

EXTRACCIÓN DE CONTORNOS VENTRICULARES A PARTIR DE VENTRICULOGRAMAS MEDIANTE REDES NEURALES Y ALGORITMOS GENÉTICOS

VERA MIGUEL.⁽¹⁾, BRAVO ANTONIO.⁽²⁾

⁽¹⁾Laboratorio de Física, Departamento de Ciencias, Universidad de Los Andes, Núcleo Táchira, San Cristóbal, Venezuela.e-mail:miguelvera@cantv.net. ⁽²⁾Grupo de Bioingeniería, Decanato de Investigación, Universidad Nacional Experimental del Táchira, San Cristóbal, Venezuela.e-mail:abravo@ula.ve.

RESUMEN

En el diseño de técnicas para obtener la forma ventricular izquierda, algunas veces, es necesario establecer una etapa previa a la detección, mediante la cual se define un conjunto inicial de puntos que se aproximan a la forma a identificar. Marcadores anatómicos del ventrículo izquierdo como el ápex y las regiones anterior y posterior de la válvula aórtica, pueden hacerse coincidir con puntos de la aproximación inicial. En este trabajo se utilizan tres redes neurales artificiales para identificar, automáticamente los marcadores antes señalados. Las variables discriminantes para el entrenamiento de tales redes, son matrices de 31x31 que contienen la forma de dichos marcadores. Las redes implantadas son prealimentadas, con tres capas ocultas, entrenadas con backpropagation y de configuración 961:31:7:2:1. El número de neuronas de las capas ocultas fue establecido por el criterio de la raíz. Si la salida de las redes indican el reconocimiento de los marcadores, se determinan unas coordenadas para ubicarlos en imágenes angiográficas digitalizadas. Tales coordenadas son usadas para establecer un contorno inicial, con ayuda de aproximadores cúbicos, el cual se optimiza -para obtener una mejor descripción de la forma ventricular izquierda- mediante el uso de Modelos de Cuerpos Deformables y Algoritmos Genéticos codificados en números reales.

Palabras Claves: Marcadores Anatómicos, Redes Neurales, Backpropagation, Modelos de Cuerpos Deformables, Algoritmos Genéticos.

EXTRACTION OF LEFT VENTRICULAR CONTOURS FROM VENTRICULOGRAMAS BY MEANS OF NEURAL NETWORKS AND GENETIC ALGORITHMS

ABSTRACT

In the design of techniques to obtain the left ventricular form, sometimes, it is necessary to establish a previous stage to the detection, through which an initial set of points that approximate the shape to be identified are defined. Anatomical markers of the left ventricle like the apex and the anterior and posterior regions of the aortic valve, can be collided with points of the initial approximation. In this paper, three artificial neural networks are used to identify, automatically the markers before mentioned. The discriminate variables for the training of such nets are matrixes of 31x31 that contain the shape of such markers. The implanted neural networks are of pre-fed, with three hidden layers, trained with *back-propagation* and with configuration 961:31:7:2:1. The number of neurons of the hidden layers was established by the root criteria. If the outputs of the nets indicate the recognition of some of the markers, some coordinates are determined to locate them in digital angiographic images. Such coordinates are used to establish an initial environment, with the help of cubic approximates (*splines*), which is enhanced – to obtain a better description of the left ventricular shape – through the use of Deformable Body Models and Genetic Algorithms coded in real numbers.

Key words: anatomical markers, neural networks, back-propagation, Deformable Body Models, genetic algorithms.

Introducción

La cuantificación de la morfología y función cardíaca a partir de imágenes de angiografía por rayos X, requiere la segmentación de las cavidades del corazón. Las técnicas de segmentación se agrupan en tres categorías, a saber, técnicas de nivel bajo, intermedio y alto [1]. De esta clasificación, son de interés para el desarrollo del presente trabajo, las técnicas del nivel intermedio, particularmente, los **Modelos de Cuerpos Deformables** y las **Redes Neuronales Artificiales** (NN).

Los Modelos de Cuerpos Deformables son modelos físicos de objetos que se deforman bajo las leyes de la mecánica de Newton, en particular por la teoría de elasticidad expresada en la dinámica de Lagrange y son utilizados como una poderosa herramienta para la representación, reconstrucción, reconocimiento y manipulación de curvas no rígidas, superficies y sólidos; de allí que es una de las técnicas de mayor rango de aplicación en el análisis de imágenes [2].

Por otra parte, las redes neuronales artificiales (NN) son redes distribuidas de elementos de cálculo paralelo, implantadas computacionalmente, que poseen la habilidad de identificar, en un conjunto de datos, relaciones que no pueden ser obtenidas usando las técnicas analíticas comunes [3].

En una primera fase y para explotar la mencionada habilidad, se utilizaron las NN como clasificadores de patrones de imágenes dinámicas del corazón. En una segunda fase y con el propósito de establecer el contorno inicial se empleó una aproximación cúbica (β -Spline) y por último se usó un **algoritmo genético** codificado en números Reales (**RGA**) para optimizar el contorno del ventrículo izquierdo.

Los **algoritmos genéticos** (GA), son algoritmos de búsqueda de propósito general, que emplean mecanismos análogos a los involucrados en proceso de selección natural, que conducen a la búsqueda sobre un espacio dado o población, del mejor de los individuos, utilizando procesos de minimización o maximización de alguna función objetivo, que corresponde con la función de adaptabilidad o capacidad de supervivencia de los miembros de la población [4]. En problemas de optimización de parámetros con variables en dominios continuos, la representación natural y más directa que adoptan los genes son los números reales, surgiendo así los algoritmos genéticos codificados en números reales (RGA). El cromosoma es un arreglo de números en punto flotante, cuya precisión es la establecida por la computadora [5].

