

Metodología de evaluación de descriptores en aplicaciones de neuroimagen

M. Luna Serrano^{1,2}, F. Gayá Moreno¹, C. Cáceres^{1,2}, J. M. Tormos Muñoz³, E. J. Gómez Aguilera^{1,2}

¹ Grupo de Bioingeniería y Telemedicina (GBT), E.T.S.I. de Telecomunicación, Universidad Politécnica de Madrid, Madrid, España, {mluna, fgaya, ccaceres, egomez}@gbt.tfo.upm.es

² Centro de Investigación Biomédica en Red en Bioingeniería, Biomateriales y Nanomedicina (CIBER-BBN), España

³Instituto Guttmann – Hospital de Neurorrehabilitación, Badalona, España, jmtormos@guttmann.com

Resumen

La identificación y localización automática de estructuras cerebrales es una de las principales etapas en el procesado de estudios de neuroimagen. La aproximación propuesta en este trabajo parte de la identificación de puntos sobre la imagen cuyas características de posición y de variación de intensidad permitan extraer una relación directa con estructuras cerebrales. El análisis mediante descriptores permite seleccionar puntos y almacenar los dos tipos de información mencionados anteriormente, por lo que se convierten en herramientas potenciales para la identificación de estructuras cerebrales. Debido a la variedad de algoritmos existentes, es preciso seleccionar aquellos más adecuados al tipo de imágenes y función que se espera de ellos. Para ello es aconsejable desarrollar una metodología de evaluación que permita identificar de forma objetiva los algoritmos con mejores resultados. En este trabajo se propone una nueva metodología de evaluación de descriptores para su aplicación en estudios de neuroimagen.

1. Introducción

La identificación y localización de estructuras cerebrales es una de las principales etapas en el procesado de estudios de neuroimagen. Una de las posibles aproximaciones consiste en detectar puntos que contengan información relativa tanto a posición como a intensidad. Estos puntos se denominan puntos singulares.

La detección e identificación automática de estos puntos es útil para incrementar el conocimiento actual de alteraciones anatómicas y para reducir el coste temporal que un especialista invierte en identificar de forma manual este tipo de puntos sobre un estudio volumétrico.

En los últimos años, numerosos grupos de investigación han desarrollado métodos que persiguen la automatización del proceso de identificación de puntos de interés relacionados con estructuras anatómicas cerebrales para detectar estructuras anómalas como consecuencia de patologías congénitas o adquiridas [1-5]. Existen dos tipos de métodos, los semiautomáticos que requieren la interacción del especialista con el sistema y los automáticos. [1] propone un método semiautomático para detectar puntos de interés. En primer lugar, utiliza el algoritmo de "esperanza-maximización" (EM) para generar un conjunto de imágenes con una serie de puntos de interés que se utilizan para entrenar un algoritmo cuyo objetivo es identificar el voxel que contiene al punto de interés. La información de intensidad permite modelar la

materia gris (MG), blanca (MB), el líquido cefalorraquídeo (LCR) y combinaciones MG-LCR y MB-LCR. Para modelar los tejidos anteriores se utilizan diferentes funciones de probabilidad que se combinan mediante la fórmula de Bayes. [2] propone un método semiautomático para detectar estructuras cerebrales utilizando una serie de puntos definidos por el usuario. Este método se basa en la teoría de grafos y permite identificar el camino con menor coste entre dos puntos. La función de coste asociada se define como la combinación de la curvatura local y la distancia entre dos vértices de las estructuras. [3] propone un método automático para identificar la comisura anterior y posterior (CA y CP). Este método detecta el cuerpo caloso y el tronco encefálico y genera una serie de proyecciones de estas estructuras sobre la imagen. CA y CP se localizan utilizando dos filtros distintos: un filtro de borde direccional y otro que modela las variaciones de intensidad que se presentan en áreas próximas al CP. [4] propone un método que permite localizar curvas sobre la superficie cortical de forma automática utilizando las direcciones principales. Para inicializar el método se utiliza una segmentación basada en Chan-Vese.

