos sólo métodos que incorporan muy poca información en el proceso de segmentación. Métodos más complejos y también más efectivos son discutidos en [47].

5.4.1 Extracción de la frontera

Las fronteras son bordes unidos que caracterizan la forma de un objeto. Son, por tanto, útiles para calcular rasgos geométricos como tamaño u orientación.

5.4.1.1 Conectividad

Conceptualmente, las fronteras pueden encontrarse trazando los bordes conectados (bien sea 4 u 8 conectados). Sin embargo, hay dificultades asociadas con estas definiciones de conectividad, como muestra la



Figura b-2. Problemas con la conectividad.

figura b-2. Si utilizamos la 4-conectividad, los segmentos 1, 2, 3 y 4 serían clasificados como disjuntos, aunque obviamente parecen formar un anillo. Bajo la 8-conectividad estos segmentos estarían conectados, pero también lo estaría el interior con el exterior del anillo. En principio, esto podría resolverse utilizando tipos de conectividad distinta para los objetos y para el fondo, pero, obviamente hay otros problemas.

5.4.2 Seguimiento del contorno

Como el nombre sugiere, los algoritmos de seguimiento de contorno trazan las fronteras ordenando los puntos de tipo borde sucesivos. Un algoritmo simple para trazar fronteras cerradas en imágenes binarias es el siguiente:

- Comenzar dentro de la región A, (por ejemplo, el primer píxel que encontramos de la región cuando hacemos un rastreo por filas),
- Girar a la izquierda y pasar al píxel siguiente si estamos dentro de la región A, en caso contrario girar a la derecha y pasar al píxel siguiente,

Continuar hasta que se llegue al punto del que se partió.

La *figura b-3* muestra un ejemplo de como se sigue un contorno. Es interesante observar que algunos píxeles del contorno aparecen más de una vez. El contorno puede definirse como los puntos por donde se entra o sale de la región.



Figura D-3. Ejempio de Seguninento de contorno

5.4.2.1 Unión de bordes y búsqueda heurística en grafos

Una frontera puede ser también vista como un camino que se forma a través de un grafo construido uniendo los elementos bordes. Las reglas de unión dan la forma para conectar los bordes. Supongamos que un grafo con nodos en las posiciones x_k , k = 1, 2,... se forma desde el nodo A al B, supongamos que tenemos una función de evaluación $\phi(x_k)$ que da el valor del camino de A a B cuando pasa por el nodo x_k . En algoritmos de búsqueda heurística, examinamos los sucesores del nodo de salida A y seleccionamos el que maximiza ϕ (.). El nodo seleccionado se convierte ahora en el nodo de salida y se repite el proceso hasta que alcanzamos B. La sucesión de nodos seleccionada constituye la frontera. Observemos que el algoritmo no produce un óptimo global.

Veamos con un ejemplo estas ideas. Consideremos una matriz de tamaño 3 × 5 cuya magnitud de gradiente y dirección de contorno tangencial se muestran en la *figura b-4*. Un píxel X se considera unido a Y si las correspondientes direcciones de contorno forman un ángulo menor de 90° (ver *figura b-4*). Supongamos que la función de mérito que utilizamos $\phi(x)$ el la suma de los gradientes hasta llegar a x. Observemos que con este modelo, nuestro camino óptimo sería *ADEFB*, sin embargo el óptimo global es *ACDEFB* (ver *figura b-4*).

0	0	5	6	7	a	a
1	1	5	8	7	a	a
0	<u>1</u>	5	<u>6</u>	7	a	a
2	0	7	6	6	a	a
0	1	5	6	5	a	a
		(a)				

b	b	a	a
b	b	a	a
b	b	a	a
b	b	a	a
b	b	a	a

Figura b-5. Ejemplo de crecimiento de regiones a partir de puntos semilla

b

b

b

b

b

(b)





a a a

a a a

a a a

 \mathbf{a}

a a a

(c)

a a

Figura b-4. Unión heurística de bordes

5.5 Segmentación orientada a regiones

El objeto de los métodos de segmentación descritos en la sección anterior fue encontrar bordes entre regiones. Los métodos que examinaremos ahora construyen las regiones directamente.

Las regiones resultantes de los procesos de segmentación que ahora examinaremos deberán ser homogéneas y maximales, donde maximal significa que los criterios de homogeneidad no se cumplirán tras la unión de una región con alguna de sus adyacentes.

El criterio más simple de homogeneidad utiliza el nivel de gris medio de la región, algunas propiedades simples o un vector de medias para imágenes multibanda.

5.5.1 Unión de regiones

El método más natural para el crecimiento de las regiones es comenzar considerando cada píxel de la imagen como una región, obviamente en este caso cada región es homogénea, pero no necesariamente cumple el criterio de ser las regiones maximales, el proceso habrá de repetirse hasta que las regiones sean maximales. En algoritmo, el método sería:

- Definir una segmentación inicial que cumpla el criterio de homogeneidad,
- Definir un criterio para unir regiones adyacentes,
- Unir las regiones adyacentes si cumplen el criterio de unión, parar cuando no puedan unirse dos regiones sin romper el criterio de homogeneidad.

La implementación más simple de este algoritmo empieza con la unión de regiones comenzando la segmentación con regiones 2×2 , 4×4 u 8×8 . Las descripciones de las regiones se basan entonces en

propiedades estadísticas de los niveles de gris, como por ejemplo en el histograma, la descripción de una región se compara con la de otra adyacente, si coinciden se unen las regiones y se computa el nuevo descriptor de la región. En caso contrario las regiones se marcan como que no se pueden unir. El proceso continúa.

En general podría decirse que lo más importante es seleccionar el criterio para realizar la unión. Algunos criterios de tipo heurístico son

Unir dos regiones R_i y R_j si $w/P_m > \theta_I$ donde $P_m = min(P_i, P_j) P_i$ y P_j son los perímetros de R_i y R_j y W es el número de localizaciones de fronteras débiles, (píxeles que a ambos lados tienen una diferencia menor que un cierto umbral)

5.5.2 Unión de regiones por agregación de píxeles

Como es obvio el crecimiento de regiones es un procedimiento que agrupa píxeles o subregiones en regiones mayores. La forma más sencilla de este proceso es la llamada agregación de píxeles que comienza con un conjunto de píxeles semilla y a partir de ellos hace crecer la región añadiendo a dichos píxeles semilla aquellos vecinos que tienen propiedades similares (nivel de gris, color, textura).

Para ilustrar ese procedimiento consideremos la *figura b-5*, donde los números dentro de las celdillas representan niveles de gris. Sean los puntos de coordenadas (3,2) y (3,4) las semillas que consideraremos. Si utilizamos estos dos puntos semilla tendremos una segmentación que consiste en dos regiones a lo más: una región R_1 asociada con la semilla (3,2) y otra R_2 asociada con (3,4). La propiedad P que utilizaremos para incluir un píxel en una región es que la diferencia en valor absoluto entre los niveles de gris del píxel y la semilla sea menor que un umbral T. Cualquier píxel que cumpla la propiedad dada con relación a los dos píxeles es asignado arbitrariamente a una de las regiones. La *figura b-5 (b)* muestra el resultado para T = 3. Las dos regiones segmentadas se notan a y b. Con T = 8 tendríamos una única segmentación como se muestra en la *figura b-5(c)*.

Obviamente el método descrito presenta algunos inconvenientes como la selección de la semilla inicial y la del criterio de similitud. Un problema adicional es la determinación de un criterio de parada. No sólo se debería tener en cuenta en el criterio de parada el nivel de gris, conceptos como forma, tamaño, etc., son también importantes.

5.5.3 Separación y unión de regiones

El procedimiento que acabamos de describir hace crecer las regiones a partir de un conjunto de puntos semilla. Una alternativa es subdividir una imagen inicialmente en un conjunto de regiones disjuntas y luego unirlas o separarlas en un intento de que todas ellas:

- cubran la imagen completa,
- cada una de ellas esté conectada,
- sus intersecciones dos a dos sea el conjunto vacío,
- que algún predicado de homogeneidad sea verdadero en cada región y
- que la unión de dos cualesquiera de ellas no cumpla algún predicado de homogeneidad.



Figura b-6. Ejemplo de "quad-tree"

Sea *R* la imagen entera y seleccionemos un predicado de homogeneidad *P*. Supuesto que tenemos una imagen cuadrada una aproximación para segmentar *R* es subdividir la imagen sucesivamente en cuadrantes menores, de forma que tendremos que para cada región R_i , $P(R_i) = V$. Esto es, si P(R) = F, dividiremos el cuadrante en subcuadrantes y repetimos el proceso con los subcuadrantes obtenidos. Esta técnica de división puede representarse muy bien a través de los llamados quad-trees, esto es, un árbol en el que cada nodo tiene cuatro descendientes (ver *figura b-6*). Observemos que la raíz del árbol corresponde a la imagen original y que cada nodo es una subdivisión. En este caso, sólo R_4 se dividió más.

Si sólo realizamos procesos de separación podríamos terminar con regiones idénticas que fueran adyacentes pero no identificadas como una misma región. Este inconveniente puede resolverse si además de la separación le permitimos la unión. La idea es unir ahora regiones adyacentes cuyos píxeles combinados satisfagan el predicada *P*, esto es dos regiones adyacentes R_j y R_k son unidas cuando y sólo cuando $P(R_j \cup R_k) = V$.

