

Segmentación del endocardio en imágenes de tomografía axial mediante máquinas de vectores soporte

A. García Cuenca¹, I. Mora Jiménez¹, M. Sanromán Junquera¹, A. García Alberola², J.L. Rojo Álvarez¹

¹ Departamento de Teoría de la Señal y Comunicaciones, Universidad Rey Juan Carlos, Fuenlabrada, España, {alvaro.garcia, inmaculada.mora, margarita.sanroman, joseluis.rojo}@urjc.es

² Servicio de Cardiología, Hospital Universitario Virgen de la Arrixaca, Murcia, España, arcadi@secardiologia.es

Resumen

La tomografía axial computerizada (TAC) permite obtener información anatómica detallada sobre las cámaras cardíacas. La segmentación del endocardio se ha abordado mediante distintas técnicas, las cuales necesitan información adicional, como modelos definidos a priori o la interacción del usuario. En este trabajo se propone el diseño de segmentadores basados en técnicas de aprendizaje máquina, en particular las máquinas de vectores soporte (SVM). Con un 0,0073% de vectores de aprendizaje, obtenidos a partir de un único slice presegmentado mediante watershed, nuestro sistema es capaz de segmentar el corazón de dos pacientes con generalidad consistente. Se muestra que los esquemas basados en SVM pueden ofrecer resultados satisfactorios para la segmentación del endocardio y pueden ser implementados para futuras aplicaciones de automatización del proceso de reconstrucción del corazón.

1. Introducción

El procesamiento de imágenes médicas, entre ellas las imágenes de tomografía axial computerizada (TAC) [1] es una línea de investigación muy activa actualmente, pues permiten obtener información anatómica detallada que facilita las labores de diagnóstico médico. Para separar las regiones de interés se utilizan técnicas de segmentación. Una de las más populares es la técnica de *watershed*, un sencillo método de crecimiento de regiones que segmenta la imagen en las zonas de influencia de los mínimos regionales. Uno de los principales inconvenientes de esta técnica es su alta sensibilidad al ruido, lo que se traduce en una sobresegmentación. Para superar esta limitación se han propuesto trabajos específicos [2]. Los esquemas de segmentación basados en modelos cardíacos han recibido también especial atención [1], ofreciendo ventajas como regularización intrínseca, marco común para segmentación y análisis de imagen, grado de complejidad del modelo o abstracción controlable, o utilidad de los parámetros del modelo como índices clínicos. Para su aplicación a la segmentación endocárdica, los esquemas anteriores suelen requerir la interacción con el usuario, por lo que la búsqueda de esquemas completamente automáticos es aún un campo abierto de investigación. Las técnicas basadas en el aprendizaje máquina han recibido también especial atención, y se han llegado a proponer esquemas especialmente diseñados para tareas de segmentación cardíaca en TAC [3]. No obstante, la necesidad de

disponer de un conjunto de entrenamiento etiquetado hace que estas técnicas no permitan por sí solas una aproximación a la segmentación automática, por la propia definición del problema.

En el ámbito del aprendizaje máquina, en los últimos años se han utilizado ampliamente las máquinas de vectores de soporte (SVM, de sus siglas en inglés para *Support Vector Machines*), tanto para abordar problemas de clasificación como de regresión [4] en ámbitos que van desde la bioingeniería a la teledetección o a las comunicaciones [5]. A pesar de las características de regularización, robustez, y capacidad de generalización ofrecidas por la SVM como herramienta de clasificación, su utilización en problemas de segmentación cardíaca no ha sido propuesta hasta la fecha. No obstante, la utilización de SVM por sí sola no es suficiente para esquemas no supervisados, ya que las SVM para clasificación necesitan las etiquetas en un subconjunto conocido. Aunque una alternativa es la utilización de esquemas kernel, como la SVM monoclasa o métodos de aprendizaje incremental, en este estudio se propone aprovechar de forma conjunta la capacidad de clasificación de los algoritmos SVM, en combinación con un etiquetado previo en un conjunto limitado de ejemplos mediante técnicas de *watershed*, intentando así conjugar las ventajas de ambos métodos.