Los puntos singulares que permiten automatizar de forma fiable la localización de estructuras cerebrales precisan de una posición y una variación de intensidad determinada. Por ello, nuestra aproximación parte de la utilización de descriptores para detectar estos puntos singulares. En [5] se presenta un primer estudio sobre la aplicabilidad de descriptores para la identificación y localización de puntos singulares sobre estudios de resonancia magnética cerebral. Los descriptores son algoritmos que detectan puntos que presentan alguna característica que les identifica como puntos singulares y describen el contorno de este punto. Los principales descriptores son SIFT (Scale Invariant Feature Transform) [6] y SURF (Speeded Up Robust Features) [7]. En [8] se incluye también un estudio sobre los resultados obtenidos al relacionar los puntos singulares con estructuras anatómicas de interés.

Para poder relacionar puntos singulares con estructuras anatómicas de interés es necesario detectar los pares de puntos homólogos entre los descriptores correspondientes a la imagen del paciente y a la imagen que contiene la información sobre las estructuras anatómicas de interés. La definición de par de puntos homólogos varía en función de la estrategia de comparación que se

implemente [9] y del tipo de distancia entre descriptores utilizada (distancia euclídea, distancia de Mahalanobis). Estas estrategias de comparación son descritas en el siguiente apartado. En nuestro contexto de aplicación, es necesario que esta relación sea biyectiva, ya que la relación entre puntos debe ser única.

Para que los puntos singulares detectados permitan identificar estructuras cerebrales y los métodos que los detectan sean aplicables a un contexto real de aplicación, tienen que cumplir las siguientes condiciones: compromiso entre tiempo de procesado y número de pares de puntos homólogos detectados; representatividad de la muestra sobre la región de interés de la imagen (que representa aproximadamente el 45% del área de la imagen, ver Figura 1); y estabilidad de los métodos ante cambios de ángulo y escala en la imagen. Estas condiciones vienen impuestas porque para identificar estructuras cerebrales es necesario que se detecte el suficiente número de pares de puntos singulares homólogos, sobre la superficie de interés de la imagen, que presenten la máxima estabilidad frente a cambios de escala y ángulo y que el tiempo de cómputo sea mínimo.

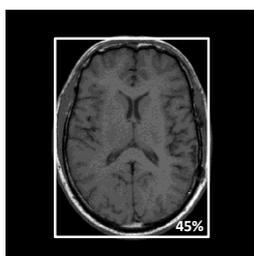


Figura 1. Superficie de interés para la localización de puntos singulares

Nuestro grupo de investigación está desarrollando métodos que incluyen variaciones y que permiten obtener una relación tiempo de ejecución vs estructuras cerebrales identificadas para ser integrados en sistemas de procesado de este tipo de imágenes. En el estado del arte no se han identificado metodologías de evaluación que permitan evaluar de forma objetiva la adecuación de estos algoritmos para su aplicación directa sobre estudios de neuroimagen. El objetivo de este trabajo es el diseño de una metodología de evaluación que permita comparar descriptores para la detección de estructuras cerebrales.

2. Material y métodos

2.1. Material

Se dispone de un conjunto de imágenes, que en nuestro contexto serán estudios de resonancia magnética cerebral; dos subconjuntos de imágenes que incluyan modificaciones de escala y de rotación de la imagen original; y de un estudio de imagen donde se segmenten de forma manual las estructuras anatómicas de interés. En este estudio, se asignará a cada estructura una etiqueta RGB y un área de localización. Un ejemplo de un corte de este estudio se observa en la Figura 2 y en la Tabla 1.

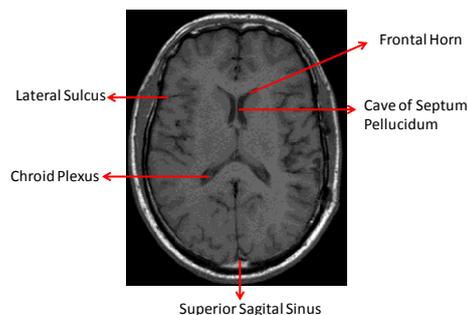


Figura 2. Identificación de estructuras de interés

Estructura cerebral	Color	Código RGB	Loc.
Frontal horn		[0 255 204]	(287,174)
Cave of Septum Pellucidum		[102 102 255]	(261,199)
Superior sagittal sinus		[255 175 201]	(261,431)
Chroid plexus		[153 102 0]	(216,304)
Lateral sulcus		[204 0 153]	(166,179)

Tabla 1. Identificación de estructuras anatómicas

2.2. Métodos

Para obtener la información relativa a los puntos singulares de cada una de las imágenes involucradas en la evaluación de los métodos implementados, se extraen los descriptores.