La discusión anterior puede resumirse en el procedimiento siguiente

- 1. Dividir en cuatro regiones disjuntas cualquier región R_i para la que $P(R_i) = F$,
- 2. Unir cualesquiera dos regiones adyacentes R_j y R_k para las que $P(R_j \cup R_k) = V$,
- 3. Parar cuando no sea posible realizar mas uniones o divisiones.

La *figura b-7* ilustra el algoritmo de división y unión. La imagen consiste en un objeto único con fondo, con nivel de gris constante en el fondo como en el objeto. El predicado utilizado es $P(R_i) = V$ si todos



Figura b-7. Proceso de separación y unión usando quad-trees.

los píxeles en la región R_i tienen la misma intensidad. Como P(R) = F para la imagen completa, la dividimos como muestra la *figura b-7(a)*. En el paso siguiente, sólo la región en la zona superior izquierda cumple el predicado y por tanto no es cambiada. Las otras tres sí lo son, ver *figura b-7(b)*. En este momento podemos realizar un proceso de unión que no puede llevarse a cabo con los dos subcuadrantes que contienen la parte baja del objeto. La *figura b-7(c)* muestra el resultado de la operación de partición y unión. En este punto todas las regiones satisfacen P y la unión de las regiones obtenidas por la última división produce el resultado final que se muestra en la *figura b-7(d)*.

6 APENDICE C - Segmentación de imágenes: clasificación y estrategias

6.1.1 Introducción

En este apéndice, luego de presentar los problemas as comunes con los que se encuentra un algoritmo de segmentación y los distintos métodos clásicos empleados en la segmentación de imágenes cerebrales, se realiza una descripción y análisis de estos métodos para poder obtener sus características y saber cual resultará más beneficioso a la solución propuesta.

6.1.2 Descripción de los métodos de segmentación

Los algoritmos de segmentación para imágenes monocromáticas 3D generalmente_están basadosgeneralmente, en una de dos propiedades importantes de los valores de nivel de gris: discontinuidad y similitud. En la primer categoría, el enfoque es particionar una imagen basada en abruptos cambios en los niveles de gris. Las principales áreas de interés en esta categoría son el <u>"thresholding"</u> [16][26], la detección de puntos aislados y la detección de líneas y bordes en la imagen[27]. Para la segunda, los principales enfoques están basados en algoritmos topológicos y de regiones crecientes (Region Growing). El concepto de segmentar una imagen basado en continuidad o similitud del nivel de gris de los píxeles es aplicable a imágenes estáticas y dinámicas (variables en tiempo). También existen algoritmos que no se basan en estas propiedades, como los llamados de contornos activos y los más recientemente investigados, basados en redes neuronales.

De esta forma podemos clasificar a los algoritmos utilizados para la segmentación de imágenes 3D en seis grandes grupos según utilicen algoritmos de,

thresholding, detección de borde 3D, regiones crecientes, criterio topológico, contornos activos, redes neuronales.

6.1.3 Segmentación basada en Umbralización (Thresholding)

La segmentación de imágenes por thresholding o umbral es una técnica que permite localizar regiones en una imagen. Hay dos pasos en este proceso. En el primero, los elementos de la imagen deben ser clasificados de acuerdo a algún criterio, usualmente se utiliza el nivel de gris del voxel. Por ejemplo, se puede definir el valor máximo (threshold) o rango de valores (ventana de threshold o de umbrales) de voxels para identificar los objetos de interés. En el segundo paso se asume que cualquier voxel encontrado por este criterio de selección, no importa donde estée, es parte del objeto, se lo incluye y se transforma la imagen en imagen binaria.

Ruido y anisotropía, algo presente en todas las imágenes medicas 3D cerebrales, afectan considerablemente a la función gradiente y los métodos de <u>"thresholding"</u>

6.1.3.1 Descripción algorítmica

Cuando se tiene una imagen 2D compuesta de píxeles, en la cual se intenta detectar un objeto, se asigna un rango de valores a los píxeles que componen el objeto. Los que no estén dentro tendrán un valor fuera de ese rango.

El objetivo es <u>la</u>obtención de una imagen binaria. Ésta se realiza por la asignación a todos los pixeles de valor inferior al umbral un valor 1 y a todos los de valor superior un valor 0. Una forma de realizar este proceso se detalla a continuación.

1. el usuario indica un rango de grises que corresponde a los del objeto.

2. se determina el valor binario de cada píxel de la imagen comenzando desde la esquina superior izquierda, de la siguiente manera: si un píxel de la imagen tiene un valor dentro del rango, asigna el correspondiente valor 1 al píxel de la pantalla; sino le da un valor 0. Este procedimiento se extiende a todos los píxeles de la imagen. El procedimiento finaliza, cuando todos los píxeles han sido evaluados.

En una imagen 3D, el objeto de interés se diferencia del resto del volumen por la asignación de un único valor para los voxels que corresponden a un objeto. Esta técnica asume que el objeto de interés tiene un rango continuo de valores, y que en consecuencia, al resto de los objetos se les puede asignar uno distinto. Esta suposición, si bien es muy simple, es bastante fuerte y poco común que se cumpla en este tipo de imágenes A causa del ruido y el bajo contraste que poseen las imágenes médicas 3D, la segmentación por "thresholding", a menudo, no produce una acertada representación de tejidos blandos o duros. Con mayor razón entonces, no se recomienda esta clase de segmentación para este tipo de imágenes.

6.1.4 Segmentación basada en detección de bordes 3D

Es un método que produce información de los límites o contornos de un objeto. El algoritmo identifica la superficie de la estructura y extrae dicha superficie de la porción restante de la imagen digital 3D, [17][28].

Para detectar bordes en una imagen 3D se realiza, en primer lugar, una búsqueda de los llamados puntos críticos (estos puntos son los que, se supone, marcan el limite de la estructura), luego se unen estos puntos para formar los bordes, y finalmente, estos bordes van creciendo por la aplicación de máscaras en tres dimensiones[25][29]. El crecimiento del borde va formando los límites de dos regiones y de esta manera se pone de relieve el objeto de interés. En la práctica, este conjunto de voxels no siempre caracteriza un límite completo o suficientemente cerrado; esto se debe a causas varias, tales como el ruido, cortes en el límite por una intensidad no uniforme y otros efectos que introducen las discontinuidades en los niveles de gris.

6.1.4.1 Descripción algorítmica

Los bordes de las imágenes 3D pueden ser definidos en tres categorías:

- a. representando valores de discontinuidades de profundidad,
- b. discontinuidades del vector normal a la superficie,
- c. y superficie de curvatura extrema.

V _{3,3}			V _{2,3}			V1,3				
	V _{3,2}		V _{2,2}		V _{1,2}			V ₂	Va	V ₁
		V _{3,1}	V _{2,1}	V1,1				0.0	° 2	
V4,3	V4,2	V4,1	р	V _{0,1}	V _{0,2}	V0,3	│ ──►	V4	P	V ₀
		V _{5,1}	V6,1	V7,1				Vs	V6	V7
	V5,2		V6,2		V7,2					
V5,3			V6,3			V _{7,3}				

Figura c-1. Máscara de los bordes pliegue

Los bordes correspondientes a píxeles donde ocurre una discontinuidad de profundidad son llamados *bordes de salto* (jump edges). El segundo tipo de bordes, llamado *borde de pliegue* (fold edges), se encuentra donde hay una discontinuidad en el vector normal a la superficie. El tercer tipo de borde son los llamados *bordes planos* (smooth edges) y corresponden a los píxeles del extremo local de una curvatura. En [30], los bordes de salto son divididos en bordes de *límite* y bordes de *semipaso* para facilitar la extracción de bordes en paralelo. Además, los bordes de límites pueden ser extraídos usando un algoritmo de límite[31].

Este algoritmo introduce máscaras que se utilizan para extraer todos los píxeles que correspondan a algún conjunto de los mencionados anteriormente. Por ejemplo en la *figura c-1* se puede ver la máscara correspondiente a los bordes de pliegue. Dicha máscara consiste en ocho vectores V representando el valor del rango promedio a lo largo de este tipo de borde.

La técnica esta compuesta por dos pasos principales:

- 1. Extracción y vinculación de puntos críticos, y
- 2. Crecimiento de bordes.

En el primer paso la imagen 3D es cortada tomando todos los píxeles con el valor z que se encuentran dentro de un rango ($z_i+\Delta_z$). Aquí, Δ_z denota el ancho del corte. Los z_i toman los valores [1, Δ_z , $2\Delta_z$, ...,256]. Los cortes se afinan, según un cierto criterio, hasta forman contornos equiprofundos de un píxel de ancho (Equidepth Contours-EDC) reteniendo los píxeles externos de los mismos. Una vez obtenidos los cortes, el próximo paso es obtener los puntos críticos de esos EDC's. Hay distintos tipos de puntos críticos correspondientes a los diferentes bordes. Una vez extraídos se procede a la vinculación, donde los puntos correspondientes al mismo corte de la imagen ($z_i+\Delta_z$) no son vinculados, sino que se vinculan con los cortes vecinos. Dos puntos críticos de cortes adyacentes son vinculados si se encuentran muy cercanos y son del mismo tipo (pertenecientes al mismo tipo de borde). Este proceso retorna listas vinculadas, donde cada lista contiene puntos críticos correspondientes a un solo tipo de borde.

