



UNIVERSIDAD NACIONAL
AUTÓNOMA DE
MÉXICO

UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

**PROGRAMA DE MAESTRÍA Y DOCTORADO EN
INGENIERÍA**

**MODELOS ASM PARA LA SEGMENTACIÓN DE IMÁGENES DEL
CORAZÓN EN 4 DIMENSIONES DE TOMOGRAFÍAS
COMPUTARIZADAS**

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL GRADO DE:

MAESTRO EN INGENIERÍA

ELÉCTRICA – PROCESAMIENTO DIGITAL DE SEÑALES

P R E S E N T A:

LEINER BARBA JIMENEZ

TUTOR:

DR. BORIS ESCALANTE RAMÍREZ

2012

JURADO ASIGNADO:

Presidente: DR. DEMETRIO FABIAN GARCÍA NOCETTI

Secretario: DR. FERNANDO ARÁMBULA COSÍO

Vocal: DR. BORIS ESCALANTE RAMÍREZ

1^{er}. Suplente: DRA. LUCIA MEDINA GÓMEZ

2^{do}. Suplente: DRA. MARIA ELENA MARTÍNEZ PÉREZ

Lugar o lugares donde se realizó la tesis:

Laboratorio Avanzado de Procesamiento de Imágenes, Edificio de Posgrado en Ingeniería,
2^{do} Piso, Departamento de Procesamiento de Señales.

TUTOR DE TESIS:

Dr. BORIS ESCALANTE RAMÍREZ

FIRMA

AGRADECIMIENTOS

A DIOS por darme la oportunidad de afrontar este reto y bendecirme en todo para alcanzar las metas trazadas. A la Universidad Nacional Autónoma de México por permitirme vincularme como estudiante y llevar a cabo este proceso de formación.

Al Dr. Boris Escalante Ramírez por permitirme hacer parte de ese grupo de estudiantes que hacemos tesis en laboratorio de procesamiento de imágenes recibiendo cada día sus instrucciones como director. Asimismo, a cada uno de los compañeros de laboratorio por sus buenos consejos y ayudas, y al Dr. Enrique Vallejo por suministrarme las imágenes que usé en la evaluación del proyecto.

A la Dra. Lucía Medina, al Dr. Fernando Arámbula, al Dr. Fabian García y la Dra. Maria Elena Martínez por sus valiosos comentarios sobre mi proyecto desarrollado. Sus correcciones fueron fundamentales para mejorar esta tesis.

A cada uno de los profesores del posgrado quienes cada semestre se esmeraron por enseñarme los diferentes temas que hacen parte del programa curricular del posgrado en Procesamiento Digital de Señales.

A Lorena quien compartió conmigo durante todo este tiempo el proceso de aprendizaje que llevamos en común. A ella le agradezco mucho su compañía en los buenos momentos y en las situaciones más difíciles brindándome en cada caso su apoyo incondicional.

A mi Madre quien tomaba un espacio durante del día para acompañarme y hablar conmigo brindándome toda su compañía a pesar de la distancia. Igualmente, a mis hermanos y familiares por los buenos deseos y consejos que siempre me dieron.

Finalmente, a COLCIENCIAS Colombia y CONACYT México por el soporte económico dado en este proceso de aprendizaje, así como a la dirección del Posgrado en Ingeniería por apoyarme con mi participación en el congreso europeo de fotónica.

RESUMEN

Uno de los mecanismos más usados para la detección y análisis de enfermedades y anomalías en el cuerpo humano por parte de médicos y especialistas son las imágenes médicas. Muchas veces estas imágenes se convierten en el único medio seguro para estimar la gravedad de las lesiones y así iniciar un tratamiento en beneficio del paciente. La tesis que se está reportando plantea un método de aplicar modelos deformables - ASM (Active Shape Model por sus siglas en inglés) para segmentar imágenes del corazón de tomografía computarizada en cuatro dimensiones. Los modelos ASM que han usado muchos autores para imágenes médicas bidimensionales y tridimensionales se extenderán a volúmenes en movimiento o imágenes que cambian con el tiempo de tomografías computarizadas del corazón. Las tomografías en cuatro dimensiones corresponden a series de tiempo de objetos tridimensionales que describen el ciclo cardiaco completo.

El método parte de un proceso de entrenamiento en el cual se tiene un conjunto de muestras segmentadas manualmente que sirven para formar un modelo estadístico o modelo de distribución de puntos (PDM de sus siglas en inglés). Una vez que se tiene el modelo, es posible segmentar nuevas formas a partir de un algoritmo de ajuste en el que se analizan los niveles de grises alrededor de un punto específico de la forma. Aquí cada forma es representada por un conjunto de puntos que describen el borde de una estructura. El algoritmo es capaz de segmentar series de tiempo conformadas por 10 volúmenes en total y se probó sobre el ventrículo izquierdo y la pared que lo separa del ventrículo derecho en las imágenes tomográficas. Los resultados son evaluados segmentando objetos 3D individuales dentro de la serie de tiempo, y además construyendo un modelo de tiempo que relacione los puntos en toda la secuencia. Adicionalmente, se utilizan métricas de distancias con las que se comparan las segmentaciones manuales y las automáticas para obtener los errores del algoritmo. En cada caso se obtienen mejores resultados con funciones objetivos que combinan los perfiles de grises y sus derivadas.

Palabras Claves: Tomografía Computarizada en 4D, Segmentación, Modelos Deformables

CONTENIDO

AGRADECIMIENTOS	I
RESUMEN	II
CONTENIDO	III
LISTADO DE FIGURAS	VI
LISTADO DE TABLAS	IX
CAPITULO 1. INTRODUCCIÓN	1
1.1. ANTECEDENTES.....	2
1.2. DESCRIPCIÓN DE LA TESIS	5
CAPITULO 2. MODALIDADES DE IMÁGENES MÉDICAS USADAS PARA LA EVALUACIÓN FUNCIONAL Y FISIOLÓGICA DEL CORAZÓN	8
2.1. ESTRUCTURA DEL CORAZÓN	8
2.2. MODALIDADES DE IMÁGENES MÉDICAS USADAS PARA EVALUAR EL CORAZÓN	10
2.3. IMÁGENES MÉDICAS OBTENIDAS A PARTIR DE RADIACIÓN IONIZANTE	10
2.3.1. Radiografías: Rayos-x.....	11
2.3.1. Fluoroscopias	12
2.3.1. Tomografías Axial Computarizadas - TAC	13
2.3.1. Tomografías por Emisión de positrones - PET.....	17
2.3.1. Tomografías Computarizadas por Emisión de Fotones Individuales - SPECT ..	19
2.4. IMÁGENES MÉDICAS OBTENIDAS A PARTIR DE RADIACIÓN NO IONIZANTE	20
2.3.1. Imágenes por Resonancia Magnética-MRI.....	21
2.3.1. Imágenes de Ultrasonido - US	23
CAPITULO 3. TOMOGRAFÍAS COMPUTARIZADAS EN CUATRO DIMENSIONES	26
3.1. RECONSTRUCCIÓN TOMOGRÁFICA EN 3D - RETROPROYECCIÓN FILTRADA	26
3.2. VISUALIZACIÓN DE LAS TOMOGRAFÍAS EN TRES DIMENSIONES	29
3.2. TOMOGRAFÍAS EN CUATRO DIMENSIONES: IMÁGENES DEL CICLO CARDIACO	33
CAPITULO 4. TÉCNICAS DE SEGMENTACIÓN EN IMÁGENES DE TOMOGRAFÍAS COMPUTARIZADAS DEL CORAZÓN	35

4.1. SEGMENTACIÓN MANUAL.....	35
4.2. UMBRALIZACIÓN.....	36
4.3. MÉTODOS BASADOS EN REGIONES.....	37
4.3.1. Crecimiento de Regiones	37
4.4. MÉTODOS BASADOS EN FRONTERAS.....	38
4.5. MÉTODOS ESTADÍSTICOS.....	39
4.5.1. Clasificación Bayesiana	39
4.5.2. Campos Aleatorios de Markov.....	39
4.6. MODELOS DEFORMABLES.....	40
4.6.1. Modelos de Contornos Activos - ACM	41
4.6.2. Modelos de Formas Activas - ASM.....	42
4.7. OTROS MÉTODOS.....	42
CAPITULO 5. ALGORITMO IMPLEMENTADO PARA LA SEGMENTACIÓN DE TOMOGRAFÍAS CARDIACAS EN CUATRO DIMENSIONES	43
5.1. FORMAS	43
5.2. MARCADO DE LAS FORMAS	44
5.2.1. Marcas Anatómicas.....	45
5.2.2. Marcas Matemáticas.....	45
5.2.3. Pseudo-Marcas	45
5.3. MARCADO DEL VENTRÍCULO IZQUIERDO EN LAS TOMOGRAFÍAS	45
5.4. ALINEAMIENTO DE LAS FORMAS DE ENTRENAMIENTO.....	49
5.5. MODELO DE DISTRIBUCIÓN DE PUNTOS - MDP.....	52
5.6. MODELOS DE LOS GRISES PARA LOS PUNTOS	54
5.7. SEGMENTACIÓN USANDO BÚSQUEDAS ACTIVAS	55
CAPITULO 6. RESULTADOS Y ANÁLISIS	58
6.1. ESTUDIOS TOMOGRÁFICOS DE PRUEBA	59
6.1.1. Discusión.....	62
6.2. INICIALIZACIÓN DE LA SEGMENTACIÓN.....	63
6.2.1. Discusión.....	65
6.3. GENERANDO NUEVAS FORMAS TEMPORALES	65

6.3.1. Discusión.....	67
6.4. EVALUACIÓN CUALITATIVA DE LOS RESULTADOS DE LA SEGMENTACIÓN	67
6.4.1. Discusión.....	70
6.5. EVALUACIÓN CUANTITATIVA DE LOS RESULTADOS.....	71
6.5.1. Métricas de distancias entre formas	71
6.5.2. Resultados de las distancias medidas.....	72
6.5.3. Resultados de las curvas de evolución de la segmentación	72
6.5.4. Discusión.....	76
CAPITULO 7. CONCLUSIONES	77
REFERENCIAS	79

LISTADO DE FIGURAS

- FIGURA 1.** ESTRUCTURA DEL CORAZÓN.
- FIGURA 2.** A) TUBO DE RAYOS-X; B) RADIOGRAFÍA CON LAS ESTRUCTURAS DEL CORAZÓN.
- FIGURA 3.** A) FLUOROSCOPIO; B) IMAGEN FLUOROSCÓPICA DEL CORAZÓN.
- FIGURA 4.** A) FUNCIONAMIENTO DE UN TOMÓGRAFO; B) IMAGEN DE TOMOGRAFÍA DEL CORAZÓN.
- FIGURA 5.** TIPOS DE PROYECCIONES DE RAYOS USADAS EN TOMOGRAFÍAS COMPUTARIZADAS.
- FIGURA 6.** TEOREMA DE LA PORCIÓN CENTRAL – RELACIÓN TRANSFORMADA DE FOURIER EN 2D DEL OBJETO, Y LA TRANSFORMADA DE FOURIER EN 1D DE SU PROYECCIÓN.
- FIGURA 7.** GEOMETRÍA DE LAS PROYECCIONES DE RAYOS USADAS EN TOMOGRAFÍAS COMPUTARIZADAS.
- FIGURA 8.** RETROPROYECCIÓN FINAL PARA OBTENER LA IMAGEN DE TOMOGRAFÍA.
- FIGURA 9.** A) PROCESO DE ANIQUILACIÓN DE POSITRONES, B) ARREGLO DE DETECTORES DE UN EQUIPO PET.
- FIGURA 10.** IMÁGENES TÍPICAS DE UN ESTUDIO PET DEL CORAZÓN.
- FIGURA 11.** TRES CÁMARAS GAMMA EN EL PROCESO DE ADQUISICIÓN DE LOS FOTONES.
- FIGURA 12.** IMÁGENES TÍPICAS DE UN ESTUDIO SPECT DE LAS ARTERIAS CORONARIAS EN EL CORAZÓN.
- FIGURA 13.** ESQUEMA GENERAL DE UN DISPOSITIVO DE RESONANCIA MAGNÉTICA.
- FIGURA 14.** IMÁGENES DE RESONANCIA MAGNÉTICA DEL CORAZÓN.
- FIGURA 15.** PRINCIPIO BÁSICO DE LAS IMÁGENES DE ULTRASONIDO.
- FIGURA 16.** IMÁGENES DE ULTRASONIDO DEL CORAZÓN A) CUATRO CAVIDADES, B) VENTRÍCULO IZQUIERDO.

- FIGURA 17.** PROYECCIONES EN UN TOMÓGRAFO DE TRES DIMENSIONES.
- FIGURA 18.** ARREGLO DE DETECTORES EN UNA PROYECCIÓN TRIDIMENSIONAL.
- FIGURA 19.** VISUALIZACIÓN A) POR CORTES DEL OBJETO RECONSTRUIDO; B) VOLUMÉTRICA.
- FIGURA 20.** VISTAS ORTOGONALES PARA UNA VISUALIZACIÓN DE OBJETOS EN TRES DIMENSIONES.
- FIGURA 21.** CORTE DE UNA TOMOGRAFÍA DEL CORAZÓN PARA UNA VISTA A) AXIAL, B) SAGITAL, C) CORONAL.
- FIGURA 22.** CORAZÓN RENDERIZADO COMO A) SUPERFICIE, B) VOLUMEN.
- FIGURA 23.** SEÑAL ECG DEL CICLO CARDIACO PARA ACTIVACIÓN TOMOGRÁFICA.
- FIGURA 24.** CORTE 50 PARA TODO EL CICLO CARDIACO DE UN ESTUDIO TOMOGRÁFICO DE 10 VOLÚMENES QUE CONTIENEN 80 CORTES CADA UNO.
- FIGURA 25.** LA MISMA FORMA REPRESENTADA DE TRES MANERAS DIFERENTES USANDO TRANSFORMACIONES EUCLIDIANAS DE SIMILITUD.
- FIGURA 26.** MARCADO DE LA FORMAS MOSTRADAS EN LA FIGURA 25.
- FIGURA 27.** VENTRÍCULO MARCADO EN UN VOLUMEN DE LA SERIE DE TIEMPO: 5 CORTES DEL VOLUMEN.
- FIGURA 28.** MARCAS MATEMÁTICAS PUESTAS SOBRE EL VENTRÍCULO EN CADA CORTE DE LOS VOLÚMENES DE LA SERIE DE TIEMPO DE LA TOMOGRAFÍA CARDIACA.
- FIGURA 29.** VENTRÍCULO IZQUIERDO ANOTADO EN LA SERIE DE TIEMPO DE LA TOMOGRAFÍA EN 4D.
- FIGURA 30.** VOLÚMENES CORRESPONDIENTES EN LA SERIES DE TIEMPO.
- FIGURA 31.** MARCADO DE LA SERIE DE TIEMPO PARA CONSTRUIR EL VECTOR DE FORMA TEMPORAL
- FIGURA 32.** FORMA TEMPORALES ALINEADAS (EN AZUL) Y PROMEDIO (EN ROJO).

- FIGURA 33.** IMÁGENES DE LOS 5 CORTES DE ANÁLISIS EN 5 DE LOS 10 VOLÚMENES DE LA 1^{RA} SERIE.
- FIGURA 34.** IMÁGENES DE LOS 5 CORTES DE ANÁLISIS EN 5 DE LOS 10 VOLÚMENES DE LA 2^{DA} SERIE.
- FIGURA 35.** IMÁGENES DE LOS 5 CORTES DE ANÁLISIS EN 5 DE LOS 10 VOLÚMENES DE LA 3^{RA} SERIE.
- FIGURA 36.** IMAGEN DE LA PRIMERA REBANADA DEL PRIMER VOLUMEN PARA CADA TOMOGRAFÍA EN 4D USADAS COMO VALIDACIÓN DE LOS ALGORITMOS.
- FIGURA 37.** INSTANCIA INICIAL VISTA EN 4 CORTES DE 2 VOLÚMENES DE LA PRIMERA SERIE TEMPORAL.
- FIGURA 38.** INSTANCIA INICIAL VISTA EN 4 CORTES DE 2 VOLÚMENES DE LA SEGUNDA SERIE TEMPORAL.
- FIGURA 39.** SEGMENTACIÓN FINAL USANDO 25 ITERACIONES A PARTIR DE LA INSTANCIA INICIAL MOSTRADA EN LA FIGURA 36.
- FIGURA 40.** SEGMENTACIÓN MANUAL DE LOS VOLÚMENES MOSTRADOS EN LA FIGURA 36.
- FIGURA 41.** SEGMENTACIÓN FINAL CON 25 ITERACIONES.
- FIGURA 42.** EVOLUCIÓN DE LA SEGMENTACIÓN CON RESPECTO A CADA ITERACIÓN USANDO LAS TRES FUNCIONES OBJETIVOS PROPUESTA PARA LA SERIE DE TIEMPO 1.
- FIGURA 43.** EVOLUCIÓN DE LA SEGMENTACIÓN CON RESPECTO A CADA ITERACIÓN USANDO LAS TRES FUNCIONES OBJETIVOS PROPUESTA PARA LA SERIE DE TIEMPO 2.
- FIGURA 44.** EVOLUCIÓN DE LA SEGMENTACIÓN CON RESPECTO A CADA ITERACIÓN PARA LOS MODELOS DE DISTRIBUCIÓN DE PUNTOS CON 7 Y 70 MUESTRAS DE ENTRENAMIENTO.

LISTADO DE TABLAS

TABLA 1. VARIABLES DEL MODELO DE FORMA CONSTRUIDO.

TABLA 2. SECUENCIAS TEMPORALES ORIGINALES Y LAS QUE SE GENERAN MANUALMENTE.

TABLA 3. DISTANCIA EUCLIDIANA PROMEDIO D_p PARA LOS RESULTADOS USANDO LAS TRES FUNCIONES OBJETIVOS CON 7 MUESTRAS DE ENTRENAMIENTO.

TABLA 4. DISTANCIA RAÍZ CUADRADA PROMEDIO D_{RMS} PARA LOS RESULTADOS USANDO LAS TRES FUNCIONES OBJETIVOS CON 7 MUESTRAS DE ENTRENAMIENTO.

TABLA 5. CUADRADO DE LA DISTANCIA EUCLIDIANA D_E PARA LOS RESULTADOS USANDO LAS TRES FUNCIONES OBJETIVOS CON 7 MUESTRAS DE ENTRENAMIENTO.

TABLA 6. DISTANCIA EUCLIDIANA PROMEDIO D_p PARA LOS RESULTADOS USANDO LAS TRES FUNCIONES OBJETIVOS CON 70 MUESTRAS DE ENTRENAMIENTO.

TABLA 7. DISTANCIA RAÍZ CUADRADA PROMEDIO D_{RMS} PARA LOS RESULTADOS USANDO LAS TRES FUNCIONES OBJETIVOS CON 70 MUESTRAS DE ENTRENAMIENTO.

TABLA 8. CUADRADO DE LA DISTANCIA EUCLIDIANA D_E PARA LOS RESULTADOS USANDO LAS TRES FUNCIONES OBJETIVOS CON 70 MUESTRAS DE ENTRENAMIENTO.

CAPITULO 1. INTRODUCCIÓN

Los estudios de imágenes médicas usando las distintas modalidades desde su creación han llevado a agilizar y mejorar los procesos y mecanismos usados por Médicos y Especialistas para tratar a los pacientes que padecen de alguna deficiencia en el organismo. Las principales clases y modalidades de imágenes médicas incluyen Ultrasonido, tomografía computarizada en general, resonancia magnética, entre otras. Las tomografías en cuatro dimensiones constituyen una de las herramientas con las que cuentan los especialistas para evaluar el comportamiento mecánico de algunas estructuras del corazón. En ellas se pueden observar anomalías como la no sincronización de las paredes de este órgano durante su ciclo cardíaco. Detectar este tipo de comportamiento puede llevar al médico a tomar decisiones, como podría ser la instalación de un marcapaso, que permitan controlar la anormalidad y así salvar o prolongar la vida del paciente.

Dado que el proceso normal de análisis de imágenes médicas que llevan a cabo los Especialistas (como puede ser la segmentación manual de estructuras) es muchas veces tedioso y requiere un gran consumo de tiempo, durante muchos años se han tratado de crear y desarrollar algoritmos y métodos automáticos que permitan acelerar este tipo de tareas y mejorar el desempeño de las mismas. A pesar de la experiencia y conocimiento de los Especialistas, las tareas de segmentación llevadas a cabo manualmente no siempre son exactas dado lo múltiples errores humanos que se pueden presentar. Estos errores se pueden deber a problemas de visualización o motrices en el proceso de marcación lo cual conlleva a errores en las mediciones.

En este proyecto se utilizaron algoritmos ASM para segmentar series de tiempo en 3D aplicadas a imágenes de tomografía computarizadas del corazón. Estos algoritmos se basan en modelos deformables que tratan de encontrar los bordes de las estructuras, haciendo un análisis local de los niveles de grises alrededor de los contornos de los objetos. Específicamente se aplican los modelos mencionados en la segmentación del **ventrículo izquierdo**. En un trabajo futuro se analizará la pared que separa los dos ventrículos.

1.1. ANTECEDENTES

La detección de contornos en forma activa son métodos que se usan para determinar características de interés en una imagen. La tarea fundamental es la de segmentar y extraer objetos de interés que pueden servir como base para efectuar otras clases de análisis. Este tipo de técnicas tienen su aplicación en diferentes campos que van desde el sector industrial donde se analizan ensambles de partes en movimiento, en tareas de reconocimiento de patrones como la detección de rostros y gestos y el sector de la medicina donde se estudian imágenes de órganos y estructuras en busca de anomalías propias de pacientes con afecciones. De forma general, las aplicaciones de estos métodos son muchas, pero su mayor utilidad ha estado ligada con la segmentación de imágenes médicas en general.

La detección de contornos y formas activas no es un problema simple, la dificultad más grande que existe se debe a que los objetos generalmente tienen variaciones en su estructura. Esto se puede observar claramente en imágenes médicas, donde las dimensiones y forma de los órganos son diferentes de un individuo a otro. No obstante, en el caso de imágenes médicas nos encontramos con un conjunto de complicaciones cuando la imagen contiene demasiado ruido, lo que hace que la delimitación de un contorno sea una tarea bastante difícil. La tarea se hace mucho más complicada cuando la imagen en estudio está en movimiento o cambia con el tiempo como es el caso de aquellas que provienen del corazón.

En la literatura se describe un gran número de métodos y aproximaciones usados para abordar el problema de detección y segmentación de objetos e imágenes a través de moldes deformables. El primer paso significativo se da con los *modelos de contornos activos* ACM (Active Contour Models por sus siglas en inglés) o – “Snakes” que fue introducido inicialmente por Kass et al. en 1987 [1]. Este método busca minimizar la energía asociada a un contorno actual sumando un conjunto de fuerzas externas e internas al contorno. El objetivo es encontrar el borde de un objeto que minimiza dicha energía para finalmente entregar como resultado una imagen segmentada.

Muchos de los métodos de detección de bordes y contornos activos toman una imagen modelo y construyen a partir de ella un conjunto de parámetros usando la estadística de la imagen que luego son usados para la detección [2]- [3]. La interpretación, en estos casos, se basa en escoger los parámetros que mejor se ajusten al modelo de la imagen [4].

Otros métodos de caracterización de contornos activos se basan en modelos articulados que usan componentes rígidos conectados por “sliding” y rotaciones conjuntas. En [5] se describe un esquema para generalizar dichos objetos usando una transformada de Hough generalizada. También se han hecho contribuciones usando modelos de forma de series de Fourier [6], con el cual se pueden obtener diferentes formas de objetos simplemente variando los parámetros de las señales bases (funciones sinusoidales) usadas en la expansión trigonométrica de la serie. Asimismo se han empleado modelos estadísticos [7]- [9] con puntos conectados que usan la estadística con respecto a vecindades para encontrar las relaciones entre ellos.

Un poco más tarde fue introducido el término modelos de forma activa – ASM por Cootes et al. en 1995 [4], [10], conocidos también como modelos de forma estadísticos o modelos de distribución de puntos, los cuales son métodos análogos a los descritos en los modelos de contornos activos. La diferencia es que “Snakes” utiliza modelos deformables y ASM son modelos de apariencia que se ajustan sólo para los tipos de imágenes que ellos representan, es decir, en el primer caso los modelos se deforman y funciona para cualquier imagen y en el segundo la deformación sólo está en el rango definido por un conjunto de entrenamiento.

Los algoritmos ASM constituyen la base fundamental para la tarea de segmentación propuesta en este trabajo. La idea fundamental de este método es construir un modelo estadístico deformable, a partir de un conjunto de entrenamiento, que posteriormente será usado en las tareas de segmentación de nuevas imágenes u objetos.

