

Implementación de un modelo de segmentación automática de órganos abdominales mediante técnicas de Deep Learning en imágenes de Tomografía Computarizada contrastada

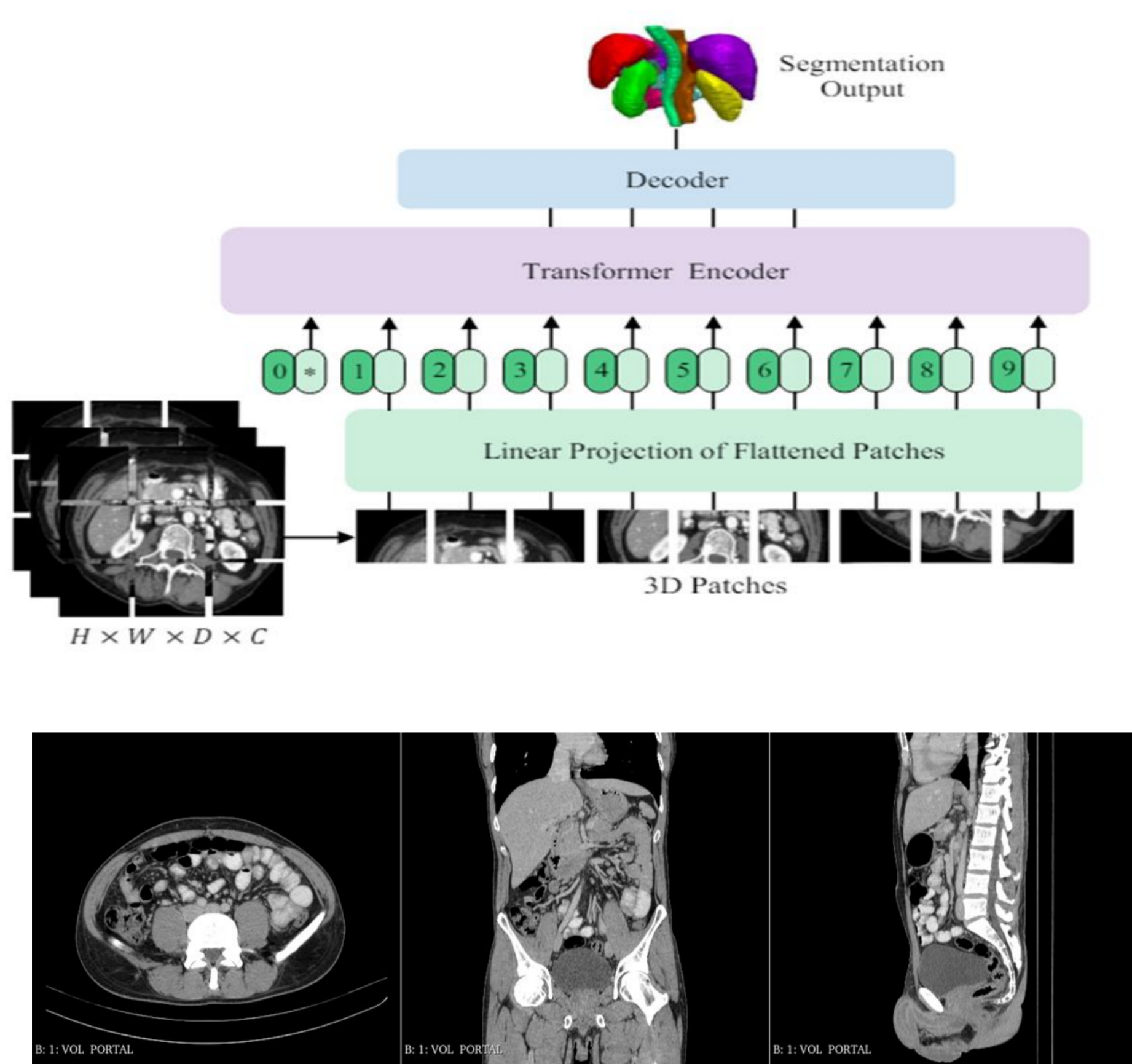
PRACTICANTE: Jhoan Sebastian Mora Colorado