El tamaño del cromosoma se mantiene igual a la longitud del vector solución del problema, de esta forma, cada gen representa una variable del problema. Los valores asociados a los genes de cada cromosoma, deben estar limitados dentro de un intervalo establecido por las variables a la cual representan.

El uso de parámetros codificados en números reales, hace posible el uso de dominios extensos (incluso dominios desconocidos) para las variables, lo cual es difícil de lograr en implantaciones binarias, donde el incremento del dominio ocasionara una disminución en la precisión, para cromosomas de longitud fija. Otra ventaja cuando se usa codificación real, es su capacidad de explotar la gradualidad de las funciones con variables continuas.

La incorporación de las NN y los algoritmos genéticos codificados en números reales (RGA) como elementos optimizadores, para obtener una solución satisfactoria al problema abierto relativo al proceso de inicialización de los modelos deformables y al establecimiento de parámetros regularizadores para obtener el contorno ventricular izquierdo del corazón, constituye el objetivo fundamental de esta investigación.

Materiales y Métodos

Las variables discriminantes fueron obtenidas a partir de secuencias de imágenes dinámicas del corazón en formato DICOM facilitadas por el Centro Médico Caracas, correspondiente a seis pacientes y de imágenes del pulmón, riñón y fetos obtenidas de forma libre en Internet. Usando la secuencia de imágenes cardiacas en formato RAW de uno de los pacientes, se aplicó un proceso manual, para extraer un conjunto de subimágenes de tamaño 31x31, contentivas de los marcadores anatómicos más importantes al momento de caracterizar el ventrículo izquierdo. La asociación americana del corazón (AHA), define quince clases anatómicas de importancia para el establecimiento del contorno ventricular, presentadas en la figura 1. Gérard Olivier puntualiza que de esas 15 regiones, las realmente claves son el Ápex (AP), el lado anterior de la Válvula Aórtica (VA) y el lado posterior de dicha Válvula (VP) [6].

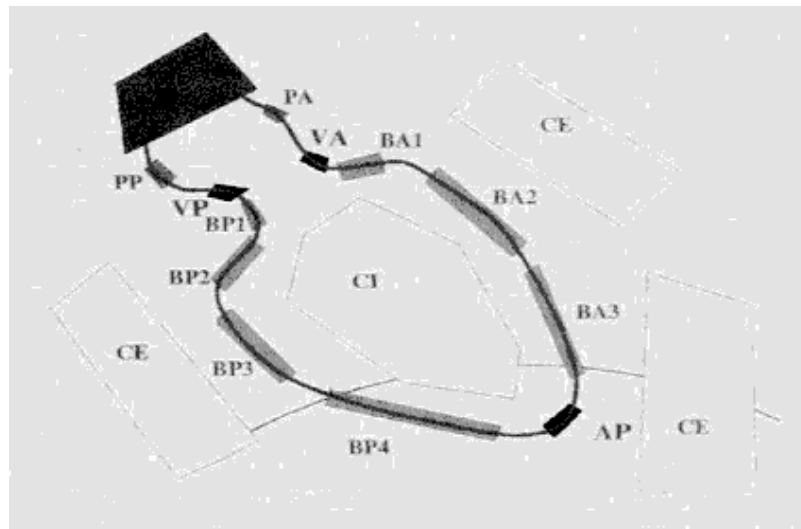


Figura 1: Clases anatómicas establecidas por AHA

Las citadas subimágenes fueron convertidas en vectores normalizados de 961 componentes cada uno; estableciéndose una base de datos de 50 vectores para cada marcador anatómico reseñado. Aplicando un procedimiento similar, se generó una base de datos contentiva de 225 vectores de 961 componentes, obtenidos de las imágenes bajadas de Internet.

Luego se procedió a generar las bases de datos necesarias para cada red neural, se configuró una matriz **P**, de 180 vectores en relación 1 : 4, es decir, por cada vector (a_i) que representa un marcador anatómico, se introducen cuatro vectores (I_i) relativos a no marcadores, es decir, la estructura parcial de **P** es la siguiente: $\mathbf{P}=[a_1 I_1 I_2 I_3 I_4 a_2 I_5 I_6 I_7 I_8 \dots]$.

Con el objeto de indicarle a la red cuales vectores de **P** no constituyen marcadores y cuales representan ápex, se construyó una matriz de 180 etiquetas **t**, respetando la misma relación establecida para **P**, asignándole el valor de “-1” a los vectores ápex y “1” a los vectores no ápex, por tanto la estructura parcial de **t** es: $\mathbf{t}=[-1 1 1 1 1 1 -1 1 1 1 1 \dots]$.

Es importante señalar que para clasificar a un vector como no marcador se tomó en cuenta el grado de diferencia que existe entre el mencionado vector -establecido mediante histogramas- y los que representan marcadores. Las matrices **P** y **t** constituyen los patrones de entrenamiento, de nuestra red neural.

Desarrollando un procedimiento análogo y usando los vectores restantes, se diseñaron las matrices relativas a los patrones de validación, etiquetas para validación, prueba y etiquetas para prueba. La función de estas matrices es mejorar la capacidad de generalización y la convergencia de una red neural. El manual de Matlab 6.1, presenta un estudio comparativo que establece los tipos de configuración y los algoritmos de aprendizaje que se comportan mejor en dos categorías: Representación de funciones y Reconocimiento de patrones; recomendando la configuración que se indica a continuación para la segunda categoría: redes multicapa prealimentadas, con

funciones de transferencia sigmoideas y algoritmo de backpropagation resiliente. La ventaja de este tipo de configuración es que el tiempo de entrenamiento se reduce considerablemente en relación con otros algoritmos y además se garantiza una buena velocidad de convergencia ya que el mencionado algoritmo se apoya en solo en el signo de la derivada. Utilizando el criterio de la raíz se estableció tanto el número de capas ocultas como el número de neuronas de cada capa [7]. A partir de la información obtenida, se diseñó una red neural preliminar con la siguiente configuración: 961:31:6:2:1.