Una vez que Cootes et al. [4] presentó el método, han habido muchas aproximaciones y aplicaciones que utilizan los modelos de forma activa – ASM para segmentación e

interpretación de imágenes [11]. En [12]-[13] se describe el uso de ASM para la detección y el reconocimiento de rostros, otros autores emplean estos algoritmos para la identificación de caracteres escritos a mano [14]. Pero sin duda, los mayores aportes de ASM han sido a la segmentación y caracterización en imágenes médicas [15]-[18]. En [19]-[20] se usan para segmentar huesos en imágenes del tejido óseo, asimismo otros autores utilizan este método para la segmentación de imágenes del disco óptico [21], imágenes de la próstata [22]-[24], e imágenes de ultrasonido en general [25].

El modelo inicial propuesto por Cootes et al. [4] presenta dos desventajas principales: 1) por ser una técnica de búsqueda y deformación local debe partir de una muy buena aproximación inicial cercana al objeto que se quiere segmentar; 2) la insuficiencia en los datos de entrenamiento conlleva a una muy poca capacidad de deformación del modelo estadístico construido lo cual puede ocasionar pobres resultados en la segmentación. En vista de resolver las dificultades mencionadas, algunos autores han tratado de aportar soluciones a través de varios métodos para hacer más óptimos los procesos de segmentación usando algoritmos ASM [11], [22], [26]-[27].

Los modelos de forma activa ASM se pueden extender a aplicaciones de segmentación de volúmenes u objetos 3D. El concepto de ASM en volúmenes es el mismo que para imágenes 2D, solo que ahora se involucran objetos tridimensionales. Un gran campo de aplicaciones de detección de formas para imágenes 3D es el área de la medicina donde se requieren generalmente segmentar imágenes de ultrasonido, tomografía computarizada y resonancia magnética [28]-[33].

Los estudios de imágenes médicas en tres dimensiones entregan rebanadas o cortes bidimensionales de los objetos, órganos o partes del cuerpo que escanean. En este sentido, los ASM pueden ser utilizados a partir de información individual sobre las estructuras de cada corte o bien sobre los puntos tridimensionales del volumen a partir de los cortes en 2D cuya información se presenta al sistema como un conjunto de datos que describen una malla tridimensional. En base a esto, en 3D hay algunas contribuciones de métodos y

aplicaciones que utilizan modelos deformables aplicadas a la segmentación y análisis de volúmenes de imágenes médicas [34]-[36], [71].

Cuando se tienen objetos en movimiento, como es el caso del corazón, los estudios se hacen en cuatro dimensiones (x, y, z, t). Las técnicas avanzadas de imágenes de hoy en día permiten entregar estudios completos de imágenes 3D que cambian con el tiempo. En el caso de las tomografía computarizadas del corazón, lo se tienen son imágenes tomadas para todo el ciclo cardiaco. La segmentación de estas series de tiempo de imágenes ha sido un tema de mucho interés también donde los autores han tratado de resolver diferentes clases de problemas [37]-[38]. Las aplicaciones más comunes están orientadas a segmentar imágenes cardiacas [39]-[40].

Montagnat et al. [41] trata de modelar estudios cardiacos en cuatro dimensiones usando modelos deformables a través de ajustes temporales. Ellos construyen modelos geométricos basados en la trayectoria de vértices correspondientes de series de tiempo representadas por mallas “simplex”. Posteriormente, leyes de movimiento de Newton son usadas para describir la evolución de los vértices. Finalmente utilizan algoritmos que se ajusta dependiendo de las características de movimiento adquiridas en el conjunto de entrenamiento.

1.2. DESCRIPCIÓN DE LA TESIS

En esta tesis se desarrolló un sistema de segmentación de imágenes aplicado a estudios de tomografías computarizadas del corazón en cuatro dimensiones. Para el proceso de segmentación se usaron algoritmos deformables capaces de ajustarse al objeto iterativamente hasta alcanzar una solución. Estos algoritmos tratan de minimizar una función objetivo que incluye información de los niveles de grises alrededor de los contornos que describen las estructuras que se segmentan. Como se ha mencionado, el método utilizado corresponde a modelos de formas activas o ASM.

De manera general, se busca formar un modelo estadístico que codifica la variabilidad que presentan los objetos y estructuras en las imágenes. Esto se lleva a cabo a través de un conjunto de entrenamiento al que se le extraen las características estadísticas de primer y segundo orden. Este conjunto corresponde a ejemplos segmentados de las formas y estructuras que se quieren analizar dentro de las imágenes en estudio. Es de notar que los objetos del entrenamiento están formados por un conjunto de puntos que describen un contorno específico.

La aplicación desarrollada busca segmentar y realizar un rastreo de algunas estructuras específicas del corazón en las imágenes de tomografía. Dado que una tomografía en 4D del corazón contiene volúmenes de todo el ciclo cardiaco, la segmentación es hecha para sus estructuras en cada intervalo de tiempo de dicho ciclo. Las estructuras seleccionadas dentro de la tomografía corresponden al ventrículo izquierdo y el septo o pared que divide los dos ventrículos. La selección de estas estructuras obedece a que la finalidad posterior es la evaluación del comportamiento mecánico del corazón en las estructuras mencionadas.

A pesar de que el algoritmo es probado en imágenes de tomografías puede ser extendido a cualquiera de las modalidades de imágenes médicas. En base a esto, en el siguiente capítulo se da una breve descripción de las principales modalidades útiles para evaluar el comportamiento cardiaco.

El resto del documento detalla cada uno de los conceptos necesarios y métodos utilizados para llevar a cabo el proceso de segmentación de imágenes del corazón de tomografías en cuatro dimensiones.

En el **capítulo 2** se da una recopilación general de las principales modalidades de imagenologías médicas usadas para evaluar el corazón, en las cuales se detallan sus características principales y funcionamiento, así como sus aplicaciones más importantes en la búsqueda de anomalías y análisis de pacientes.

Especial atención se le dan a los estudios de tomografías computarizadas en cuatro dimensiones en el **capítulo 3**. Aquí se describen las características, su utilidad y el tipo de información que se manejan con estos estudios dado que son el tipo de imágenes utilizadas como aplicación en esta tesis.

Descripciones generales sobre los diferentes métodos de segmentación más comunes para imágenes médicas de tomografías computarizadas se dan en el **capítulo 4**. Estos algoritmos incluyen métodos manuales; métodos estadísticos como segmentación basada en el análisis de histograma, clasificación Bayesiana y por campos de Markov; métodos basados en umbralización y clasificación de píxeles; técnicas basadas en bordes, regiones, operaciones morfológicas y algunos modelos deformables.

En el **capítulo 5** se presentan los principios básicos y teóricos del método de segmentación por modelos de forma activa – ASM, el cual es usado para la aplicación desarrollada en el proyecto. Adicionalmente, se expone el algoritmo ASM desarrollado e implementado para segmentar estructuras en imágenes de tomografías computarizadas del corazón en cuatro dimensiones. En el modelo desarrollado se tiene en cuenta la información de los niveles de grises que caracterizan las imágenes variantes con el tiempo.

Los experimentos y resultados del método implementado, el análisis de los mismos y las respectivas discusiones con respecto a la aplicación propuesta se resumen en el **capítulo 6**. Finalmente, las conclusiones se dan en el **capítulo 7**. El resto del documento incluye las referencias.

CAPITULO 2. MODALIDADES DE IMÁGENES MÉDICAS USADAS PARA LA EVALUACIÓN FUNCIONAL Y FISIOLÓGICA DEL CORAZÓN

En la actualidad existe un gran número de técnicas y modalidades que permiten tomar muestras de la anatomía y estructura del organismo. Dentro de este conjunto de técnicas se encuentran las llamadas imágenes médicas, las cuales presentan descripciones espaciales de las partes del cuerpo humano en donde las estructuras se pueden diferenciar unas de otras por la forma y distribuciones de los niveles de grises. Las imágenes médicas han contribuido enormemente en el proceso de diagnóstico llevado a cabo por los Especialistas.

2.1. ESTRUCTURA DEL CORAZÓN

El **corazón** es el órgano principal del aparato circulatorio. Es un órgano musculoso y cónico situado en la cavidad torácica. Funciona como una bomba, impulsando la sangre a todo el cuerpo. Su tamaño es un poco mayor que el puño de su portador. Desde el punto de vista estructural, el corazón está dividido en cuatro cámaras o cavidades: dos superiores llamadas aurícula derecha (atrio derecho) y aurícula izquierda (atrio izquierdo), y dos inferiores llamadas ventrículo derecho y ventrículo izquierdo [66], tal como se observa en la figura 1.

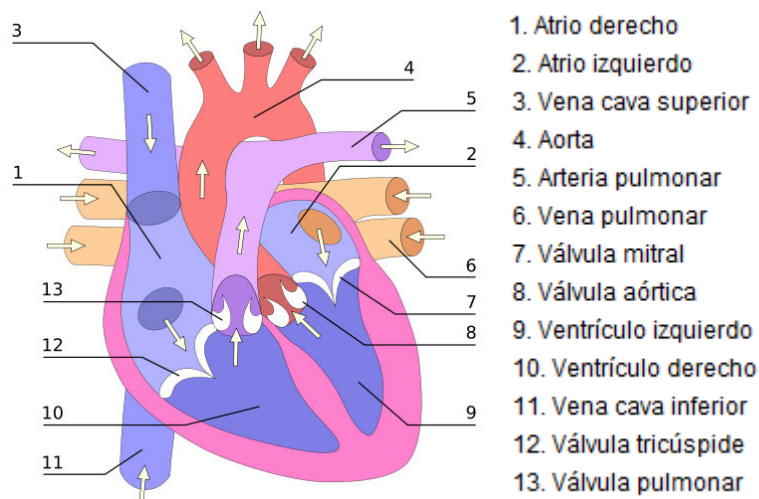


Figura 1. Estructura del corazón (Imagen tomada de [70]).

El corazón es un órgano muscular autocontrolado, una bomba aspirante e impelente, formado por dos bombas en paralelo que trabajan al unísono para propulsar la sangre hacia todos los órganos del cuerpo. Las aurículas son cámaras de recepción que envían la sangre que reciben hacia los ventrículos, los cuales funcionan como cámaras de expulsión. El corazón derecho recibe sangre poco oxigenada desde:

- ✓ La vena cava inferior (VCI) que transporta la sangre procedente del tórax, el abdomen y las extremidades inferiores.

- ✓ la vena cava superior (VCS) que recibe la sangre de las extremidades superiores y la cabeza.

La vena cava inferior y la vena cava superior vierten la sangre poco oxigenada en la aurícula derecha. Ésta la traspassa al ventrículo derecho a través de la válvula tricúspide, y desde aquí se impulsa hacia los pulmones a través de las arterias pulmonares, separadas del ventrículo derecho por la válvula pulmonar [66].

Una vez que se oxigena a su paso por los pulmones, la sangre vuelve al corazón izquierdo a través de las venas pulmonares, entrando en la aurícula izquierda. De aquí pasa al ventrículo izquierdo, separado de la aurícula izquierda por la válvula mitral. Desde el ventrículo izquierdo la sangre es propulsada hacia la arteria aorta a través de la válvula aórtica para proporcionar oxígeno a todos los tejidos del organismo. Una vez que los diferentes órganos han captado el oxígeno de la sangre arterial, la sangre pobre en oxígeno entra en el sistema venoso y retorna al corazón derecho.

El corazón impulsa la sangre mediante los movimientos de *sístole* (auricular y ventricular) y *diástole*. Se denomina *sístole* a la contracción del corazón (ya sea de una aurícula o de un ventrículo) para expulsar la sangre hacia los tejidos. Se denomina *diástole* a la relajación del corazón para recibir la sangre procedente de los tejidos. Un *ciclo cardíaco* está formado por una fase de relajación y llenado ventricular (*diástole*) seguida de una fase de contracción y vaciado ventricular (*sístole*) [66].

2.2. MODALIDADES DE IMÁGENES MÉDICAS USADAS PARA EVALUAR EL CORAZÓN

Con respecto a las características y el tipo de radiación que se utiliza podemos identificar dos grupos dentro de las modalidades y técnicas de imágenes médicas: 1) En el primero están las que utilizan **radiación ionizante**, entre las cuales se encuentran las generadas a partir de energía en las bandas de *rayos-x* y *rayos- γ* del espectro electromagnético; 2) En el segundo se agrupan las modalidades que utilizan **radiación no ionizante**, en las cuales entran las que usan ondas de ultrasonido y señales de radiofrecuencia.

En resumen, las imágenes médicas del cuerpo humano requieren de algún tipo de energía para poder ser generadas. En las técnicas usadas en radiología, la energía empleada para producir la imagen debe ser capaz de penetrar el tejido [42]. Cada una de las modalidades tiene sus aplicaciones específicas desde un punto de vista clínico. En este capítulo se describe de forma general las modalidades más importantes de imágenes médicas que se usan para evaluar el comportamiento funcional y la estructura fisiológica del corazón.

2.3. IMÁGENES MÉDICAS OBTENIDAS A PARTIR DE RADIACIÓN IONIZANTE

Las técnicas de imagenología agrupadas en esta categoría utilizan los rayos-x y los rayos- γ del espectro electromagnético para producir las imágenes, las cuales se generan por la interacción de la energía radiada con los tejidos del cuerpo humano. Se llaman ionizantes porque son capaces de modificar la naturaleza de los átomos por medio de un proceso de ionización. Esta característica hace que este tipo de técnicas requieran de un uso prudente sobre los pacientes.

Dentro de las imágenes médicas más comunes obtenidas a partir de radiación ionizante que se utilizan para el análisis del corazón se encuentran las Radiografías, Fluoroscopias, Tomografías Axiales Computarizadas (TAC), Tomografías por Emisión de Positrones (PET) y Tomografías Computarizadas por Emisión de Fotones Individuales (SPECT).

2.3.1. Radiografías: Rayos-x

Las radiografías son una de las metodologías de imágenes médicas más antiguas. Este tipo de modalidad es conocida comúnmente como *rayos-x*. El sistema de generación de estos rayos se da a través de un tubo al vacío que contiene un ánodo en un extremo y un cátodo en el otro. El cátodo es alimentado con un voltaje causando la liberación de electrones que posteriormente fluyen a alta velocidad hacia el ánodo cargado positivamente. Cuando los electrones golpean un núcleo, la energía es liberada en forma de radiación o *rayos-x*. La energía de los *rayos-x*, la cual constituye la potencia de penetración, es controlada por el voltaje aplicado a través del ánodo y el número de *rayos-x* es controlado por una corriente aplicada al filamento en el cátodo [43], ver figura 2a.

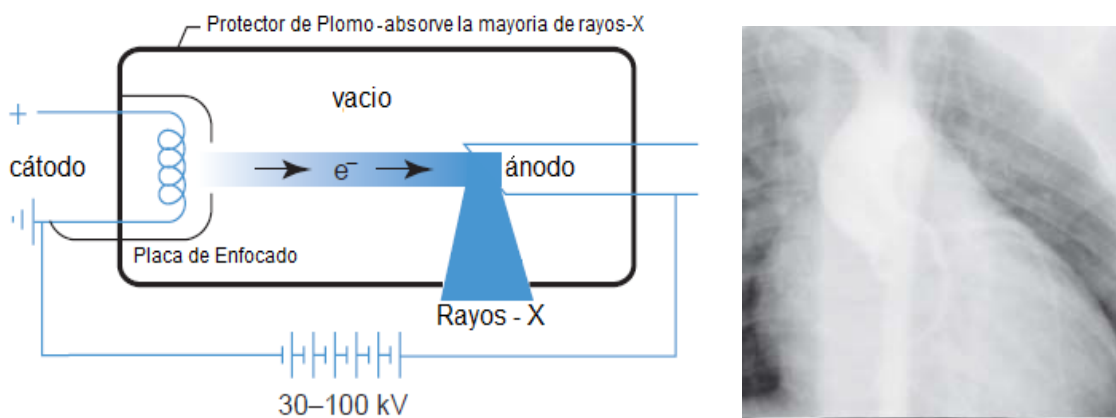


Figura 2. a) Tubo de rayos-x (Imagen tomada de [44]); b) Radiografía del pecho para análisis del corazón (Imagen tomada de [69]).

Para tomar una imagen radiográfica basta con poner el paciente o la parte de cuerpo que se quiere analizar entre la fuente de *rayos-x* y una película sensible a esta energía de radiación. La intensidad de los rayos es modificada por absorción cuando pasa a través del paciente y la energía resultante cae sobre una película generando la imagen de radiografía. En la figura 2b se observa un ejemplo de una imagen de radiografía que muestra una estenosis aórtica congénita. En radiografías digitales, las imágenes pueden ser obtenidas por dos métodos: 1) por una simple digitalización de la película de *rayos-x* ó, 2) simplemente teniendo un dispositivo capaz de convertir esta fuente de radiación a luz, como pueden ser las pantallas

de fósforo. En este último caso la señal de luz es entonces capturada por un sistema de digitalización sensitivo a ella [43].

2.3.2. Fluoroscopias

La fluoroscopia es una de las modalidades de imágenes médicas que existen en la actualidad. Con este procedimiento se obtienen vistas de rayos-x del paciente y sus estructuras internas en tiempo real a una baja resolución [42]. Cuando se tienen estructuras en movimiento dentro del paciente y se necesitan obtener imágenes del mismo, se deben sacar radiografías en sucesiones muy rápidas. El intervalo de tiempo entre cada película puesta serialmente puede ser tan grande que no permitiría obtener una completa información acerca del proceso dinámico dentro del cuerpo. Este problema es resuelto por los fluoroscopios.

De forma general, un fluoroscopio (figura 3a) consiste en una fuente de *rayos-x* y una pantalla fluorescente entre las que se sitúa al paciente. En los aparatos más modernos se acopla una pantalla a un intensificador de imagen de *rayos-x* y una cámara de vídeo CCD, lo que permite que las imágenes sean grabadas y reproducidas en un monitor.

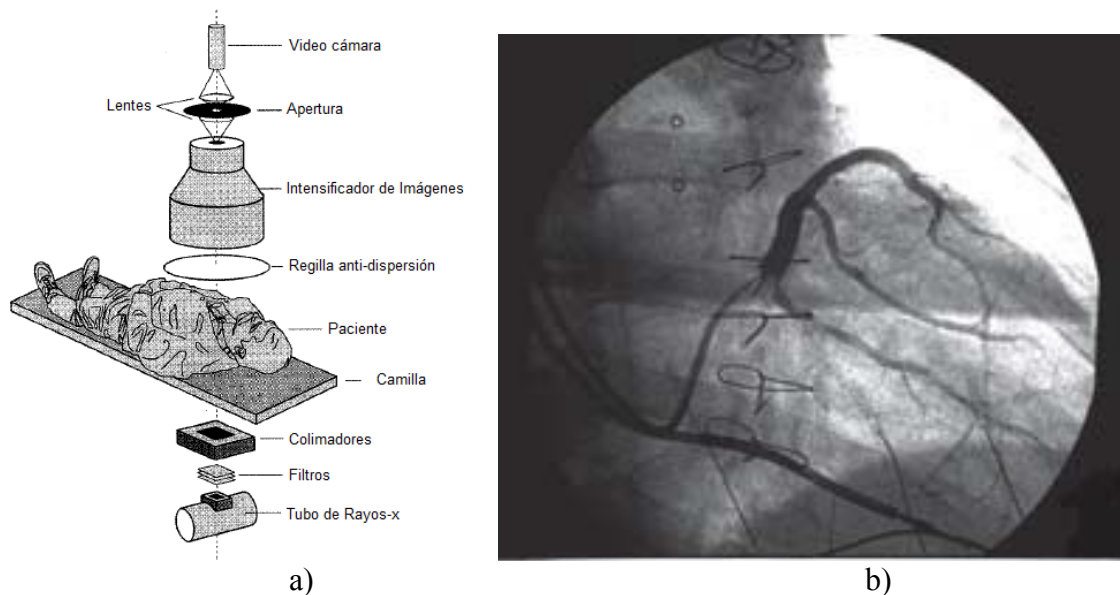


Figura 3. a) Fluoroscopio (Imagen tomada de [42]); b) Imagen fluoroscópica del corazón (Imagen tomada de [69]).

En cuanto a las aplicaciones referentes al corazón, la fluoroscopia se utiliza para detectar algunas afecciones cardíacas, así como para guiar al personal facultativo en intervenciones quirúrgicas, tal como la inserción de un marcapasos. En la figura 3b se observa una imagen de fluoroscopia del corazón útil para detectar una enfermedad reumática a través de la inserción de un collar.

2.3.3. Tomografía Axial Computarizada - TAC

Las tomografías computarizadas son técnicas más recientes dentro de las modalidades de imágenes médicas. El nombre de esta técnica hace referencia a imágenes de secciones transversales de un objeto usando los datos transmitidos o reflejados a través del objeto en múltiples direcciones o ángulos. El impacto de esta técnica fue bastante grande y revolucionario en la medicina porque permitió a los doctores ver los órganos internos de los pacientes con una precisión y seguridad que anteriormente no se tenía [46].

Los primeros estudios médicos usando tomografías se usaron para formar imágenes de los tejidos a partir del coeficiente de atenuación de los *rayos-x* transmitidos. El principio básico de funcionamiento es similar que para las otras modalidades de imágenes médicas tratadas. El paciente es colocado en medio de la fuente de radiación y los detectores. La diferencia fundamental con respecto a las radiografías es que en esta última se obtiene una sola imagen como resultado de la proyección de los *rayos-x* sobre el objeto, y en las tomografías se obtienen múltiples proyecciones como producto de las rotaciones que se le hace a la fuente de radiación y detectores alrededor del paciente. En la figura 4a se ilustra el proceso general de funcionamiento de un tomógrafo y un ejemplo de un tipo de imagen resultante para el corazón se ilustra en la figura 4b.

Dado que las imágenes tomográficas son el resultado de las proyecciones de *rayos-x* en varias direcciones debe existir un proceso de reconstrucción. Desde un punto de vista geométrico, las proyecciones de rayos que atraviesan el objeto o paciente tienen un patrón específico. Este patrón hace referencia a la forma en que los rayos son enviados desde la fuente de radiación.

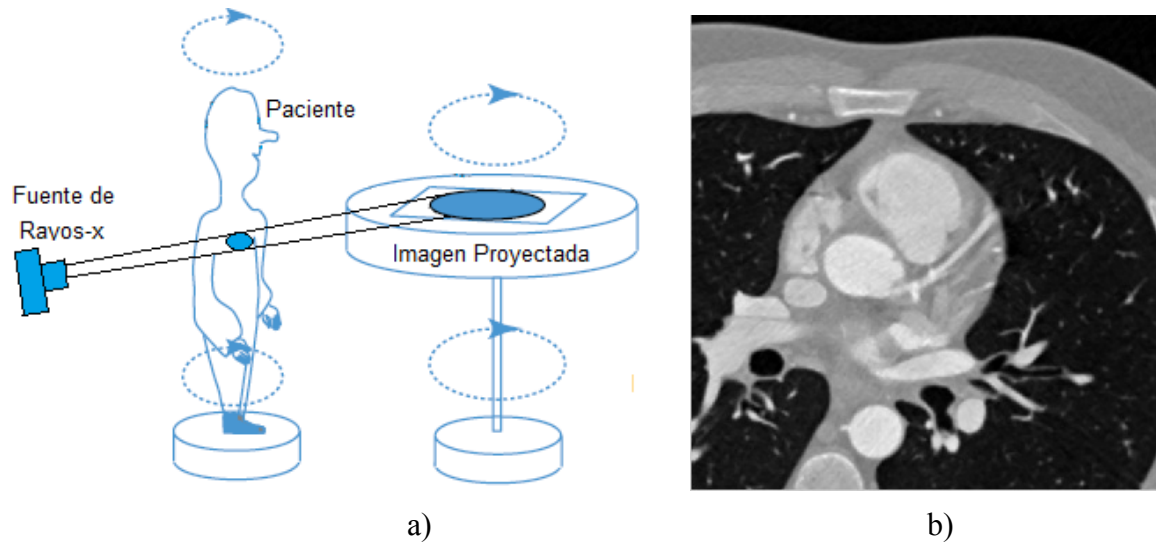


Figura 4. a) Funcionamiento de un Tomógrafo (Imagen adaptada de [44]); b) Imagen de tomografía del corazón.

En tomografía se consideran dos tipos de radiación: un patrón donde las líneas viajan en forma paralela y otro en el que cada rayo sale a un ángulo con respecto al punto o fuente de radiación formando un cono. En la figura 5 se pueden ver los tipos de radiaciones que se pueden considerar al momento de reconstruir las imágenes de tomografía. Cada uno de ellos maneja sus propios principios en cuanto a la reconstrucción, pero la finalidad es siempre la misma.