En el segundo paso los bordes van creciendo en dos pasos.

a) Extracción de píxeles esparcidos: la lista vinculada de puntos críticos correspondientes a un borde, puede no cubrirlo totalmente. Esto es debido a que todos los puntos críticos que pertenecen al mismo borde pueden no estar vinculados en una sola lista. Los píxeles de borde esparcidos que cubren todo el borde son obtenidos usando las listas de puntos críticos.

b) Completar el crecimiento de bordes: según el tipo de borde es el crecimiento.

- Bordes de pliegue: los píxeles de borde correspondientes a los bordes de pliegue son se tomados toman en pares adyacentes, y los píxeles que yacen entre ellos son se obtienenenidos usando los bordes más débiles.
- Bordes de semipaso: estos crecen tomando los píxeles de borde de semipaso en pares adyacentes y extrayendo los píxeles de semipaso que se encuentran entre ellos.
- Bordes de límite: la extracción de los píxeles esparcidos no es requerida para los de *borde de límite*. Un píxel correspondiente a cada borde de límite es suficiente para extraerlo completamente, lo cual es realizado utilizando el algoritmo de seguimiento de límites[31].

Las principales ventajas de este método son: las operaciones se limitan a un pequeño vecindario de puntos críticos (regiones de borde) solamente; los píxeles de bordes esparcidos son extraídos; la extracción del resto de los píxeles bajo la guía de los píxeles de borde esparcidos y bajo la utilización de una máscara de borde ajustable hace el método muy aceptable para imágenes ruidosas.

6.1.5 Segmentación utilizando Crecimiento de Regiones

En líneas generales, un algoritmo de crecimiento de regiones comienza seleccionando un conjunto conexo de puntos que cumplen con cierta característica, este conjunto es llamado semilla. Tal semilla debe estar contenida dentro del objeto a segmentar, para que los valores a tomar como guía sean los pertenecientes al mismo, y no externos. El algoritmo analiza recursivamente los puntos vecinos a aquellos que forman el conjunto mencionado. Si dichos vecinos cumplen con un criterio determinado, son incorporados al conjunto. El algoritmo se detiene cuando no existen vecinos del conjunto que cumplan con el criterio de aceptación

La idea principal de este método es, a partir de una semilla, ir incorporando los voxels que los rodean y cumplan con cierta condición. Comienza eligiendo zonas homogéneas, (en estos casos la homogeneidad estará dada por el nivel de gris que posean los voxels), y a partir de esa zona se van examinando los píxeles vecinos para determinar si pueden o no pertenecer a las mismas.

Si bien este método no se ve tan afectado por el ruido u otras discontinuidades, presenta ciertas dificultades tales como la selección de las semillas iniciales (que representen apropiadamente regiones de interés), y la selección de propiedades capaces de incluir puntos en varias regiones durante el proceso de crecimiento. En cuanto a la selección del criterio depende tanto del problema a tratar, como también del tipo de imagen disponible.

Un tema que no se debe subestimar es la formulación de la regla de corte. Básicamente, el algoritmo debería detenerse cuando no existan más píxeles para satisfacer el criterio de inclusión en una región. La habilidad en la definición de esta regla permitirá que el método incorpore todos los voxels que la definen.

6.1.5.1 Descripción algorítmica

El algoritmo requiere de la elección de "semillas" como punto de partida para la identificación de las distintas regiones. Estas "semillas" pueden estar formadas por un voxel o por un grupo de ellos. La elección de las mismas puede realizarse por un operador humano en forma manual (asistida) o por algún método automático. Con las semillas elegidas se forman los conjuntos iniciales a partir de los cuales se generaran las distintas regiones.

Luego de seleccionadas estas "semillas", se introducen los voxels vecinos en una estructura auxiliar ordenados por diferencia en el valor de gris del voxel con el valor homogéneo de la zona. De esta forma se determina si pueden pertenecer o no a la región que se intenta segmentar. Si los voxels cumplen la condición

para pertenecer a ella, se etiquetan y pasan a formar parte de la misma. En caso contrario se marca como ya procesado pero no perteneciente a la zona en cuestión. Luego se vuelve a hacer el mismo procedimiento con los vecinos de los nuevos voxels agregados a la región, y sin tener en cuenta los voxels ya evaluados. El proceso continúa hasta que se de la condición de corte. Resumiendo, para poder determinar si un voxel puede o no pertenecer a una zona determinada, el algoritmo compara el nivel de gris del mismo con un valor de homogeneidad de nivel de gris local común a la zona, llamado umbral. Así se examinan recursivamente todos los voxels no etiquetados, y de esta manera se incorporan a las zonas que correspondan por homogeneidad en el nivel de gris.

Como mencionamos antes, el resultado de este algoritmo depende mucho de la correcta elección de las "semillas". Si las regiones no poseen mucho ruido, cada voxel "semilla" de la zona tendrá un valor homogéneo de nivel de gris típico de esta región [14][32]. Sin embargo, si las regiones son ruidosas y se eligen "semillas" formadas por varios voxels, puede ser que éstas incluyan algún un voxel con un nivel de gris atípico, que puede provocar ruido al decidir sobre la "homogeneidad" o umbrales de la región.

Los algoritmos basados en regiones crecientes son robustos y más rápidos que los de detección de bordes 3D, aunque, como mencionamos arriba, la correcta elección de la semilla tiene incidencia directa sobre el éxito en la segmentación. Esta selección no es trivial y puede agregar un factor mas de complejidad al algoritmo; sobre todo si no es bien resuelta.

6.1.6 Algoritmos Topológicos de segmentación

Este método considera las figuras en escala de gris como relieves topográficos. En la representación topográfica de una imagen *i*, el valor numérico (por ejemplo, el nivel de gris) de cada píxel se entiende como la elevación en ese punto sobre el suelo. Tal representación es extremadamente útil, ya que permite obtener una mejor apreciación del efecto de una transformación en la imagen bajo estudio.

Las superficies topográficas son <u>se manejadas manejan</u> numéricamente a través de modelos digitales de elevación (Digital Elevation Model-DEM's). Estos son arreglos de números que representan la distribución espacial de las altitudes del terreno. La estructura de datos más comúnmente utilizada para las DEM's es una grilla cuadrada en el cual las elevaciones son igualmente espaciadas en dos direcciones ortogonales. La extracción automática de "watersheds" de los DEM's ha recibido mucha atención en años anteriores[33][34]. Estos "watersheds" son las líneas divisorias de agua (o crestas) que determinan los bordes necesarios para la identificación de las zonas homogéneas.

La técnica de algoritmos topológicos se puede encuadrar dentro de las que utilizan la similitud de nivel de gris para poder segmentar. Los algoritmos que se basan este método son bastante difíciles de implementar y hacen uso del gradiente de la imagen, por lo que resultan muy afectados por el ruido. Sin embargo, investigaciones recientes han logrado algoritmos que procesen la imagen original y no la gradiente[13]. Esto es un gran avance, pues el principal inconveniente del algoritmo residía en el preprocesamiento que necesitaba para eliminar el ruido y lograr una exitosa segmentación.

6.1.6.1 Descripción algorítmica

Como se ha mencionado, se considera una imagen en escalas de gris como un relieve topográfico. El nivel de gris de un voxel se corresponde con la elevación del terreno en ese punto, las cuencas y valles del relieve se identifican como áreas oscuras, y tanto las montañas como las líneas de cresta a áreas luminosas. La línea *watershed* puede ser intuitivamente introducida como el conjunto de puntos donde se produce una divisoria de aguas, también llamada línea de cresta; la que se obtiene, por ejemplo, por llenado de las cuencas.

En el campo del procesamiento de imágenes, más particularmente en Matemática Morfológica [4] [35], las escalas de gris son consideradas como relieves topológicos. En la representación topológica de una imagen el valor numérico de nivel de gris en cada voxel representa la elevación en ese punto.

Para llevar a cabo este algoritmo se utiliza un proceso llamado "de inmersión", en el cual se va inundando el terreno (la imagen) para determinar las líneas de cresta que separan las cuencas y de esta forma poderlas identificar. Para simular la "inmersión", estos algoritmos examinan los voxels de la imagen de menor a mayor por nivel de gris, de esta forma se marcan los voxels ya visitados y se determinan a quée cuenca pertenecen o caso contrario, si son una línea "*watershed*".

Este proceso consta básicamente de dos pasos principales, el primero ordena los voxels de menor a mayor por nivel de gris dejando a los mismos en alguna estructura que posea un acceso directo a la ubicación de estos en la imagen, y el segundo se encarga de "inundar" el terreno. Para determinar las variaciones de gris de la imagen se trabaja sobre el gradiente de la misma, de esta forma se reconocen los cambios bruscos en el nivel de gris.

Como este algoritmo se realiza sobre el gradiente de la imagen, porque las crestas de la imagen gradiente determinan bordes, sus resultados son muy dependientes de la cantidad de ruido que posea la imagen. Si esta posee mucho ruido, el gradiente se verá afectado, produciendo como resultado una segmentación pobre. Si la imagen es anisotrópica el caálculo del gradiente también traerá problemas para la segmentación dada la complejidad de resolver dicha cuestión.

6.1.7 Segmentación por Contornos Activos

Este método se basa en el uso de curvas minimizantes de energía conocidas como "Snakes" [36] para poder extraer los bordes de una imagen 3D, originándose así clases de "Modelos Deformables".