Para encontrar los puntos homólogos que tiene relación con estructuras cerebrales, utilizados en el segundo grupo de pruebas descritas en la Metodología de evaluación, se propone realizar en primer lugar un registro afín utilizando puntos de control con el objetivo de poner en concordancia espacial las dos imágenes (imagen segmentada e imagen de paciente). En segundo lugar, se obtienen los descriptores de las imágenes registradas (ver Figura 3).



Figura 3. Extracción de descriptores para la localización de estructuras anatómicas de interés

Para identificar pares de puntos homólogos existen cuatro estrategias, como se ha comentado anteriormente. La primera consiste en establecer un umbral, de tal forma que dos puntos se consideraran homólogos si la distancia entre sus descriptores está por debajo de este umbral. En este caso, puede haber varias correspondencias válidas entre puntos homólogos, es decir, no hay correspondencias biyectivas entre puntos de los descriptores correspondientes a distintas imágenes. Como segunda aproximación se identifican los vecinos cercanos. De tal forma que, dos puntos serán homólogos si la distancia entre los descriptores es mínima y además es inferior a un umbral. En este caso las correspondencias serán siempre biyectivas. La tercera estrategia calcula la mínima distancia entre descriptores y considera puntos homólogos a los que cumplen que su ratio entre la

distancia al primer vecino más cercano y al segundo este por debajo de un determinado umbral.

$$\frac{\|D_0 - D_1\|}{\|D_0 - D_2\|} < \mu, \text{ donde el numerador es la distancia al}$$

primer vecino más cercano, el denominador es la distancia al segundo vecino más cercano y μ es el umbral.

Tomando como base estas tres estrategias [9], se propone una cuarta estrategia en la que se considerarán puntos homólogos a aquellos puntos cuya distancia espacial normalizada sea mínima y esté por debajo de un umbral y su distancia de descriptor normalizada sea mínima y esté por debajo de otro umbral. Ambos umbrales se determinan en función del tamaño de la imagen y de la variación media de intensidad detectada. La correspondencia entre puntos es biyectiva y se ponderan independientemente las dos informaciones propias del punto singular. De esta forma, se pueden evaluar los descriptores atendiendo a estos dos parámetros y obtener resultados más restrictivos. En la Figura 4, se muestra un ejemplo de obtención de pares de puntos homólogos.

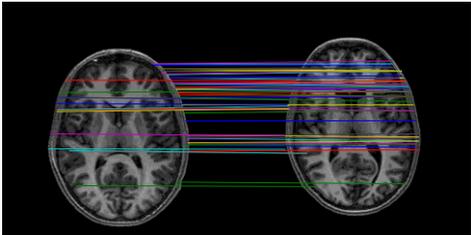


Figura 4. Pares de puntos homólogos

Para evaluar la estabilidad de los descriptores frente a cambios de escala y rotaciones, es necesario conocer el número de pares homólogos que se encuentran cuando las imágenes sufren alguna de las dos modificaciones comentadas anteriormente. Para ello, se utilizan los dos subconjuntos de imágenes con cambios relativos a la escala y a rotaciones sobre la imagen original. Para la extracción de puntos homólogos se utiliza la última aproximación descrita anteriormente. Un ejemplo se puede observar en la Figura 5.

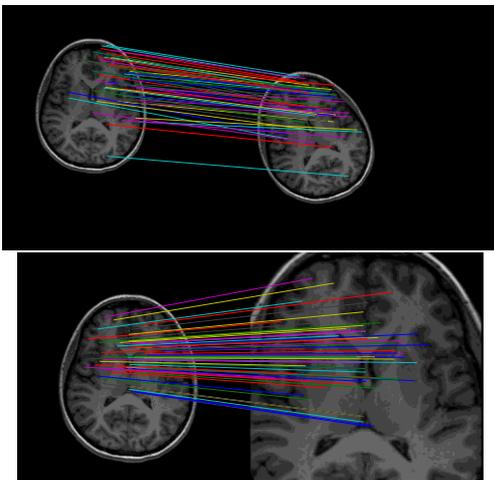


Figura 5. Pares de puntos homólogos en rotación (figura superior) y en cambio de escala (figura inferior)

3. Metodología de evaluación

Los métodos de evaluación se dividen en dos grupos: pruebas generales, cuyo objetivo es evaluar la eficacia de los descriptores en cualquier tipo de imágenes sobre las que se vaya a trabajar (en nuestro caso, serán imágenes médicas); y pruebas específicas para estudios de neuroimagen, donde se evalúa el rendimiento del método para encontrar puntos singulares que tienen relación con estructuras cerebrales.