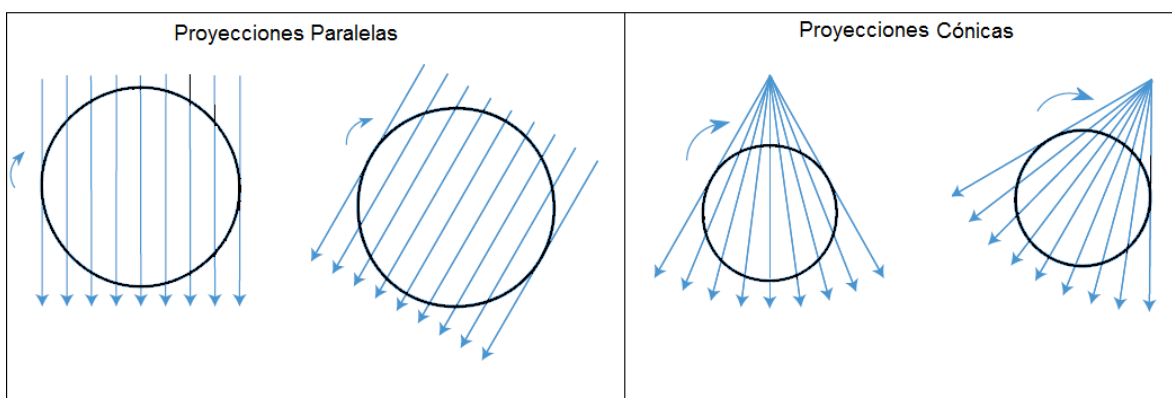


Figura 5. Tipos de proyecciones de rayos usadas en tomografías computarizadas.

Como se puede notar en las imágenes que representan las proyecciones, cada patrón de radiación en un ángulo específico está formado por un número determinado de líneas o

rayos. El procedimiento matemático que describe la propagación de cada rayo fue resuelto por Radon en 1917 (traducción del manuscrito [47]) con la transformada que lleva su nombre. En base a la teoría desarrollada, las proyecciones son el resultado de las integrales de línea de cada rayo que atraviesa el objeto.

Otra teoría fundamental en el proceso de reconstrucción de las imágenes de tomografía a partir de sus proyecciones es la transformada de Fourier. En este sentido se formuló un teorema que asocia la teoría de Fourier y la de Radon conocido como el “Teorema de la Porción Central” [46], el cual es ilustrado en la figura 6. Esta teoría lo que asevera es que la transformada de Fourier en dos dimensiones del objeto que se escanea es equivalente a la transformada de Fourier en una dimensión de la transformada de Radon de cada proyección.

En la figura 7 se observa claramente una línea de proyección obtenida a partir de las integrales de Radon de cada rayo. Es notable también que las proyecciones se deben ir rotando para obtener una descripción completa del objeto en diferentes ángulos o desde varias vistas. Finalmente, la imagen se reconstruye a partir de todas las proyecciones.

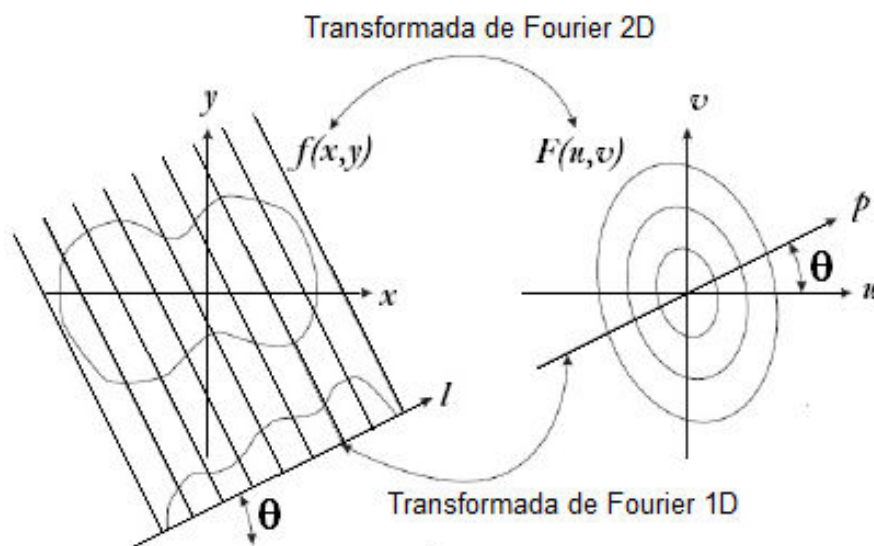


Figura 6. Teorema de la Porción Central – Relación transformada de Fourier en 2D del objeto, y la transformada de Fourier en 1D de su proyección.

El algoritmo clásico de reconstrucción para las imágenes de tomografía computarizada se conoce como “Algoritmo de Retroproyección Filtrada”. En términos generales, este método es llevado a cabo en los siguientes pasos: 1) La fuente irradia el objeto a escanear; 2) Para cada ángulo de radiación se obtiene la proyección respectiva; 3) Formar el SINOGRAMA a partir de todas las proyecciones; 4) Filtrar las frecuencias bajas del SINOGRAMA o de las proyecciones; 5) Finalmente se hace la retroproyección sobre la imagen (ver figura 8). Mas detalles del algoritmo se darán en el siguiente capítulo.

Hasta ahora se ha mencionado de forma general los principios bajo los cuales funcionan los equipos de tomografías computarizadas para secciones transversales de los objetos. El resultado de cada tomografía es una imagen en dos dimensiones que describe o muestra la parte interna del paciente, tal como se observa en la figura 4b.

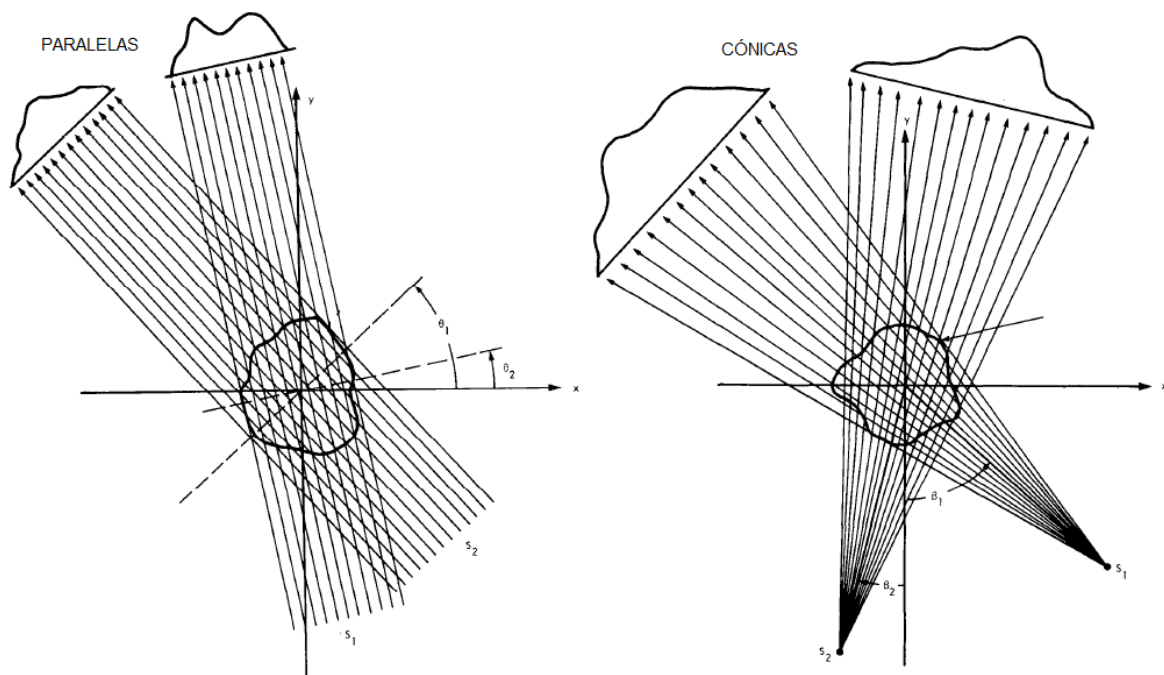


Figura 7. Geometría de las proyecciones de rayos usadas en tomografías computarizadas (Imagen tomada de [46]).

Existen casos en los que es necesario obtener un estudio completo sobre una estructura u órgano del paciente. Dado que la imagen de una sola sección transversal no describe toda la estructura, las tomografías generalmente se obtienen en tres dimensiones. El principio de

funcionamiento básicamente el mismo que para dos dimensiones. Muchos mas detalles de las tomografías en tres dimensiones se darán en el siguiente capítulo.

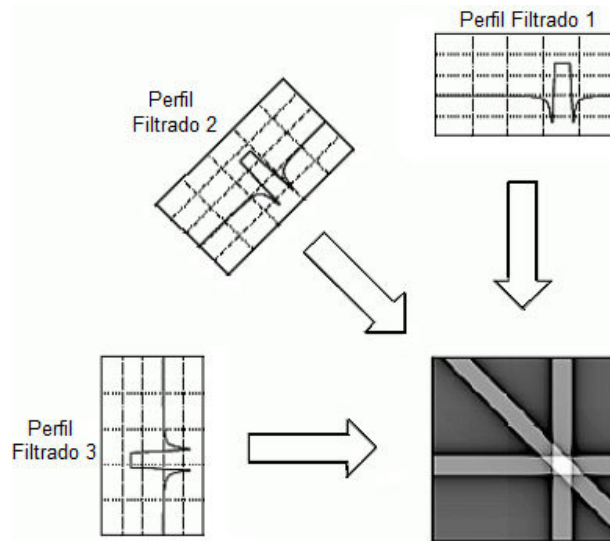


Figura 8. Retroproyección final para obtener la imagen de tomografía.

Las aplicaciones de los estudios tomográficos en el análisis de corazón son numerosas desde el punto de vista clínico. Ellos han sido muy útiles para buscar afecciones estructurales del mismo.

2.3.4. Tomografías por Emisión de Positrones - PET

Esta es otra de las modalidades de imágenes médicas usadas hoy en día para el análisis de estructuras y órganos del cuerpo humano. Las tomografías por emisión de positrones caen dentro de la rama de medicina nuclear. En esta área de la medicina se emplean algunos tipos de isótopos radioactivos como elemento principal del proceso de imagenología.

Se trata de una técnica por imágenes que se usa generalmente para medir la actividad metabólica del cuerpo. A diferencia de los casos expuestos anteriormente, esta modalidad utiliza los *rayos- γ* (gamma) del espectro electromagnético.

En el proceso de adquisición de las imágenes de tomografías por emisión de positrones se debe insertar un isótopo radiactivo en el cuerpo del paciente. Estos componentes radioactivos son aniquilados cuando chocan con cierto tipo de electrones en el cuerpo humano. Como producto de la destrucción de los isótopos se liberan fotones que pueden ser capturados por detectores adecuados y posteriormente digitalizados. La información es finalmente presentada en forma de imagen.

Cada positrón cuando es aniquilado da origen a dos fotones o *rayos- γ* que viajan en sentidos opuestos, es decir separados por un ángulo de 180° [48], tal como se muestra en la figura 9. Los dos fotones liberados deben ser detectados en coincidencia (al mismo tiempo) en un periodo de tiempo adecuado que generalmente está en el orden de los nanosegundos. La energía de cada fotón debe ser lo suficientemente alta (511 KeV aproximadamente) para superar un umbral de detección o para que puedan llegar hasta los detectores. Los detectores de un tomógrafo PET están puestos en forma de anillo para detectar los rayos- γ liberados en cada aniquilación de un positrón (ver figura 9).

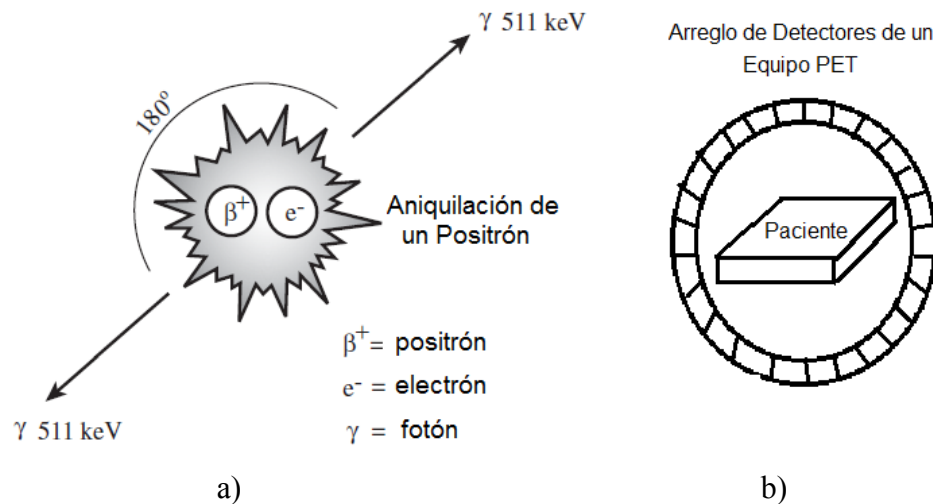


Figura 9. a) Proceso de aniquilación de positrones; b) Arreglo de detectores de un equipo PET (Imagen tomada de [49]).

La imagen es finalmente obtenida a partir de la conversión de los fotones detectados a señales eléctricas. La información capturada posteriormente se somete a procesos de filtrado y algoritmos de reconstrucción que dan origen la imagen de tomografía. En la

figura 10 se observan dos imágenes típicas resultantes de un estudio de tomografía por emisión de positrones aplicado a ver el funcionamiento del corazón y determinar condiciones de estrés.

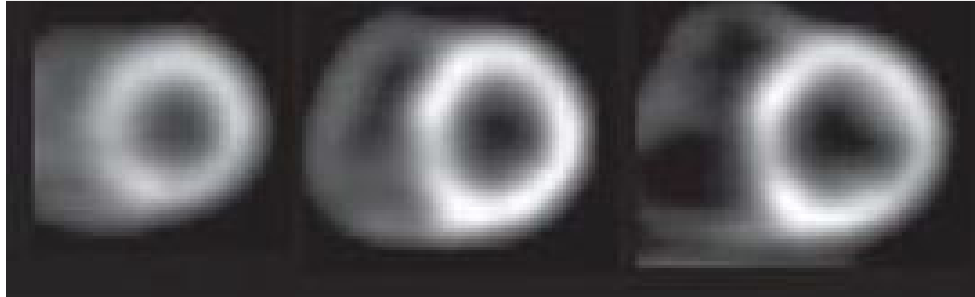


Figura 10. Imágenes típicas de un estudio PET del corazón (Imagen tomada de [69]).

Las aplicaciones de las imágenes de tomografías por emisión de positrones en el corazón son varias. Estas imágenes le pueden decir al doctor que partes del músculo cardiaco están funcionando correctamente, o las zonas donde no llega suficiente flujo de sangre.

2.3.5. Tomografía Computarizada por Emisión de Fotones Individuales - SPECT

La modalidad de imágenes SPECT es muy similar al caso anterior dentro del área de la medicina nuclear. La diferencia radica en que en este caso los rayos- γ son emitidos directamente por los isótopos radioactivos que se inyectan en el paciente. Desde el punto de vista de los materiales usados, el SPECT es mucho más simple por la facilidad con la que se consiguen los isótopos.

SPECT usa dos o tres cámaras gamma, las cuales se rotan alrededor del paciente para detectar los rayos- γ en diferentes ángulos. Técnicas de reconstrucción como la retroproyección filtrada o algoritmos iterativos son utilizadas para reconstruir múltiples cortes axiales en dos dimensiones de las proyecciones adquiridas [48]. La figura 11 ilustra de forma general el proceso de adquisición de las cámaras gamma y la figura 12 muestra dos imágenes SPECT del corazón.

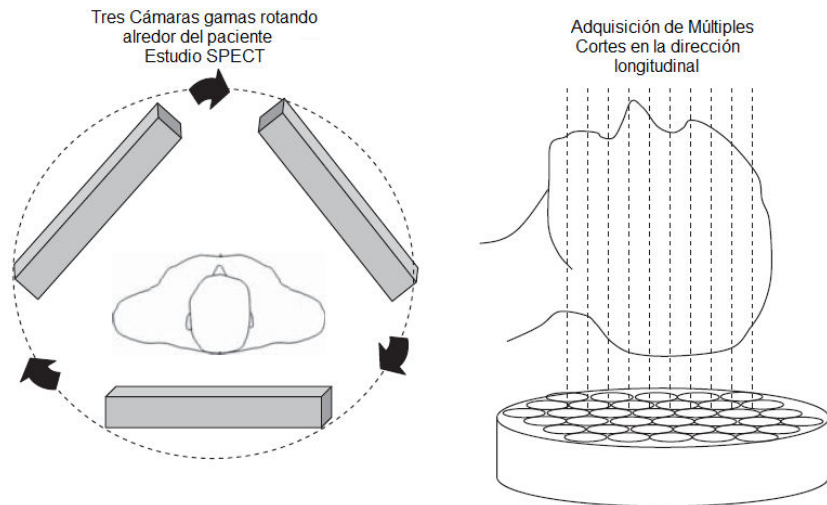


Figura 11. Tres cámaras gamma en el proceso de adquisición de los fotones (Imagen tomada de [48]).

La mayoría de los escaneos tomográficos con la tecnología SPECT son utilizados para enfermedades de las arterias coronarias o infartos del miocardio cuando se utilizan para hacer estudios del corazón.

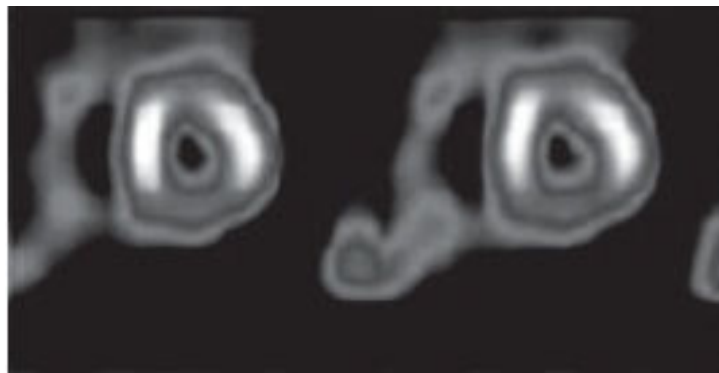


Figura 12. Imágenes típicas de un estudio SPECT de las arterias coronarias en el corazón (Imagen tomada de [48]).

2.4. IMÁGENES MÉDICAS OBTENIDAS A PARTIR DE RADIACIÓN NO IONIZANTE

El siguiente grupo de imágenes médicas corresponde a aquellas que no usan radiaciones ionizantes en el proceso de adquisición de la información o escaneo de los objetos, es decir

el tipo de energía que utilizan no modifica las propiedades de la materia en los tejidos por donde pasan. En cuanto a los aspectos clínicos y de seguridad de los pacientes que son analizados, este tipo de mecanismos son más seguros que los anteriores gracias a las fuentes de radiación que utilizan.

Dentro de las modalidades de imágenes médicas que utilizan fuentes de energía no ionizantes aplicados a estudios cardiacos están las que utilizan señales de radio y ondas de ultrasónicas, las cuales corresponden a imágenes por Resonancia Magnética (MR) y Ultrasonido (US).

2.4.1. Imágenes por Resonancia Magnética - MRI

Esta es una de modalidades de imágenes médicas más recientes. Algunas veces se le conoce como tomografía de resonancia magnética (RMT por sus siglas en inglés) o imagen por resonancia magnética nuclear (NMRI por sus siglas en inglés). Se trata de una técnica no invasiva que utiliza el fenómeno de resonancia magnética para analizar las estructuras de los tejidos del cuerpo humano y obtener información relevante en forma de imágenes. A pesar de que el fenómeno de resonancia magnética ya se conocía desde los años 40, solo se incorporó en el campo de la medicina a partir del año 1973 [44].

En esencia, una imagen de resonancia mide las propiedades magnéticas de los tejidos del cuerpo humano. La teoría de este tipo de modalidad se base en estudiar el comportamiento de las partículas que tienen momentos angulares y magnéticos cuando son sometidas a un campo magnético externo. Estos fenómenos son estudiados desde un punto de vista de la mecánica clásica y cuántica.

MRI suministra un mapa especial del núcleo de hidrógeno (agua y lípido) en diferentes tejidos. La intensidad depende del número de fotones en alguna localización espacial así como de las propiedades físicas de los tejidos tales como viscosidad, rigidez y contenido proteínico. En comparación con las otras modalidades descritas, las principales ventajas son: a) no utiliza radiación ionizante, b) las imágenes pueden ser adquiridas en dos o tres

dimensiones, c) presentan un excelente contraste en tejidos suaves, d) la resolución espacial alcanza el orden de 1mm o menos, e) las imágenes se producen con efectos de penetración despreciables [48].

Algunas desventajas de esta modalidad están asociadas a que los estudios son más demorados que los estudios de tomografías; se requieren cerca de 30-40 minutos usando diferentes tipos de escaneos (cada escaneo demora entre 5 y 10 minutos), cada uno con diferentes tipos de contraste. Dado a que se trabajan con campos magnéticos, muchos pacientes no pueden ser sometidos a estos estudios por poseer placas u objetos metálicos dentro del cuerpo. La otra desventaja se presenta porque los equipos de resonancia son mucho más costosos que los de tomografía o ultrasonidos.

Los sistemas de resonancia magnética están conformados básicamente por tres componentes de hardware principales: un conjunto de bobinas de gradiente de campo magnéticos, un trasmisor de radiofrecuencia y un receptor. El magneto superconductor generalmente posee una fuerza de 3 teslas, lo que equivale aproximadamente a 60000 veces más grande que el campo magnético de la tierra. En la figura 13 se ilustra de forma general, como es un equipo de resonancia magnética.

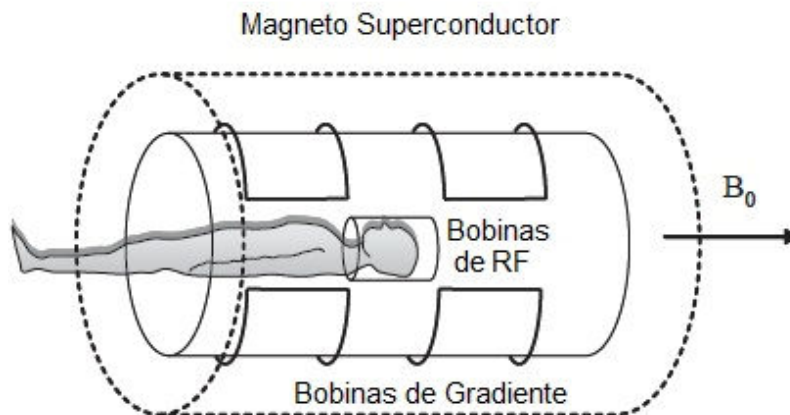


Figura 13. Componentes principales de un sistema de Resonancia Magnética (Imagen adaptada de [48]).

El campo magnético generado por el superconductor causa que los protones se muevan o vibren a una frecuencia proporcional a la fuerza de ese campo, es decir que entren en la frecuencia de resonancia. Por lo tanto, el campo magnético gradiente hace que la frecuencia

de resonancia depende de las posiciones espaciales de los protones en el cuerpo, habilitando de esta manera la formación de las imágenes de resonancia. La energía en el cuerpo es transmitida por una bobina de transmisión a frecuencias de 128 MHz para un magneto de 3 teslas. La señal electromagnética es inducida en la misma u otra bobina de radiofrecuencia por lo que ésta debe ser puesta muy cerca de cuerpo [48]. En la figura 14 se ilustran imágenes obtenidas con un equipo de resonancia magnética para estudios cardiacos.

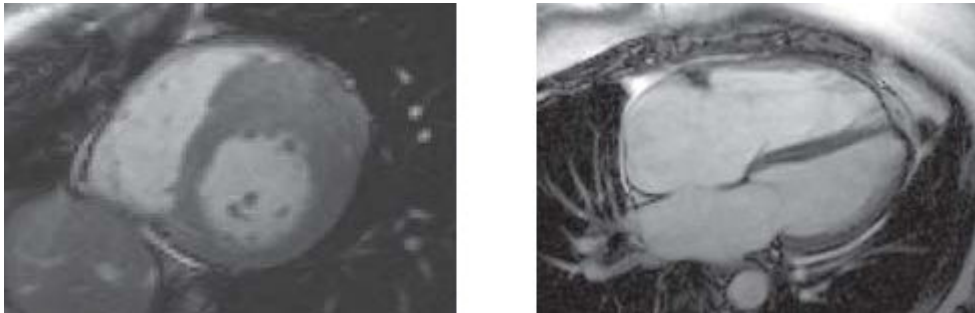


Figura 14. Imágenes de Resonancia Magnética del corazón (Imágenes tomadas de [69]).

La tecnología de imagenología por resonancia magnética en medicina tiene muchas aplicaciones para detectar patologías cardiacas en el corazón.

2.4.2. Imágenes de Ultrasonido - US

De todas las modalidades de imágenes médicas más usadas, el ultrasonido es la más barata y portable que existe. Ésta técnica es capaz de capturar imágenes en tiempo real con menos riesgo para el paciente en comparación que las otras técnicas descritas. El término de ultrasonido se refiere a las ondas de sonido que están por encima del rango máximo (20kHz aproximadamente) del espectro auditivo del oído humano.

Las frecuencias usadas para las ondas de ultrasonido en las aplicaciones clínicas están en el rango de 1 a 15 MHz. El principio básico de funcionamiento de los equipos que capturan imágenes de ultrasonido es bastante simple. Una onda que se propaga puede ser parcialmente reflejada cuando interfiere o choca con el tejido. Si las reflexiones (ecos) son capturadas y medidas como funciones del tiempo, la información de la posición del tejido

se podría obtener si la velocidad de la onda en el medio es conocida. Además de la reflexión, otros fenómenos como la difracción, refracción, dispersión, esparcimiento y atenuación aparecen cuando las ondas de ultrasonido se propagan por el medio. Estos fenómenos afectan el proceso de formación de las imágenes.