Se parte de una superficie deformable en tres dimensiones, la cual envuelve a la imagen 3D[21]. Esta superficie luego es deformada por la acción de fuerzas internas y externas de atracción. Posteriormente por medio de propiedades de superficies de energía minimizante se pueden determinar puntos pertenecientes a bordes en tres dimensiones.

Debido a su estabilidad, control y su propiedad de regularizar los datos sobre regiones de la imagen 3D, los modelos deformables ofrecen un razonable enfoque para resolver problemas tales como, la localización de los puntos en los bordes de la superfície de un objeto simple; este es el problema de segmentación; y el de la representación de la superfície, junto con su diferencia estructural para la subsecuente interpretación.

6.1.7.1 Descripción algorítmica

Las imágenes tridimensionales son representadas como un conjunto de voxels de intensidad. Un detector de bordes 3D, como fue desarrollado anteriormente, luego de un análisis local, provee un conjunto de elementos de bordes. Estos elementos de bordes no constituyen una segmentación. En este algoritmo se combina la información de un detector de bordes 3D con el método de modelos deformables aplicado directamente a los datos sólidos.

En los enfoques clásicos de segmentación, los rasgos son <u>se extraídos extraen</u> de las imágenes, para obtener una colección de datos y ubicaciones esparcidas; luego los métodos de reconstrucción son se usados usan para interpolar los datos esparcidos para formar una representación (y posible segmentación) de los datos

originales. En los enfoques tales como el de "Snakes"[36], se provee una estimación inicial (tal como una curva o superficie), y se usan métodos de optimización para refinar las estimaciones iniciales.

En los últimos acercamientos para este algoritmo de segmentación, se hace uso de fuerzas de inflación o peso, lo cual es adecuado para imágenes con ruido o con pérdida de información, tales como MRI.

Algunos de los rasgos más destacables de este algoritmo son:

Incorpora el uso de puntos de borde extraídos por un detector de borde local. Esto permite combinar la calidad de un buen detector local, por ej. Canny-Deriche [37][38], con un modelo activo global. Esto va acompañado por una atracción potencial que es generada enrollando una imagen binaria de borde con una respuesta de impulso Gaussiano.

Introduce una fuerza de presión interna con respecto a una curva o superficie como si fuese un globo, el cual <u>esta está</u> siendo inflado. Agrega a las fuerzas previas, internas y externas, una fuerza presión empujando los bordes hacia fuera como si se introdujese aire. Separadamente se utilizan fuerzas de peso, las <u>euales-que</u> simulan la gravedad. Esto permite menos demanda en la inicialización y da una curva o superficie inicial más simple.

Reemplaza el método de diferencia finita de [36] con un método de elementos finitos [39]. Con el método de elementos finitos, se trabaja con funciones continuas sea cual fuere el tamaño de la grilla de puntos a la cual se le aplican las fuerzas externas.

Consideramos la aplicación de modelos de contornos deformables como un método para extraer objetos en una región dada de una imagen. La filosofía de este método es introducir una curva (o superficie) elástica en la imagen, y dejarla evolucionar desde una posición inicial bajo la acción de fuerzas internas y externas.

6.1.8 Algoritmos de segmentación basados en Redes Neuronales

Las redes neuronales artificiales (RNA) han <u>sobrellevado</u> parcialmente sobrellevado algunos de los problemas de la segmentación. Dichos problemas, coinciden con algunos de los mencionados en párrafos anteriores tales como: el ruido, las estructuras de máscaras, la variabilidad de las formas biológicas, la poca homogeneidad del tejido, etc.

Las principales ventajas del uso de RNA son: la capacidad de aprender de ejemplos y generalizar lo que han aprendido (redes feed-forward), el deshacerse del ruido[22], la tolerancia a fallas, el comportamiento óptimo de búsqueda (redes recurrentes), etc..[40][41].

Las arquitecturas basadas en redes feed-forward para la segmentación de estructuras especificas en MRI, CT e imágenes de rayos-X adoptan el conocimiento anatómico como un origen de la información a priori. Tal información es se usada para preparar un conjunto de módulos neuronales, los cuales segmentan estructuras complejas y de bajo contraste anatómico.

6.1.8.1 Descripción algorítmica

La primera discusión dirigida en sacar partido del conocimiento anatómico para la segmentación de imágenes médicas, es la definición de modelos adecuados de representación de las típicas apariencias de las estructuras que están siendo consideradas [42]. Tales modelos son se usandos para producir expectativas a priori acerca de los datos de entrada. Consecuentemente, una segunda discusión crucial en el uso del conocimiento anatómico es la correcta integración de los datos de entrada con las expectativas del modelo.

Las Redes Neuronales Artificiales (RNA) pueden naturalmente integrar el conocimiento anatómico con la información contenida en las imágenes sin requerir la formulación de descripciones de objetos explícitas.

El sistema consiste en un conjunto de módulos básicos (uno para cada estructura a ser segmentada). Cada módulo incluye tres bloques principales: una retina, un focalizador y un buscador de regiones (BR). La retina es la sección de entrada del sistema. Esta preprocesa la imagen de entrada para producir una imagen de salida de baja resolución, utilizada por el focalizador para ubicar la estructura elegida, y una imagen de salida de alta resolución, usada para segmentar por el BR.

La retina se compone de una capa de entrada que incluye tantas neuronas como píxeles haya en la imagen, y una capa de salida con un reducido numero de neuronas. Como en las retinas biológicas, las conexiones entre las neuronas de entrada y salida son locales y son preparadas en los campos de solapamiento centrados en cada neurona de salida.

Para el focalizador se diseñaron dos estructuras diferentes. Cuando se intenta segmentar una entidad simple, el focalizador esta totalmente conectado a la red con: a) tantas neuronas de entrada como el número de píxeles de baja resolución producidos por la retina, b) dos capas ocultas y c) una capa de salida la cual codifica las coordenadas del centro de la estructura bajo consideración. Cuando hay múltiples estructuras de interés, el focalizador tiene: a) una capa de entrada como una máscara cuadrada la cual recorre la imagen, b) dos capas ocultas, y c) una neurona de salida la cual dispara cuando una estructura objetivo entra en la máscara de entrada.

Una vez que el centro de la estructura considerada ha sido computado por el focalizador, una región de movimiento llamada Fovea, procesa la región de interés en la resolución espacial y el focalizador extrae los píxeles que corresponden a la estructura de interés.

Los métodos de segmentación basados en redes neuronales conllevan la desventaja de ser muy costosos en tiempo, lo cual hace que las investigaciones continúen innovando distintas técnicas para lograr resultados en tiempos eficientes.

6.2 Conclusiones sobre los distintos métodos de segmentación

Al ocuparse específicamente de imágenes médicas cerebrales 3D, es inevitable considerar el problema del ruido, provocado en su adquisición, como se ha hecho mención repetidas veces.

Algunos algoritmos encuentran dificultades para hallar la solución más precisa a causa de ello, y en frecuentes casos, debido a la complejidad temporal se vuelven prohibitivos. En particular, en el caso de los métodos basados en *"Thresholding"*, donde la complejidad observada en las imágenes no retorna una solución óptima, lo vuelve inapropiado para este tipo de imágenes. En el caso de *detección de bordes*, el uso de máscaras ajustables hace aceptable el manejo de imágenes ruidosas, pero resulta costoso por su complejidad temporal. Este también resulta un inconveniente para los algoritmos de *Crecimiento de Regiones*, donde la elección de sus semillas puede ser causa de problemas tales como la elección de regiones donde no hay objetos determinados; y cuando se realiza la elección de una semilla donde existe una distorsión en la imagen, es una posible causa de problemas para la formación de una zona.

En algunos algoritmos, el uso de máscaras que hacen el cálculo de gradiente sobre la imagen, como es el caso de los *topológicos*, hace que se vean muy afectados por el ruido de la imagen, y si se le suma el inconveniente de la anisotropía; necesitarán recurrir a complejos algoritmos para optimizar los resultados, lo que puede derivar en que el algoritmo resultante sea inapropiado para tratar el problema.

Los métodos de *contornos deformables* hacen uso de algoritmos detectores de bordes 3D, en consecuencia quedan limitados por las dificultades derivadas de dichos algoritmos.

Finalmente los métodos de segmentación basados en *redes neuronales* no tienen las trabas de los algoritmos descriptos, aunque su implementación implica un costo muy importante, lo que hace que no sea aceptable su performance general.

Por último, cabe agregar que sería deseable una segmentación con la integración de algunos de los algoritmos presentados, formando una técnica híbrida capaz de neutralizar los efectos no deseados en cada uno de los casos. O tomar un algoritmo cuyo resultado sea el deseado y lograr una técnica simple de pre y/o post procesamiento que elimine las debilidades del mismo, para asegurar una segmentación optima de la imagen que se desea analizar. El objetivo de obtener esta solución es producir resultados cuya calidad supere la de otros algoritmos, sin tener que recurrir a técnicas de reducción de sobre-segmentación. Se debe cumplir el objetivo sin dejar de lado la robustez; una característica importante que evita la necesidad de una fina configuración de los parámetros para obtener el resultado optimo, y simplifica la aplicación del algoritmo.