Los parámetros de evaluación que se van a obtener son: tiempo medio de cómputo, media de número de pares homólogos detectados por superficie, estabilidad de los descriptores antes cambios de escala y rotaciones en las imágenes y representatividad media de la muestra por superficie y por estructura anatómica de interés.

3.1. Pruebas generales

En este tipo de pruebas se evalúa el tiempo medio de cómputo, rendimiento, número de pares de puntos homólogos, estabilidad de los descriptores frente a cambios en la imagen y representatividad de la muestra por superficie.

En primer lugar, se evalúan los tiempos medios de cómputo y el número de pares homólogos detectados por cada uno de los descriptores [10]. Lo deseable es obtener una gran cantidad de pares homólogos en el menor tiempo posible.

El rendimiento de cada descriptor se evalúa utilizando los siguientes parámetros [11] [12]:

- Tasa de error o también “1- precisión” representa el número de emparejamientos incorrectos frente al número total de emparejamientos.

$$Tasa_error = 1 - precision = \frac{emparejamientos_incorrectos}{total_emparejamientos}$$

- Tasa de acierto representa el número de emparejamientos correctos frente al número total de emparejamientos.

$$Tasa_acierto = \frac{emparejamientos_correctos}{total_emparejamientos}$$

La estabilidad de los descriptores frente a cambios en la imagen se estima obteniendo el número medio de puntos homólogos detectados, y analizando el número medio de verdaderos positivos detectados. Cuanto mayor sea este valor, mayor será la estabilidad de los descriptores.

Para evaluar la representatividad de la muestra por superficie se proponen dos estrategias. La primera consiste en obtener la máscara de la región de interés de la imagen, es decir, de las estructuras de interés y el área total de la región. Con estos datos se calcula el ratio entre el número de puntos de singulares detectados sobre la máscara de la región de interés y el área total de esa zona de interés. Cuanto más próximo a la unidad se encuentre este ratio, mejor será la distribución de la muestra sobre la estructura de interés.

$$representatividad = \frac{puntos_máscara}{total_puntos_Rol}$$

La segunda estrategia permite evaluar la homogeneidad de la distribución de los puntos de interés, es decir, las estructuras cerebrales se sitúan en la región cortical y subcortical. Por tanto, la detección de puntos en ambas regiones permite detectar estructuras cerebrales en las dos regiones mencionadas. Para evaluar la homogeneidad se utiliza la triangularización de Delaunay utilizando los puntos singulares detectados. Se calcula la varianza de las áreas de los triángulos que componen esa triangularización de la región de interés. Un valor bajo de variancia significa que los valores de las áreas de los triángulos son similares y que por tanto los puntos detectados están repartidos de forma homogénea.

3.2. Pruebas específicas

Las pruebas específicas permiten encontrar las relaciones entre los puntos singulares detectados y las estructuras cerebrales de interés. Para ello, es necesario utilizar el estudio de imagen que contiene la identificación de las estructuras anatómicas.

El objetivo es identificar las estructuras cerebrales de forma automática utilizando los pares de puntos homólogos detectados. Para ello, se realizará una búsqueda a lo largo del descriptor y en función de la información del descriptor obtenida se seleccionará o no el punto singular de la imagen del paciente que va a identificar una estructura cerebral determinada.

Para analizar los resultados de forma cuantitativa se obtiene la representatividad de la muestra por estructura y la eficiencia de los algoritmos utilizados. El primer parámetro permite evaluar la bondad de cada descriptor para la detección de estructuras cerebrales que se sitúan en regiones corticales y subcorticales. La eficiencia se define como el ratio entre el número de puntos singulares detectados que tienen una relación con estructuras anatómicas y el número total de puntos detectados. Cuanto más próximo a la unidad se encuentre este parámetro, mayor número de puntos detectados tendrán un significado anatómico.