El esquema del trabajo es como sigue. En la Sección 2 se describen muy brevemente los fundamentos teóricos de los métodos de segmentación utilizados en este estudio. En la Sección 3 se presenta la metodología y los experimentos realizados. En la Sección 4 se muestran los resultados obtenidos con la aproximación propuesta. Por último, en la Sección 5 se indican las conclusiones y las futuras líneas de mejora.

2. Métodos

En el esquema de segmentación propuesto, se han utilizado dos métodos complementarios: el método de *watershed*, y el método de aprendizaje máquina mediante SVM. Este segundo método comprende el entrenamiento y construcción del segmentador del endocardio a partir de la presegmentación proporcionada por *watershed* en un único *slice* de un paciente, y la aplicación de la máquina de segmentación al volumen completo.

2.1. Segmentación de imágenes mediante *watershed*

Uno de los objetivos que se persigue al segmentar una imagen es extraer los contornos de los objetos de interés. El algoritmo de *watershed* es un método de crecimiento de regiones que parte de los mínimos regionales y, para cada uno de ellos, determina su zona de influencia, que se denomina cuenca. La línea que se dibuja donde confluyen varias cuencas se denomina *línea de watershed*, y es la que separa estas regiones. Si efectuáramos el *watershed* de la imagen gradiente, las *líneas de watershed* seguirían los bordes de la imagen, llevando a cabo una segmentación de la misma en regiones de baja intensidad de gradiente, que suelen ser regiones sin bordes. Así, la segmentación por *watershed* trata de encontrar el mejor contorno para las zonas de influencia de los mínimos regionales. Las ecuaciones detalladas del procedimiento pueden encontrarse en [6].

2.2. Clasificación binaria mediante SVM

Las SVM fueron propuestas por Vapnik [4] para resolver originalmente problemas de clasificación binaria. Para ello, se parte de un conjunto de n muestras de entrenamiento d dimensionales $\{x_i, y_i\}, i=1, \dots, n$, donde $x_i \in \mathbb{R}^d$ e $y_i \in \{-1, 1\}$, siendo y_i un indicador (o etiqueta) de la clase a la que pertenece la muestra x_i . Para conseguir generalización, SVM construye el hiperplano de separación que maximiza el margen de separación entre clases.

En muchos problemas reales no es posible resolver el problema de clasificación (o en nuestro caso, segmentación) utilizando una función lineal. En este caso SVM recurre a un espacio $\Phi(x)$, potencialmente de mayor dimensión, en el que los datos sean linealmente separables, definiendo en ese espacio el hiperplano. La formulación de SVM permite resolver el problema de clasificación sin realizar la transformación al espacio $\Phi(x)$. Para ello, es suficiente con encontrar una función $K(\cdot)$, denominada núcleo de Mercer, equivalente a un producto escalar en el espacio de transformación, de modo que $K(x_i, x_j) = \langle \Phi(x_i), \Phi(x_j) \rangle$. En este trabajo se ha utilizado una función núcleo de tipo gaussiano:

$$K(x_i, x_j) = \exp\left(-\frac{\|x_i - x_j\|^2}{2\sigma^2}\right)$$

donde σ define la anchura de la función gaussiana. Para obtener el clasificador, SVM optimiza la siguiente función de coste,

$$\frac{1}{2} \|w\|^2 + C \sum_{i=1}^n \xi_i$$

donde w define el hiperplano de separación, y C es un parámetro elegido por el usuario para controlar la compensación entre maximización del margen de separación y la minimización de errores en la clasificación (ξ_i). Puede demostrarse [5] que la función de clasificación viene dada por

$$f(x) = \text{signo} \left(\sum_{i=1}^{N_s} \alpha_i y_i K(s_i, x) + b \right)$$

donde b es el sesgo del hiperplano, N_s el número de vectores soporte (muestras que definen el hiperplano), s_i el vector soporte y α_i el multiplicador de Lagrange correspondiente.