ASESORES: Yesika Alexandra Agudelo Londoño
Isabella Ariza Cuberos

PROGRAMA: Bioingeniería

Modalidad de la práctica: Semestre de industria

La segmentación automática de órganos es una tecnología que está transformando el análisis de imágenes médicas. Este proyecto busca implementar un modelo que capture la variabilidad anatómica en la población colombiana, mejorando así el diagnóstico y el tratamiento



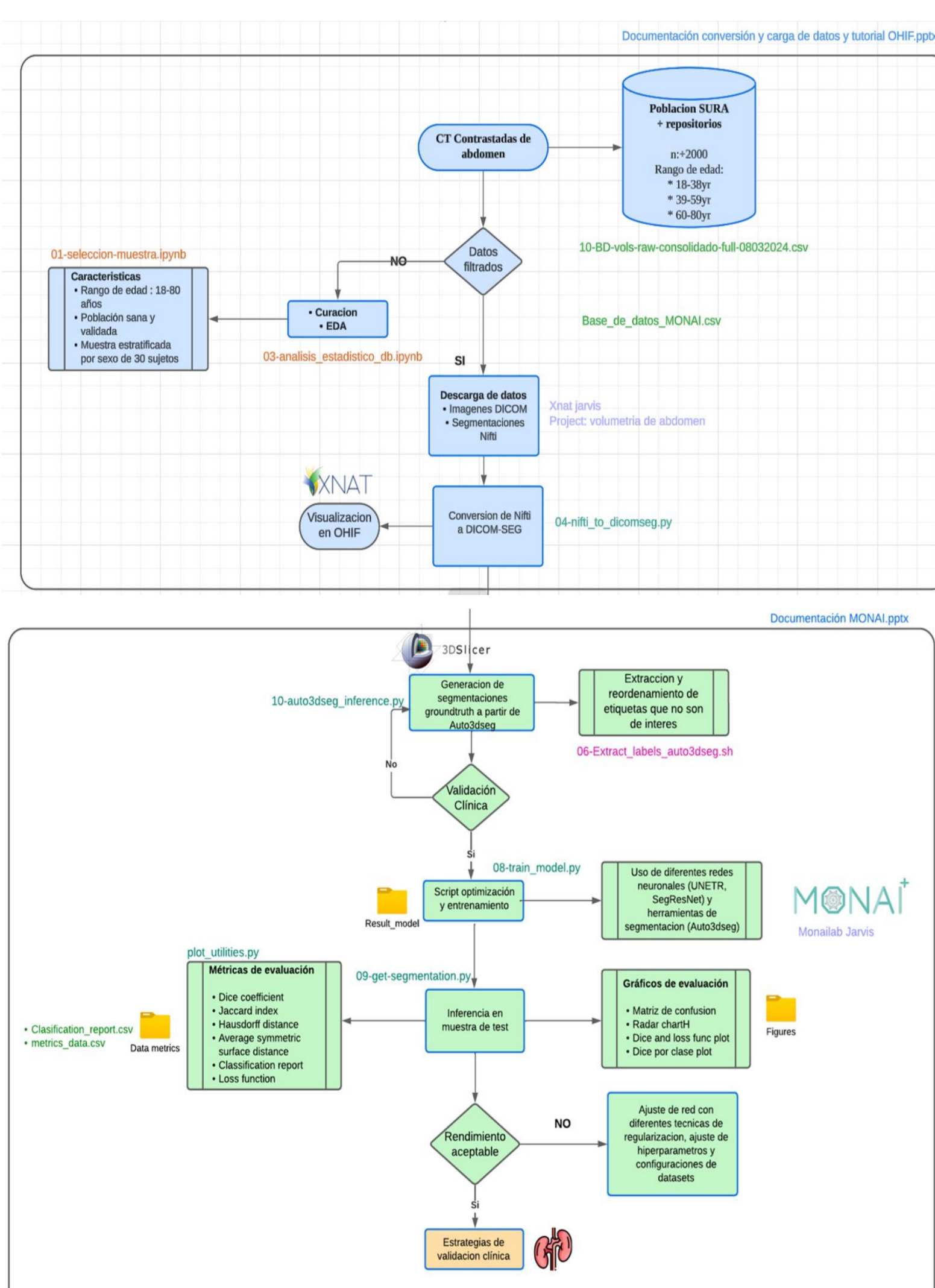
Introducción

La segmentación de órganos abdominales en imágenes de tomografía computarizada es esencial para múltiples aplicaciones clínicas, como el diagnóstico preciso y la planificación quirúrgica. Tradicionalmente, este proceso ha sido manual, demandando tiempo y recursos. Con el avance de las redes neuronales profundas, como las CNN, ahora es posible automatizar este proceso, mejorando tanto la precisión como la eficiencia. En este contexto, el framework MONAI ha demostrado ser una herramienta clave, permitiendo implementar arquitecturas avanzadas como UNETR, lo que facilita la segmentación precisa y rápida de órganos en imágenes abdominales. En este estudio, desarrollamos un modelo automatizado utilizando MONAI, adaptado a la población adulta de imágenes de TC contrastadas

Objetivos

- ✓ Establecer un flujo de trabajo para la conversión y carga de etiquetas médicas de formato NIFTI a DICOM-SEG, garantizando su compatibilidad con el visor OHIF mediante su integración a la plataforma XNAT.
- ✓ Ejecutar estrategias de aumento de datos y optimización de hiperparámetros con el fin de mejorar la generalización del modelo UNETR entrenado con el framework MONAI en el contexto de segmentación automática de órganos abdominales en imágenes procedentes tanto de repositorios públicos como propios
- ✓ Validar el modelo de segmentación abdominal entrenado con el fin de evaluar su utilidad y fiabilidad en el ámbito clínico

