

Estimación de Densidades Conjuntas de Probabilidad de Imágenes Médicas Basada en Vectores de Soporte

Jesús Serrano García, Pedro José García Laencina, José Luis Sancho Gómez
Departamento de Tecnologías de la Información y las Comunicaciones
Universidad Politécnica de Cartagena
Plaza del Hospital 1, 30202 Cartagena
Teléfono: 968326542
E-mail: jsg@alu.upct.es

Resumen. *El registro de imágenes permite combinar la información proporcionada por diferentes imágenes médicas. Entre las técnicas de registro destacan las basadas en la maximización de la información mutua (MMI, “Maximization of Mutual Information”) debido a su eficiencia. Para usar estos métodos se hace necesario calcular la función de densidad de probabilidad conjunta, siendo la técnica más utilizada el cómputo del histograma conjunto de las imágenes. Una desventaja clara de usar el histograma es que se trata de un estimador impreciso de la densidad de probabilidad. En este trabajo se propone un método de estimación de densidad de probabilidad conjunta basado en vectores de soporte.*

1. Introducción

Actualmente, la información proporcionada por las diferentes modalidades de imagen médica, tales como CT, MRI o PET, se hace complementaria. El proceso de alineamiento geométrico de diferentes imágenes, llamado *registro de imágenes médicas*, permite combinar esta información y facilita tareas tales como la planificación de terapias o el diagnóstico. Hay varias estrategias para abordar el problema de el registro de imágenes médicas [1], pero una de ellas, basada en la maximización de la información mutua de las imágenes, ha obtenido gran relevancia debido a su robustez y elegancia matemática. Este método, desarrollado simultánea pero independientemente en 1995 por Viola et al. en [2] y por Collignon et al. en [3], aplica el concepto de la teoría de la información como una medida de la dependencia estadística entre vóxeles en las dos imágenes.

En el proceso de cálculo de la información mutua (MI) se hace necesario estimar la densidad de probabilidad conjunta de las imágenes a ser registradas. En este trabajo se propone un método basado en vectores de soporte (SV, “Support Vector”) para estimar dicha densidad que proporciona una solución suave y dispersa. La técnica de vectores de soporte es usada para resolver las ecuaciones con operadores lineales que relacionan la distribución y densidad conjuntas de las imágenes bajo estudio. En este estimador, cada uno de los pesos de los SV se obtiene solucionando un problema de programación lineal, lo cual permite usar kernels no simétricos que no satisfacen la condición de Mercer.

2. El Problema del Registro de Imágenes Médicas

Las imágenes medicas generalmente se representan como secuencias de “rodajas” 2-D transversales, que se usan para construir un volumen 3-D a partir de las relaciones geométricas entre estas. El problema del registro de imágenes médicas consiste, de manera general, en hallar los parámetros envueltos en la transformación que alinea geoméricamente dichas imágenes. Este es usualmente un proceso retrospectivo, pues no se posee información a priori de las posiciones relativas del paciente o pacientes en los escáneres, y es deseable que sea automático y preciso. De los muchos enfoques para abordar el registro retrospectivo de imágenes médicas, el basado en la maximización de la información mutua (MMI) ha adquirido una gran relevancia en los últimos años. Este método postula que la información mutua entre las dos imágenes a ser registradas se hace máxima cuando éstas están geoméricamente alineadas.

2.1. Registro de Imágenes Médicas usando MMI

Sean \mathcal{R} (imagen *referencia*) y \mathcal{F} (imagen *flotante*) dos imágenes relacionadas por una transformación de registro T_{α} con parámetros α tal que los voxels \mathbf{p} en \mathcal{R} con intensidad r físicamente se corresponden con los vóxeles $T_{\alpha}(\mathbf{p})$ en \mathcal{F} con intensidad f [4]. La información que un valor contiene sobre el otro se mide como la información mutua $I(F, R)$ de las

variables $F = \{f\}$ y $R = \{r\}$

$$\begin{aligned} r &= \mathcal{R}(\mathbf{p}) \\ f &= \mathcal{F}(\mathbf{T}_\alpha(\mathbf{p})) \\ I(F, R) &= \sum_{f,r} p_{FR}(f, r) \log \frac{p_{RF}(f, r)}{p_F(f) \cdot p_R(r)} \end{aligned} \quad (1)$$

donde $p_{RF}(r, f)$, $p_R(r)$ and $p_F(f)$ son las densidades conjunta y marginales. Normalmente estas densidades son calculadas por simple normalización del histograma conjunto, $h_\alpha(f, r)$, y posteriormente se hallan los parámetros α^* que maximizan la expresión de la información mutua.