3. Procedimiento algorítmico propuesto

Inicialmente, las imágenes TAC del paciente (almacenadas en archivos DICOM) se adaptan a un volumen de tres dimensiones del entorno MATLAB. En la Figura 1 se muestra un *slice* del primer paciente (P1), *slice* que se considera como referencia.

A continuación, el volumen se umbraliza para eliminar los píxeles cuyo número TC no corresponde a tejido muscular, hueso o sangre [7]. El valor del umbral se ha obtenido empíricamente tras analizar los histogramas de todos los *slices* correspondientes al mismo paciente. El resultado se procesa utilizando operadores morfológicos binarios tridimensionales: un cierre seguido de una erosión con un elemento estructurante en forma de bola. Sobre el resultado se aplica el algoritmo de *watershed*, eliminando previamente los mínimos locales de menor contraste para evitar la sobresegmentación. El volumen resultante se segmenta en tres dimensiones y se crea un nuevo volumen binario (P1-Vol) manteniendo el objeto de mayor tamaño que es el que corresponde al corazón. En la Figura 2 se muestra la segmentación correspondiente al *slice* de referencia de P1-Vol, donde los píxeles de primer plano corresponden al interior del endocardio, las cámaras o los vasos.

Para mejorar la segmentación obtenida con *watershed*, se propone aplicar un clasificador SVM. Para ello, se considera un único *slice* de P1-Vol, tomándose aleatoriamente dos mil píxeles de primer plano y otros tantos de fondo. Utilizando las posiciones de estos píxeles se recogen los correspondientes números TC del volumen original, junto con los números TC de sus ocho vecinos. De este modo, obtenemos cuatro mil muestras con $d = 9$: la mitad de las muestras están etiquetadas $y = +1$ (zonas de interés) y la otra mitad con valor $y = -1$ (no interés).

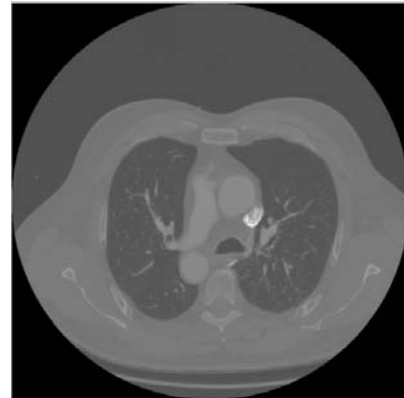


Figura 1. Slice de referencia

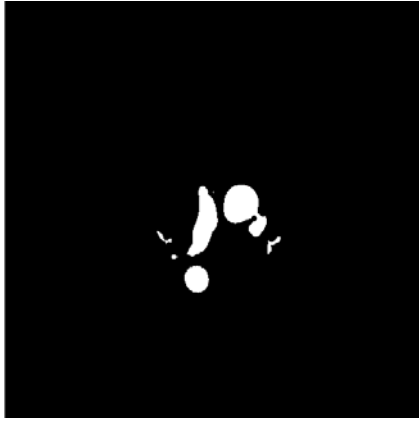


Figura 2. Resultado de la segmentación de la Figura 1 con watershed

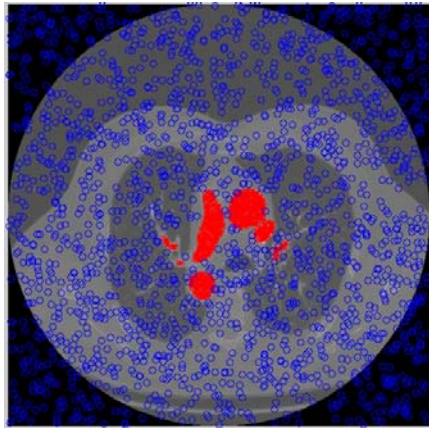


Figura 3. Posiciones de las muestras de entrenamiento de SVM sobre el slice de referencia (en rojo las muestras de endocardio o sangre, en azul las muestras de no interés)