Posteriormente se efectuó, la fase de entrenamiento que consiste en presentar a la entrada de la red diseñada, el conjunto de patrones de entrenamiento mencionado anteriormente; después de lo cual se identificó cada uno de los vectores que reconocía dicha red como ápex, detectando que la misma se estaba equivocando, en un número grande de imágenes que eran no ápex. Luego se aplicó el proceso de bootstrapping, que consiste en presentarle a la red los vectores no marcadores que erróneamente estaba identificando como marcadores. Debido a esto, la relación 1:4 utilizada originalmente fue modificada por una relación 1:10; generándose así una nueva red, que reflejaba un mejor comportamiento que la anterior. Agotado el proceso de bootstrapping, se obtuvieron redes mejor entrenadas, pero que identificaban un número exagerado de vectores para cada zona de interés, entonces se procedió a modificar en una unidad el número de neuronas de la segunda capa escondida, incrementándose a siete dicho número y se aplicó el proceso de adaptación, donde de forma heurística se le presentaba a las redes mejoradas, un mismo conjunto de patrones de entrada hasta obtener una respuesta satisfactoria en la salida de cada red. Cumplidos los mencionados procesos, se obtuvo la red neural definitiva, con la configuración: 961:31:7:2:1, la cual arrojó resultados aceptables. La figura 2 muestra un diagrama de bloques de la metodología descrita anteriormente.

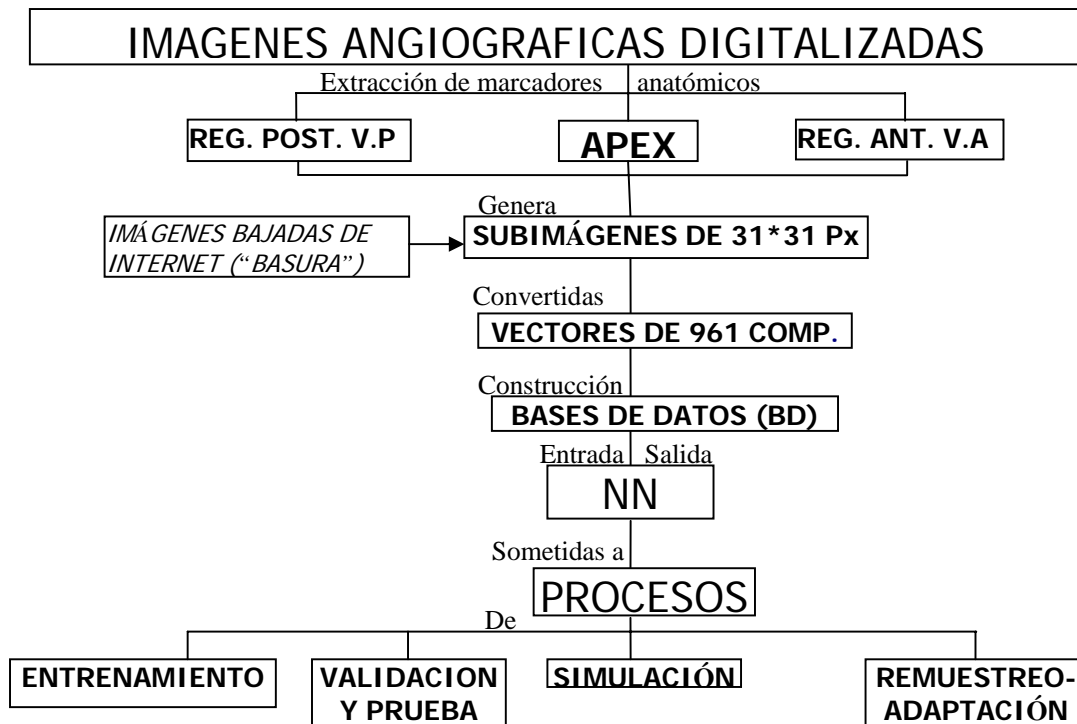


Figura 2. Diagrama de bloques del proceso seguido durante la primera parte de la investigación.