3. Estimación de Densidades de Probabilidad usando Vectores de Soporte

Sea $p(x)$ la función de densidad de probabilidad de un conjunto de datos $\{x_1, \dots, x_l\}$ que se desea estimar. La función de distribución es

$$F(x) = P(X \leq x) = \int_{-\infty}^x p(t) dt \quad (2)$$

Encontrar la densidad requiere por tanto resolver la ecuación $Ap = F$, donde A es un operador lineal y F se puede aproximar como la función de distribución de probabilidad empírica calculada a partir del conjunto de datos usando

$$F_l(x) = \frac{1}{l} \sum_{i=1}^l \theta(x - x_i) \quad (3)$$

donde $\theta(x) = 1$ si $x > 0$ y $\theta(x) = 0$ en cualquier otro caso. El método de vectores de soporte puede ser usado para resolver ecuaciones con operadores lineales tipo $Ap(t) = F(x)$, tal y como se describe en [5]. Se trata de un problema de regresión donde consideramos los tripletes $\{x_i, F_l(x_i), \varepsilon_i\}$, con

$$\varepsilon_i = \sigma_i = \sqrt{\frac{1}{l} F_l(x_i) ((1 - F_l(x_i)))} \quad (4)$$

A partir de estos tripletes se lleva a cabo la regresión de la función de distribución $F_l(x_i)$ usando un determinado tipo de kernel K . Una vez obtenidos los vectores de soporte x_{sv} y sus correspondientes multiplicadores α , se aplican a un kernel-cruzado \mathcal{K} , que se obtiene a partir de K usando el operador lineal A [6].

Como tal, el método no garantiza obtener distribuciones siempre positivas, debido a que los kernels usados pueden ser no monótonos. Además, los kernels monótonos que cumplen las condiciones de Mercer no tienen formas adecuadas para estimar distribuciones con la suficiente precisión. Sin embargo, es posible emplear kernels típicamente usados para estimación de densidades aunque éstos no cumplan las condiciones de Mercer. Esto se

consigue empleando técnicas de programación lineal para la regresión SV [7].

Si se desea, como es nuestro caso, que la estimación de la densidad sea una mezcla de funciones de forma gaussiana, se requiere un kernel de forma sigmoidea para estimar la distribución

$$K(x_{sv}, x) = \frac{1}{1 + e^{\gamma(x_{sv} - x)}} \quad (5)$$

donde γ controla la anchura del kernel y x_{sv} es el centro del mismo. A partir de la ecuación 5 se obtiene el kernel cruzado, que es de forma gaussiana

$$\mathcal{K}(x_{sv}, x) = \frac{\gamma}{2 + e^{\gamma(x_{sv} - x)} + e^{-\gamma(x_{sv} - x)}} \quad (6)$$

Se resuelve el problema de optimización lineal hayando los vectores de soporte que estiman la distribución

$$F(x) = \sum_{i=1}^l \alpha_i K(x_i, x) \quad (7)$$

a partir de los cuales se reconstruye la densidad de probabilidad

$$p(t) = \sum_{i=1}^l \alpha_i \mathcal{K}(x_i, t) \quad (8)$$

3.1. Estimación de Densidades de Probabilidad Conjunta

El método previamente descrito para densidades unidimensionales se puede extender a un caso multidimensional, como es la estimación de la densidad conjunta de probabilidad de dos imágenes médicas. Este es un problema bidimensional, en el cual se estima la densidad conjunta $p(\mathbf{t})$ a partir de la distribución de probabilidad conjunta hallada empíricamente $F_l(\mathbf{x})$, donde $\mathbf{x} = (x_1, x_2)$ es el vector conteniendo los valores de intensidad de cada una de las imágenes. En nuestro caso, $x_1 = r$ y $x_2 = f$.