La Figura 3 muestra la disposición de los píxeles de P1-Vol utilizados como referencia. Con las correspondientes muestras etiquetadas se entrena la SVM. Esta SVM se utiliza para segmentar, píxel a píxel, todos los *slices* del volumen original, construyendo un nuevo volumen con el resultado. El volumen binario resultante se segmenta en tres dimensiones y se crea un nuevo volumen binario manteniendo el objeto de mayor tamaño.

4. Resultados experimentales

Los registros de imagen TAC utilizados corresponden a dos pacientes (que denominaremos P1 y P2) y han sido proporcionados por el Hospital Universitario Virgen de la Arrixaca (Murcia). Las dimensiones de cada *slice* son de 512x512 píxeles, y el número de *slices* es de 208 para P1 y de 380 para P2.

En la Figura 4(a) se muestra el endocardio segmentado de P1 con *watershed*, y en la Figura 4(b) el obtenido con SVM. Para su mejor visualización, las superficies segmentadas se han suavizado con un filtro Laplaciano, representándose con un falso color rojo. Comparando las Figuras 4(a) y 4(b) se observa que la segmentación con SVM ofrece mayor nivel de detalle de la estructura del corazón, utilizando únicamente un 0.0073% del total de vóxeles para el diseño de la máquina.



(a)



(b)

Figura 4. Resultado para P1. (a) Utilizando para segmentación el método de watershed. (b) Utilizando para segmentación el clasificador SVM

Para estudiar la capacidad de generalización de la segmentación con SVM, el endocardio de P2 se segmenta utilizando el clasificador diseñado con los datos del paciente P1. Los resultados se muestran en las Figuras 5(a) y 5(b). Se puede observar cómo la SVM es lo suficientemente genérica para tratar adecuadamente la variabilidad de los números TC de diferentes pacientes.

Continuando con P2, si el segmentador SVM se diseña utilizando los números TC del propio paciente, correspondientes a un 0.0040% del total de vóxeles, la estructura segmentada resulta más compacta y con menos relieves que la obtenida con la SVM diseñada para P1. En la Figura 5(c) se observa este resultado.

La comparación de las Figuras 5(a), 5(b) y 5(c) muestra la capacidad de las SVM como herramienta de segmentación del endocardio, con buenas propiedades de conectividad y correspondencia incluso utilizando un porcentaje muy bajo de muestras para su diseño.