4. Conclusiones

La identificación automática de estructuras cerebrales es una de las principales etapas en el procesado de estudios de neuroimagen. Una aproximación consiste en detectar puntos sobre la imagen que tengan unas determinadas características tanto de posición como de variación de intensidad con el objetivo de extraer una relación entre estructura cerebral y punto detectado. Nuestro trabajo parte de la propuesta de utilizar descriptores para detectar estos puntos singulares. Los descriptores son algoritmos que contienen información relevante sobre posición e intensidad de los puntos detectados. En trabajos anteriores, se comprobó la viabilidad de utilizar estos algoritmos en este contexto de aplicación, pero se detectó la necesidad de introducir variaciones para mejorar su rendimiento. Para poder evaluar y seleccionar el algoritmo que mejor se ajusta a las necesidades del contexto de aplicación es necesario diseñar una metodología que permita evaluar de forma objetiva los resultados obtenidos.

En este trabajo se describe y propone una nueva metodología de evaluación de descriptores para su aplicación en estudios de neuroimagen. El principal objetivo es evaluar estos métodos con carácter general, obteniendo parámetros que permitan cuantificar el tiempo de cómputo, el número de pares homólogos entre dos descriptores, la invariancia de los métodos antes cambios en la imagen, como rotación y modificación de la escala, y la representatividad de la muestra. Por otra parte, se pretende evaluar de manera específica los métodos para obtener el algoritmo que permite obtener el mayor número de puntos singulares que tienen una relación directa con estructuras cerebrales de interés.

La metodología propuesta permite evaluar los nuevos algoritmos diseñados e implementados, compararlos con los algoritmos existentes en el estado del arte y seleccionar el algoritmo más adecuado para su aplicación en estudios de neuroimagen.

Referencias

- [1] IZARD C *et al.* Automatic landmarking of magnetic resonance brain images. *Medical Imaging 2005: Image Processing*, vol. 5747, n. 1, pp. 1329-1340, 2005.
- [2] SHATTUCK DW *et al.* Semi-automated method for delineation of landmarks on models of the cerebral cortex. *Journal of Neuroscience Methods*, vol. 178, pp. 385-392, 2009.
- [3] VERARD L *et al.* Fully automatic identification of AC and PC landmarks on brain MRI using scene analysis. *IEEE Transactions on medical imaging*, vol. 16, n. 5, 1997.
- [4] LUI ML *et al.* Automatic Landmark Tracking and its Application to the Optimization of Brain Conformal Mapping. *IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, vol. 2, pp. 1784 – 1792, 2006.
- [5] LUNA SERRANO M. *et al.* Detección automática de puntos singulares en imágenes de resonancia magnética cerebral. *Actas del XXIX Congreso Anual de la Sociedad Española de Ingeniería Biomédica (CASEIB 2011)*, 2011
- [6] LOWE D. Object recognition from local scale-invariant features. *Proceedings of the International Conference on Computer Vision*, n°2, pp. 1150-1157, 1999
- [7] BAY H. *et al.* SURF: Speeded Up Robust Features. *Computer vision and Image understanding*, vol. 110, n° 3, pp. 346-359, 2008
- [8] LUNA SERRANO M. *et al.* Automatic brain anatomical landmark detection. *Proc. Joint Workshop on New Technologies for Computer/Robot Assisted Surgery*, 2012
- [9] MIKOLAJCZK K. *et al.* A performance evaluation of local descriptors. *IEEE Trans on pattern analysis and machine intelligence*, vol. 27, n° 10, pp. 1615-1630, 2005.
- [10] ROMERO AM. *et al.* Comparativa de detectores de características visuales y su aplicación al SLAM. *X Workshop de agentes físicos*, 2009.
- [11] GOSSOW D. *et al.* An evaluation of open source SURF implementations. *RoboCup 2010*, pp. 169–179, 2011.
- [12] JUAN L. *et al.* A comparison of SIFT, PCA-SIFT and SURF. *International Journal of Image Processing*, vol. 3, n° 4, pp. 143-152, 2009.