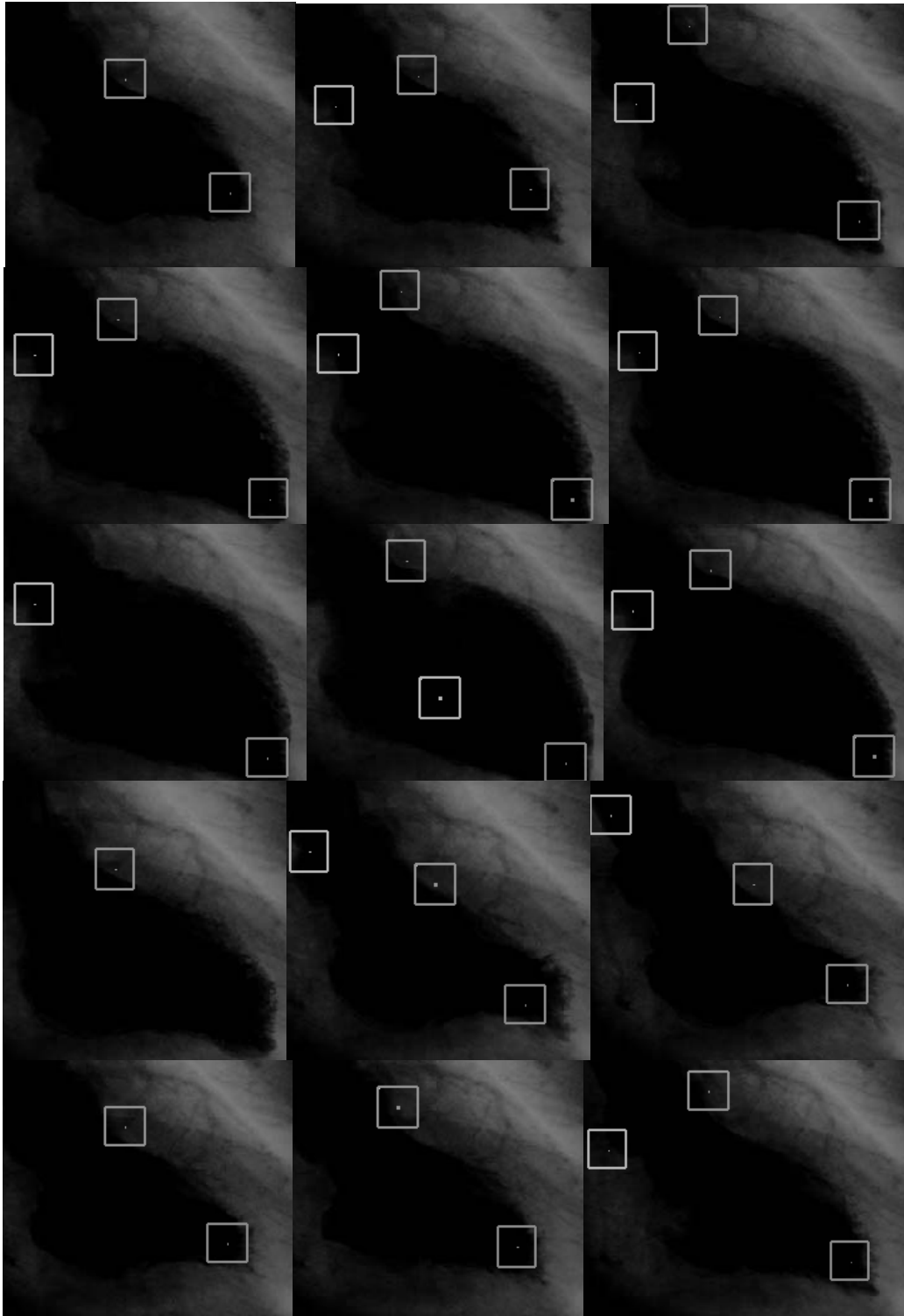
RESULTADOS Y ANÁLISIS

A las redes diseñadas se les presentó un conjunto de imágenes con el objetivo de que los clasificara como marcador anatómico o no. Se observó que la redes no presentaron problemas de sobreentrenamiento. Las coordenadas para la ubicación de los marcadores anatómicos están determinadas por el centroide de esta regiones cuadradas de 31 pixeles. La tabla1 muestra a continuación las coordenadas que representan la ubicación de las tres zonas de interés, reconocidas por las redes neurales diseñadas.

Tabla 1: Imágenes de prueba Vs Coordenadas Finales de cada zona

# de la Imagen	COORDENADA FINAL		
	VP	VA	AP
1	(0.0)	(198.173)	(282.263)
2	(129.193)	(195.169)	(285.260)
3	(121.191)	(163.129)	(298.285)
4	(119.188)	(185.160)	(305.301)
5	(120.187)	(169.137)	(306.302)
6	(121.185)	(185.157)	(306.302)
7	(119.182)	(0.0)	(304.303)
8	(204.256)	(177.148)	(304.307)
9	(118.187)	(180.155)	(310.302)
10	(0.0)	(199.170)	(0.0)
11	(109.156)	(210.182)	(282.277)
12	(96.127)	(209.182)	(284.261)
13	(0.0)	(200.171)	(282.263)
14	(0.0)	(186.156)	(281.266)
15	(95.189)	(176.143)	(289.277)
16	(117.192)	(175.146)	(298.296)
17	(116.190)	(181.154)	(304.301)
18	(118.189)	(184.157)	(304.303)
19	(116.186)	(177.146)	(303.303)
20	(160.222)	(172.142)	(307.310)
21	(115.188)	(180.153)	(307.306)

Aquellos patrones reconocidos como marcadores anatómicos son ubicados sobre las imágenes de prueba con ayuda de las coordenadas dadas por la tabla1 y utilizando cuadros de 31x31 píxels, obteniéndose los resultados que se muestran en la figura 3.