Las ondas de ultrasonido son generadas y detectadas por cristales piezoeléctricos, los cuales se deforman cuando son sometidos a un campo eléctrico. En el proceso inverso, ellos son capaces de producir el campo cuando sufren de alguna deformación. Los transductores en los sistemas de ultrasonido generalmente tienen arreglos que ascienden a 512 fuentes o cristales piezoeléctricos individuales. En la figura 15 se ilustra el proceso básico de formación de imágenes de ultrasonido. Tal como se observa en la figura, cuando las ondas de ultrasonido se propagan por la materia, parte de la energía es reflejada desde las fronteras entre los tejidos y el resto de ella es transmitida.

Sin embargo, las imágenes obtenidas con esta modalidad médica presentan una desventaja con respecto a las otras modalidades por el bajo contraste que tienen. Algunas imágenes típicas de ultrasonido para estudios cardiacos se pueden observar en la figura 16.

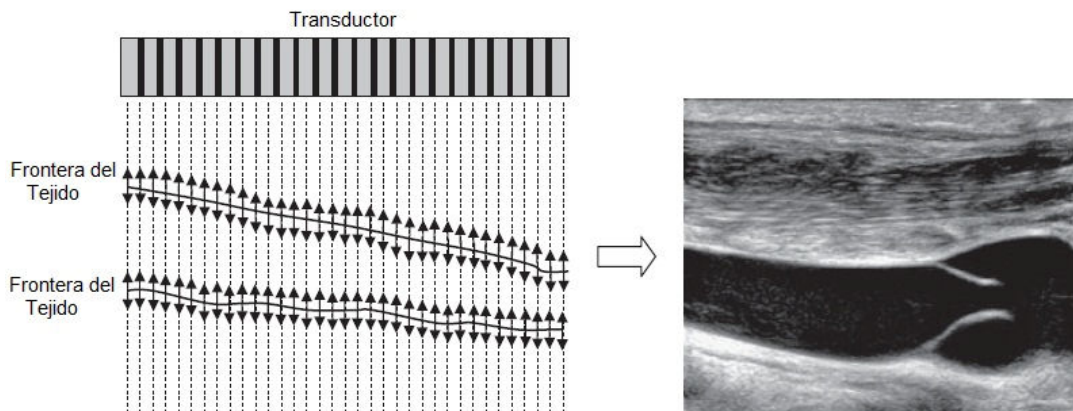


Figura 15. Principio básico de las imágenes de ultrasonido (Imagen adaptada de [48]).

Dado que las ondas de ultrasonido provienen de fuentes coherentes es común que sufran de un patrón conocido como “speckle”, el cual afecta la calidad de la imagen. Este patrón se presenta por las interferencias constructivas y destructivas de los ecos de ultrasonido. En las

imágenes, el “speckle” se presenta como un conjunto de puntos granulados de diferentes tamaños distribuidos por toda la imagen.

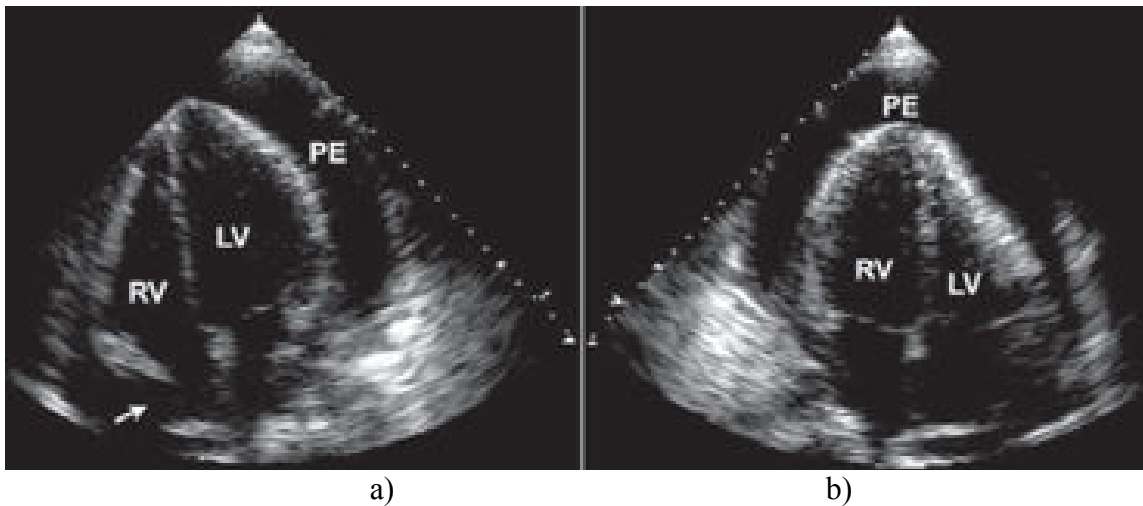


Figura 16. Imágenes de ultrasonido del corazón (Imágenes tomadas de [69]), a) Dos cavidades, b) Cuatro cavidades.

Por su bajo costo y seguridad, los sistemas de ultrasonido se han extendido en las aplicaciones médicas. Son muy útiles para visualizar la morfología y anatomía de las estructuras del corazón, así como para evaluar sus funciones y para detectar deficiencias en las válvulas.

CAPITULO 3. TOMOGRAFÍAS COMPUTARIZADAS EN CUATRO DIMENSIONES

Las imágenes de tomografías computarizadas representan una de las principales modalidades para obtener información del tejido humano con fines diagnósticos, tal como se describió en el capítulo anterior. La capacidad de los médicos hoy en día para detectar y predecir enfermedades y anomalías en el cuerpo, así como para orientar y determinar los tratamientos y procedimientos a seguir depende mucho de las imágenes obtenidas con este tipo de modalidad.

Dada la naturaleza tridimensional de los objetos en el mundo real, en la mayoría de los casos no es conveniente hacer estudios sobre los pacientes usando información plana o en dos dimensiones que solamente muestra una sola sección transversal de los objetos. Generalmente es necesario hacer un estudio completo usando toda información respectiva de los órganos o estructuras que conforman el cuerpo humano. Por ejemplo, para hacer mediciones sobre las dimensiones y forma de un tumor encontrado en alguna parte del cuerpo se necesitaría el volumen completo del mismo. En base a esta necesidad los estudios tomográficos se hacen hoy en día en tres dimensiones para objetos estáticos y en cuatro dimensiones para estructuras dinámicas, como es el caso del corazón.

En este capítulo se hace una descripción del funcionamiento de las tomografías computarizadas en tres y cuatro dimensiones, así como de algunos aspectos importantes a tener en cuenta en el proceso de reconstrucción de las imágenes desde el punto de vista algorítmico. Se da un especial énfasis a esta modalidad de imágenes médicas dado que ellas constituyen el objeto de estudio en esta tesis.

3.1. RECONSTRUCCIÓN TOMOGRÁFICA EN 3D – RETROPROYECCIÓN FILTRADA

Para obtener imágenes en tres dimensiones, los tomógrafos llevan a cabo varios procesos sobre las señales adquiridas. Desde el punto de vista algorítmico, el principal proceso

corresponde al método de reconstrucción usado para obtener las imágenes a partir de las proyecciones. En el capítulo anterior se dio un pequeño bosquejo del algoritmo de reconstrucción por retroproyección para secciones transversales u objetos en dos dimensiones, el cual es el más usado en tomografía. En la figura 17 se muestra un esquema del proceso de proyecciones que sigue un tomógrafo en tres dimensiones.

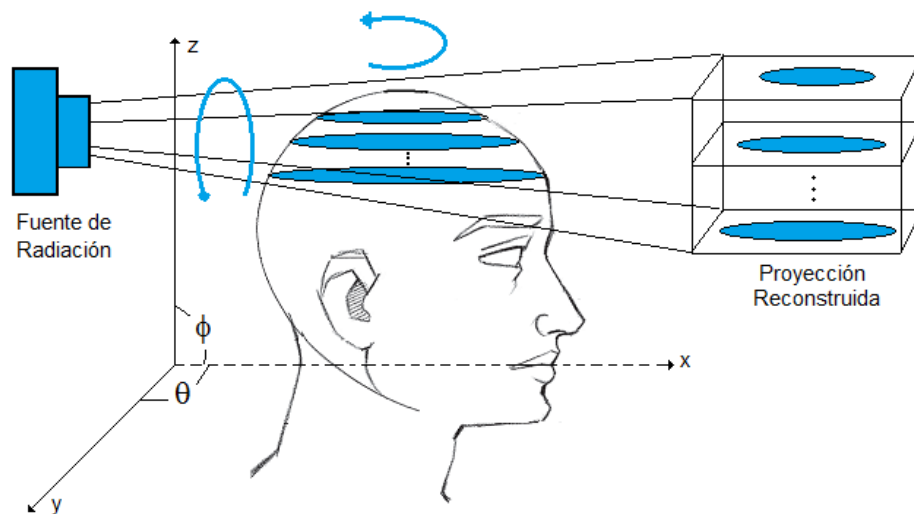


Figura 17. Proyecciones en un tomógrafo de tres dimensiones.

En las tomografías en tres dimensiones se tienen rayos que atraviesan todo el espacio del objeto que se quiere escanear. En los algoritmos de reconstrucción se asume que la geometría de las proyecciones presenta forma paralela o cónica [50], tal como se observa en las figuras 6 y 7. La fuente de radiación escanea el objeto en múltiples direcciones de acuerdo a una combinación de los ángulos θ y ϕ en el espacio tridimensional. En las tomografías en dos dimensiones se tiene una línea de detectores que reciben los rayos que atraviesan el objeto, por lo que las imágenes reconstruidas provienen de una sección transversal. Para el caso tridimensional, los detectores son organizados formando una matriz bidimensional. Cada detector recibe un rayo de la proyección, ver figura 18.

En el algoritmo de reconstrucción, el conjunto de las proyecciones recibidas en todas las direcciones se conoce como SINOGRAMA [51]. Estos, a diferencia de las proyecciones sobre secciones transversales, están definidos en un espacio de tres dimensiones. La cantidad de proyecciones que se tienen depende del barrido que hace la fuente de radiación

sobre el objeto. Entre más proyecciones exista, mucha más resolución tendrán las imágenes reconstruidas. Sin embargo, esto puede significar una desventaja porque implica someter al paciente a una mayor cantidad de radiación.

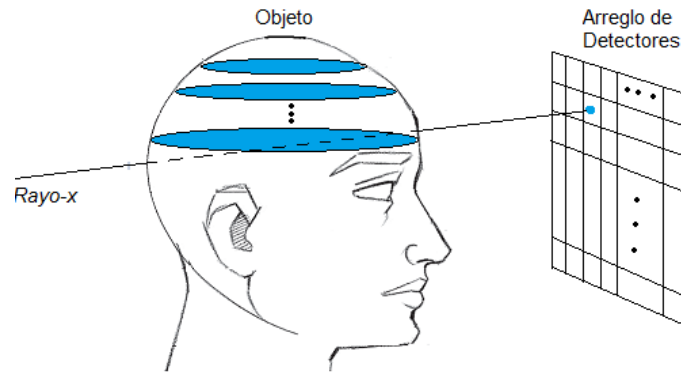


Figura 18. Arreglo de detectores en una proyección tridimensional.

Las proyecciones cuando son recibidas y digitalizadas por los detectores deben ser filtradas, bien sea en el dominio espacial o en el dominio de Fourier. El proceso de filtrado se hace sobre las frecuencias bajas (Filtro Pasa-alto) para modo de resaltar los detalles de las proyecciones. En la literatura existen muchos filtros que se han diseñado para las proyecciones pero los más clásicos son el Ram-Lak y el Shepp-Logan [46].

Dado que las diferentes partes del objeto tienen densidades e interactúan con los rayos de forma diferente se tendrá que los rayos recibidos en los detectores llegan con niveles de atenuación distintos. Una pequeña descripción del algoritmo de reconstrucción se presenta a continuación. Todo el procedimiento y formulación matemática puede ser encontrada en [46], [50]-[51].

- ✓ Se supone que nuestro objeto es representado por una función $f(x,y,z)$ en el espacio y que este objeto tiene una densidad d específica.
- ✓ Existe una fuente que irradia al objeto con rayos que viajan en forma paralela o en forma de cono. La fuente de radiación es girada por ángulos específicos de tal forma que el objeto es escaneado desde diferentes posiciones.

- ✓ Sobre cada rayo irradiado hay que calcular la transformada de rayo o de Radon y así obtener el valor de la proyección total.
- ✓ Una vez que se obtiene la imagen proyectada para ese patrón de rayos, éste se rota y se calcula la nueva proyección para ese ángulo.
- ✓ Cuando se ha escaneado todo el objeto irradiándolo a diferentes ángulos se construye el SINOGRAMA.
- ✓ El siguiente paso es hacer un proceso de filtrado sobre cada proyección obtenida. Aquí el filtrado se hace en dos dimensiones. Adicionalmente, éste se hace de forma que se eliminen las bajas frecuencias.
- ✓ Este proceso de filtrado se lleva a cabo en el dominio de la frecuencia, por lo que es necesario utilizar la transformada de Fourier de las proyecciones y multiplicarla por el determinado filtro que se ha definido en el dominio de la frecuencia. Dada la propiedad de la transformada de Fourier con respecto al teorema de la convolución, el respectivo filtrado se podría hacer también en el dominio temporal pero usando la operación de convolución. Este procedimiento se hace gracias a la relación que existe entre la transformada de Fourier y la transformada de Radon tomando como base el teorema de la porción central.
- ✓ Una vez que se han filtrado todos los perfiles de las proyecciones a distintos ángulos se procede a hacer la retroproyección sobre todo el objeto. Este proceso es equivalente al mostrado en la figura 8 pero en un espacio tridimensional.

3.2. VISUALIZACIÓN DE LAS TOMOGRAFÍAS EN TRES DIMENSIONES

Una vez que se aplica todo el proceso de reconstrucción descrito se obtienen las imágenes de tomografía. En tres dimensiones cada objeto del cuerpo humano reconstruido está conformado por un “stack” de imágenes bidimensionales donde cada una representa una

sección transversal de la estructura a una altura determinada, tal como se observa en la figura 19. Este conjunto de imágenes normalmente se le conoce como “cortes”. La cantidad de imágenes que conforman la tomografía en 3D depende de la resolución con la que ésta se toma y del tamaño del objeto escaneado. Por ejemplo, en una tomografía en tres dimensiones del corazón es común encontrar cantidades entre 60 y 140 cortes o imágenes.

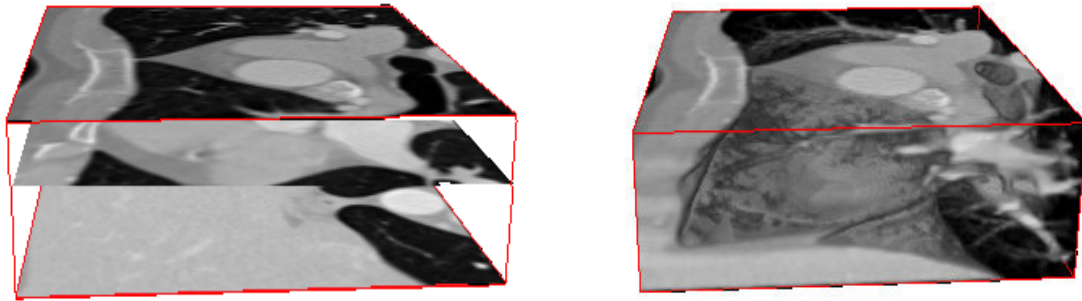


Figura 19. Visualización a) Por cortes del objeto reconstruido; b) Volumétrica.

Para efectos de visualización se pueden tener tres tipos de vistas para el análisis de las estructuras usando las imágenes médicas: axial, coronal y sagital. Estas vistas son ortogonales entre ellas y determinan el lado en el cual se miran y se analizan las estructuras dentro las imágenes cuando se trabaja con información en tres dimensiones. En la figura 20 se ilustran dos esquemas que muestran las tres vistas ortogonales.

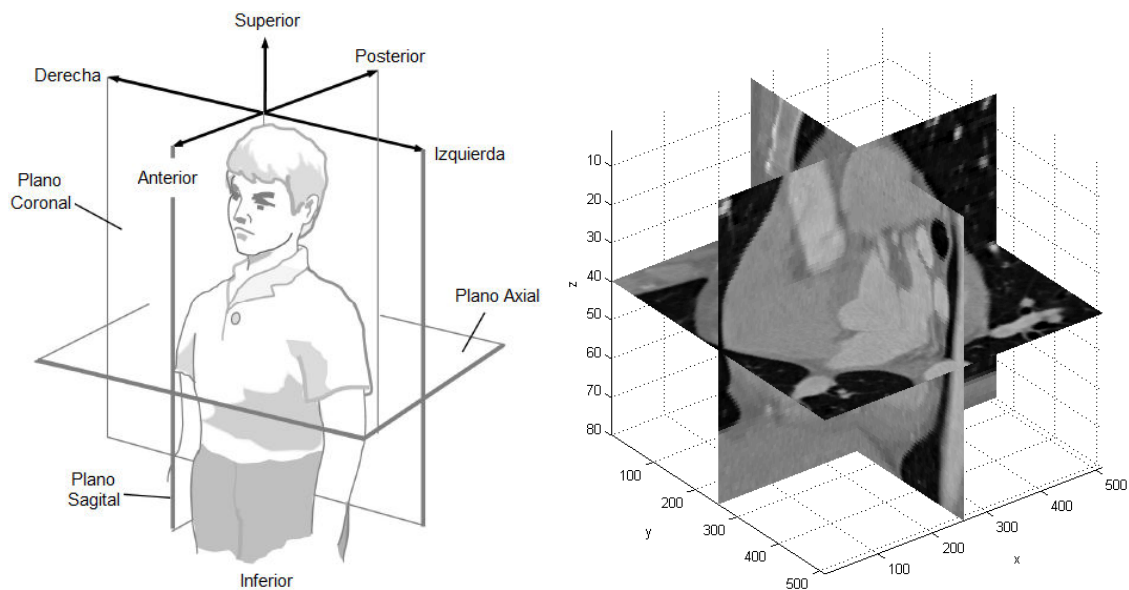


Figura 20. Vistas ortogonales para una visualización de objetos en tres dimensiones.

Determinar cuál de las tres vistas es mejor para hacer el respectivo análisis depende de la orientación de la estructura dentro del cuerpo humano, de la persona que hace el estudio o bien del algoritmo que se utiliza para procesar los datos en forma automática. En la figura 21 se observa una imagen de tomografía del corazón en la que se puede ver el ventrículo izquierdo desde las tres vistas mencionadas.

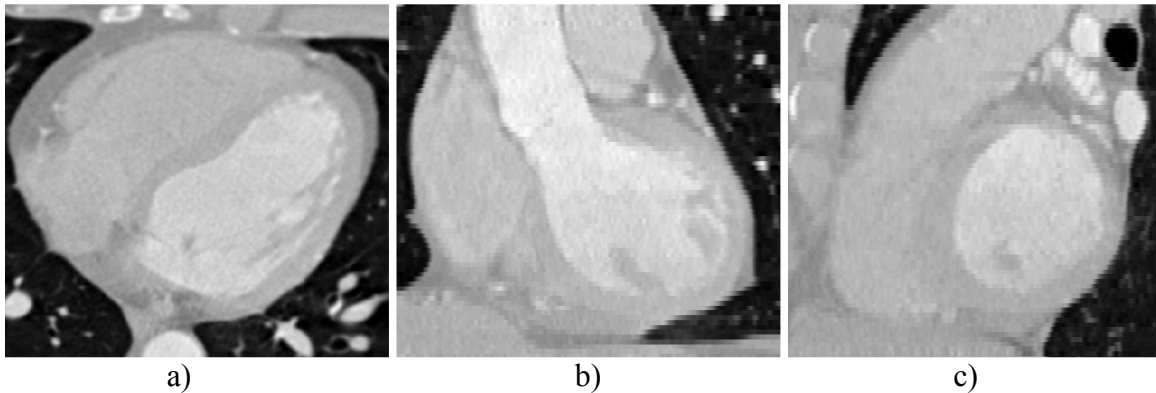


Figura 21. Corte de una tomografía del corazón para una vista a) Axial, b) Sagital, c) Coronal.

Cuando se tiene el conjunto de cortes o imágenes resultantes de la tomografía es posible hacer un tipo de visualización lo más parecido con el mundo real. A estas formas de mostrar la información se les conoce como visualización por superficie o por volúmenes. Existen técnicas de computación gráfica que permiten hacer la visualización de la tomografía en 3D como un volumen real y no por cortes; éstos métodos son conocidos como “*Renderización de Volúmenes*”, y “*Renderización de Superficies*” [45].

Con las técnicas de *renderización de superficies* se debe extraer la superficie de las estructuras de los órganos inicialmente. Esto requiere de un proceso de segmentación y clasificación en el cual cada voxel es clasificado de acuerdo a la estructura que pertenece. Algunas de estas técnicas se verán en el siguiente capítulo. En la segmentación se buscan los voxeles que caen sobre un borde y que además están conectados. Cuando las estructuras han sido clasificadas y sus fronteras identificadas, ellas pueden ser representadas por una malla triangular [45]. El algoritmo más conocido para obtener este tipo de mallado es el “*Marching Cube*” [45].

En el caso de “renderización de volúmenes” se presenta una gráfica completa de la imagen tridimensional después que ha sido proyectada sobre un plano en dos dimensiones. El método más común para hacer este proceso se conoce como “ray casting”, los cuales son una generalización de “ray tracing”. Estos algoritmos buscan proyectar un arreglo de rayos de dos dimensiones a través de una imagen tridimensional. Cada rayo intercepta la imagen 3D a lo largo de una serie de voxeles, a los cuales se les asigna un peso para alcanzar el renderizado deseado. Si las estructuras en las imágenes 3D han sido segmentadas y clasificadas, a los voxeles se les puede poner un peso para alcanzar una representación translúcida [45]. En la figura 22 se puede ver una tomografía del corazón renderizada en superficie y como volumen.

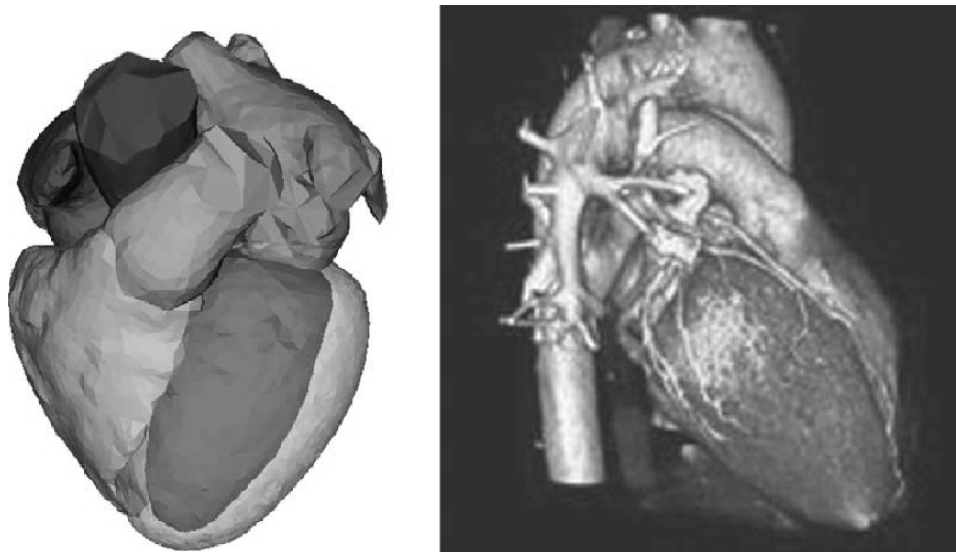


Figura 22. Visualización tridimensional del Corazón Renderizado como a) Superficie (Imagen tomada de [71]), b) Volumen (Imagen tomada de [45]).

La ventaja que tienen los algoritmos de renderización de superficie es que son bastante rápidos con respecto a los de volumen. Tienen la desventaja de que son muy propensos a errores de muestreo y “aliasing” por la naturaleza discreta de la malla. En el caso de renderización de volúmenes se tiene una descripción completa de todo el objeto tridimensional mostrando todas las estructuras internas y externas. La principal desventaja es que requiere de mucho cálculo computacional para lograr buenos resultados.

3.3. TOMOGRAFÍAS EN CUATRO DIMENSIONES: IMÁGENES DEL CICLO CARDIACO

El concepto de tomografías en cuatro dimensiones surge de la necesidad de tomar imágenes de las estructuras del cuerpo humano que están en movimiento. Los ejemplos más comunes corresponden al corazón y el flujo de sangre en los vasos sanguíneos. La estructura de estudio en esta tesis corresponde al primer caso. Otras aplicaciones en las que es necesario obtener tomografías y estudios de imágenes médicas en cuatro dimensiones se presentan cuando se quiere corregir los efectos o errores que genera la respiración al momento de escanear alguna parte del cuerpo. Este tipo de casos puede ocasionar que las posiciones o los tamaños de anomalías como tumores se vean afectados considerablemente.