7 APÉNDICE D – Estructura de la base de datos

Descripción de la estructura física de la Base de Datos asociada al Atlas Cerebral.



atlas					
archivo	Text(100)				
xMinimo	LongInteger				
xMaximo	LongInteger				
yMinimo	LongInteger				
yMaximo	LongInteger				
zMinimo	LongInteger				
zMaximo	LongInteger				
Grispromedio	LongInteger				
Grisdesviacion	LongInteger				
xMinimoMascaraInf	LongInteger				
xMaximoMascaraInf	LongInteger				
yMinimoMascaraInf	LongInteger				
yMaximoMascaraInf	LongInteger				
zMinimoMascaraInf	LongInteger				
zMaximoMascaraInf	LongInteger				
xMinimoMascaraSup	LongInteger				
xMaximoMascaraSup	LongInteger				
yMinimoMascaraSup	LongInteger				
yMaximoMascaraSup	LongInteger				
zMinimoMascaraSup	LongInteger				
zMaximoMascaraSup	LongInteger				
grisDesdeVacioMasc	LongInteger				
grisHastaVacioMasc	LongInteger				
grisDesdeLlenoMasc	LongInteger				
grisHastaLlenoMasc	LongInteger				

datos organo y estudio	o conc	atenados
estudio y organo		Text
grisesperado		LongInteger
gris minimo esperado		LongInteger
gris maximo esperado		LongInteger
gris minimo admitido		LongInteger
gris maximo admitido		LongInteger
nombre	<fk></fk>	Text(50)
color		LongInteger
centroX		LongInteger
centroY		LongInteger
centroZ		LongInteger
orden de segmentacion		LongInteger
archivo semilla		Text(50)
porcentaje puntos		Double

datos organo y estudio							
nombre tipo estudio		Text(50)					
grisesperado		LongInteger					
gris minimo esperado		LongInteger					
gris maximo esperado		LongInteger					
gris minimo admitido		LongInteger					
gris maximo admitido		LongInteger					
Coeficiente desvio		Double					
nombre	<fk></fk>	Text(50)					
codigo	<fk></fk>	LongInteger					
color		LongInteger					
centroX		LongInteger					
centroY		LongInteger					
centroZ		LongInteger					
orden de segmentacion		LongInteger					
radio maximo para semilla		LongInteger					
archivo semilla		Text(50)					
porcentaje puntos		Double					

estudio y organos concatenados						
estudio y organo		Text				
tipo estudio.nombre		Text(50)				
organo atlas.nombre		Text(50)				
codigo	<fk></fk>	LongInteger				
color		LongInteger				
centroX		LongInteger				
centroY		LongInteger				
centroZ		LongInteger				
orden de segmentacion		LongInteger				
radio maximo para semilla		LongInteger				

organos no de un estudio						
estudio		Text(50)				
nombre	<fk></fk>	Text(50)				
codigo	<fk></fk>	LongInteger				
color		LongInteger				
centroX		LongInteger				
centroY		LongInteger				
centroZ		LongInteger				
orden de segmentacion		LongInteger				

Tabla: "Atlas"

Lista de Campos

Nombre Campo	Тіро	Ρ	М
Archivo	Text(100)	No	No
Xminimo	LongInteger	No	No
Xmaximo	LongInteger	No	No
YMinimo	LongInteger	No	No
yMaximo	LongInteger	No	No
zMinimo	LongInteger	No	No
zMaximo	LongInteger	No	No
Gris promedio	LongInteger	No	No
Gris desviacion	LongInteger	No	No

xMinimoMascaraInf	LongInteger	No	No
xMaximoMascaraInf	LongInteger	No	No
yMinimoMascaraInf	LongInteger	No	No
yMaximoMascaraInf	LongInteger	No	No
zMinimoMascaraInf	LongInteger	No	No
zMaximoMascaraInf	LongInteger	No	No
xMinimoMascaraSup	LongInteger	No	No
xMaximoMascaraSup	LongInteger	No	No
yMinimoMascaraSup	LongInteger	No	No
yMaximoMascaraSup	LongInteger	No	No
zMinimoMascaraSup	LongInteger	No	No
zMaximoMascaraSup	LongInteger	No	No
grisDesdeVacioMasc	LongInteger	No	No
grisHastaVacioMasc	LongInteger	No	No
grisDesdeLlenoMasc	LongInteger	No	No
grisHastaLlenoMasc	LongInteger	No	No

Tabla: "Datos organo y estudio"

Lista de Campos

Nombre Campo	Tipo	Ρ	Μ
nombre tipo estudio	Text(50)	No	No
gris esperado	LongInteger	No	No
gris minimo esperado	LongInteger	No	No
gris maximo esperado	LongInteger	No	No
gris minimo admitido	LongInteger	No	No
gris maximo admitido	LongInteger	No	No
Coeficiente desvio	Double	No	No
nombre	Text(50)	No	No
codigo	LongInteger	No	No
color	LongInteger	No	No
Centros	LongInteger	No	No
CentroY	LongInteger	No	No
CentroZ	LongInteger	No	No
orden de segmentacion	LongInteger	No	No
radio maximo para semilla	LongInteger	No	No
archivo semilla	Text(50)	No	No
porcentaje puntos	Double	No	No

Lista de Relaciones de la tabla

Se Relaciona con	Clave Primaria	Clave Foránea
Semillas	codigo	Codigo
tipo estudio	nombre	Nombre

Tabla: "datos organo y estudio concatenados"

Lista de Campos

Nombre Campo	Ti	Р	M
estudio y organo	Т	No	No
gris esperado	L	No	No
gris minimo esperado	L	No	No
gris maximo esperado	L	No	No
gris minimo admitido	L	No	No
gris maximo admitido	L	No	No
nombre	Т	No	No
Color	L	No	No
Centros	L	No	No
CentroY	L	No	No
CentroZ	L	No	No
orden de	L	No	No
archivo semilla	Т	No	No
porcentaje puntos	D	No	No

Tablas con las que se Relaciona

Se relacionada con	Clave	Clave Foránea
	Primaria	
tipo estudio	Nombre	nombre

Tabla: "elemento estructural X area"

Lista de Campos

Nombre Campo	Тіро	Р	Μ
codigo organo atlas	LongInteger	Si	Si
codigo operacion morfologia	LongInteger	No	No
codigo elemento estructural	LongInteger	No	No
x desde	LongInteger	No	No
hasta x minimo	SiNo	No	Si
x hasta	LongInteger	No	No
hasta x maximo	SiNo	No	Si
y desde	LongInteger	No	No
hasta y minimo	SiNo	No	Si
y hasta	LongInteger	No	No
hasta y maximo	SiNo	No	Si
z desde	LongInteger	No	No
hasta z minimo	SiNo	No	Si
z hasta	LongInteger	No	No
hasta z maximo	SiNo	No	Si
orden de aplicacion	LongInteger	No	No
porcentaje aceptacion erosion	Single	No	No

radio maximo para semilla	LongInteger	No	No
---------------------------	-------------	----	----

Tablas con las que se Relaciona

Se relacionada con	Clave	Clave Foránea
	Primaria	
organo atlas	codigo	codigo organo atlas
operaciones de morfologia matematica	codigo	codigo operacion morfologia
elementos estructurales	codigo	codigo elemento estructural

Tabla: "elementos estructurales"

Lista de Campos

Nombre Campo	Tipo	Ρ	Μ
Codigo	Counter	Si	Si
archivo	Text(50)	No	No
descripcion	Text(50)	No	No

Lista de tablas que le hacen referencia

Referenciada por	Clave	Clave Foránea
	Primaria	
elemento estructural X area	codigo	codigo elemento estructural

Tabla: "estudio y organos concatenados"

Lista de Campos

Nombre Campo	Tipo	Р	Μ
estudio y organo	Text	No	No
tipo estudio.nombre	Text(50)	No	No
organo atlas.nombre	Text(50)	No	No
Codigo	LongInteger	No	No
Color	LongInteger	No	No
Centros	LongInteger	No	No
CentroY	LongInteger	No	No
CentroZ	LongInteger	No	No
orden de segmentacion	LongInteger	No	No
radio maximo para semilla	LongInteger	No	No

Tablas con las que se Relaciona

Se relacionada con	Clave Primaria	Clave Foránea
Semillas	codigo	Codigo

Tabla: "limites con organos vecinos"

Lista de Campos

Nombre Campo	Tipo	P	Μ
Codigo organo	LongInteger	Si	Si
Xlimite	LongInteger	No	No
Ylimite	LongInteger	No	No
Zlimite	LongInteger	No	No
Codigo organo vecino	LongInteger	Si	Si
Codigo	LongInteger	No	No

Tablas con las que se Relaciona

Se relacionada con	Clave Primaria	Clave Foránea
organo atlas	codigo	Codigo organo
organo atlas	codigo	Codigo organo vecino

Tabla: "Operaciones de morfologia matematica"

Lista de Campos

Nombre Campo	Tipo	P	Μ
Codigo	Counter	Si	Si
Nombre	Text(50)	No	No

Tablas con las que se Relaciona

Se relacionada con	Clave Primaria	Clave Foránea
tipo estudio	nombre	Nombre

Lista de tablas que le hacen referencia

Referenciada por	Clave Primaria	Clave Foránea
elemento estructural X area	codigo	codigo operacion morfologia

Tabla: "Organo atlas"

Lista de Campos

Nombre Campo	Tipo	Р	Μ
Nombre	Text(50)	No	No
Codigo	LongInteger	Si	Si
Color	LongInteger	No	No