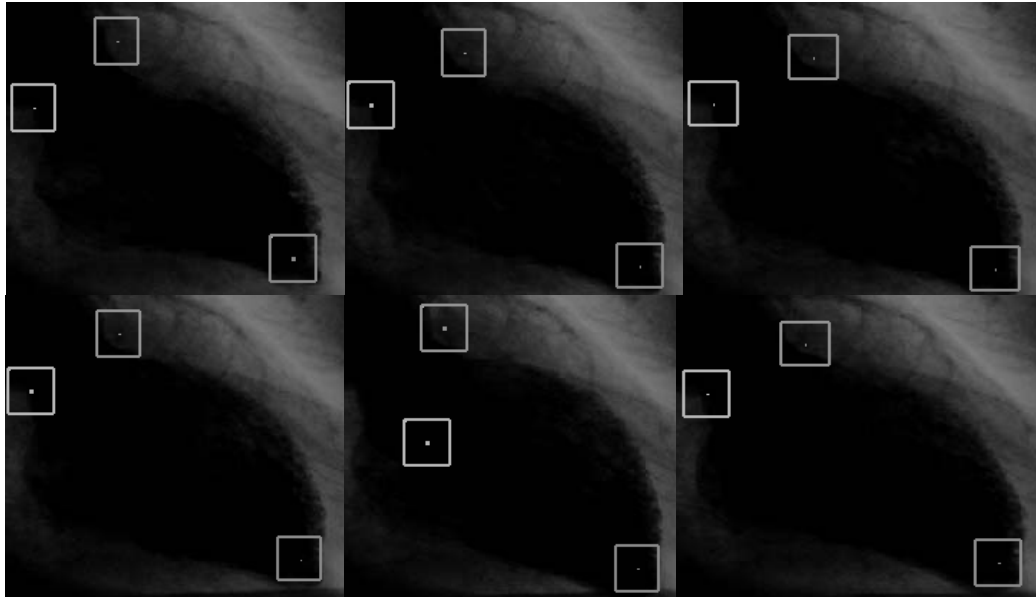


Figura 3: Secuencia de imágenes resaltando, mediante los recuadros respectivos, los marcadores anatómicos reseñados.

De un total de veintiuna (21) imágenes presentadas a las redes diseñadas, éstas desempeñaron un trabajo adecuado en 12 imágenes de prueba. También se observa, un trabajo no del todo satisfactorio para otras cuatro imágenes; mientras que las cinco (05) imágenes que poseen solo uno o dos recuadros, fueron descartadas debido a que con ese número de marcadores, se hace imposible desarrollar el resto de la investigación.

La información reflejada en la tabla1, fue usada para generar el contorno inicial del ventrículo izquierdo de las imágenes en las que las redes neurales, identificaron los tres marcadores anatómicos previstos. Para ello, se procedió a diseñar un programa que implantará un aproximador cúbico o β -spline, utilizando para ello matlab 6.1. Las funciones del mencionado programa son:

- Leer y rotar las coordenadas establecidas para cada zona de interés
- Establecer un espaciamiento uniforme para los puntos de la variable independiente
- Generar el spline cúbico
- Codificar los puntos del spline generado, para su posterior utilización por el RGA, en un archivo con extensión “dat”
- Graficar el contorno inicial para cada imagen.

Utilizando una de las imágenes reseñadas en la tabla 1, se procedió a representar el contorno inicial sobre ella, obteniéndose el resultado gráfico de la figura 4:



Figura 4: Contorno inicial trazado sobre la imagen de prueba 2

En esta imagen, el contorno inicial se representa mediante una línea blanca. Obsérvese que dicho contorno, tiene el problema de estar demasiado centrado sobre la zona más oscura de la imagen. Para solventar ésta situación, se procedió a generar el contorno inicial en tres fases, cada una de las cuales se explica a continuación.

Fase uno: Para generar el lado derecho del contorno inicial, fueron considerados los puntos de control originales ubicados en el lado anterior de la válvula aórtica (VA) y en el ápex (AP); obteniéndose la línea de contorno que se muestra en la figura 5.

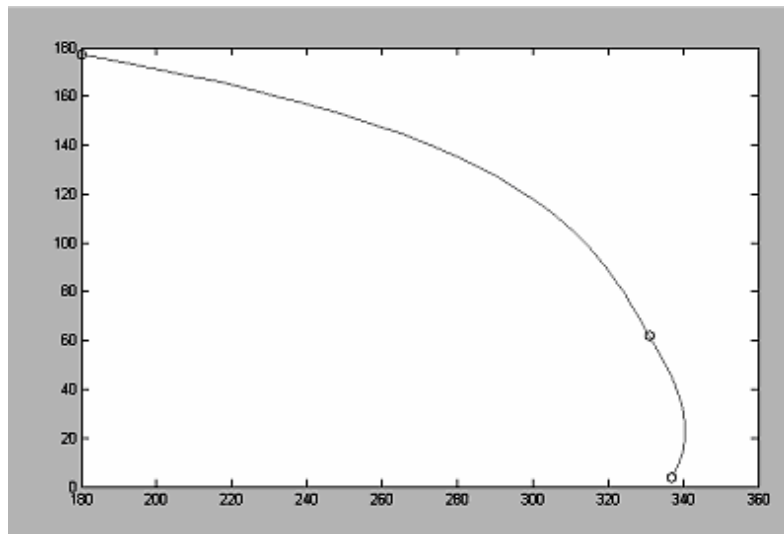


Figura 5: Lado derecho del contorno inicial luego de aplicada la fase uno.

Fase dos: Para generar el lado izquierdo del contorno inicial, fueron considerados los puntos de control originales ubicados en el lado posterior y anterior de la válvula aórtica y en el ápex, obteniéndose la línea de contorno que se muestra en la figura 6.

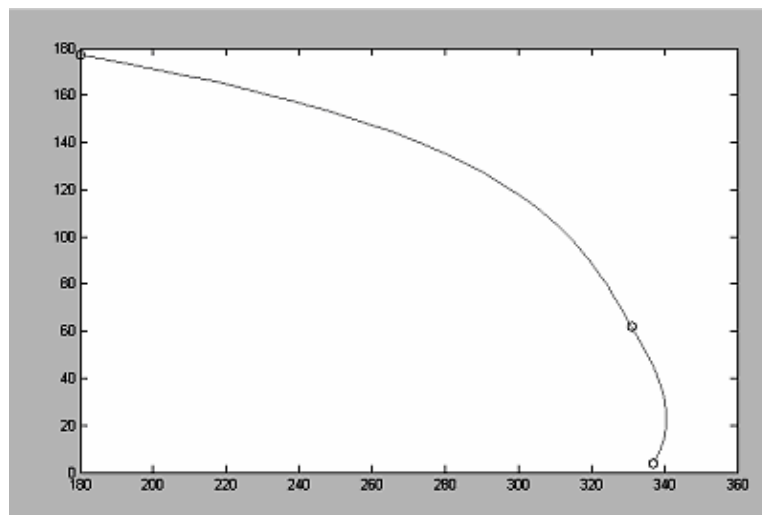


Figura 6: Lado Izquierdo del contorno inicial luego de aplicada la fase dos.