Para obtener estudios en cuatro dimensiones los tomógrafos generalmente tienen que ser activados por una determinada señal en el periodo de tiempo adecuado. En el caso de las tomografías cardiacas la activación se da con las señales electrocardiográficas (ECG), las cuales deben ser sincronizadas con el equipo. Esta señal le indica al tomógrafo los periodos correspondientes al ciclo cardiaco (ver figura 23) de sístole a diástole.

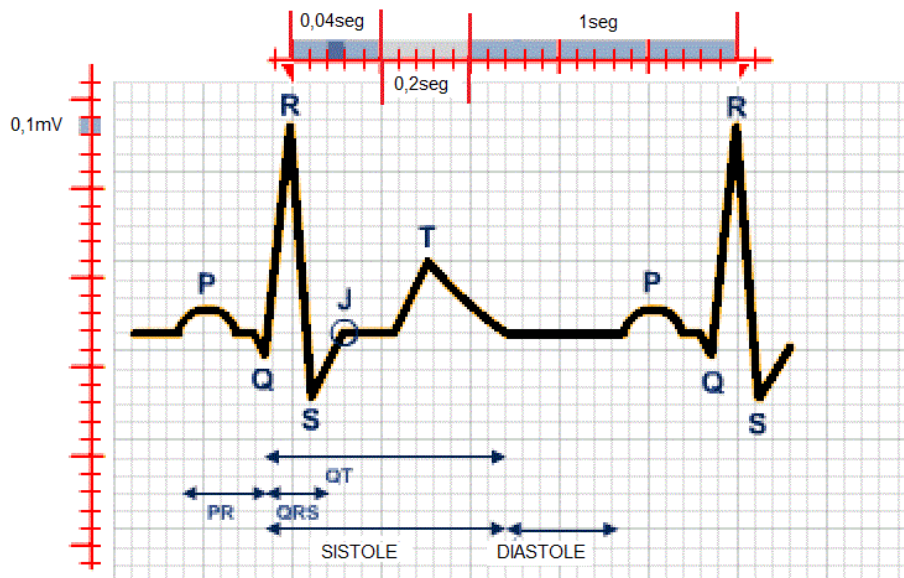


Figura 23. Señal ECG del ciclo cardiaco para activación tomográfica (Imagen adaptada de la referencia [72]).

Los principios de funcionamiento de los tomógrafos y los algoritmos de reconstrucción para adquirir las imágenes en cuatro dimensiones siguen siendo los mismos descritos anteriormente para el caso tridimensional. Un estudio en 4D del corazón resulta en un conjunto de volúmenes que describen las estructuras del corazón en todo el ciclo cardiaco. Estos estudios son llamados *series de tiempo* ó *secuencias de tiempo* en este proyecto. Generalmente las tomografías en cuatro dimensiones del corazón están conformadas por diez u once volúmenes. En la figura 24 se pueden ver imágenes axiales del mismo corte para los diferentes volúmenes que conforman una tomografía en cuatro dimensiones. Estos cortes describen el ciclo del corazón a esa altura.

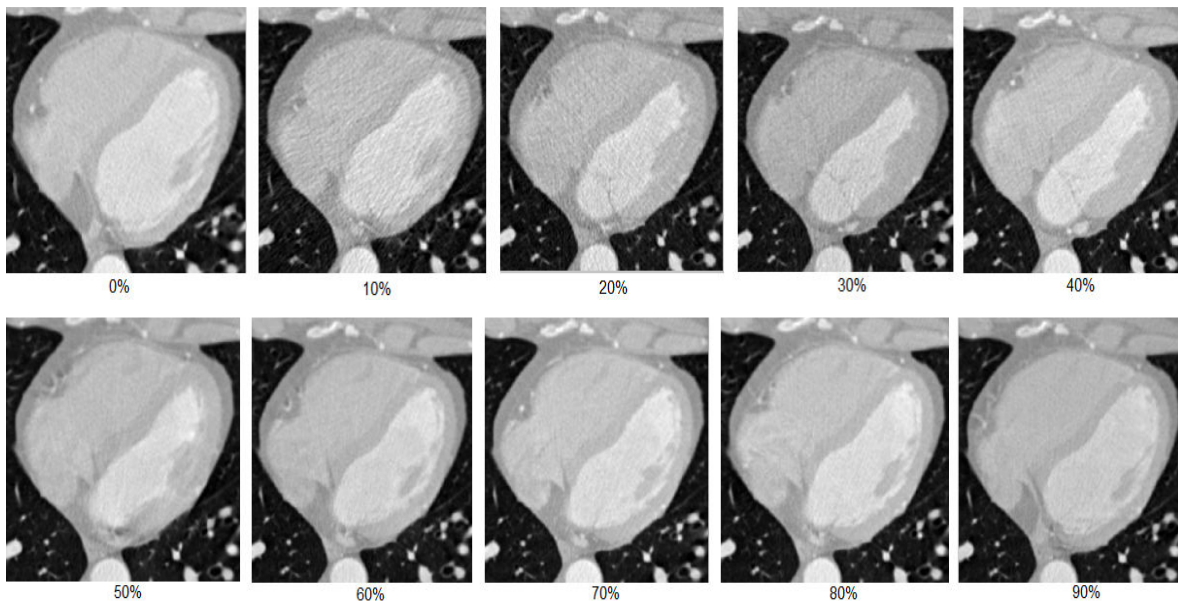


Figura 24. Corte 50 para todo el ciclo cardiaco de un estudio tomográfico de 10 volúmenes que contienen 80 cortes cada uno. Los porcentajes indican los tiempos del ciclo cardiaco.

En la figura anterior se puede visualizar el ventrículo izquierdo en cada imagen. Es notable la variación que va teniendo el ventrículo de un corte a otro durante el ciclo cardiaco. Este tipo de estudios es muy útil cuando se quiere evaluar el comportamiento mecánico del corazón. Tareas de *segmentación* y posteriormente de *estimación de flujo óptico* a partir de los volúmenes de la serie de tiempo son especialmente adecuadas para evaluar dicho comportamiento.

CAPITULO 4. TÉCNICAS DE SEGMENTACIÓN EN IMÁGENES DE TOMOGRAFÍAS COMPUTARIZADAS DEL CORAZÓN

La segmentación es una de las tareas más importantes en el análisis de imágenes y constituye la primera etapa de procesamiento para muchos otros tipos de algoritmos. Básicamente lo que se hace en la segmentación es dividir las imágenes en regiones más pequeñas que describen alguna característica particular. Por ejemplo, en imágenes médicas se trata de identificar las estructuras que conforman el órgano en estudio para llevar a cabo diferentes clases de medidas.

En este capítulo se da una breve descripción de algunos métodos de segmentación que normalmente se utilizan en aplicaciones de tomografías computarizadas para segmentar estructuras cardíacas. La selección de un método en particular depende siempre de lo que se quiere analizar, las características de las imágenes y de las estructuras que la conforman. Los distintos métodos de segmentación se pueden clasificar en varios subgrupos: umbralización, basados en regiones, basados en fronteras, estadísticos y modelos deformables. En cada uno de estos subgrupos caen muchas aproximaciones que han sido creadas por autores para resolver diferentes problemas. Los detalles técnicos de cada modelo están descritos con más profundidad en cada referencia citada.

4.1. SEGMENTACIÓN MANUAL

En el caso de las imágenes médicas es muy común que las tareas de segmentación se lleven a cabo de forma manual. La persona experta en las imágenes radiológicas del cuerpo humano decide cuáles son las fronteras que delimitan las estructuras y los objetos en las imágenes. El desempeño de los algoritmos automáticos de segmentación generalmente se obtiene por la comparación directa con la segmentación manual que realizan los especialistas en el tema. Las comparaciones se hacen de forma cualitativa o cuantitativamente.

Para llevar a cabo el proceso de marcación manual es necesario tener una herramienta o un algoritmo que permita al médico anotar los volúmenes de la tomografía. Para esta tesis se desarrolló una interfaz que le permite al experto anotar los puntos y contornos que describen las estructuras en las imágenes de tomografías del corazón.

La desventaja de la segmentación manual es el tiempo disponible que se necesita. Además, las anotaciones manuales no siempre generan el mismo resultado porque dependen de una inspección visual de la persona que hace la segmentación. Por lo tanto, por más que se quiera obtener el mismo resultado manual, no va a ser posible porque nuestro sistema visual no puede evaluar cuantitativamente la distribución de los niveles de grises u otras características de las imágenes. En base a esta dificultad se han creado muchos algoritmos automáticos que realizan esta tarea.

4.2. UMBRALIZACIÓN

La umbralización basada en intensidad/brillo se trata de una simple técnica que funciona bien para imágenes que contienen objetos sólidos sobre un fondo que tiene una intensidad diferente pero uniforme. Cada pixel se compara con un determinado umbral y se sigue el siguiente criterio para clasificación: si el pixel es mayor que un determinado umbral se considera que pertenece al objeto, en caso contrario se asigna como pixel de fondo. La selección adecuada del umbral depende de cada caso en particular. Existe un método que permite seleccionar un umbral óptimo [52]. La umbralización se define a través de una función escalón:

$$Sal(x, y) = \begin{cases} Max & \text{si } Ent(x, y) > T \\ Min & \text{si } Ent(x, y) \leq T \end{cases} \quad (1)$$

donde $Sal(x, y)$ es el pixel de la imagen de salida en la posición (x, y) , Max es el nivel de gris máximo asignado, Min corresponde al nivel mínimo, $Ent(x, y)$ es el pixel (x, y) de la imagen de entrada y T el umbral.

Dependiendo del número de clases o categorías en las que quiere segmentar las imágenes se pueden seleccionar múltiples umbrales. El método de umbralización presenta muchos

problemas con el ruido de la imagen. Al tratarse de una técnica puntual en la que se evalúan los píxeles o voxeles de la imagen para el caso de volúmenes se presentan muchos errores al momento de aplicar umbralización a una imagen que contiene cualquier tipo de ruido. Para segmentar estructuras cardiacas en imágenes médicas se han desarrollado varios algoritmos que utilizan como base el principio de umbralización. Estos algoritmos pueden ser revisados en [53]-[55].

4.3. MÉTODOS BASADOS EN REGIONES

Con estas técnicas se tratan de encontrar regiones conectadas dentro de las imágenes o volúmenes basado en la similitud de los puntos que las conforman. Generalmente, la igualdad de los puntos se busca en términos de sus niveles de grises. El objetivo es producir regiones conectadas tan grandes (o tan pequeñas) como sea posible permitiendo alguna flexibilidad con cada región [45].

4.3.1. Crecimiento de Regiones

Dentro de esta categoría de algoritmos de segmentación, el más conocido corresponde a la técnica conocida como crecimiento de regiones, la cual se trata de un procedimiento que comienza con un pixel o voxel semilla que va creciendo en la medida que va adicionando puntos vecinos que tienen propiedades similares como el brillo, color, textura o incluso propiedades geométricas. En este método se necesita inspeccionar la vecindad de un punto por lo que se tienen en cuenta las diferentes clases de conectividad. Para detener el crecimiento debe existir una restricción que muchas veces depende de la varianza encontrada en la región de cada elemento. La formulación del método de crecimiento de regiones es como sigue:

a) La segmentación debe ser completa, es decir cada punto debe pertenecer a la región:

$$\bigcup_{i=1}^n R_i = R \quad (2)$$

- b) En el procedimiento se requiere que cada punto en la región debe estar conectado en algún sentido:

R_i es una región conectada, $i = 1, 2, \dots, n$

- c) Las regiones deben ser disyuntas:

$$R_i \cap R_j = 0, \text{ para todo } i = 1, 2, \dots, n \quad (3)$$

- d) Todos los puntos de una región determinada deben tener las mismas características:

$P(R_i) = TRUE$ si todos los puntos tienen las misma características

Comenzar el proceso con una única semilla y esperar que la región crezca antes de tratar que otra semilla limite el crecimiento de la primera región puede traer algunos efectos no deseados. Una forma de hacer el crecimiento de regiones más adecuado es sembrando varias semillas en forma aleatoria en toda la imagen. Algunas aplicaciones de segmentación de estructuras cardíacas en imágenes médicas usando crecimiento de regiones se describen en [56]-[57]

4.4. MÉTODOS BASADOS EN FRONTERAS

A diferencia de los métodos basados en regiones, aquí se buscan los puntos que son diferentes en intensidad. Estas diferencias generalmente marcan las fronteras de las estructuras en las imágenes tomográficas. Cuando se detectan los bordes de las imágenes se obtiene una descripción de los objetos que la conforman.

Dentro de esta categoría entran todos los métodos de detección de bordes más conocidos, los cuales se aplican a nivel espacial o en algún espacio multiresolución. En el dominio espacial se usan operadores gradientes que buscan las diferencias en niveles de grises en una determinada región. Los operadores más comunes para este tipo de tareas son: Sobel, Prewit, Laplaciano de Gaussiana, los cuales utilizan máscaras discretas para implementar las derivadas que permiten obtener los bordes de las imágenes. Los algoritmos multiresolución trabajan sobre los componentes de alta frecuencia obtenidos en la descomposición. Las principales herramientas para hacer las descomposiciones y hacer representaciones multiresolución de los datos son las ondeletas. En general, estos

algoritmos tienen la desventaja que trabajan sobre toda la imagen, por lo que limitan su utilidad cuando se quiere localizar una sola estructura dentro de la imagen. En [58] se describe un método basado en gradiente para segmentar imágenes cardíacas.

Otros tipos de métodos que trabajan sobre los bordes de los objetos dentro de las imágenes son los conocidos modelos deformables que se aplican para estudios de tomografías en dos y más dimensiones. Estos algoritmos serán tratados más adelante.

4.5. MÉTODOS ESTADÍSTICOS

El siguiente grupo de métodos de segmentación corresponden a los que usan información estadística de los niveles de grises para determinar y clasificar los puntos de las imágenes. En esta categoría sólo se mencionan los algoritmos que utilizan clasificación Bayesiana con funciones discriminantes y algoritmos basados en campos de Markov.

4.5.1. Clasificación Bayesiana

En el caso de la clasificación Bayesiana se parte de una imagen original X , la cual contiene una distribución L de niveles de grises. La imagen resultante estará segmentada en M clases, con cada clase representada por w_i , $i = 1, 2, \dots, M$. Se considera que las funciones de densidad de las M clases pueden ser representadas por funciones de densidad normal:

$$p(X/W_i) = \frac{1}{2\pi^{n/2}|C_i|^{1/2}} \exp \left[-\frac{1}{2}(x - m_i)^T C_i^{-1}(x - m_i) \right] \quad (4)$$

donde n es la dimensión del vector de entrada. En el caso unidimensional sólo se toman los niveles de grises de la imagen o volumen. Para la clasificación de los puntos se considera la regla de Bayes:

$$P(w_i \setminus X) = \frac{P(X \setminus w_i)P(w_i)}{P(X)} \quad (5)$$

En la ecuación anterior, $P(w_i|X)$ representa la probabilidad a posteriori; $P(X|w_i)$ es la probabilidad conjunta de X dado w_i ; $P(w_i)$ es la probabilidad a priori de la clase w_i ; $P(X)$ es la probabilidad total de X .

Estos métodos presentan la misma desventaja expuesta para los algoritmos de umbralización: al ser técnicas puntuales que trabajan sobre cada punto en particular sin tener en cuenta los vecinos presentan un desempeño pobre cuando las imágenes tienen mucho ruido. En la literatura se han desarrollado varias aplicaciones de segmentación de imágenes cardíacas utilizando funciones Bayesianas [59]-[60].

4.5.2. Campos Aleatorios de Markov

Los modelos de campos aleatorios de Markov (MRF por sus siglas en inglés) no son un método de segmentación propiamente dicho sino un modelo estadístico que puede ser usado dentro de los métodos de segmentación. Los MRF modelan las interacciones espaciales entre vecinos o píxeles cercanos. Estas correlaciones locales proveen un mecanismo para modelar una variedad de propiedades de la imagen.

En el tratamiento de imágenes médicas se utilizan frecuentemente para tomar en cuenta el hecho que la mayoría de los píxeles pertenecen a la misma clase a la que pertenecen sus píxeles vecinos. Tienen la desventaja de que en algunas ocasiones resultan en una segmentación excesivamente suave y una pérdida de los detalles estructurales. Esta pérdida puede resultar en la degradación de las formas y bordes de los objetos. La otra desventaja es que necesitan de muchos cálculos computacionales en su ejecución. Algunos trabajos que han optado por utilizar estos métodos para segmentar imágenes de tomografías computarizadas del corazón están expuestos en [61]-[62].

4.6. MODELOS DEFORMABLES

Los modelos deformables son sin duda los métodos que más han tenido trascendencia en la segmentación de imágenes médicas en general. La capacidad que tienen para adaptarse a

los continuos cambios y a las diferentes formas que pueden presentar las estructuras del cuerpo humano cuando se adquieren desde distintos pacientes hace de este tipo de algoritmos una atractiva herramienta para atacar los problemas de segmentación.

Los principales pioneros en este tipo de técnicas son los Modelos de Contornos Activos ACM y los Modelos de Formas Activas ASM. Desde el momento de su formulación, los ACM y los ASM han dominado el tema de segmentación en imágenes médicas de dos, tres y cuatro dimensiones. En esta parte solo se hace una breve descripción de cada uno de ellos.

4.6.1. Modelos de Contornos Activos - ACM

Este método es normalmente conocido como “snakes” [1]. Se trata de un algoritmo que permite delinear los contornos de los objetos en una determinada imagen. El procedimiento parte de una forma inicial que se debe ajustar a los bordes del objeto. El ajuste se hace tomando como parámetros de decisión las energías internas y externas del contorno actual. Un “snakes” en la imagen es representado por un conjunto de puntos n .

$$V_i = (x_i, y_i) \text{ con } i = 0, 1, 2, \dots, n-1 \quad (6)$$

La función de energía que gobierna el contorno se puede escribir como:

$$E_{snake} = \int_0^1 E_{snake}(V(s)) ds = \int_0^1 (E_{internal}(V(s)) + E_{image}(V(s)) + E_{con}(V(s))) ds \quad (7)$$

$$E_{external} = E_{image} + E_{con} \quad (8)$$

donde $E_{internal}$ representa la energía interna del “snake” debido al doblamiento, E_{image} denota las fuerzas de la imagen actuando sobre el “snake” y E_{con} sirve como fuerza de restricción externa introducida por el usuario. La combinación de estas dos últimas puede ser representada por $E_{external}$ la cual denota la energía externa actuando sobre el contorno actual. El modelo funciona por la minimización de la energía descrita en la ecuación (7) en cada iteración. Cuando el contorno inicial está cerca del objeto que se quiere segmentar, el

proceso de ajuste no requiere de muchas iteraciones. El problema con esta técnica es que presenta errores cuando existen estructuras muy cercanas. Detalles sobre el método se muestran en [1].

4.6.2. Modelos de Formas Activas - ASM

Se trata de una de las técnicas de modelos deformables más usadas en las tareas de segmentación de imágenes médicas. En base a este método se desarrolló el algoritmo propuesto en esta tesis. La idea fundamental de ASM es formar un modelo estadístico que sea capaz de capturar la variabilidad de un conjunto de entrenamiento. A diferencia de “snakes” los contornos aquí se deforman sólo de acuerdo a la estadística obtenida del entrenamiento. Dado que este es el modelo usado para la aplicación desarrollada en esta tesis, los detalles del método serán expuestos en el próximo capítulo.

4.7. OTROS MÉTODOS

A pesar de que los métodos mencionados han sido creados de forma independiente, generalmente para las aplicaciones se utilizan de manera combinada unos con otros. En la literatura existen muchos métodos donde se han desarrollado modificaciones a los algoritmos originales de cada técnica para adaptarlos a los problemas específicos de cada aplicación. Esto se hace generalmente para superar los problemas y las desventajas que los algoritmos originales presentan.

Existen otros tipos de métodos que también ha sido usados en menor proporción para segmentar las estructuras del corazón en tomografías computarizadas en dos y más dimensiones. Estos métodos incluyen redes neuronales artificiales [63], operaciones morfológicas [64], basados en atlas [65].

CAPITULO 5. ALGORITMO IMPLEMENTADO PARA LA SEGMENTACIÓN DE TOMOGRAFÍAS CARDIACAS EN CUATRO DIMENSIONES

El método seguido para la implementación del algoritmo de segmentación se trata del modelo deformable propuesto por Cootes et al. en 1994 [4]. Los ASM, como fueron llamados, son modelos que se ajustan dependiendo de las características estadísticas de las formas analizadas. A diferencia de los ACM [1], ellos sólo se deforman en el rango determinado por un conjunto de entrenamiento. Los ASM fueron originalmente propuestos para representar objetos dentro de imágenes en dos dimensiones. Muchos trabajos extendieron los algoritmos iniciales para modelar volúmenes a partir de puntos que describen los contornos sobre cada imagen de un estudio en 3D o que representan los vértices de una malla tridimensional de superficie. En esta tesis se extienden esos algoritmos iniciales para segmentar estructuras en una tomografía computarizada cardiaca en cuatro dimensiones. Algunos conceptos que son necesarios en la descripción de objetos y estructuras con algoritmos ASM deben ser definidos previamente.

5.1. FORMAS

Esta definición debe ser dada en un contexto tal que permita ser asociada con el concepto de correspondencia entre formas. Desde este punto de vista, *forma* es toda la información geométrica que permanece cuando se han realizado transformaciones sobre ella como escalamientos, rotaciones o desplazamientos. En la figura 25 se ilustran tres formas del ventrículo izquierdo de una imagen de tomografía y correspondientes entre sí.



Figura 25. La misma forma representada de tres maneras diferentes usando transformaciones Euclidianas de similitud.

En este sentido, existen transformaciones que permiten remover las diferencias que pueden existir entre dos formas mientras se preservan los ángulos y líneas paralelas, lo que indica que se preserva la forma en sí misma. Estas transformaciones que cumplen con dichas condiciones son conocidas como *Transformaciones Euclidianas de Similitud*.

Las estructuras cardiacas en las tomografías computarizadas que se quieren segmentar se consideran como *formas* dentro de las imágenes. Específicamente se modela el ventrículo izquierdo y la pared que lo separa del ventrículo derecho. Como se tratan de estudios en cuatro dimensiones donde la cuarta variable es el tiempo, en esta tesis se llamarán *formas temporales* a las series de tiempo marcadas y segmentadas.

5.2. MARCADO DE LAS FORMAS

Dado que las formas están contenidas dentro de las imágenes y representan los contornos y fronteras de los objetos, ellas deben de tener un tipo de representación para que puedan ser procesadas. Debido a la naturaleza discreta de las imágenes, las formas y los objetos dentro de ellas deben ser representados de manera discreta también. En este sentido, se debe seleccionar una manera de hacer el marcado de cada forma.

Por lo tanto, las formas dentro de los objetos son marcadas usando un conjunto de puntos separados y puestos sobre el contorno o borde que los describen. Estos puntos representan las coordenadas de la imagen en esa posición.

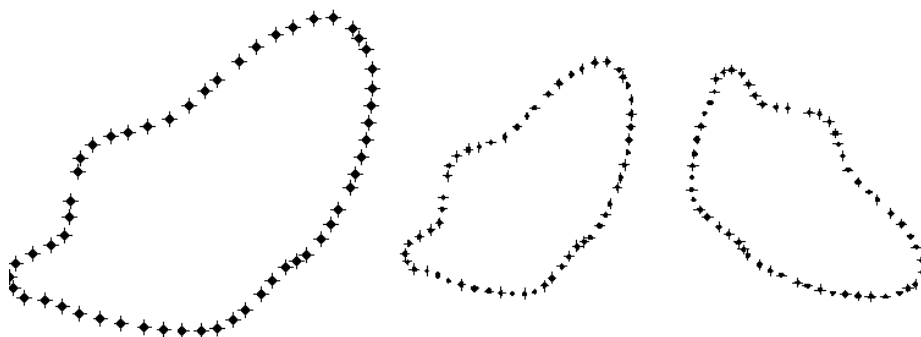


Figura 26. Marcado de la formas mostradas en la figura 25.

El marcado puede describir un contorno cerrado o abierto dependiendo de la aplicación. Para el caso de las estructuras cardíacas analizadas en esta tesis, los contornos son cerrados. La figura 26 muestra el marcado que se le hace a las formas descritas en la figura 25.

Cuando se trabajan con imágenes que representan estructuras biológicas, como es el caso de las tomografías cardíacas en varias dimensiones, existen tres tipos de marcas [37] que pueden ser seleccionadas: anatómicas, matemáticas y pseudo-marcas.

5.2.1. Marcas Anatómicas

Es un punto asignado por un experto que corresponde entre organismos y tienen algún significado biológico, por ejemplo las esquinas de un ojo. Estos puntos generalmente representan partes conocidas y definidas del organismo que se está analizando.

5.2.2. Marcas Matemáticas

Son puntos localizados sobre un objeto de acuerdo a alguna propiedad matemática o geométrica de la figura, por ejemplo el punto de una curvatura alta o algún punto extremo. Estas marcas resultan muy útiles en tareas y algoritmos de análisis y reconocimiento automático.