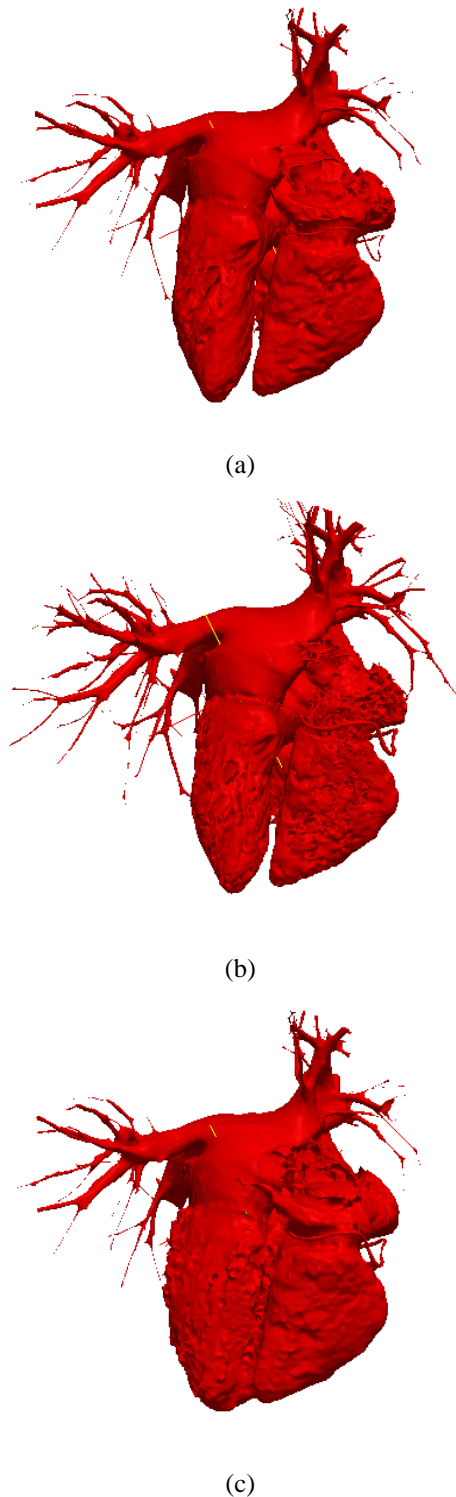


Figura 5. Estudio de generalización de la SVM. (a) Endocardio de P2 segmentado con watershed. (b) Endocardio de P2 segmentado con la SVM diseñada para P1. (c) Endocardio de P2 segmentado con la SVM diseñada para P2

5. Conclusiones

Este trabajo muestra que las SVM pueden ser utilizadas para etapas de segmentación automática utilizando un porcentaje muy bajo de los vóxeles disponibles como muestras de entrenamiento. Si se seleccionan de forma efectiva las muestras de entrenamiento, se puede obtener una máquina con propiedades de generalización para poder segmentar endocardios de pacientes diferentes de los utilizados en el diseño del segmentador.

Por sí sola, la segmentación por *watershed* aquí presentada se muestra muy dependiente del paciente. Los números TC pueden variar de forma muy significativa entre pacientes, lo que implica un cambio en el valor más adecuado del umbral previo a la segmentación con *watershed*. No obstante, la segmentación por *watershed* permite una estimación aceptable de las etiquetas a utilizar por la SVM binaria.

Como futuras líneas de mejora, se puede considerar la segmentación de las cavidades del corazón mediante SVM multiclase, validación en bases de datos más extensas, o la utilización de clasificadores monoclasa.

Agradecimientos

Este trabajo ha sido parcialmente financiado por los proyectos TEC2010-19263 (subprograma TCM) y TEC2007-68096-02-TCM, del Ministerio de Ciencia e Innovación (España).

Referencias

- [1] Frangi AF., Niessen WJ., Viergever MA. Three-dimensional modeling for functional analysis of cardiac images: A review, *IEEE Trans Med Imaging*, vol. 20, no 1, 2001, pp. 2-25.
- [2] Grau V., Mewes AUJ., Alcañiz M., Kikinis R., Warfield SK. Improved watershed transform for medical image segmentation using prior information, *IEEE Trans Med Imaging*, vol 23, no 4, 2004, pp. 447-58.
- [3] Zheng Y., Barbu A., Georgescu B., Scheuering M., Comaniciu D. Four-Chamber Heart Modeling and Automatic Segmentation for 3D Cardiac CT Volumes Using Marginal Space Learning and Steerable Features. *IEEE Trans Med Imaging*, vol 27, no 11, 2008, pp. 1668 – 81.
- [4] Vapnik V. The Nature of Statistical Learning Theory. 2ª ed., Springer-Verlag, 1999 (ISBN: 0387987800).
- [5] Camps G., Rojo JL., Martínez M. Kernel Methods in Bioengineering, Signal and Image Applications. IDEA Group Inc, 2006 (ISBN: 1599040425).
- [6] Meyer, F. Topographic distance and watershed lines. *Signal Processing*, vol. 38, no 1, 1994, pp. 113-25.
- [7] Carrión PA., Ródenas J., Rieta JJ. Ingeniería biomédica. Imágenes médicas. 1ª ed. Ediciones de la Universidad de Castilla-La Mancha, 2006 (ISBN: 8484274268).