

Segmentación del blastocisto mediante técnicas de visión por computador.

María Villota^{1,2}, Jacobo Ayensa-Jiménez^{1,2}, Manuel Doblare^{1,2}, Jónathan Heras³

¹ TME Lab, Instituto de Investigación en Ingeniería de Aragón (I3A)
Universidad de Zaragoza, Mariano Esquillor s/n, 50018, Zaragoza, España.
Tel. +34-976762707, e-mail: 894795@unizar.es

²Instituto de Investigación Sanitaria de Aragón (IISA)

³Departamento de Matemáticas y Computación, Universidad de La Rioja

Resumen

La Fecundación In Vitro es una técnica ampliamente utilizada por parejas infértiles que buscan formar una familia. Decidir qué embriones se implantan es crucial pero incierto. A fin de brindar herramientas que ayuden en esta decisión, realizamos una segmentación automática del blastocisto mediante técnicas de visión por computador, obteniéndose resultados competitivos con el estado del arte.

Introducción

La infertilidad afecta entorno al 10-15% de todas las parejas, y presenta una evolución creciente en los países de occidente [1]. Las parejas que padecen la infertilidad buscan atención médica y se someten a Tratamientos de Reproducción Asistida entre los que destaca la Fecundación In Vitro (FIV).

A pesar de la tendencia negativa de la natalidad, el número de bebés FIV aumenta cada año [2]. Dada la importancia de esta técnica, se ha hecho un gran esfuerzo de investigación que ha resultado en enormes avances tanto en técnicas como en los procedimientos de la FIV. No obstante, sigue habiendo muchas incógnitas. Una de ellas es la selección de embriones [3]. Actualmente, el método estándar se basa en la evaluación morfológica de las estructuras del blastocisto (embrión en el día 5): Zona Pelúcida (ZP), Masa Celular Interna (MCI) y el Trofoblasto (TE). Este método está sujeto a la experiencia y al juicio del embriólogo. Este desconocimiento impacta de manera contundente con el éxito del proceso [3], y es que, solamente el 50% de los embriones considerados como excelentes resultan en un embarazo exitoso. Estas probabilidades son aún menos esperanzadoras cuando se consideran embriones de peor calidad [4].

La investigación en este campo no solo es necesaria para mejorar el procedimiento de la FIV, sino también para que la FIV sea una fuente de seguridad

y tranquilidad en aquellas parejas que buscan formar una familia [5].

A la vista está la necesidad de buscar un método objetivo que sirva de herramienta a los embriólogos para seleccionar los embriones. En este trabajo realizamos una segmentación automática de las estructuras del blastocisto (ZP, MCI, TE) mediante técnicas de visión por computador, proporcionando de esta manera una herramienta que facilite la labor de los embriólogos.

Base de datos

Para este trabajo hemos utilizado un conjunto de datos público [6], utilizado por la mayoría de trabajos en la literatura. Dicho conjunto consiste en 249 imágenes de blastocistos anotadas manualmente por expertos del *Pacific Centre for Reproductive Medicine* de Canadá. Las anotaciones son máscaras (ver figura 1) en las que aparecen las tres regiones diferentes (ZP, TE, MCI).

Para nuestro estudio hemos realizado una división de la base de datos del 85% para el entrenamiento y del 15% para el test.

Métodos

En este trabajo hemos seguido las 2 líneas de investigación que existen para llevar a cabo la segmentación del blastocisto. Una basada en técnicas de procesamiento de imagen y la otra en modelos de *Deep Learning (DL)*. En cuanto a la primera, hemos replicado trabajos anteriores [6, 7] en los que se propone una sucesión de algoritmos para la segmentación de las estructuras. Para la segunda, hemos replicado el modelo con mejores resultados en el estado del arte [8] y, además, también hemos entrenado diferentes modelos utilizando tres arquitecturas de segmentación estándar (U-Net, Hrnet y DeepLab) implementadas en Pytorch. Los tres modelos se entrenaron durante 45 épocas utilizando una GPU NVIDIA GeForce RTX 3060.

Estos tres modelos se entrenaron para segmentar las estructuras de los tres blastocistos al mismo tiempo.

Resultados y discusión

Los resultados obtenidos al evaluar las distintas estructuras con los distintos modelos construidos se muestran en las tablas 1,2 y 3. Observamos que los métodos basados en DL arrojan mejores resultados, siendo la arquitectura HRnet la mejor de todas. En la figura 2 se muestran los resultados de la predicción con dicho modelo en uno de los embriones.