5.2.3. Pseudo-Marcas

Estos corresponden a puntos construidos sobre una estructura y localizados alrededor del borde del objeto ó entre marcas anatómicas o matemáticas. Una práctica muy común es tomar puntos igualmente espaciados alrededor del objeto que se describe.

5.3. MARCADO DEL VENTRÍCULO IZQUIERDO EN LAS TOMOGRAFÍAS

En el marcado del ventrículo izquierdo se eligieron solamente marcas matemáticas y pseudo-marcas. Como se mencionó anteriormente, los estudios de tomografía cardíaca

utilizados en el proyecto tienen en total 10 volúmenes cada uno. En cada volumen de las series de tiempo se tomaron 5 cortes representativos del ventrículo en una vista axial. Es de notar que el algoritmo ASM implica que todas las secuencias de tiempo tengan la misma cantidad de marcas para poder encontrar las correspondencias entre las formas. Teniendo en cuenta esta condición, en el proyecto se marcaron los cortes de cada volumen con 50 puntos cada uno. Sin embargo, el algoritmo desarrollado no sugiere tener la misma cantidad de puntos por cada corte, pero si es necesario marcar con la misma cantidad de puntos cada volumen de la secuencia de tiempo. En la figura 27 se muestra en azul el contorno que rodea el ventrículo izquierdo que se quiere segmentar en un solo volumen de una de las series de tiempo.

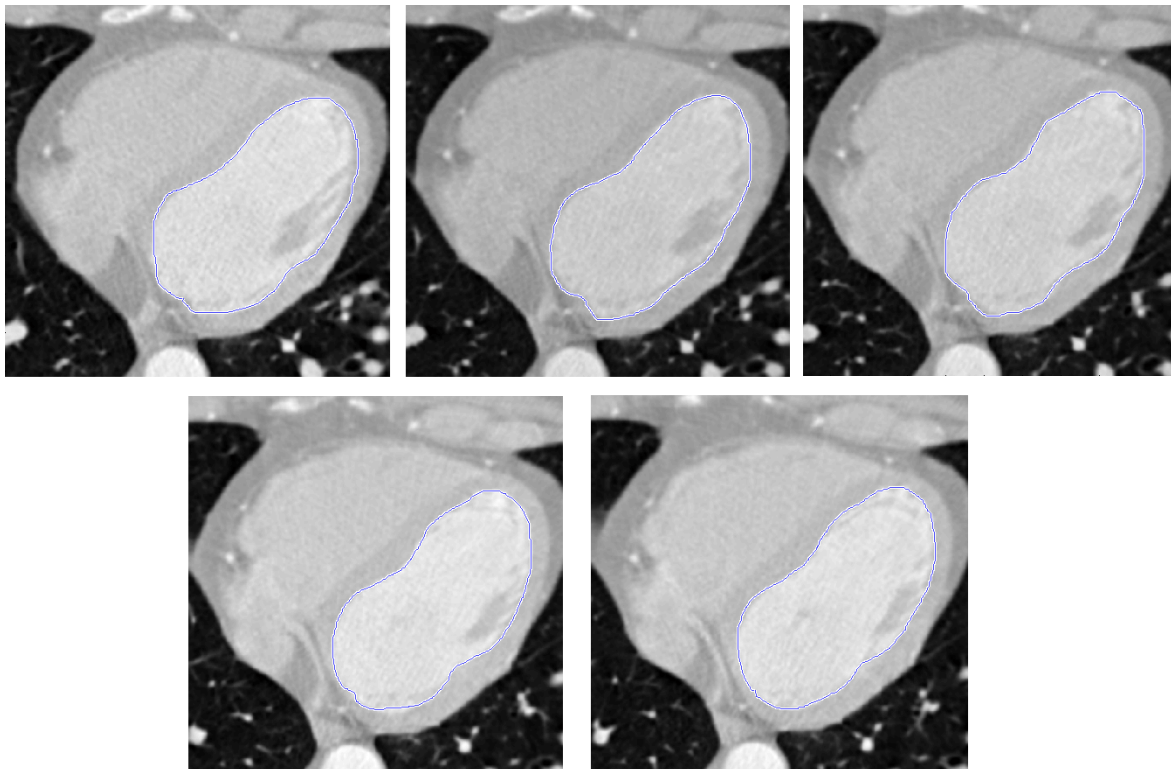


Figura 27. Ventrículo marcado en un volumen de la serie de tiempo: 5 cortes del volumen.

Los ASM son algoritmos que construyen un modelo estadístico a partir de un conjunto de entrenamiento, es decir deben existir varias formas que sirven para obtener el modelo. Este conjunto de entrenamiento son muestras marcadas de las estructuras cardiacas que se quieren segmentar. En este sentido, el marcado lo hace un experto de forma manual sobre

todos los volúmenes del conjunto de entrenamiento. En este proyecto se cuenta con un total de 8 series de tiempo de tomografías cardiacas, de las cuales 7 sirven para el entrenamiento y la restante para la evaluación. El proceso se combina de tal manera que todas las series de tiempo que se tienen puedan servir para validar los algoritmos propuestos. Este método se conoce en inglés como “leave-one out”.

Con el objetivo de que el experto pueda llevar a cabo la segmentación manual sobre las muestras del entrenamiento se creó una interfaz con la que es posible cargar cada volumen de la secuencia de tiempo y hacer el marcado de la estructura. El marcado se hace por cortes en cada volumen de la serie de tiempo. En las estructuras cardiacas seleccionadas se tomaron cuatro puntos principales sobre cada corte de los volúmenes, y los cuales se consideran aquí como marcas matemáticas (puntos negros en la figura 28). Para estas marcas se han tomado los extremos del ventrículo considerando el eje largo y el eje corto.

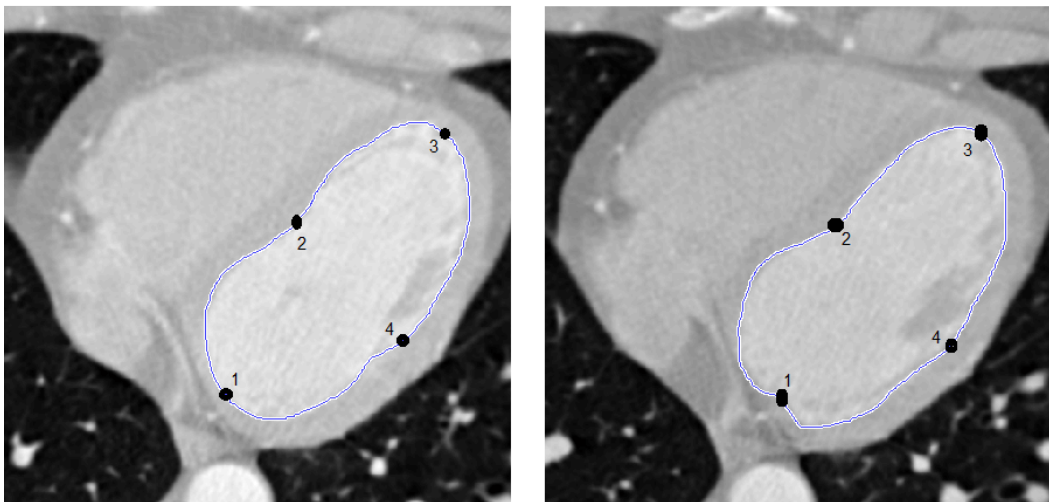


Figura 28. Marcas matemáticas puestas sobre el ventrículo en cada corte de los volúmenes de la serie de tiempo de la tomografía cardiaca.

Como se debe anotar todo el contorno, los 46 puntos restantes (pseudo-marcas) que se usan para completar el contorno de la estructura ventricular se ubicaron entre las marcas matemáticas distribuidos así: once puntos entre las marcas matemáticas 1 - 2 y 2 - 3, y doce puntos entre las marcas 3 - 4 y 4 -1. Este mismo procedimiento se repite para todas las secuencias de tiempo que se tienen como prueba del sistema. En la interfaz creada se puede

optar por seleccionar un marcado punto por punto en cada corte o bien marcar todo el contorno en forma casi continua y posteriormente hacer un remuestreo para completar la cantidad de marcas seleccionadas para cada corte.

Una vez que se han anotado todas las series de tiempo tomográficas se puede llevar a cabo el proceso de entrenamiento. Las series de tiempo anotadas constituyen volúmenes cuyos contornos varían de forma en cada instante de tiempo. En la figura 29 se ilustran los contornos anotados para una de la series de tiempo en un espacio tridimensional. Cada volumen corresponde al tiempo t_i (con $i = 0, 2, \dots, 9$) de la secuencia de tiempo.

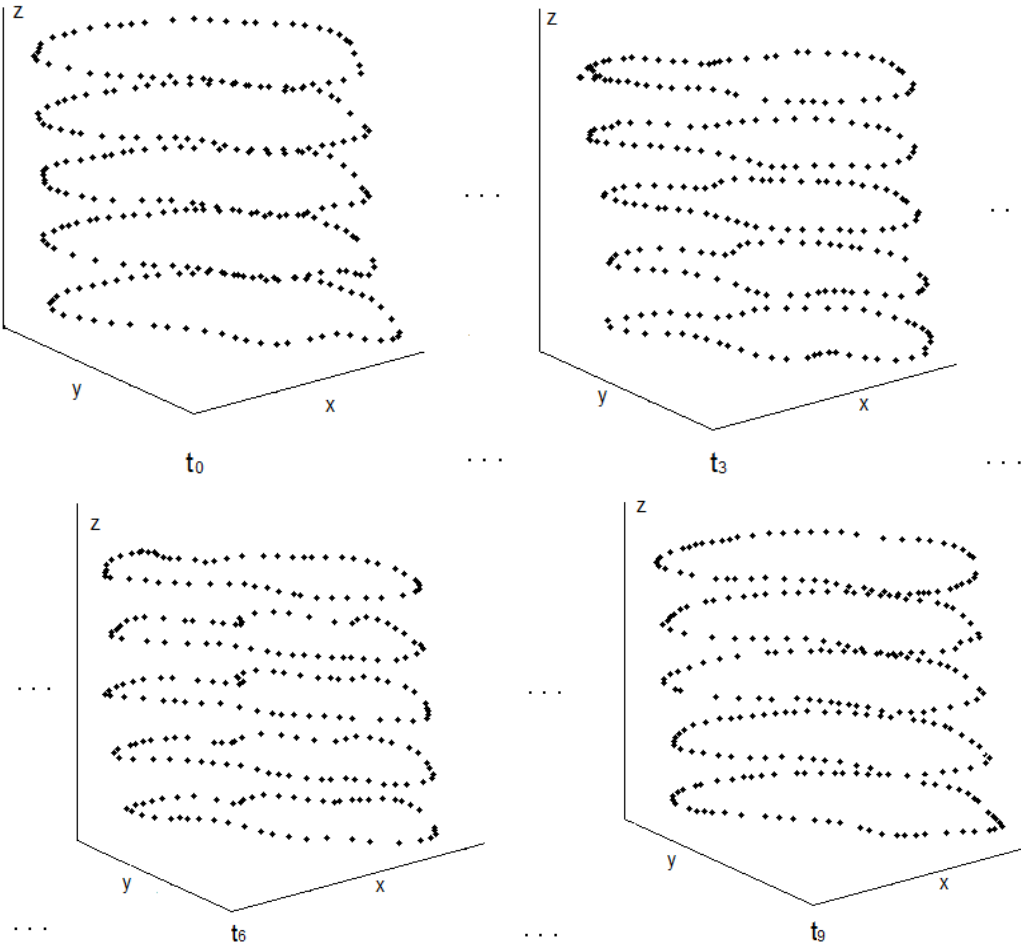


Figura 29. Ventrículo izquierdo anotado en la serie de tiempo de la tomografía en 4D.

En el entrenamiento se busca crear un modelo estadístico que capture la variabilidad del conjunto del entrenamiento. Esto se logra en varias etapas: 1) Alineamiento de las formas

anotadas; 2) Cálculo de la forma promedio final a partir del conjunto alineado; 3) Análisis de Componentes Principales; 4) Construcción del modelo estadístico, el cual es llamado *Modelo de Distribución de Puntos* y 5) Construcción del Modelo de niveles de grises. Cada una de estas etapas se describe en esta sección.

5.4. ALINEAMIENTO DE LAS FORMAS DE ENTRENAMIENTO

El primer paso en el entrenamiento es alinear todas las formas temporales que han sido marcadas manualmente. Para el proceso de alineamiento hay que hacer algunas consideraciones: cada punto de la forma está contenido en un espacio tridimensional, todas las series de tiempo deben tener la misma cantidad de volúmenes, todos los volúmenes correspondientes en las secuencias de tiempo deben tener la misma cantidad de puntos y de cortes segmentados, todos los volúmenes en la serie de tiempo deben tener la misma cantidad de marcas. En la figura 30 se denota un esquema que ilustra la correspondencia que debe existir entre los volúmenes de la serie de tiempo.

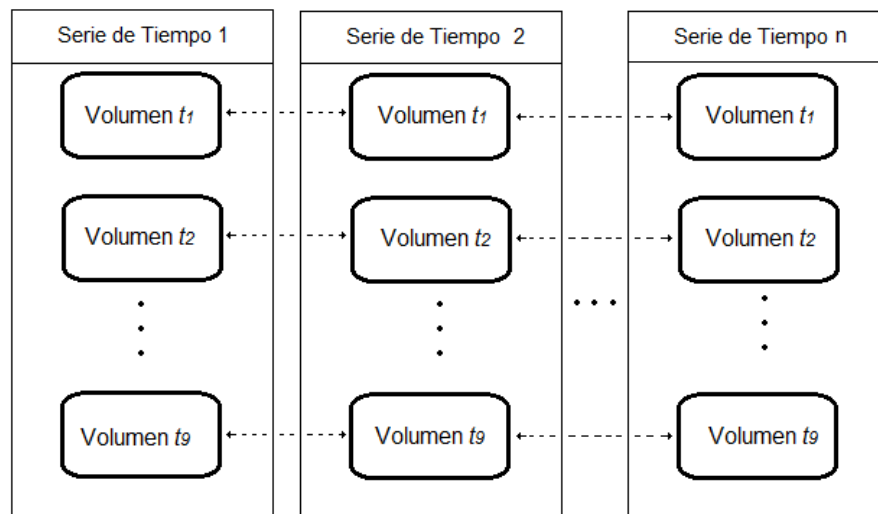


Figura 30. Volúmenes correspondientes en la series de tiempo.

Como se puede observar, los volúmenes en el tiempo t_1 de todas las series son correspondientes entre sí. Esto implica que deben ser alineados el uno con respecto al otro por lo que deben tener la misma cantidad de puntos y cortes. Esto mismo sucede con el resto de volúmenes de la secuencia de tiempo.

Antes de iniciar con el proceso de alineamiento es necesario obtener una representación matemática de las formas temporales. En este caso se opta por representar cada serie como un vector que concatena todos los puntos o marcas que contiene. Dado que cada volumen de la secuencia está en un espacio tridimensional se tienen tres coordenadas por cada uno de los puntos. La concatenación se hace comenzando por el primer punto del primer volumen de la forma temporal hasta el último punto del último volumen de la misma, tal como se ilustra en la figura 31.

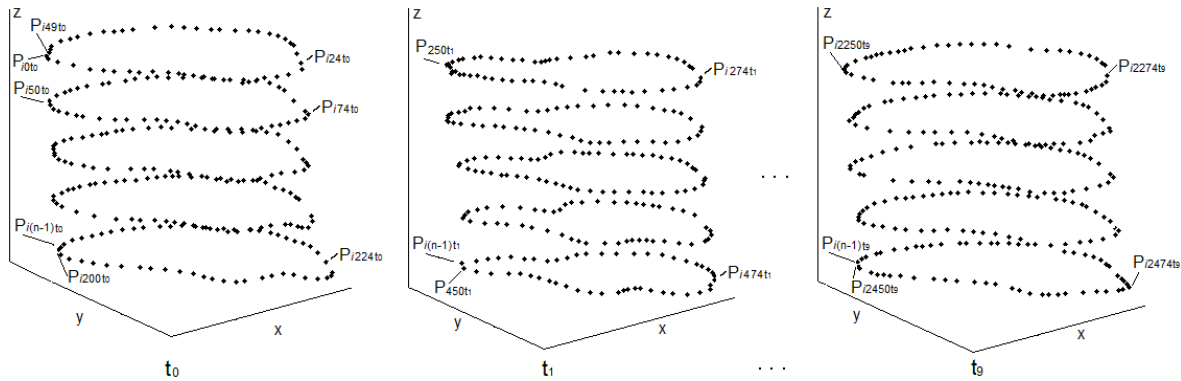


Figura 31. Marcado de la serie de tiempo para construir el vector de forma temporal.

Cada volumen en la serie de tiempo contiene un total de n puntos. Teniendo en cuenta la figura anterior la forma temporal S_i está dada por:

$$S_i = (x_{i0t_0}, y_{i0t_0}, z_{i0t_0}, x_{i1t_0}, y_{i1t_0}, z_{i1t_0}, \dots, x_{i(n-1)t_0}, y_{i(n-1)t_0}, z_{i(n-1)t_0}, \dots, x_{i0t_9}, y_{i0t_9}, z_{i0t_9}, x_{i1t_9}, y_{i1t_9}, z_{i1t_9}, \dots, x_{i(n-1)t_9}, y_{i(n-1)t_9}, z_{i(n-1)t_9})^T \quad (9)$$

donde T indica un vector traspuesto. Aquí la variable i hace referencia a una forma temporal en particular, t_f con $f = 0, 1, \dots, 9$ representa un determinado volumen dentro de la secuencia de tiempo y n es el número de puntos que contiene cada volumen en la forma temporal. En este proyecto se ha tomado $n = 250$. La dimensión del vector correspondiente a cada forma temporal es de $30n$ para una secuencia formada por diez volúmenes donde cada volumen está formado por n puntos. En la tabla 1 se resumen las variables usadas en la construcción del vector de forma temporal.

Tabla 1. Variables del modelo de forma construido.

Variable	Descripción	Rango
x, y, z	Coordenadas tridimensionales de cada punto	
i	Indica una forma temporal del conjunto de datos de prueba	$i = 1, 2, \dots, 8$
n	Número de puntos tomados para cada volumen de la serie de tiempo	$n = 250$
t_f	Hace referencia a un volumen f dentro de la serie de tiempo	$f = 0, 2, \dots, 9$
N	Número máximo de series de tiempo de prueba	$N = 8$

El proceso de alineamiento se lleva a cabo en varios pasos:

- 1) *Seleccionar del conjunto de entrenamiento una de las formas temporales como forma promedio inicial.* En total existen N formas de entrenamiento.
- 2) *Alinear todas las formas temporales restantes a la forma promedio seleccionada.* Para formas tridimensionales, los métodos de alineamiento buscan encontrar tres parámetros de rotación (θ, ϕ, φ), un parámetro de escalamiento (s) y tres parámetros de traslación (t_x, t_y, t_z) que permitan mover las formas que se quieren alinear con la forma promedio. Sin embargo, dada que la aplicación final que se quiere con la segmentación de las estructuras es evaluar el comportamiento mecánico del corazón usando cualquiera de las tres vistas ortogonales mostradas en la figura 20, en esta tesis se opta por mover los puntos solamente alrededor del *plano-xy*, lo cual implica que vamos a tener como incógnitas solamente las variables de rotación y traslación para ese plano, es decir θ, t_x, t_y , y s mientras que las variables t_z, ϕ y φ permanecen constantes. El método de alineamiento propone una ecuación de error que debe ser minimizada:

$$E = (S_2 - MS_1 - T)^T W (S_2 - MS_1 - T) \quad (10)$$

donde S_2 representa la forma temporal promedio y S_1 la forma a ser alineada; M es la matriz de transformación que contiene la escala s y el ángulo de rotación θ con respecto al plano-xy; T representa el vector de traslación (t_x, t_y) y W es una matriz de pesos individuales para cada punto. En total la ecuación (10) contiene cuatro variables desconocidas. El procedimiento es derivar la ecuación con respecto a cada una de las

incógnitas e igualar a cero para encontrar el valor de las variables que minimizan la ecuación. Esto resulta en un conjunto o sistema de cuatro ecuaciones lineales cuya solución se encuentra utilizando métodos matriciales convencionales. La solución matemática de este método puede ser revisada en [4]. Las formas alineadas la denotamos como X y se obtienen a través de:

$$X_i = MS_i + T \quad (11)$$

3) *Obtener la nueva forma promedio a partir de las alineadas.*

$$\bar{S} = \frac{1}{N} \sum_i X_i \quad (12)$$

4) *Alinear la nueva forma temporal promedio a la anterior.* Esto asegura que la forma promedio no crezca o se reduzca indefinidamente.

5) *Repetir los pasos 2, 3 y 4.* Esto se lleva a cabo hasta que no se presenten cambios o hasta que se cumplan un número determinado de iteraciones.

Aquí resulta una forma temporal promedio final obtenida a partir del conjunto de formas temporales del entrenamiento alineadas. Este resultado es parte del modelo estadístico buscado. En la figura 32 se pueden observar los cortes del conjunto de formas alineadas en azul y la forma promedio en rojo. Cabe anotar que los diez volúmenes de la forma temporal promedio han sido graficadas sobre el mismo plano.

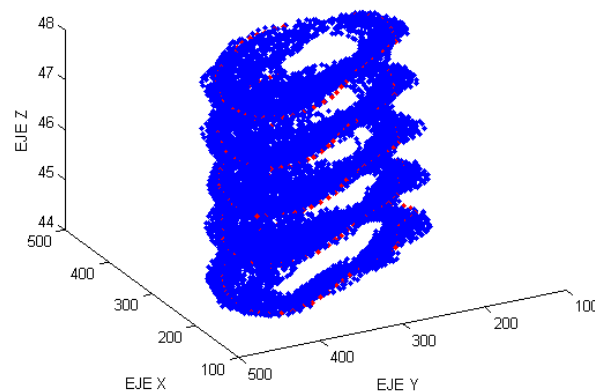


Figura 32. Ocho formas temporales alineadas (en azul) y promedio (en rojo).

Una vez que se ha calculado la forma temporal promedio, el siguiente paso es encontrar el modelo estadístico.

5.5. MODELO DE DISTRIBUCIÓN DE PUNTOS - MDP

El entrenamiento termina con el cálculo del Modelo de Distribución de Puntos en cuatro dimensiones, el cual codifica la variabilidad de los puntos de cada forma asumiendo que tienen una distribución Gaussiana. Aquí es necesario hacer una *Descomposición en Componentes Principales (PCA por sus siglas en inglés)* de los datos alineados. Luego, el proceso parte de las formas temporales alineadas y la promedio para obtener la matriz de covarianza de los datos:

$$C = \frac{1}{N-1} \sum_{i=1}^N (X_i - \bar{S})(X_i - \bar{S})^T \quad (13)$$

donde X_i representan las formas temporales alineadas del entrenamiento, S la forma temporal promedio y N el número total de formas temporales del entrenamiento. La matriz C tiene un tamaño de $30n \times 30n$. El siguiente paso es encontrar los eigenvalores λ_i y los eigenvectores e_i correspondientes de la matriz de covarianza.

Los eigenvalores muestran los principales modos de variación para cada punto de las formas temporales. Como la idea fundamental de hacer la descomposición en componentes principales es reducir la dimensión de los datos se seleccionan los principales modos de variación, es decir los que corresponden a los eigenvalores más altos. Teniendo la suma total de eigenvalores, $\lambda_{Total} = \sum_i \lambda_i$, seleccionamos de forma automática una cantidad r de eigenvectores cuyos eigenvalores suman el 99% del total. Finalmente, el paso a seguir es construir el modelo estadístico o de distribución de puntos a partir de los datos obtenidos. Este modelo está descrito por:

$$S = \bar{S} + Pb \quad (14)$$

En la ecuación anterior P es la matriz con el conjunto de los r eigenvectores seleccionados y b es un vector de valores constantes que determinan el rango de variación o deformación de cada punto de la forma promedio. La matriz P tiene una dimensión de $30n \times r$, mientras que b tiene un tamaño r . El rango de variación de cada elemento b_i es $(-\sqrt{\lambda_i}, \sqrt{\lambda_i})$ [4].

Usando el modelo de distribución de puntos descrito por la ecuación anterior, las formas del entrenamiento y nuevas formas temporales desconocidas pueden ser generadas. El problema de este método es la falta de suficientes datos de entrenamiento que permitan obtener los suficientes eigenvalores diferentes de cero. Esto le da menos capacidad de deformación al modelo lo que significa una desventaja en la segmentación de imágenes médicas en general.

El entrenamiento no termina con el modelo de distribución de puntos. Como la idea es utilizar la estadística obtenida en la segmentación de nuevas formas temporales es necesario construir un modelo de niveles de grises a partir de las formas de entrenamiento.