Centros	LongInteger	No	No
CentroY	LongInteger	No	No
CentroZ	LongInteger	No	No
orden de segmentacion	LongInteger	No	No
radio maximo para semilla	LongInteger	No	No

Tablas con las que se Relaciona

Se relacionada con	Clave Primaria	Clave Foránea
tipo estudio	nombre	nombre

Lista de tablas que le hacen referencia

Referenciada por	Clave Primaria	Clave Foránea
elemento estructural X area	codigo	codigo organo atlas
organo atlas X tipo estudio	codigo	codigo organo atlas
limites con organos vecinos	codigo	Codigo organo
limites con organos vecinos	codigo	Codigo organo vecino

Tabla: "Organo atlas X tipo estudio"

Lista de Campos

Nombre Campo	Tipo	Р	Μ
codigo organo atlas	LongInteger	Si	Si
nombre tipo estudio	Text(50)	Si	Si
codigo semilla	LongInteger	No	No
gris esperado	LongInteger	No	No
gris minimo esperado	LongInteger	No	No
gris maximo esperado	LongInteger	No	No
gris minimo admitido	LongInteger	No	No
gris maximo admitido	LongInteger	No	No
Porcentaje puntos	Double	No	No
Coeficiente desvio	Double	No	No

Tablas con las que se Relaciona

Se relacionada con	Clave Primaria	Clave Foránea
organo atlas	codigo	codigo organo atlas
tipo estudio	nombre	nombre tipo estudio
Semillas	codigo	codigo semilla

Tabla: "Organos no de un estudio"

Lista de Campos

Nombre Campo	Тіро	Р	Μ
Estudio	Text(50)	No	No
Nombre	Text(50)	No	No
Codigo	LongInteger	No	No
Color	LongInteger	No	No
Centros	LongInteger	No	No
CentroY	LongInteger	No	No
CentroZ	LongInteger	No	No
orden de segmentacion	LongInteger	No	No

Tablas con las que se Relaciona

Se relacionada con	Clave Primaria	Clave Foránea
Semillas	Codigo	Codigo
tipo estudio	Nombre	Nombre

Tabla: "Semillas"

Lista de Campos

Nombre Campo	Tipo	Р	Μ
Codigo	Counter	Si	Si
Archivo	Text(50)	No	No
Descripción	Text(50)	No	No

Lista de tablas que le hacen referencia

Referenciada por	Clave Primaria	Clave Foránea
datos organo y estudio	codigo	codigo
estudio y organos concatenados	codigo	codigo
Organos no de un estudio	codigo	codigo
organo atlas X tipo estudio	codigo	codigo semilla

Tabla: "Tipo estudio"

Lista de Campos

Nombre Campo	Тіро	Р	Μ
nombre	Text(50)	Si	Si

Lista de tablas que le hacen referencia

Referenciada por	Clave Primaria	Clave Foránea
operaciones de morfología matemática	nombre	Nombre
organo atlas	nombre	Nombre
datos organo y estudio	nombre	Nombre
datos organo y estudio concatenados	nombre	Nombre
organos no de un estudio	nombre	Nombre
organo atlas X tipo estudio	nombre	nombre tipo estudio

8 APÉNDICE E- Pseudo códigos

8.1 Algoritmo principal

Aquí se muestra, de forma mas estructurada, un esquema del algoritmo propuesto; y cuaáles son sus principales procedimientos.

//se ajusta la imagen de entrada para que contenga exactamente al cerebro y queden eliminados los espacios sobrantes

imagenCerebro = ajustarLimites(imagenCerebro)

//se calcula la rotación del cerebro dentro de la imagen de entrada mediante mascaras y mínimos cuadrados

rotacionCerebro = calcularRotacionCerebro(imagenCerebro);

//se leen los parámetros de cada órgano de la base de datos

para cada organoAtlas O hacer

// primero se adapta el centro de masa del órgano para tener en cuenta la rotación del cerebro ya que el atlas esta calculado para un cerebro sin rotación. también se ajusta la escala para poder trabajar con imágenes de distintas definiciones y cerebros de distintos tamaños

```
O.centroDeMasa = adaptarEscalaYRotaciones(O.centroDeMasa,
rotacionCerebro)
```

//se desplaza el centro de masa si las segmentaciones de órganos anteriores así lo sugieren

```
O.centroDeMasa = ajustarCentroSegunSegmentacionesAnteriores(O,
organosProcesados)
```

//se segmenta el órgano en cuestión según los parámetros obtenidos de la base de datos

```
organoSegmentado = segmentar(0);
```

//se aplican las operaciones de morfología matemática indicadas en la base de datos para el órgano en cuestión

```
organoSegmentado = aplicarMorfologiaMatematica(0,
organoSegmentado);
```

//se agrega el órgano a la lista de procesados

organosProcesados.Agregar(organoSegmentado);

fin para

8.2 Ubicación de la semilla

A continuación se verá el pseudo-código del procedimiento que valida que la semilla se encuentre en una ubicación adecuada para la segmentación según las necesidades del algoritmo de *Crecimiento de Regiones*. Si la ubicación inicial de la semilla no es apropiada para proporcionar al algoritmo los valores de umbrales necesarios, comienza a buscar la mejor posición alrededor del centro de masa (punto donde es ubicada inicialmente), hasta encontrar una posición donde los valores (de los píxeles) sean de acuerdo a la información almacenada en la base de datos. En caso de no encontrar tal posición en la imagen 3D, se declara la misma como no adecuada para la segmentación de acuerdo a la configuración utilizada.

funcionvalidarSemilla(semilla;centroSemilla;grisMinEsperado; grisMaxEsperado;grisMinAdmitido;grisMaxAdmitido; porcentajeDePuntosAceptadosRequerido;radioMaximo)

//la primera iteración buscara una semilla que contenga puntos dentro de los grises esperados.

//si no se encuentra, se ampliará el rango iterativamente teniendo como topes a los grises admitidos.

grisMinimoActual = grisMinEsperado

grisMaximoActual = grisMaxEsperado

//se utilizará un cubo centrado en el punto donde se espera que la semilla sea ubicada (el centro del órgano, según el atlas). este cubo irá creciendo de tamaño. para cada tamaño, se intentará colocar la semilla en cada punto del borde de este cubo. este procedimiento terminará al encontrar una ubicación satisfactoria

cuboParaBuscarSemilla = crearCuboCentradoEn(centroSemilla)

//el ciclo más externo es el que se encarga de aumentar la tolerancia de grises si no se encontró la semilla en un radio de puntos determinado

```
semillaAceptada = falso
```

```
mientras (no semillaAceptada) y (no se Alcanzo El Máximo Umbral De Grises) hacer
```

//para cada umbral de grises, se comienza a buscar desde el centro de masa del órgano del atlas

centroSemillaTentativo= centroSemilla

//primero se busca sólo en centroSemillaTentativo. para eso se setea al cubo como un punto

cuboParaBuscarSemilla.radio= 0

//este ciclo recorre los subcubos de radio <= al estipulado como máximo

```
mientras (no semillaAceptada) y (radioSubcubo <= radioMaximo) hacer
```

//se recorren los puntos del borde del subcubo actual para ver si poniendo la semilla en alguno se logra

//que la semilla sea aceptada

```
semillaAceptada = false
puntoActualBorde =
primerPuntoDelBordeDe(cuboParaBuscarSemilla)
mientras no semillaAceptada y puntoActualBorde <> nil hacer
```

//se calcula la cantidad de puntos contenidos en la semilla que están dentro de los umbrales de gris

```
porcentajePuntosAceptados =
semilla.calcularPorcentajePuntosEnRango(puntoActualBord
e, grisMinimoActual, grisMaximoActual)
```

//si el porcentaje esta dentro del aceptado, la semilla es aceptada

semillaAceptada = (porcentajePuntosAceptados >=
porcentajeDePuntosAceptadosRequerido)

//se avanza al siguiente punto del borde del subcubo

puntoActualBorde =
siguientePuntoDelBordeDe(cuboParaBuscarSemilla)

//se aumenta el radio del cuboParaBuscarSemilla

cuboParaBuscarSemilla.radio =
cuboParaBuscarSemilla.radio + 1

//se amplía la tolerancia de niveles de gris

```
seAlcanzoElMaximoUmbralDeGrises = (grisMinimoActual =
grisMinAdmitido) and (grisMaximoActual =
grisMaxAdmitido);
```

si grisMinimoActual > grisMinAdmitido

grisMinimoActual = grisMinimoActual - 1

si grisMaximoActual < grisMaxAdmitido

grisMaximoActual = grisMaximoActual + 1

fin mientras

fin mientras

fin mientras

//se devuelve el resultado

si semillaAceptada

devolver puntoActualBorde

si no

devolver nil

8.3 Erosión con tolerancia

```
Luego de la ubicación de la semilla y la correspondiente segmentación, se
procede a la erosión con tolerancia, primer operación a aplicar de
morfología matemática, para la correcta delimitación de los bordes del
objeto a segmentar. La particularidad de esta erosión puede verse en el
pseudo-codigo que sigue.
funcion erosionar (imagenEntrada, imagenSalida, elementoEstructural, tolerancia)
    //se recorren los puntos del objeto a dilatar
    puntoActualCubo = imagenEntrada.primerPunto
    mientras puntoActualCubo <> nil hacer
        cantidadPuntosNoAceptadosElementoEstuctural = 0
        cantidadPuntosAceptadosElementoEstuctural = 0
        puntoActualElementoEstructural =
elementoEstructural.primerElemento
        mientras (puntoActualElementoEstructural <> nil) and
(cantidadMaximaAceptableDePuntosNoAceptados >=
cantidadPuntosNoAceptadosElementoEstuctural) hacer
           puntoSuma = sumaVectorial(puntoActualCubo,
puntoActualElementoEstructural)
           valorPuntoActual = dameValor(puntoSuma)
    //si el puntoSuma esta lleno, se toma como aceptado. si no, como no aceptado
           si (valorPuntoActual = valorLleno) entonces
            incrementar(cantidadPuntosAceptadosElementoEstuctural)
           sino
            incrementar(cantidadPuntosNoAceptadosElementoEstuctural)
    //avanzo al siguiente punto no vacio del elemento estructural
           puntoActualElementoEstructural =
elementoEstructural.proximoElemento
      //si el punto actual hizo que el elemento este contenido en el objeto es parte de la erosión
        si ((cantidadPuntosAceptadosElementoEstuctural /
cantidadPuntosElementoEstuctural) >= tolerancia) entonces
           cuboSalida.setearValor(puntoActualCubo, valorLleno)
```