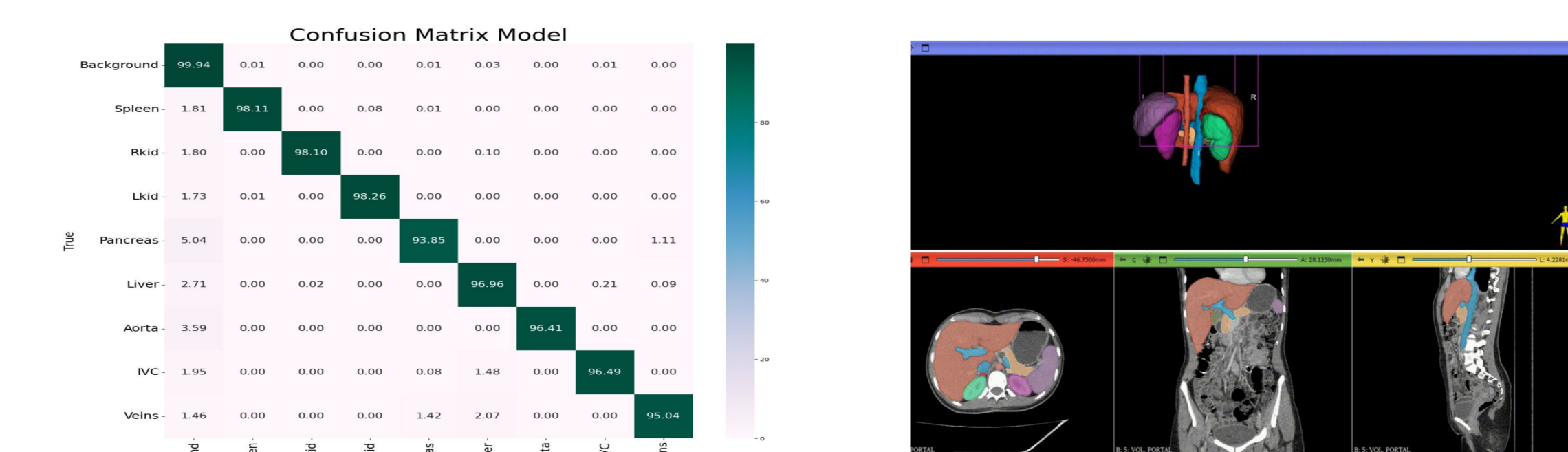
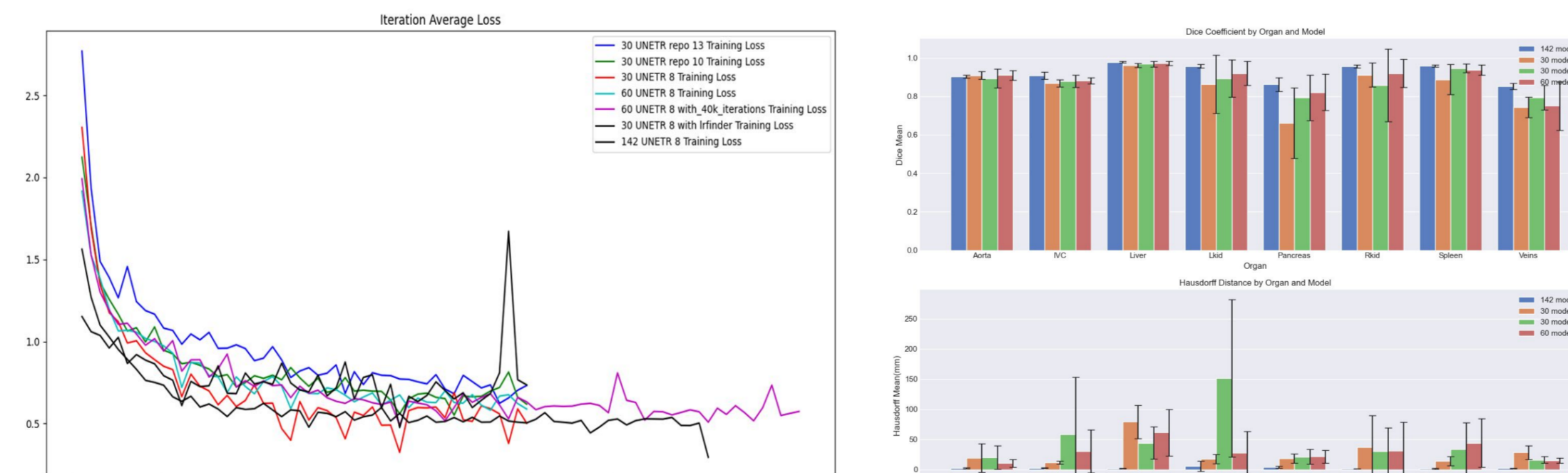
Metodología



Resultados

Modelo	DICE Validation	Loss Function
30 model repo 13	0.8567	0.8088
30 model repo 10	0.8137	0.6175
30 model SURA 8	0.9136	0.6880
60 model SURA REPO 8	0.8932	0.5881
30 model 8 with LRFinder	0.8567	1.6714
142 model SURA 8	0.9437	0.5684

Órgano	Coefficiente Dice	Índice Jaccard	Hausdorff (HD)	ASSD
Bazo	0.966	0.935	1.0	0.423
Riñón Derecho	0.962	0.927	1.0	0.391
Riñón Izquierdo	0.964	0.931	1.0	0.395
Páncreas	0.857	0.75	2.236	0.789
Higado	0.978	0.958	1.0	0.434
Aorta	0.875	0.777	1.0	0.492
Vena Cava	0.882	0.79	2.236	0.716
Venas porta y esplénica	0.861	0.756	1.414	0.458



Conclusiones

- ✓ El modelo gracias a su arquitectura basada en transformers y al uso de un conjunto de datos más amplio y diverso, logró segmentar con mayor precisión estructuras anatómicas complejas, como el páncreas y las venas, en comparación con el modelo de referencia.
- ✓ La inclusión de imágenes de TC de alta calidad y con contraste fue determinante para mejorar la capacidad del modelo para generalizar y segmentar estructuras con variabilidad significativa en forma y tamaño.
- ✓ La capacidad de UNETR junto con el uso de técnicas de ajuste de hiper parámetros, regularización y validación cruzada mejoró la estabilidad y precisión del modelo, previniendo el sobreajuste y optimizando el rendimiento en datos no vistos.