Al ser un problema bidimensional, se requiere un kernel también bidimensional, por lo que este se elige tal que sea el producto tensor del kernel unidimensional mostrado en la ecuación (5)

$$K(\mathbf{x}_{sv}, \mathbf{x}) = \frac{1}{1 + e^{\gamma_1(x_{sv,1} - x_1)}} \times \frac{1}{1 + e^{\gamma_1(x_{sv,2} - x_2)}} \quad (9)$$

donde $\mathbf{x}_{sv} = (x_{sv,1}, x_{sv,2})$ es el centro del kernel y $\gamma = (\gamma_1, \gamma_2)$ es un vector conteniendo las anchuras de kernel en cada una de las dimensiones. Por lo tanto el kernel cruzado resulta

$$\mathcal{K}(\mathbf{x}_{sv}, \mathbf{x}) = \frac{\gamma_1}{2 + e^{\gamma_1(x_{sv,1} - x_1)} + e^{-\gamma_1(x_{sv,1} - x_1)}} \times \frac{\gamma_2}{2 + e^{\gamma_2(x_{sv,2} - x_2)} + e^{-\gamma_2(x_{sv,2} - x_2)}} \quad (10)$$

4. Resultados

Para probar el algoritmo descrito se usaron una imagen PET de $128 \times 128 \times 40$ vóxels y una imagen CT de $512 \times 512 \times 40$ vóxels, ambas de la zona del

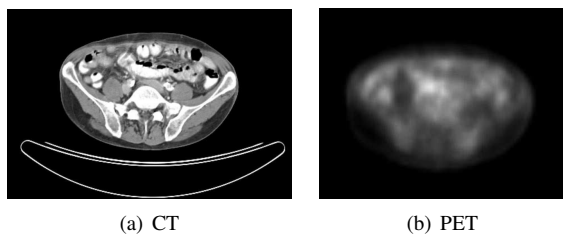
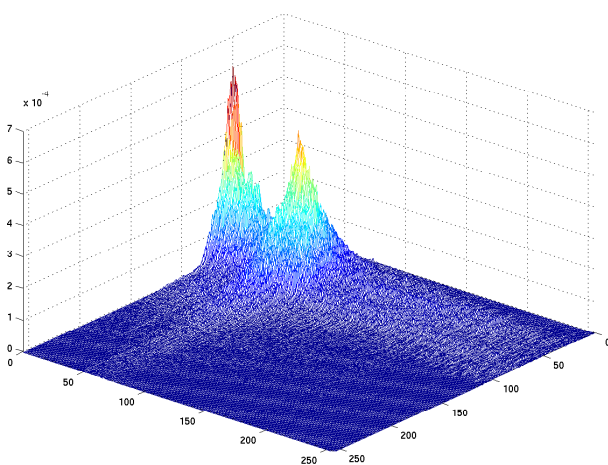
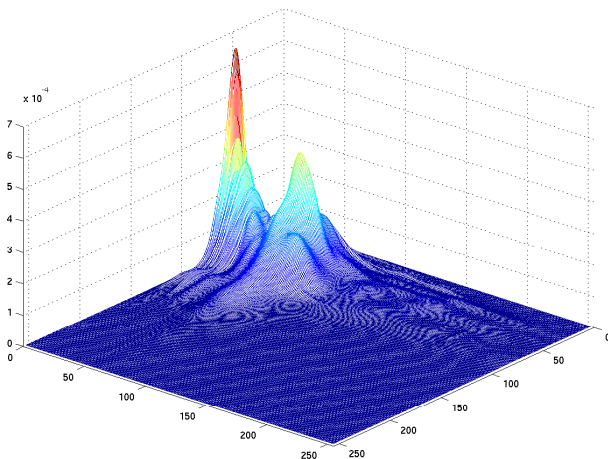


Fig. 1. Cortes transversales de las imágenes CT (a) y PET (b) utilizadas.

tórax. En la Figura 1 se muestran cortes transversales de ambas modalidades. Posteriormente al cálculo de la distribución conjunta empírica, realizado usando 64 puntos equidistantes entre 0 y 255 para cada una de las dimensiones, se lleva a cabo la estimación de la densidad conjunta a partir de la distribución aproximada. Se obtuvieron 249 vectores de soporte, que suponen un 16,45 % del total de puntos utilizados, resultando un error MSE entre la estima y la distribución empírica del orden de 10^{-4} .