//avanza al proximo punto

```
puntoActualCubo = imagenEntrada.proximoPunto
```

8.4 Dilatación

La dilatación es la ultima operación de morfología matemática a realizar al objeto que se intenta segmentar, con el objetivo de marcar correctamente sus limites. El resultado luego de este proceso es intuitivamente opuesto al de la erosión. Aquí se muestra el pseudo-codigo de está operación.

funcion dilatar(imagenEntrada, imagenSalida, elementoEstructural)

```
//se recorren los puntos del objeto a dilatar
	puntoActualCubo = imagenEntrada.primerPunto
	mientras puntoActualCubo <> nil hacer
//recorre los puntos no vacíos de elemento estructural
	puntoActualElementoEstructural = elementoEstructural.primerElemento
	mientras puntoActualElementoEstructural <> nil hacer
	puntoSuma = sumaVectorial(puntoActualCubo,
puntoActualElementoEstructural)
imagenSalida.setearValor(puntoSuma, valorLleno)
//avanza al siguiente punto no vacio del elemento estructural
	puntoActualElementoEstructural =
	elementoEstructural.proximoElemento
	puntoActualCubo = imagenEntrada.proximoPunto
```

9 APÉNDICE F - Implementación

En este apéndice se presenta una imagen general del sistema que implementa la solución. El mismo incluye gran cantidad de algoritmos de procesamiento de las imágenes que fueron utilizados en distintas etapas de pruebas. No todos los algoritmos quedaron disponibles desde la interfaz gráfica sino que se seleccionaron los de mayor utilidad; estos se dejaron a disposición del usuario para tareas que van desde un cierto preprocesamiento de la imagen de entrada hasta la creación de elementos estructurales para incluir en la base de datos.

El desarrollo fue realizado con Borland Delphi 6.0. La decisión se debió a que otros programas que fueron desarrollados en el marco de este proyecto fueron desarrollados con esta herramienta. Tomando esta opción intentamos facilitar el trabajo de quien sienta curiosidad por el proyecto en su totalidad, proveyéndole un ambiente homogéneo de programación. Es importante aclarar que el Delphi 6.0 se logran alcanzar todos los requerimientos para desarrollar este software, de lo contrario no hubiera sido esta la elección.

La presentación del programa consiste en una serie de capturas de pantallas con una breve descripción de las funcionalidades disponibles:



El programa permite trabajar con la cantidad de "visores" que el usuario desee, cada uno de los cuales es contendor de una imagen. Dicha imagen puede representar tanto un cerebro en estudio, un elemento estructural o el resultado de aplicar el algoritmo principal o cualquier otro a una imagen determinada.

En cualquier momento se puede seleccionar cuál de los visores es el que contiene la imagen que servirá de entrada para cualquiera de los algoritmos que se ejecuten. Del mismo modo, se puede seleccionar cuál es el visor destino de las mencionadas operaciones.



Cada visor cuenta con una serie de funcionalidades. En la parte superior se encuentran controles que permiten navegar entre los distintos planos de la imagen 3D. En todo momento es posible visualizar las coordenadas 3D y el nivel de gris correspondiente al punto sobre el que se encuentra el puntero del mouse. Además se cuenta con un zoom que permite modificar el tamaño de visualización de la imagen y, en consecuencia, también la del visor.

El tilde "Global" provee dos facilidades: la primera es que al cambiar de corte sobre cualquier visor que tenga este tilde seleccionado, automáticamente el resto de los visores que estén en la misma condición pasarán a mostrar el mismo corte. La segunda es que al mover el puntero del mouse sobre una imagen en un visor "Global", podrán apreciarse en los otros visores "Globales" punteros de color gris que se mueven proporcionalmente, aunque en los distintos visores haya diferentes niveles de zoom seleccionados. Esto permite señalar un punto en una imagen y ver inmediatamente a qué punto de las otras corresponde, incluyendo los niveles de gris correspondientes.



Con el botón para crear nuevos visores, se puede obtener un número indefinido de visores.

El algoritmo principal se ejecuta con el botón verde de la solapa "Principal". En esta misma solapa se pueden modificar ciertas opciones como el conjunto de órganos a segmentar y si el resultado del algoritmo sobre-escribirá o no a la imagen contenida actualmente en el visor de salida. También se puede limitar el número de operaciones de morfología matemática a aplicar sobre cada órgano.



En la solapa "Elementos" se encuentran herramientas que permiten la creación de elementos estructurales. Es posible crear elipses según diferentes parámetros, asi como también elementos cuadrados.



En la solapa "Tratar imagen" se encuentran funcionalidades para rotar la imagen en cualquier dirección, generar un "reflejo de la imagen", aplicar el filtro mediana a la imagen (que consiste en asignar a cada punto la mediana de los niveles de gris de los puntos en su periferia).


Desde la misma solapa se pueden realizar operaciones que combinan la imagen en el visor de entrada con la del visor de salida. Las mismas incluyen agregar una imagen a la otra, restar una de otra o superponerlas. También se puede centrar una imagen y por último existe un botón que permite tomar una imagen de entrada y eliminar todo el sobrante, es decir, las partes que no contienen al cerebro en sí mismo.

Además de las funcionalidades mencionadas, el programa trabaja tanto con un formato propio como con secuencias de imágenes BMP. También tiene un indicador de status que muestra la evolución del algoritmo.

Otras rutinas que no fueron incluidas en la interfaz gráfica pero que se encuentran implementadas incluyen tratamientos sobre el histograma de la imagen, versiones optimizadas de los algoritmos de morfología matemática, filtros basados en segmentación de huecos, etc.

Glosario

Anisotropía: Propiedad con que se describe a las imágenes 3D en las que la resolución no es la misma en los 3 ejes.

CA-CP: Los puntos del cerebro marcados por la Cesicura Anterior y Cesisura Posterior.

Centroide: centro de masa.

Crecimiento de regiones: Técnica de segmentación que identifica conjuntos conexos de puntos con un nivel de gris similar.

CT o TC (computed tomography): tomografía computada.

Delta de Dirac: Formalmente se define como el límite de una sucesión de impulsos unitarios con intervalos decrecientes, aproximándose a cero. Esta función se utiliza para representar, idealmente, impulsos instantáneos en el dominio temporal o también, por ejemplo, distribuciones de cargas puntuales.

Estereotaxia: Técnica que utiliza guías mecánicas para alcanzar puntos intracraneales con un instrumento quirúrgico, (sondas, electrodos, biopsias y semejantes).

Isocentro: El Isocentro define un punto fijo en el espacio en el que convergen todos los rayos de radiación. En este caso se refiere al punto que se intenta alcanzar con la sonda.

MRI (magnetic resonance imaging): imagen de resonancia magnética.

PSF (point spread function): Literalmente, función de esparcimiento de un punto, pues indica como queda un punto de luz tras pasar por una lente u otro sistema óptico.

Quad-tree: Árbol en el que cada nodo tiene cuatro descendientes

Region-growing: Ver crecimiento de regiones

Registración: Consiste básicamente en adaptar elementos determinados de una imagen a sus homólogos en otra. En nuestro caso se refiere a la adaptación de los componentes de un atlas cerebral a la morfología de un cerebro dado.

Rendering: es un término general para la creación de estructuras o volúmenes en una pantalla de computación usando una secuencia de operaciones para transformar la estructura / volumen de información de un objeto en el espacio (una estructura de datos en memoria) al espacio en la pantalla (CRT).

Segmentación: Se llama segmentación al análisis y la identificación de los distintos objetos dentro de una imagen, como objetos en sí mismos; esto es, definir su área y límites.

Sobre-segmentación: Es el efecto de obtener más de una estructura como resultado de la segmentación de un solo objeto.

Sub-segmentación: Es el efecto de obtener una sola estructura como resultado de la segmentación de varios objetos.

Thresholding (o umbralización): Proceso por el cual se determina el conjunto de puntos pertenecientes a un determinado objeto teniendo en cuenta sólo el nivel de intensidad o color asignado a cada punto.

Umbralización: Ver Thresholding.

Voxel: Extensión en 3D de un píxel en el plano. Se representa como un prisma referenciado en el sistema de coordenadas de las imágenes.