5.6. MODELOS DE GRISES PARA LOS PUNTOS

Esta es la segunda parte en el proceso de construcción de los modelos estadísticos del conjunto de entrenamiento. Aquí se trata de obtener un modelo de gris usando la información en la vecindad de cada punto de las formas temporales. Dado que las formas representan los contornos que encierran las estructuras del corazón en las tomografías, el modelo de gris se toma en una dirección normal a cada punto de tal manera que se pueda modelar los bordes del objeto. Asumiendo que P_{k,t_n} es el k -ésimo punto para el n -ésimo volumen de la serie de tiempo, un perfil normal a la superficie en este punto puede ser definido como:

$$g_{k,t_n} = \{(P-l)_{k,t_n}, (P-l+1)_{k,t_n}, \dots, P_{k,t_n}, \dots, (P+l-1)_{k,t_n}, (P+l)_{k,t_n}\} \quad (15)$$

En esta expresión l define los extremos del perfil a cada lado del punto principal y sigue una dirección normal a la marca. En este paso es necesario definir el tamaño del perfil

también. En esta tesis se optó por tomar un tamaño de once elementos para el perfil. En la mayoría de los casos, las aplicaciones tienen que lidiar con el problema de contraste de las imágenes y la pobre definición de los bordes. Por esta razón es conveniente muchas veces tomar la derivada normalizada dg_{k,t_n} del perfil de gris. Una vez que se han definido estos parámetros se procede a calcular los momentos de primer y segundo orden del perfil de gris y la derivada del perfil para el k -ésimo punto que describe la forma temporal en el conjunto de entrenamiento. El primer momento corresponde al promedio del perfil y su derivada:

$$\bar{g}_{k,t_n} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N g_{ik,t_n} \quad y \quad \overline{dg}_{k,t_n} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N dg_{ik,t_n} \quad , \quad (16)$$

El segundo momento son las matrices de covarianza para cada perfil:

$$Y_{k,t_n} = \frac{1}{N-1} \sum_{i=1}^N (g_{ik,t_n} - \bar{g}_{k,t_n})(g_{ik,t_n} - \bar{g}_{k,t_n})^T \quad , \quad (17)$$

y sus derivadas normalizadas:

$$dY_{k,t_n} = \frac{1}{N-1} \sum_{i=1}^N (dg_{ik,t_n} - \overline{dg}_{k,t_n})(dg_{ik,t_n} - \overline{dg}_{k,t_n})^T \quad (18)$$

donde T representa la traspuesta del vector y N el número de muestras de entrenamiento.

5.7. SEGMENTACIÓN USANDO BÚSQUEDAS ACTIVAS

Esta es la segunda parte del proceso o segmentación propiamente dicha. Tal como se ha mencionado, el objetivo final de los modelos obtenidos es usarlos para segmentar las estructuras cardiacas en nuevas o desconocidas formas temporales en las imágenes de tomografías en cuatro dimensiones. La búsqueda activa comienza colocando una forma inicial X_0 cerca del objeto que se quiere segmentar.

Como ASM es un método de búsqueda local, la forma inicial debe estar lo suficientemente cerca para alcanzar buenos resultados. En esta tesis, el proceso de inicialización se hace manualmente ubicando la forma promedio temporal obtenida en el entrenamiento, ecuación (12), muy cerca de objeto. En las segmentaciones usando ASM es necesario definir una función objetivo que permitirá determinar las mejores posiciones a las cuales se moverán los puntos iniciales. La posición que genera el valor mínimo en la función objetivo corresponde al mejor desplazamiento. Los nuevos puntos se buscan en una dirección normal a cada marca, lo que indica que se trata de encontrar los bordes más fuertes al contorno en un determinado punto. La función objetivo más comúnmente usada es la distancia de Mahalanobis, sin embargo ésta presenta problemas cuando no hay suficientes datos de entrenamiento debido a la singularidad de las matrices de covarianza.

Dado las diferencias en contraste y los niveles de ruido que afectan normalmente las imágenes médicas aquí se optó por evaluar el método usando tres funciones objetivos:

- ✓ La distancia de Mahalanobis para los perfiles de grises:

$$fP_{P_k i} = (g_{P_k i} - \bar{g}_k) Y_{P_k}^{-1} (g_{P_k i} - \bar{d}g_{P_k})^T \quad (19)$$

- ✓ La distancia de Mahalanobis para las derivadas de los perfiles de grises:

$$fD_{P_k i} = (dg_{P_k i} - \bar{d}g_{P_k}) dY_{P_k}^{-1} (dg_{P_k i} - \bar{d}g_{P_k})^T \quad (20)$$

- ✓ Una suma ponderada de distancias de Mahalanobis compuesta por los niveles de grises del perfil en cada punto y sus respectivas derivadas:

$$f_{P_k i} = w_1 (g_{P_k i} - \bar{g}_k) Y_{P_k}^{-1} (g_{P_k i} - \bar{d}g_{P_k})^T + w_2 (dg_{P_k i} - \bar{d}g_{P_k}) dY_{P_k}^{-1} (dg_{P_k i} - \bar{d}g_{P_k})^T \quad (21)$$

donde w_m con $m = 1, 2$ es el peso asignado para cada parte de la función objetivo; P_k con $k=1, 2, \dots, n$ indica el respectivo punto ó marca de la forma temporal; i representa una posición específica del punto P_k a lo largo de su perfil normal.

Las derivadas de perfiles de grises son muy útiles cuando se tienen imágenes que varían mucho de contraste, pero tienen las desventajas de ser bastantes sensibles al ruido.

Cuando las nuevas posiciones son determinadas, el proceso continúa con el alineamiento de la forma inicial y la definida por los nuevos puntos encontrados. Esto permite encontrar el ángulo de rotación, el vector de traslación y el factor de escalamiento. Aquí seguimos los pasos descritos en la sección 5.4. Los variables de transformación (θ, t_x, t_y, s) encontradas en el alineamiento corresponden a parámetros de posición en el ajuste.

Dado que la forma promedio debe deformarse en el rango definido por el entrenamiento, nuevos parámetros de forma db son necesarios, los cuales son encontrados en términos de los parámetros de posición hallados. Cootes et al. [4], encontró la solución a estos parámetros:

$$db = P^T \{M((sds)^{-1}, -(\theta + d\theta))M(s, \theta)\bar{S} + dX - dX_c - \bar{S}\} \quad (20)$$

donde M es una matriz de transformación que depende de los parámetros de rotación θ y escalamiento s . Las variables dX y dX_c representan vectores de traslación que marcan la diferencia entre la instancia inicial y la obtenida con los nuevos puntos que presentan una mejor posición; P es la matriz de eigenvectores obtenida en el entrenamiento y \bar{S} es la forma promedio. La nueva forma temporal es entonces obtenida a través de:

$$X_{i+1} = M(\bar{S} + Pdb) \quad (21)$$

donde M es la matriz que contiene todos los parámetros de posición. Como el proceso es iterativo, la nueva forma temporal obtenida actúa como la instancia inicial para la siguiente iteración. Los parámetros de posición y de forma obtenidos deben ser actualizados en cada iteración. Esta actualización se hace simplemente sumando el parámetro anterior y multiplicándolo en el caso del factor de escala. No hay regla definida para interrumpir el proceso de segmentación. Generalmente se toma un número máximo de iteraciones o

simplemente se evalúa que no se presenten cambios en los resultados de la segmentación entre una iteración y la siguiente. Aquí se tomó la segunda opción para frenar la ejecución del proceso. Como se puede notar en la ecuación (21), la forma promedio temporal es inicialmente deformada usando los parámetros db obtenidos. Posteriormente se transforma con los parámetros de posición contenidos en la matriz M .

En cada iteración se busca alcanzar el borde que describe las estructuras, por lo que la segmentación debe converger durante el proceso iterativo. El problema aquí es no tener los suficientes eigenvalores diferentes de cero para que la forma promedio temporal tenga la flexibilidad de deformarse lo suficiente para poder alcanzar los puntos de borde deseados. Este es un problema implícito del método y depende de la cantidad de formas de entrenamiento existentes, lo cual es un problema común en imágenes médicas.

CAPITULO 6. RESULTADOS Y ANÁLISIS

En este capítulo se muestran y se evalúan todos los resultados obtenidos para el algoritmo de segmentación desarrollado. El método fue implementado usando la plataforma de programación Matlab®. Algunas otras herramientas útiles para analizar y visualizar los datos de prueba fueron ImageJ® y Amira®. Como se mencionó anteriormente, se tienen en total 8 secuencias de tiempo o tomografías en cuatro dimensiones, cada una de ellas conformada por un total de diez volúmenes que describen todo el ciclo cardiaco y funcionamiento del corazón.

Los volúmenes que se tienen para la validación del método fueron segmentados previamente de forma manual. Para llevar a cabo esto se desarrolló una interfaz que permitiera hacer el marcado corte por corte y guardar las coordenadas de cada objeto de la secuencia de tiempo. Para cada volumen se tiene un total de 250 puntos que describen los contornos del ventrículo izquierdo en cada corte. Como se mencionó en la sección 5.3 se tomaron cinco cortes para cada volumen en cada secuencia.

Los resultados obtenidos en la segmentación son evaluados de forma visual y cuantitativamente utilizando algunas métricas de distancia entre formas, comparando en cada caso con la segmentación manual la cual es considerada aquí como la segmentación real (“Ground Truth”) del objeto.

Entre las métricas de evaluación consideradas en esta tesis están la Distancia Euclidiana Promedio entre puntos, la Distancia Raíz Cuadrada Promedio (RMS por sus siglas en inglés) y el cuadrado de la Distancia Euclidiana. Cada una de estas métricas será descrita más adelante. Lo que se busca es poder cuantificar que tan cercana está la segmentación final con respecto a la segmentación manual. No existe una regla básica que determine o que permita saber cuál de las métricas mencionadas es mejor para evaluar el desempeño del algoritmo, sin embargo en cada una de ellas la tendencia sobre los resultados para cada ejemplo de prueba se debe mantener.

La selección de una métrica u otra depende mucho de lo que se quiere medir o lo que deseamos comparar en las formas. De manera general, con cada una de ellas se obtiene una medida de *similitud* de las formas. No obstante, en ellas no está considerada la geometría de los objetos analizados.

6.1. ESTUDIOS TOMOGRÁFICOS DE PRUEBA

Aquí se inicia el análisis mostrando algunas de las imágenes de tomografías cardiacas usadas en la evaluación del método.

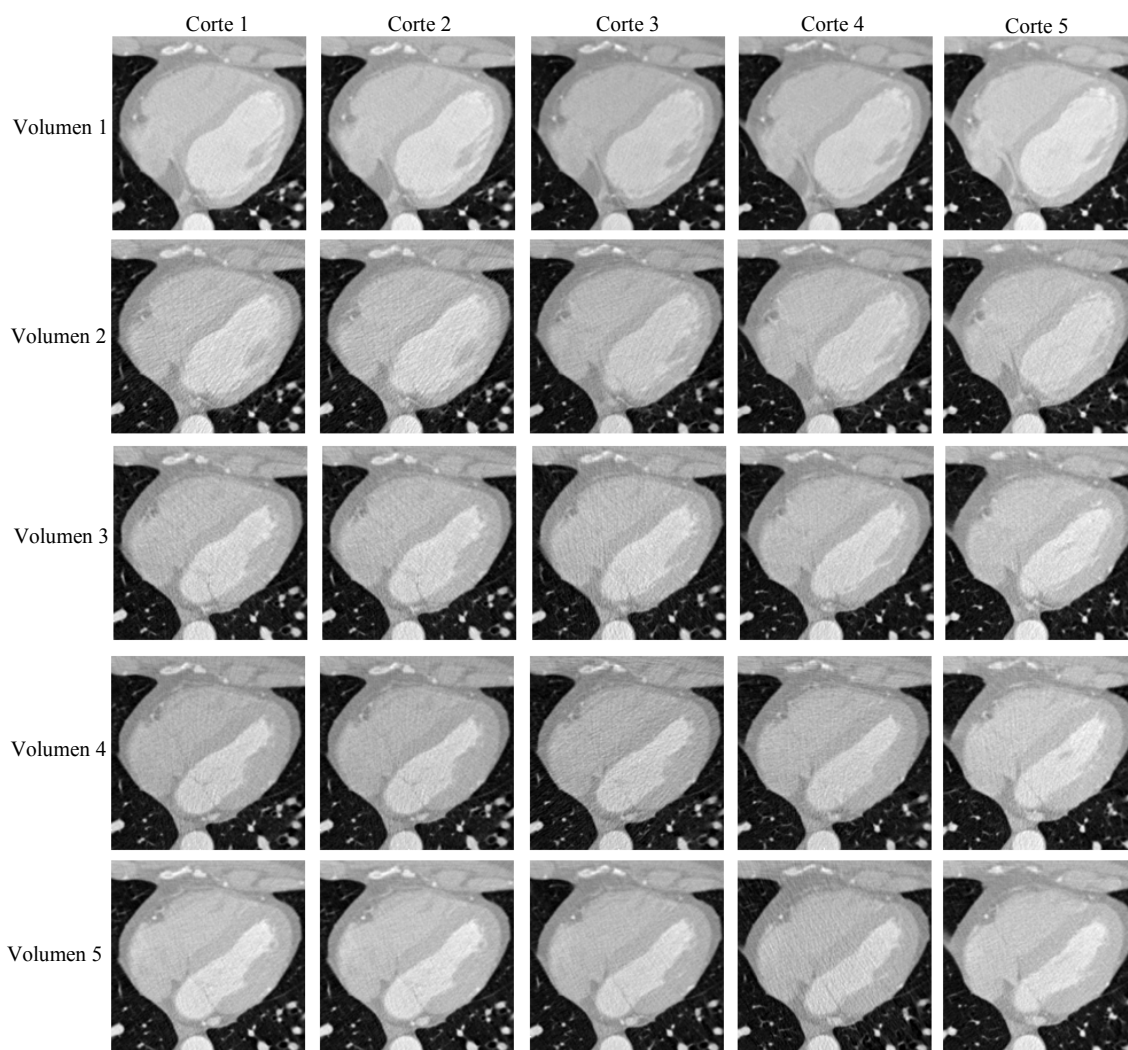


Figura 33. Imágenes de los 5 cortes de análisis en 5 de los 10 volúmenes de la 1^{ra} serie. Las filas indican los volúmenes y las columnas representan los cortes.

En la figura 33 se observan los cinco cortes estudiados para cinco de los diez volúmenes que conforman la primera serie de tiempo a ser segmentada dentro de nuestro conjunto de imágenes de prueba. La primera fila de imágenes corresponde a los cinco cortes del primer volumen de la secuencia, mientras que la segunda fila al segundo volumen y así sucesivamente. Mirando las columnas nos encontramos con el mismo corte para los cinco primeros volúmenes de la serie de tiempo.

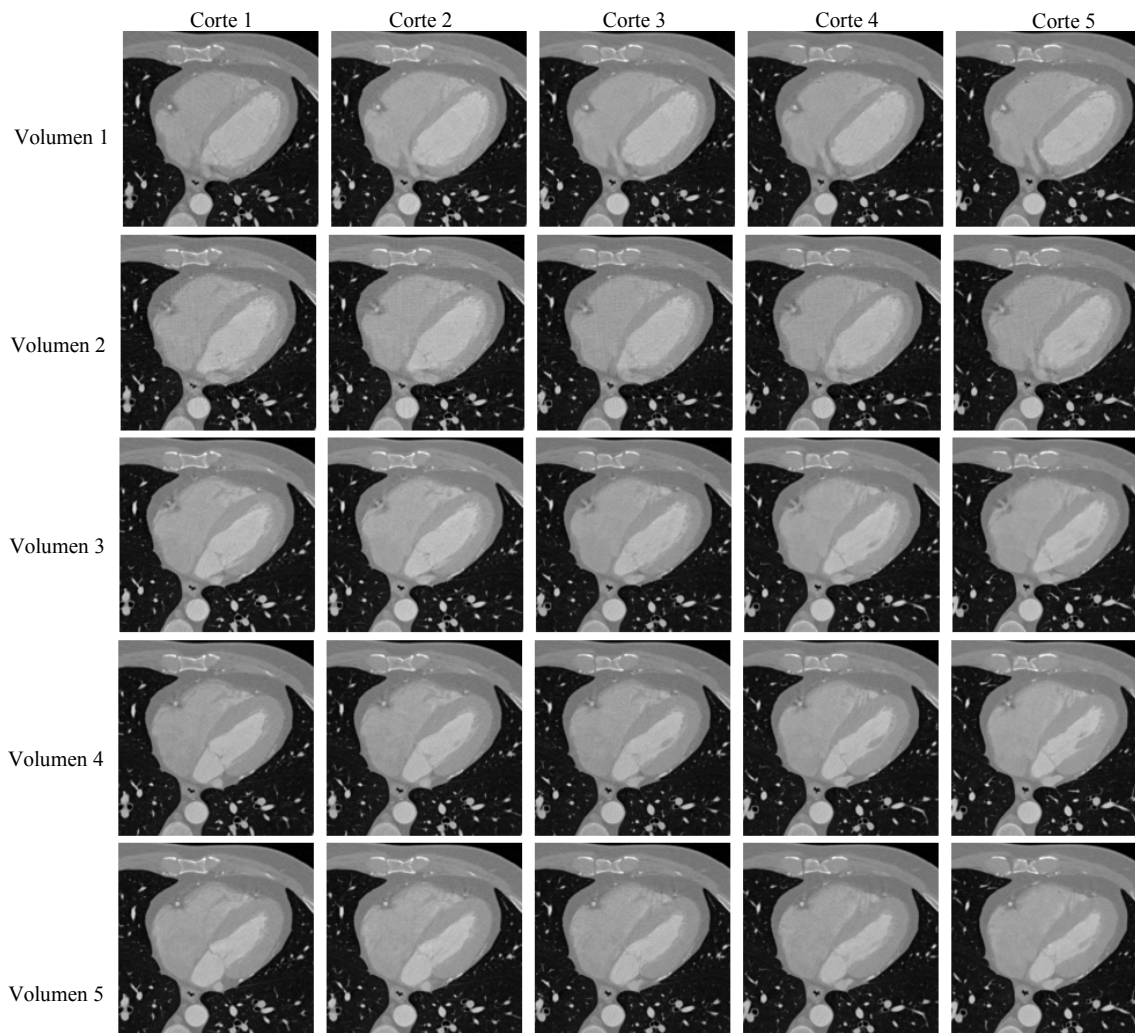


Figura 34. Imágenes de los 5 cortes de análisis en 5 de los 10 volúmenes de la 2^{da} serie. Las filas indican los volúmenes y las columnas representan los cortes.

Como se puede observar, las imágenes correspondientes a diferentes volúmenes dentro de la misma secuencia presentan una variación en la forma del ventrículo izquierdo del corazón. Es notable que la deformación que sufren las estructuras en todo el estudio

tomográfico del corazón se vea reflejada en los cambios de posición de los puntos que abarcan el contorno, lo que significa que tenemos una representación en imágenes de un órgano en movimiento. Las imágenes de otras dos series de tiempo de tomografías computarizadas cardiacas en cuatro dimensiones usadas en los experimentos del proyecto se muestran en la figura 34 y 35. Aquí se observa la misma cantidad de imágenes mostradas en la figura 33.

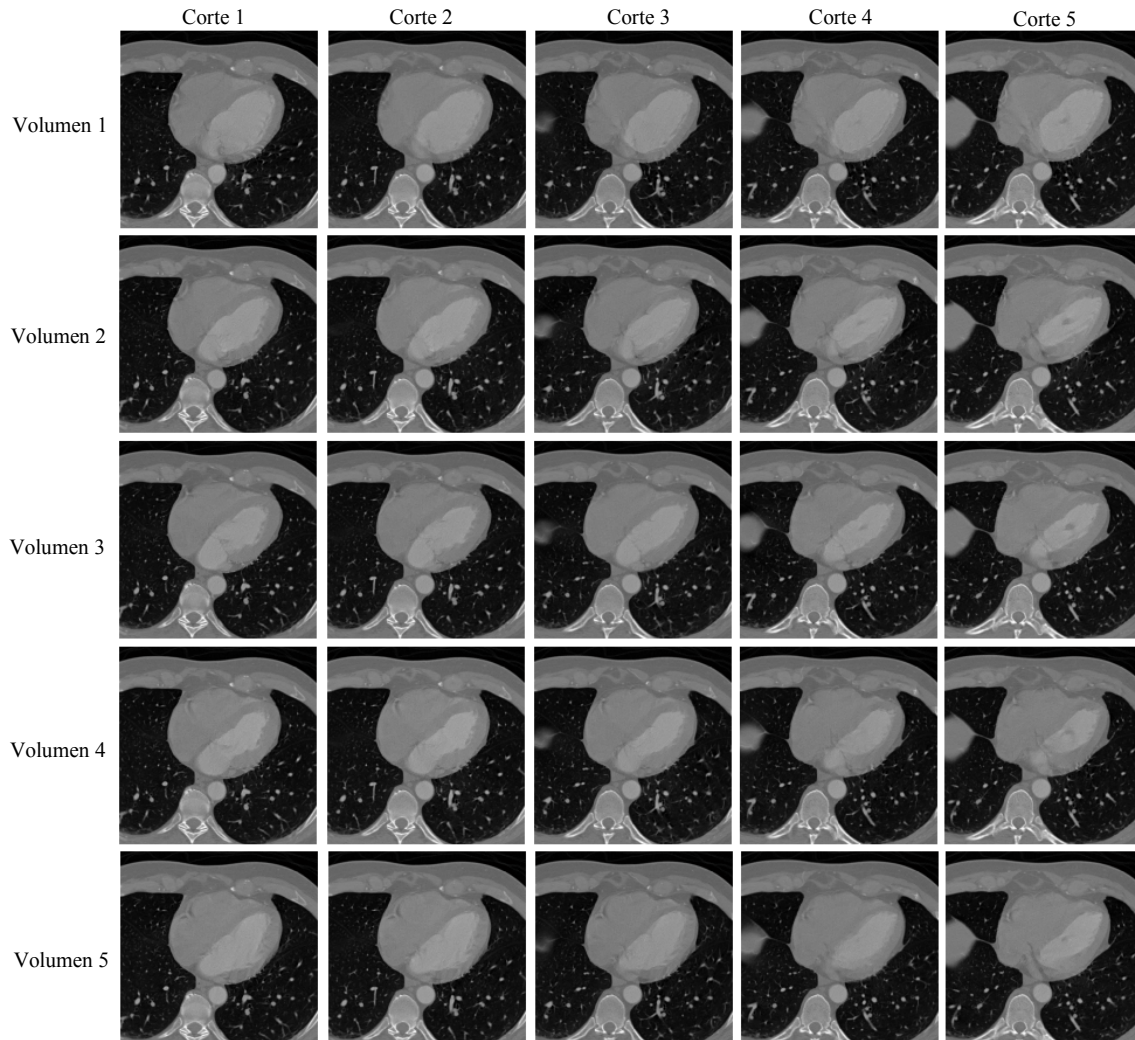


Figura 35. Imágenes de los 5 cortes de análisis en 5 de los 10 volúmenes de la 3^{ra} serie. Las filas indican los volúmenes y las columnas representan los cortes.

Adicionalmente, en la figura 36 se ilustran las imágenes del primer corte correspondiente a al primer volumen de cada una de las series de tiempo o estudios tomográficos cardiacos en 4D usados para la validación del algoritmo de segmentación.

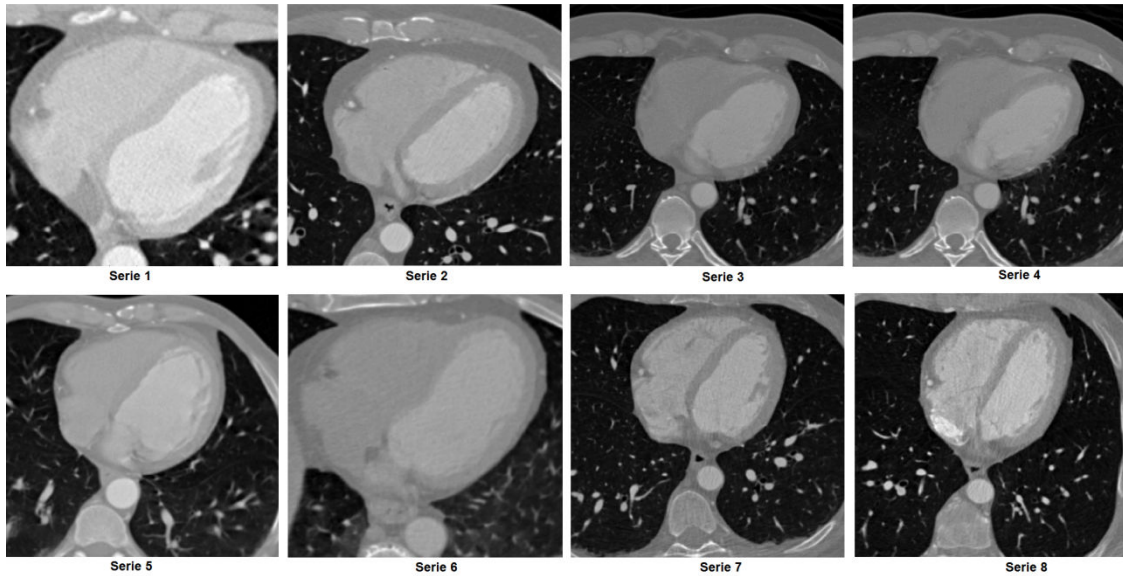


Figura 36. Imagen de la primera rebanada del primer volumen para cada tomografía en 4D usadas como validación de los algoritmos.