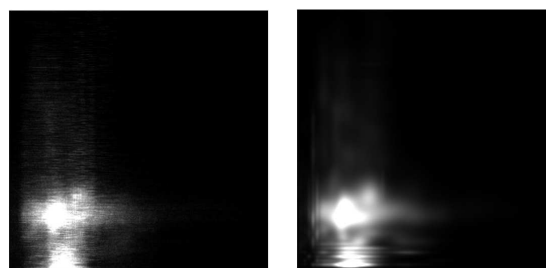
(a) Histograma conjunto



(b) Estimación de la *f.d.p*

Fig. 2. Histograma conjunto de las imágenes CT y PET (a) y estimación de la función de densidad de probabilidad conjunta calculado con el método de los vectores de soporte.

En las Figuras 2 y 3 se observa que el resultado obtenido suaviza la forma del histograma, con la ventaja de que la solución obtenida es dispersa, comprimiendo la información de la densidad conjunta de probabilidad en el 16,45 % del total de los datos.



(a) Histograma conjunto 2D (b) Estimación de la *f.d.p* 2D

Fig. 3. Proyecciones 2D verticales del histograma conjunto de las imágenes CT y PET (a) y de la estimación de la función de densidad de probabilidad conjunta calculado con el método de los vectores de soporte.

5. Conclusiones

Se ha desarrollado un método de estimación de densidades conjuntas de imágenes médicas basado en vectores de soporte que proporciona una solución dispersa y suavizada. Para llevar a cabo la estimación correctamente, los kernels usados para realizar la regresión de la función de distribución empírica deben adaptarse a la forma de la misma. Este tipo de kernels solo pueden ser usados escogiendo una alternativa de programación lineal de los SV. Una vez hallada la solución, los SV obtenidos se aplican a los kernels cruzados, que son los que llevan a cabo la transformación del operador lineal que relaciona la distribución y la densidad de probabilidad.

Agradecimientos

Esta investigación ha sido subvencionada parcialmente por la Conserjería de Educación y Cultura de la Región de Murcia (Fundación Séneca) a través del Proyecto 03122/PI/05. Las imágenes DICOM usadas para los resultados han sido obtenidas del sitio web de OsiriX de código abierto.

Referencias

- [1] Maes, F., Vandelmeeulen, D. and Suetens, P. (2003). "Medical Image Registration using mutual information". En *Proc. of the IEEE* 91(10): 1699–1722.
- [2] Viola, P. & Wells W. M. (1995). "Alignment by maximization of mutual information". En *Proceedings of the 5th International Conference Computer Vision*, páginas 16–23, Cambridge, MA.
- [3] Collignon, A., Maes, F., Delaere, D., Vandermeulen, D., Suetens, P. and Marchal, G. (1995). "Automated multimodality medical image registration using information theory". En Bizais, C., Barillot, C. and Di Paola, R., editores, *Proceedings of the 14th International Conference Information Processing in Medical Imaging (IPMI'95)*, Computational Imaging and Vision 2: 263–274. Ile de Berder, France.
- [4] Maes, F., Vandelmeeulen, D. and Suetens, P. (2003). "Medical Image Registration using mutual information". En *Proceedings of the IEEE* 91(10): 1699–1722.
- [5] Vapnik, V., Golowich, S. and Smola, A. (1997) "Support vector method for function approximation, regression estimation and signal processing". En Mozer, M., Jordan, M. and Petsche, T, editores, *Advances in Neural Information Processing Systems* 9: 281–287. MIT Press, Cambridge, MA.
- [6] Weston, J. A. E. (1999). *Extensions to the Support Vector Method*. Ph. D. Thesis, University of London, England.
- [7] Vapnik, V (1998). *Statistical Learning Theory*. Wiley, New York.