Watersheeds (criterio topológico): Proceso por el cual se determina el conjunto de puntos pertenecientes a un determinado objeto tomando una de las "cuencas" que se producen en la imagen al asignar a cada punto de la misma una "altura". Esta "altura" es proporcional al nivel de gris asociado con el punto correspondiente.

Trabajos publicados

- "Segmentación de Imágenes Cerebrales 3D Optimizada por Morfología Matemáticay un Atlas Cerebral", In press, Anales JAIIO, Vol. 30, pp. 14-20, Sis 2001, Buenos Aires, Argentina. J.F. Zelasco, A. D'Andrea Mohr, S. D. Surijon.
- "Registration-Oriented 3D Image Segmentation Using Region Growing, Mathematical Morphology and Brain Atlas Information", Proceedings of the IASTED International Conference, VIIP 2001, pp. 401-405, Marbella, España. J.F. Zelasco, A. D'Andrea Mohr, S. D. Surijon.
- "Segmentación de Imágenes Cerebrales 3D por Crecimiento de Regiones, utilizando Morfología Matemática e Información del Atlas Cerebral", revista Informática Médica, Año 3, número 11. ISSN 1666-5767, pp. 11-15, Editorial Fundamed, Buenos Aires, Argentina. J.F. Zelasco, A. D'Andrea Mohr, S. D. Surijon.

Referencias bibliográficas.

- [1] "Brain Mapping. The Methods", Academic Press, 1996, Germany. Arthur W. Toga & John C. Mazziotta.
 - [2] "Neurofunctional Systems 3D reconstructions with correlated neuroimaging", Thieme, 1998. Kretshmann Hans-Jochim & Weinrich Wolfgang.
 - [3] "Tumor Stereotaxis", W.B. Saunders Company, 1991. Patrick J. Kelly.
 - [4] "3D Computer Graphics", Adison-Wesley, 1993. Alan Watt.
 - [5] "Visión 3D. Tratamiento de Imágenes Estereoscopias. Restitución Automática. Evaluación de Resultados", Tesis de Grado. Facultad de Ciencias Exactas. Departamento de Computación y Sistemas. Universidad Nacional del Centro, 1997. Alejandra V. Donadío, Daniel E. Mendez. Director: DEA José F. Zelasco.
 - [6] "*Linear Algebra and its Applications*", 3rd Edition, Harcourt Brace, San Diego, <u>USA</u>. Gilbert Strang.
- [7] "Co-Planar Stereotaxic Atlas of the Human Brain", Thieme, 1988, Germany. Talairach J.
 - [8] "Tools for Sterotaxic Neurosurgery", IASTED 2001, Innsbruck, Austria. J. F. Zelasco, D. H. Castelao, F. N. Malisia, J. L. Fernández Ausinaga, E. Pasqualini.
 - [9] "Determining 3D Object Coordinate from a sequence of 2D images", Departament of Engineering Cybernetics. The Norwegian Institute of Technology. Junio 1993. R. Volden, J. G. Balchen.
 - [10] "Computers Graphics Principles and Practice", Noviembre 1992. Foley-Fresey-Hughes.
 - [11] "Computer assisted stereotaxic laser microsurgery for the treatment of intracranial neoplasms", Neurosurgery 1982. Kelly PJ, Alker GJ, Goers S.
 - [12] "The computer as a stereotaxic surgical instrument", Neurol Res, 1986. Kall BA, Kelly PJ, Goers SJ.
 - [13] "A queue-based region growing algorithm for accurate segmentation of multi-dimensional digital images", Elsevier Signal processing, vol. 60, 1997, pp. 1-10. Jean-Philippe Thiran, Vincent Warscotte, Benoît Macq.
 - [14] "Integrating region growing and edge detection", IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intell. Vol. 12, 1994, pp. 641-647. T. Pavlidis, Y-T.Liow.
 - [15] "Seeded Region Growing", IEEE: Transactions on pattern analysis and machine intelligence Vol. 16 NO. 6, June 1994. Rolf Adams & Leanne Bischof.
 - [16] "Color 3D imaging of normal and pathologic intracranial structures", IEEE Comp. Graph. Appl., Vol. 4, 1984, pp. 5-17. E. J. Farrell, R Zapulla and W.C. Yang.
 - [17] "The theory, design, implementation and evaluation of 3D surface detection algorithm", Comput. Graph. Image Process., Vol. 15, 1981, pp. 1-24. E. Artzy, G. Frieder, G.T. Herman.

- [18] "Watersheds in Digital Spaces: An efficient algorithm based on Immersion Simulation", IEEE: Transactions on pattern analysis and machine intelligence – Vol. 13 NO. 6, June 1991. Luc Vincent & Pierre Soile.
- [19] "Grayscale Morphology", Comput. Vision, Graphics, Image Processing, Vol. 35, pp. 333-355, 1986. S.R. Stermberg.
- [20] "Spatial Transformation and Registration of Brain Images Using Elastically Deformable Models", Computer Vision and Image Understanding – Vol. 66, 1997, pp 207-222. Christos Davatzikos.
- [21] "Constraints on deformable models: Recovering 3D shape and nonrigid motion", 1988, AI J. Vol.36, pp. 91-123.
- [22] "Robust Segmentation of noisy images using a neural network model", Image & Vision Computing, Vol. 10, pp. 233-240, 1992. Tao Wang, Xinhua Zhuang, Xiaoliang Xing.
- [23] "Segmentación 3D de Resonancias Magnéticas y Tomografías Computadas: Panorama del Estado del Arte", In press, Anales de la Sociedad Científica Argentina, J.F. Zelasco, M. R. Álvarez, G. A. González Figueroa.
- [24] "A fast Hibryd SST-Watershed Segmentation of Images", Visualization, Imaging, and Image Processing, IASTED 2001, pp. 444-449. S. Sanei, M. Azron, S.H. Ong.
- [25] "Two and Three dimensional boundary detection", Comput. Graph. Image Processing, Vol. 6, pp. 123-134, 1977. H.K.Liu
- [26] "Animated D CT imaging", IEEE Comput. Graph. Appl., Vol. 5, pp 26-30, 1985, E. J. Farrell, R Zapulla and W.C. Yang.
- [27] "A survey of edge detection techniques", Comput. Graph. Image Process., Vol. 4, pp. 248-270, 1975. L. S. Davis.
- [28] *"Two algorithms for the three-dimensional reconstruction of tomograms"*, Med. Phys., Vol. 15, pp. 320-327. H. E. Cline, W. E. Lorenson, S. Ludke, C. R. Crawford and B.C. Teeter.
- [29] "Marching Cubes: A high resolution 3D surface construction algorithm", Comput. Graph., Vol. 21, pp. 163-169, 1987. W. E. Lorenson, H. E. Cline.
- [30] "Edge-Region-Based Segmentation of Range Images", IEEE Trans Pattern Anal. Machine Intell., Vol. PAMI-16, no 3, pp 314-319, 1994. M.A. Wani and B.G. Batchelor.
- [31] "Algorithms for Graphics and Image Processing", New York: Springer, 1982. T. Pavlidis.
- [32] "Split-and-merge image segmentation based on localized feature analysis and statistical test", CVGIP: Graphic. Models Image Processing, Vol. 53, no 5, pp 457-475, 1991. S.Y. Chen, W.C. Lin and C.T. Chen.
- [33] "Topographic partition of watersheds with digital elevation models", Walter Resources Res., Vol. 22, no. 1, pp 15-24,1986. L. E. Band
- [34] "Detection of surface-specific points by local parallel processing of discrete terrain elevation data", Comput. Vision, Graphics, Image Processing, Vol. 4, pp375-387, 1975. T. K. Puecker and D. H. Douglas.
- [35] "Image analysis and Mathematical Morphology", London: Academic Press, 1982. J. Serra.

- [36] "Snakes: Active Contour models", Int. J. Comput. Vision, Vol. 1, pp. 321-331, 1987. M.Kas, A. Witkin and D. Terzopoulos.
- [37] "A computational Approach to edge detection", IEEE Trans. Pattern Anal Machine Intell., Vol. PAMI-8, pp. 679-698, 1986. J. Canny.
- [38] "Using Canny's criteria to derive a recursive implemented optional edges", Int. J. Comput. Vision, pp. 167-187, 1987. **R. Deriche.**
- [39] "Numerical Methods for Nonlinear Variational Problems", New York: Springer-Verlag, 1984. R. Glowinski
- [40] "Self-Organization and Associative Memory", Springer-Verlag, Berlin, 1989. T. Kohonen.
- [41] "Parallel Distributed Processing: Explorations in the Microstructure of Cognition", Vol. 1-2, MIT Press, Cambridge, MA, 1986. D. E. Rumelhart and J. L. Mcclelland.
- [42] "Vision", W. H. Freeman & Co., 1982. D. Marr
- [43] "Interactive Identification and Restoration of Images", Kluwer Academic Press, 1991. R. L. Lagendijk and J. Biemond.
- [44] "Digital Image Processing", Addison Wesley, 1992. R. C. Gonzales and R. E. Woods.
- [45] "Computer And Robot Vision", Vol. 1, Addison Wesley, 1992. R. M. Haralick and L. G. Shapiro.
- [46] "Machine Vision", 1996. R. Kasturi, R. Jain and B. G. Schunck.
- [47] "Image Processing, Analysis and Machine Vision", Chapman and Hall Comuting, 1993. M. Sonka;
 V. Hlavac and R. Boyle.