Tabla 1. Resultados de la ZP

ZP	Accuracy	Precision	Recall	Dice coefficient
Yee et al. [6]	0.91	0.79	0.62	0.67
HRnet	0.97	0.93	0.84	0.89

Tabla 2. Resultados de TE

TE	Accuracy	Precision	Recall	Dice coefficient
Saeedi et al., [7]	0.91	0.78	0.91	0.69
Harun et al. [8]	0.96	0.78	0.88	0.82
HRnet	0.97	0.89	0.82	0.85

Tabla 3. Resultados de la MCI

MCI	Accuracy	Precision	Recall	Dice coefficient
Saeedi et al. [7]	0.91	0.79	0.86	0.64
Harun et al. [8]	0.98	0.87	0.88	0.86
HRnet	0.98	0.90	0.87	0.88

Conclusiones

La segmentación de las estructuras del blastocisto es una tarea muy beneficiosa ya no solo porque nos ofrece información detallada del embrión, sino que también mejora el flujo de trabajo. Por ejemplo, en las biopsias es crucial no coger células de la MCI, esto hace que el *recall* de la MCI sea la métrica más importante). En este trabajo hemos presentado dos formas de abordar esta segmentación. Una a través de técnicas de tratamiento de imágenes y otra utilizando modelos de *Deep Learning*. Los resultados obtenidos están en el estado del arte y a excepción de trabajos anteriores todo el código es público (<https://github.com/mavillot/Blastocyst-Seg>).

FIGURAS

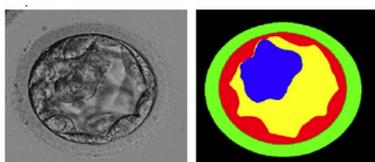


Figura 1. Imagen de un blastocisto y su máscara

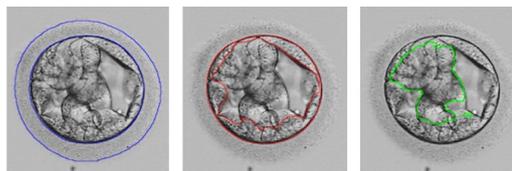


Figura 2. Predicciones del modelo HRnet

REFERENCIAS

- [1]. J. Boivin, L. Bunting, J. A. Collins, y K. G. Nygren, International estimates of infertility prevalence and treatment-seeking: potential need and demand for infertility medical care, *Human Reproduction*, vol. 22, no. 6, pp. 1506–1512, June 2007. doi: 10.1093/humrep/dem046.
- [2]. M. M. Reigstad y R. Storeng, “Development of In Vitro Fertilization, a Very Important Part of Human Reproductive Medicine in the Last 40 Years”, *International Journal of Women’s Health and Wellness*, vol. 5, no. 89, 2019. doi: 10.23937/2474-1353/1510089.
- [3]. A. F. S. Farias, A. Chavez-Badiola, G. Mendizabal-Ruiz, R. Valencia-Murillo, A. Drakeley, J. Cohen y E. Cardenas-Esparza, “Automated identification of blastocyst regions at different development stages”, *Scientific Reports*, vol. 13, no. 1, p. 15, 2023.
- [4]. Y. Y. Zhao, Y. Yu y X. W. Zhang, “Overall Blastocyst Quality, Trophectoderm Grade, and Inner Cell Mass Grade Predict Pregnancy Outcome in Euploid Blastocyst Transfer Cycles”, *Chinese Medical Journal*, vol. 131, no. 11, pp. 1261-1267, June 2018. doi: 10.4103/0366-6999.232808.
- [5]. S. B. Hasanpoor-Azghdy, M. Simbar y A. Vedadhir, “The emotional-psychological consequences of infertility among infertile women seeking treatment: Results of a qualitative study”, *Iranian Journal of Reproductive Medicine*, vol. 12, no. 2, pp. 131-138, February 2014.
- [6]. D. Yee, et al., “An automatic model-based approach for measuring the zona pellucida thickness in day five human blastocysts”, *Proceedings of the International Conference on Image Processing, Computer Vision, and Pattern Recognition (IPCV)*, p. 1, 2013.
- [7]. P. Saeedi, et al., “Automatic identification of human blastocyst components via texture”, *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 64, no. 12, pp. 2968-2978, 2017. doi: 10.1109/TBME.2017.2759665.
- [8]. M. Y. Harun, et al., “Inner cell mass and trophectoderm segmentation in human blastocyst images using deep neural network”, *2019 IEEE 13th International Conference on Nano/Molecular Medicine & Engineering (NANOMED)*, pp. 214–219, 2019.