Fase tres: Para generar el contorno inicial completo, basta con unir en una sola composición gráfica los contornos generados en las fases anteriores, generándose el contorno que se observa en la figura 7.

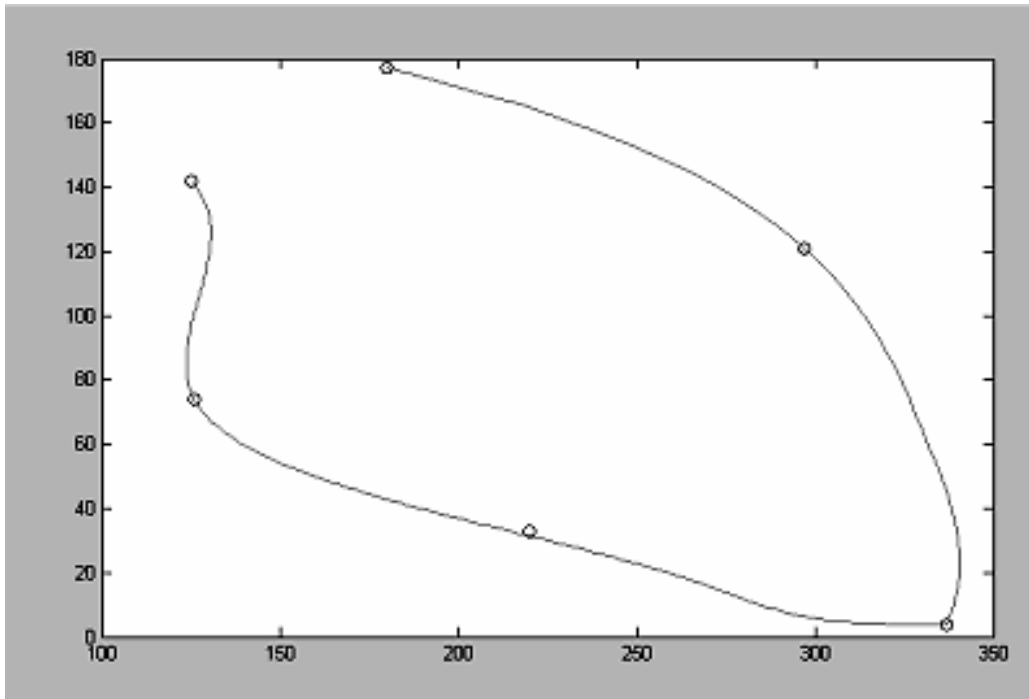


Figura 7: Contorno inicial completo obtenido luego de aplicar la fase tres.

Obtenido el citado contorno, se procedió a implantar un RGA usando lenguaje C. Al aplicar este programa al contorno inicial, se trabajó con los siguientes parámetros:

- Para el modelo de cuerpos deformables:
 - ALFHA=0.091
 - BETA=0.0091
 - GAMMA=-1
- PANTALLA DEL RGA:
 - Sin elitismo;

- Tamaño de la población = 80
- Número de Generaciones = 80;
- Operador de mutación: Ninguno

La figura 8, representa el contorno inicial y el contorno final luego de la ejecución del RGA, sobre la mencionada imagen.

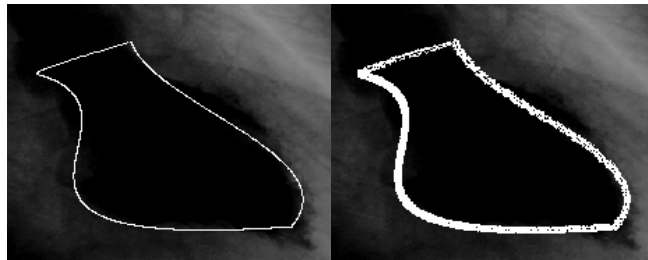
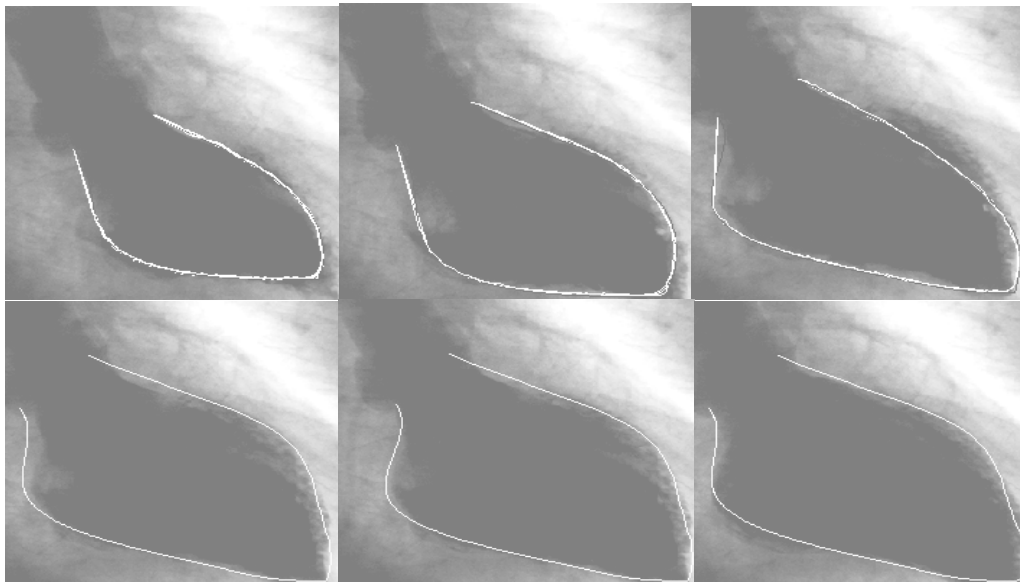


Figura 8: Contorno inicial y final obtenido sobre la imagen de prueba 2.

La secuencia de imágenes que muestra la figura 9, fue generada aplicando un procedimiento similar para el resto de imágenes de prueba, que fueron identificadas por las redes neurales.



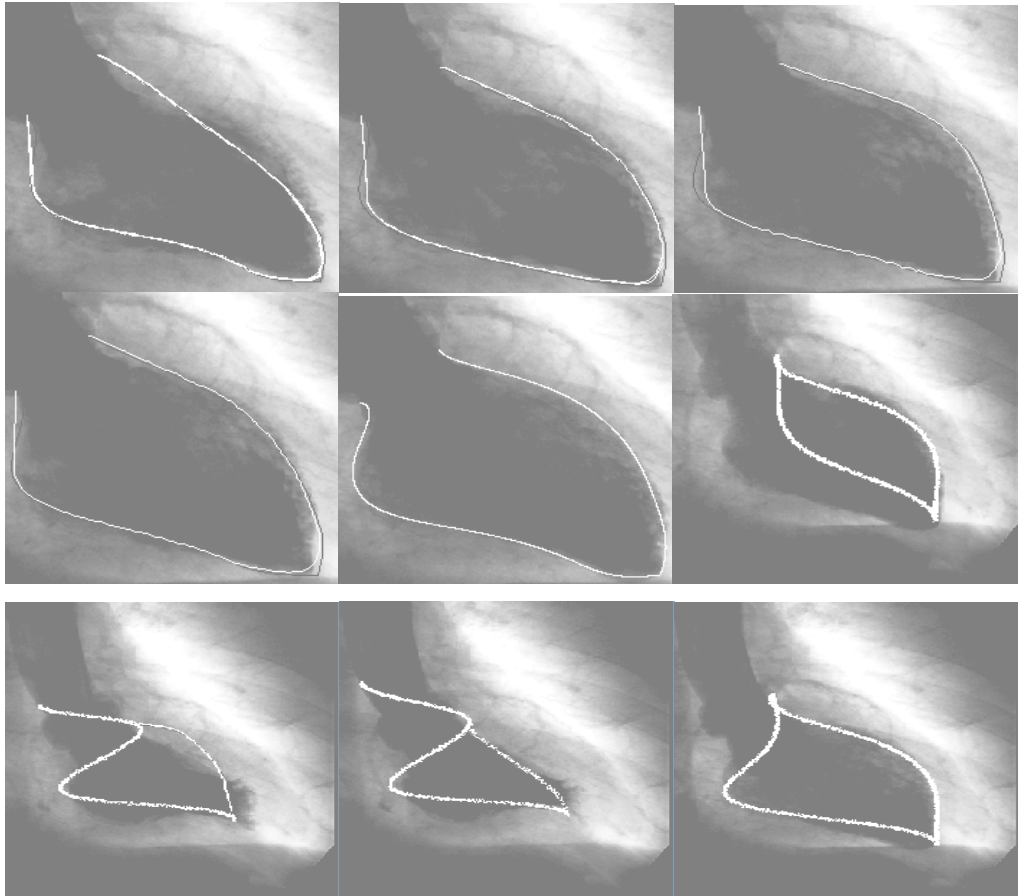


Figura 9: Secuencia de contornos finales sobre las imágenes de prueba

Un análisis de los contornos mostrados en la secuencia anterior, permite afirmar que para las imágenes identificadas adecuadamente - por las redes neurales- se pudo obtener un contorno ventricular bastante cercano al esperado; mientras que las imágenes en las que no se logró una identificación adecuada de los marcadores anatómicos (en la secuencia, las cuatro últimas imágenes), el contorno obtenido no es satisfactorio.

Una vez obtenida la secuencia anterior de imágenes, se procedió a desarrollar el proceso de comparación entre los contornos trazados por un cardiólogo hemodinamista, denominados de

aquí en adelante Contornos de Referencia (ver figura 10) y dos de los contornos de la imagen segmentada, uno en fase de diástole y otro en fase de sístole.

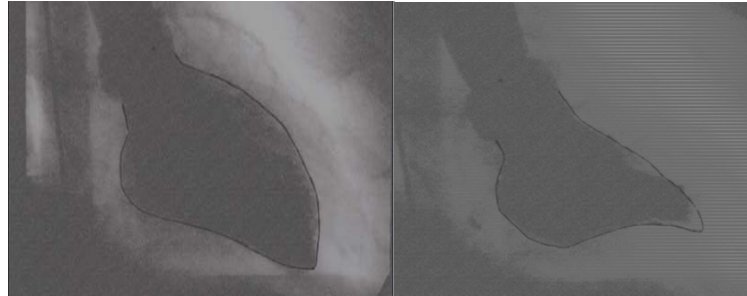


Figura 10: Contornos de Referencia (Izquierda: Diástole; Derecha: Sístole).

Para ello se utilizó como base el trabajo desarrollado por Bravo y Medina [45] y se implementó un programa, escrito en lenguaje C estandar, cuyas funciones fueron:

- Determinar el centro de gravedad de la imagen de referencia
- Calcular el área del contorno de referencia
- Determinar el centro de gravedad de la imagen segmentada
- Calcular el área del contorno de la imagen segmentada
- Calcular los dos estimadores de forma, previstos por los mencionados autores, a saber:
 - El error de intersección de las áreas (e)
 - La media de la mínima distancia (\bar{e})

La combinación lineal de estos estimadores, generan un nuevo parámetro (ϵ), denominado error promedio, que mide la similaridad espacial y la diferencia de las áreas de los contornos comparados, es decir : $\epsilon = \alpha \cdot \bar{e} + \beta \cdot e$

Es importante señalar que el parámetro ϵ debe ser menor o igual a **13**, para que el método de segmentación sea considerado aceptable[8].

La figura 11, muestra la imagen donde se superponen el contorno de referencia y el contorno de la imagen segmentada, tanto para la fase de diástole (izquierda) como de sístole

(derecha), lo cual permite establecer gráficamente el grado de similitud o de diferencia entre ellos.

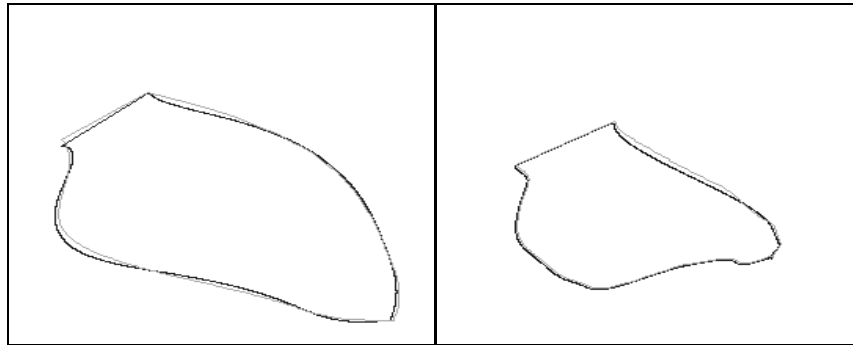


Figura 11: Contornos de Referencia (en negro) y de la imagen segmentada (en gris) que permite cuantificar la diferencia entre ellos.

Asumiendo los factores de peso α y β , de igual valor ($\alpha = \beta = 0.5$), para considerar de manera equitativa los dos estimadores reseñados y empleando la combinación lineal establecida, se calcularon los valores para ϵ , cuyos resultados son los siguientes:

Tabla 2: Valores de los estimadores de forma y del error promedio ϵ , que permite establecer la similaridad entre las imágenes.

Parámetros	Diástole	Sístole
e	5.07	2.27
\bar{e}	13.74	18.41
ϵ	9.40	10.34

CONCLUSIONES

Se ha presentado un método automático para la segmentación eficiente de de la cavidad ventricular. El mencionado método se fundamenta en teorías estadísticas, matemáticas, físicas, computacionales y emergentes, para el reconocimiento de la forma de objetos contenidos en imágenes bidimensionales.

Las redes neurales generadas a lo largo de la presente investigación, identificaron los marcadores anatómicos primordiales, para la detección automática de los contornos ventriculares del corazón, a saber: la región del ápex y las regiones anterior y posterior a la válvula aórtica. Se verificó que tales patrones pueden ser identificados sin necesidad de utilizar técnicas de preprocesamiento de los patrones de entrenamiento de cada NN.

En cuanto al proceso de detección de bordes en angiografías usando un modelo de cuerpo deformable, se puede afirmar que el mínimo puede ser alcanzado sin tener que entonar los parámetros de elasticidad y curvatura asociados a tal funcional. En este sentido, el RGA fue usado, en este trabajo, para la optimización de un extractor de la forma ventricular izquierda basado en modelos deformables y se demostró que el uso de los algoritmos genéticos codificados en números reales (RGA), permiten acercarse a la definición de los problemas físicos con variables de dominio continuo.

Agradecimiento

La realización de la presente investigación no hubiese sido posible sin el gran apoyo y respaldo brindado por el Centro Médico Caracas, Universidad Nacional Experimental del Táchira y Universidad de los Andes Núcleo Táchira.

Referencias Bibliográficas

- [1] Bravo, A. (1999). Segmentación de Imágenes Ventriculográficas usando Modelos Deformables. Tesis de Maestría en Matemática. Universidad de los Andes, Facultad de Ingeniería, Mérida, Venezuela.
- [2] Radeva P., et al, (1995) "A Snake for Model-Based Segmentation", Proc. Of International Conf. On Computer Vision, Usa.
- [3] Haykin S, "NEURAL NETWORKS. A Comprehensive Foundation", Prentice Hall, 2nd Edition, Usa, 1999.

[4] J. H. Holland, (1975). "Adaptation in Natural and Artificial Systems". Michigan: The University of Michigan Press.

[5] A. Bravo, (2004). Técnicas de Segmentación en Imágenes Cardiacas. Universidad Nacional Experimental del Táchira. San Cristóbal, Venezuela.

[6] Olivier G, "Automatic Contour Detection by Ending Knowledge into Active Contour models", IEEE Workshop on Applications of Computer Vision Princeton, NJ, Usa, 1998.

[7] Colina E, "Generalidades sobre Redes Neuronales". Universidad de los Andes, Mérida, Venezuela, 1995.

[8] A. Bravo, R. Medina, (2001). "Comparación de Técnicas de Detección de la Cavidad Ventricular Izquierda" . Memorias II Congreso Latinoamericano de Ingeniería Biomédica, La Habana, Cuba. Artículo 00162.