La idea de mostrar varias series de tiempo de las tomografías del corazón es hacer una revisión de la apariencia visual que presentan estos estudios sobre el mismo objeto u órgano. Es fácil notar en los ejemplos anteriores la gran variabilidad en contraste, forma y ruido que presentan las estructuras cardiacas a segmentar cuando se utilizan imágenes médicas adquiridas con diferentes equipos o a partir de distintos pacientes.

6.1.1. Discusión

Cada uno de los estudios tomográficos mostrados en las figuras 33, 34, 35 y 36 corresponde a diferentes pacientes y equipos de adquisición. La gran variabilidad expuesta en esas imágenes con respecto a los tres aspectos mencionados (contraste, ruido y forma) hace más difícil buscar un algoritmo de segmentación que utilice una representación común de las estructuras cardiacas. En base a estas dificultades, los algoritmos deformables basados en ASM han demostrado mayor eficiencia que otros métodos para adaptarse a estos cambios dado existe un proceso de entrenamiento previo en el que se codifican las variaciones comunes de este tipo de imágenes. Es de notar que para tener una buena representación estadística debe existir en el entrenamiento ejemplos que muestran las posibles variaciones que pueden tener las imágenes tomográficas y las estructuras que contienen.

6.2. INICIALIZACIÓN DE LA SEGMENTACIÓN

Generar la instancia inicial es la primera etapa de proceso antes de que ASM comience a iterar y encontrar una solución final para la segmentación. Como se describió anteriormente, en esta parte se pueden utilizar algoritmos automáticos o bien hacerlo de forma manual.

En esta tesis se optó por una segmentación inicial manual en la que se ubica la forma promedio temporal del modelo de distribución de puntos obtenido en el entrenamiento cerca de la estructura que se quiere segmentar. Para llevar a cabo esto seguimos los siguientes pasos:

- ✓ Identificamos cuatro puntos significativos en el ventrículo izquierdo dentro de la forma temporal tomada de la tomografía computarizada. Estos puntos son las marcas matemáticas descritas en la sección 5.3.
- ✓ En esta parte se pueden seleccionar los puntos sobre un solo volumen de la secuencia de tiempo. En este proyecto optamos por marcar siempre el primer corte del primer volumen de la forma temporal.
- ✓ El siguiente paso es marcar los puntos seleccionados manualmente. Estos puntos están formados por sus respectivas coordenadas y han sido identificados previamente en la forma temporal promedio.
- ✓ Una vez marcados, alineamos estos puntos con respecto a sus correspondientes en la forma temporal promedio usando el método descrito en la sección 5.4. Aquí resultan un conjunto de parámetros conformados por el ángulo de rotación respecto al plano-xy, el vector de traslación y el factor de escalamiento.
- ✓ Los parámetros obtenidos del alineamiento se extienden a toda la forma temporal promedio. Utilizando estas transformaciones Euclidianas ubicamos finalmente la forma temporal promedio cerca del objeto que se quiere segmentar.
- ✓ Otra opción de ubicar la forma temporal promedio cerca del objeto es tomar el centro de masa de cada volumen de la secuencia y alinearlo con el posible centro de masa en los nuevos ejemplos.

Algunos resultados del proceso de inicialización se muestran en las figuras 37 y 38. Aquí se ilustra la instancia inicial para cuatro cortes de los dos primeros volúmenes de la serie.

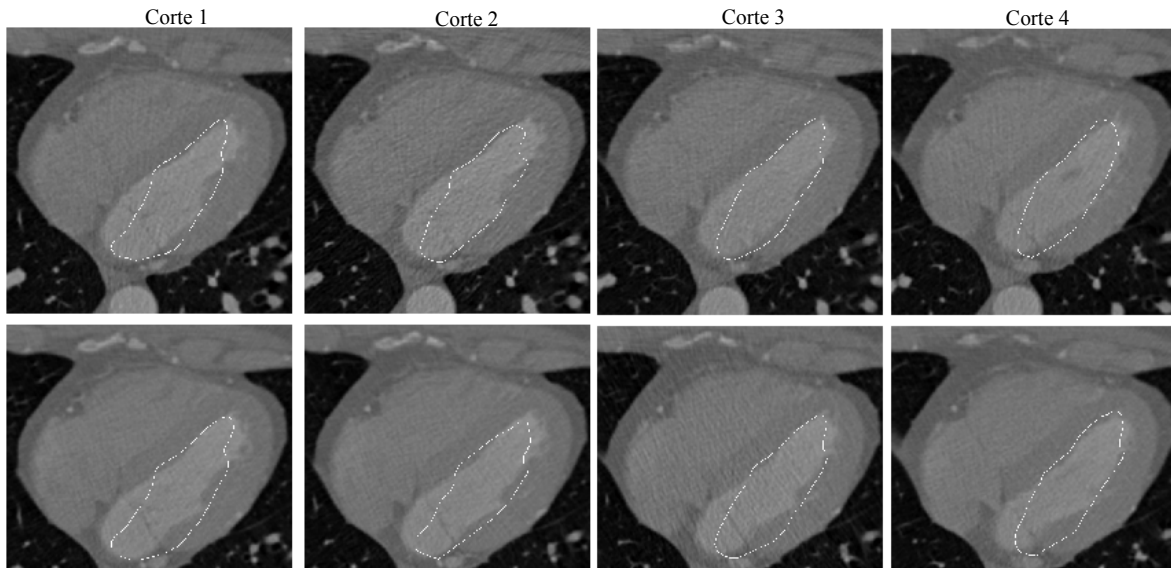


Figura 37. Instancia inicial vista en 4 cortes de 2 volúmenes de la primera serie temporal. La primera fila de imágenes corresponde a los cortes del cuarto volumen de la serie y la segunda fila al quinto volumen. Las columnas corresponden los cortes.

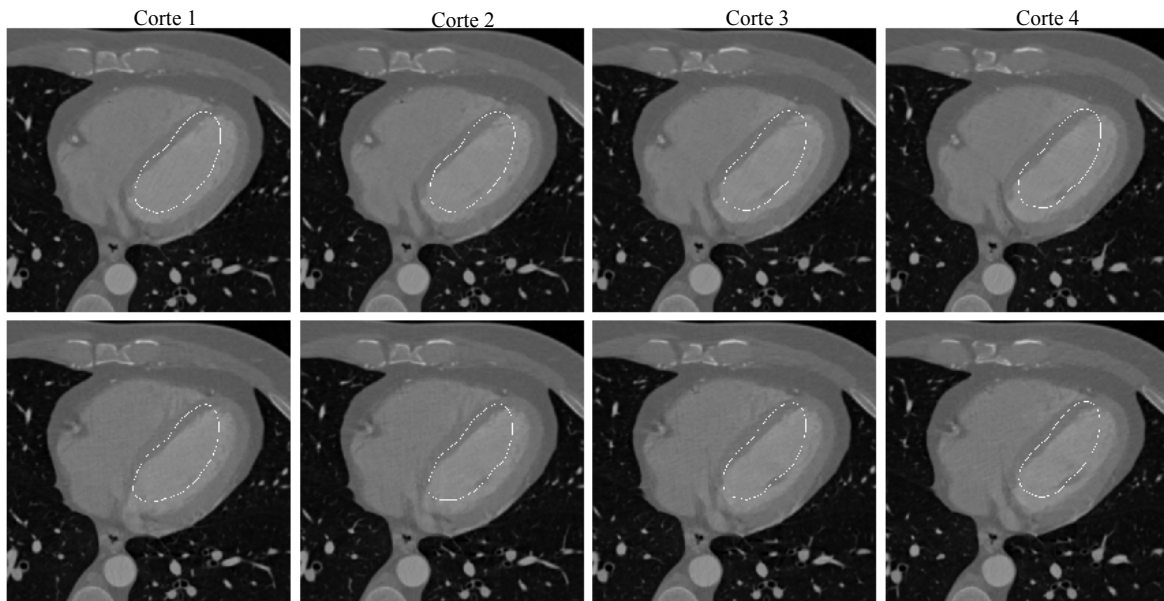


Figura 38. Instancia inicial vista en 4 cortes de 2 volúmenes de la segunda serie temporal. La primera fila de imágenes corresponde a los cortes del cuarto volumen de la serie y la segunda fila al quinto volumen. Las columnas corresponden los cortes.

6.2.1. Discusión

A pesar que la generación de la instancia inicial manualmente es sencilla y rápida, frecuentemente es mejor utilizar algoritmos automáticos para llevar a cabo esta tarea debido a la inexactitud que resulta en el proceso de alineamiento debido a que se calculan los parámetros de alineamiento solo con cuatro puntos de la forma temporal promedio. Adicionalmente, tener un algoritmo automático es siempre una mejor opción.

6.3. GENERANDO NUEVAS FORMAS TEMPORALES

Uno de los principales problemas de los algoritmos ASM es la cantidad de datos que se tienen para el entrenamiento. Cuando no existen suficientes muestras para formar el modelo de distribución de puntos, el algoritmo no adquiere la suficiente flexibilidad para segmentar objetos que varían considerablemente de la forma promedio inicial. Esto sucede básicamente porque la matriz de covarianza obtenida no es capaz de generar los suficientes eigenvalores diferentes de cero que permitan llevar a cabo deformaciones más gruesas, ver ecuación (14). Dado que la cantidad de estudios tomográficos que tenemos en nuestro proyecto es bastante bajo para que el algoritmo ASM desarrollado pueda codificar una variabilidad completa de las estructuras cardiacas vistas en volúmenes de tomografía, en este proyecto se buscó la forma de redundar la información que se tiene. En total tenemos 8 series de tiempo con 10 volúmenes cada una, las cuales pueden ser representadas de la siguiente manera:

$$Sec_i = \{V_{i,j} : j = 1,2,3,\dots,10 ; i = 1,2,3,\dots,8\} \quad (22)$$

donde $V_{i,j}$ corresponde al volumen j de la secuencia de tiempo Sec_i . El conjunto de formas temporales original usadas para la validación del método queda definido y organizado como se ilustra en la primera parte (6 primeras columnas) de la tabla 2. Se aprecia claramente la correspondencia entre los volúmenes de las secuencias.

Hemos establecido desde un principio que cada volumen de las secuencias de tiempo tienen correspondencia con sus homólogos en las otras series de tiempo, es decir cuando hacemos

el entrenamiento el primer volumen de una secuencia se alinea con el primer volumen de la serie que hemos seleccionado como forma promedio inicial. Por lo tanto el primer volumen de la forma temporal promedio se puede obtener simplemente promediando los primeros volúmenes de todas las formas alineadas. Este mismo análisis se aplica sobre los demás volúmenes de las tomografías.

Tabla 2. Secuencias temporales originales y las que se generan manualmente.

Series Temporales Originales						Series Temporales Generadas				
<i>Sec</i> ₁	<i>Sec</i> ₂	<i>Sec</i> ₃	<i>Sec</i> ₄		<i>Sec</i> ₈	<i>Sec</i> ₉	<i>Sec</i> ₁₀	<i>Sec</i> ₁₁		<i>Sec</i> ₈₀
<i>V</i> _{1,1}	<i>V</i> _{2,1}	<i>V</i> _{3,1}	<i>V</i> _{4,1}		<i>V</i> _{8,1}	<i>V</i> _{1,2}	<i>V</i> _{1,3}	<i>V</i> _{1,4}		<i>V</i> _{8,10}
<i>V</i> _{1,2}	<i>V</i> _{2,2}	<i>V</i> _{3,2}	<i>V</i> _{4,2}		<i>V</i> _{8,2}	<i>V</i> _{1,3}	<i>V</i> _{1,4}	<i>V</i> _{1,5}		<i>V</i> _{8,1}
<i>V</i> _{1,3}	<i>V</i> _{2,3}	<i>V</i> _{3,3}	<i>V</i> _{4,3}		<i>V</i> _{8,3}	<i>V</i> _{1,4}	<i>V</i> _{1,5}	<i>V</i> _{1,6}		<i>V</i> _{8,2}
<i>V</i> _{1,4}	<i>V</i> _{2,4}	<i>V</i> _{3,4}	<i>V</i> _{4,4}		<i>V</i> _{8,4}	<i>V</i> _{1,5}	<i>V</i> _{1,6}	<i>V</i> _{1,7}		<i>V</i> _{8,3}
<i>V</i> _{1,5}	<i>V</i> _{2,5}	<i>V</i> _{3,5}	<i>V</i> _{4,5}	...	<i>V</i> _{8,5}	<i>V</i> _{1,6}	<i>V</i> _{1,7}	<i>V</i> _{1,8}	...	<i>V</i> _{8,4}
<i>V</i> _{1,6}	<i>V</i> _{2,6}	<i>V</i> _{3,6}	<i>V</i> _{4,6}		<i>V</i> _{8,6}	<i>V</i> _{1,7}	<i>V</i> _{1,8}	<i>V</i> _{1,9}		<i>V</i> _{8,5}
<i>V</i> _{1,7}	<i>V</i> _{2,7}	<i>V</i> _{3,7}	<i>V</i> _{4,7}		<i>V</i> _{8,7}	<i>V</i> _{1,8}	<i>V</i> _{1,9}	<i>V</i> _{1,10}		<i>V</i> _{8,6}
<i>V</i> _{1,8}	<i>V</i> _{2,8}	<i>V</i> _{3,8}	<i>V</i> _{4,8}		<i>V</i> _{8,8}	<i>V</i> _{1,9}	<i>V</i> _{1,10}	<i>V</i> _{1,1}		<i>V</i> _{8,7}
<i>V</i> _{1,9}	<i>V</i> _{2,9}	<i>V</i> _{3,9}	<i>V</i> _{4,9}		<i>V</i> _{8,9}	<i>V</i> _{1,10}	<i>V</i> _{1,1}	<i>V</i> _{1,2}		<i>V</i> _{8,8}
<i>V</i> _{1,10}	<i>V</i> _{2,10}	<i>V</i> _{3,10}	<i>V</i> _{4,10}		<i>V</i> _{8,10}	<i>V</i> _{1,1}	<i>V</i> _{1,2}	<i>V</i> _{1,3}		<i>V</i> _{8,9}

En base a que los volúmenes sólo se “ven” con sus equivalentes en las otras secuencias, aquí se decidió generar más formas temporales manualmente simplemente haciendo todas las combinaciones posibles entre los volúmenes de una determinada serie. Esta combinación se hizo desplazando cada uno de los volúmenes una o varias posiciones con respecto a su ubicación original dentro de la serie de tiempo, lo cual lo expresamos como:

$$Sec_k = Desp_m(Sec_i) \tag{23}$$

donde $i = 1, 2, 3, \dots, 8$ controla el número de secuencias originales; $k = 9, 10, \dots, 70$ son los índices de las nuevas series generadas y $m = 1, 2, 3, \dots, 9$ representa el número de posiciones que se desplazan los volúmenes contenidos en las secuencias. Dado que solamente tenemos 10 volúmenes por secuencia sólo es posible hacer nueve

desplazamientos de los datos antes de que se repitan nuevamente. En la tabla 1 se puede observar que las series de tiempo nombradas como Sec_9 , Sec_{10} y Sec_{11} fueron obtenidas por desplazamiento de los volúmenes en la primera serie temporal de trabajo. Realizando este procedimiento para todas las formas temporal originales se logró obtener un máximo de 70 series para el entrenamiento.

6.3.1. Discusión

Cada forma temporal de 10 volúmenes puede generar 9 secuencias nuevas con la misma cantidad de datos. Como la idea es tomar solamente 7 de las 8 series de tiempo que tenemos para el entrenamiento, es posible conseguir 70 formas temporales en total. El problema es que al hacer estas combinaciones ya no es posible hacer el rastreo de los puntos en toda la serie porque precisamente se está perdiendo la secuencia original. Si vemos la combinación que obtenemos en cada uno de los volúmenes para obtener la forma promedio nos damos cuenta que el problema es muy similar a construir un modelo en tres dimensiones debido a que cada volumen dentro de la forma temporal promedio se obtiene con la combinación de todos los volúmenes de todas las formas temporales alineadas. En cada caso se evaluarán los resultados de la segmentación entrenando con 7 series originales y las 70 generadas manualmente.

6.4. EVALUACIÓN CUALITATIVA DE LOS RESULTADOS DE LA SEGMENTACIÓN

En esta parte se analiza la apariencia visual de las imágenes segmentadas con el método desarrollado y se compara con la segmentación manual. En el método de evaluación usado en los experimentos se toman siete formas temporales para el entrenamiento y se deja una para prueba del algoritmo. El proceso se repite rotando las formas de evaluación de tal manera que todas las muestras puedan ser usadas para validar la segmentación. Este método es conocido en la literatura como “*leave one out*” [68] por su nombre en inglés. Este mismo procedimiento se lleva a cabo utilizando el conjunto de series de tiempo compuesto por las originales y las generadas manualmente. En este caso, se toman 70 muestras de

entrenamiento y una para la evaluación. De las formas temporales de entrenamiento ninguna pertenece al conjunto que se genera a partir de la forma que se utiliza en la validación.

Teniendo en cuenta el procedimiento descrito se obtienen los resultados para la segmentación. En la figura 39 se ilustran los dos volúmenes de la figura 37 segmentados usando el modelo estadístico construido a partir de las 70 muestras de entrenamiento y la función objetivo correspondiente a la suma ponderada de las distancias de Mahalanobis.

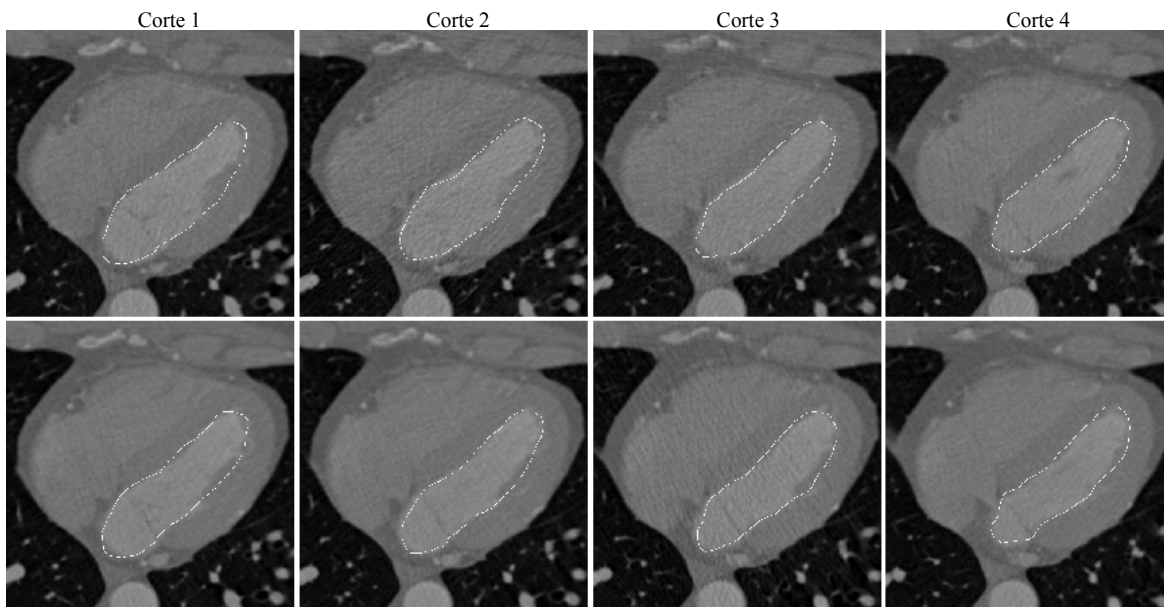


Figura 39. Segmentación automática usando 25 iteraciones a partir de la instancia inicial de la serie 1 mostrada en la figura 37. Las columnas son los cortes y las filas los volúmenes.

Dado que la idea es hacer una comparación visual de los resultados, en la figura 40 se ilustra la segmentación manual de los dos volúmenes de la figura 37. Más adelante se darán resultados cuantitativos de las diferencias encontradas.

Para seguir con la evaluación visual se lleva una comparación visual sobre los resultados obtenidos para cada una de las funciones objetivos definidas tomando las 7 secuencias originales solamente, así como las 70 generadas. Para esto seleccionamos un corte de cada volumen mostrado en la figura 37, exactamente los dos de la última columna de imágenes.

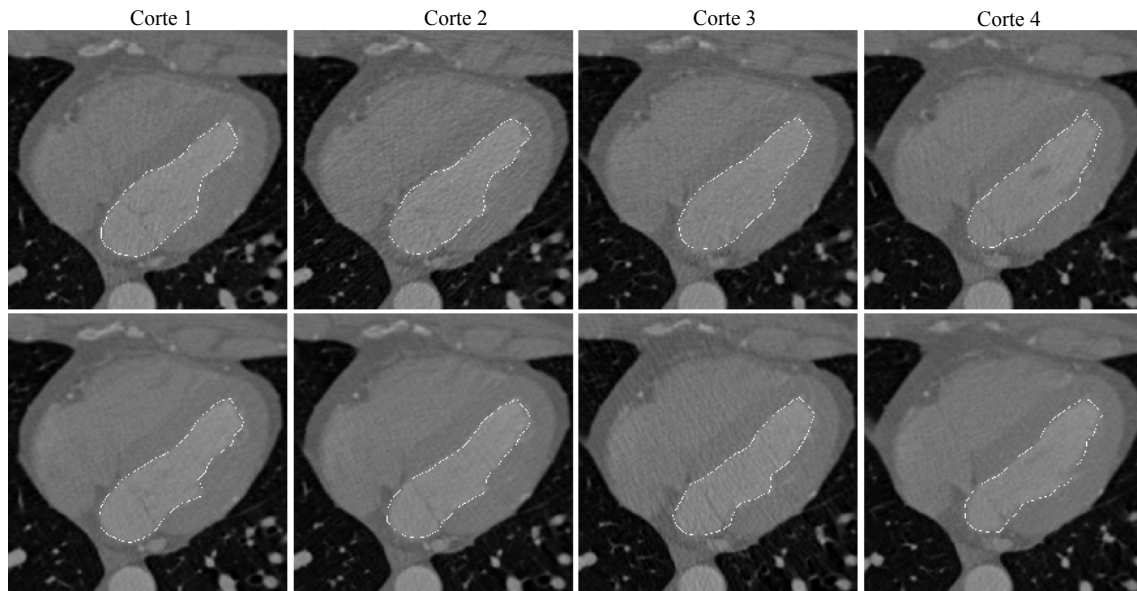


Figura 40. Segmentación manual de los volúmenes mostrados en la figura 37. Las columnas corresponden a los cortes y las filas a los volúmenes.

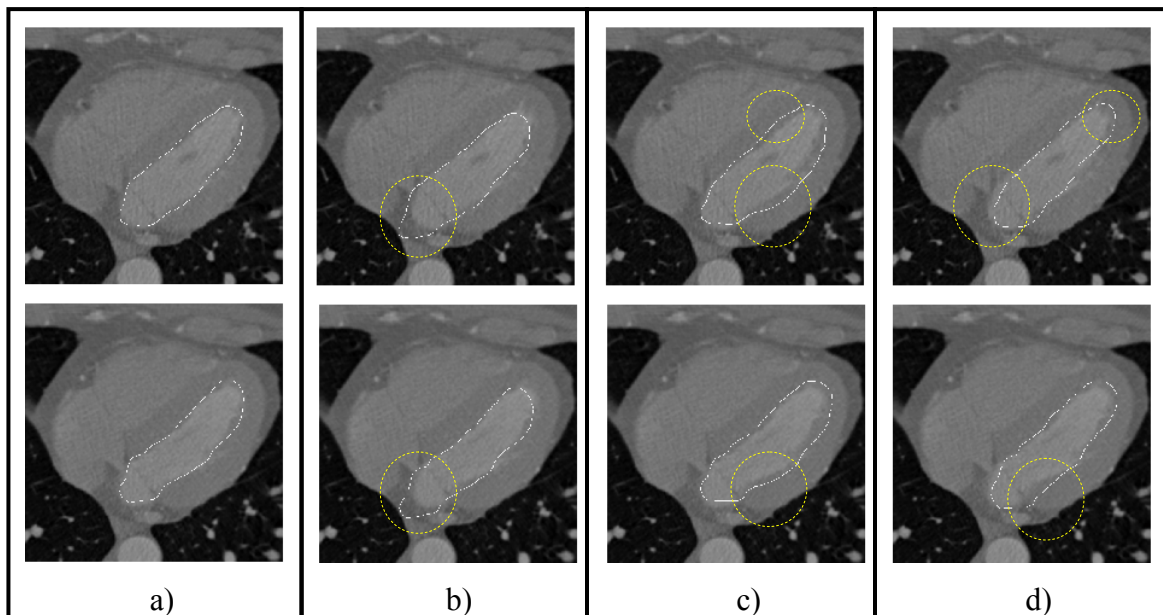


Figura 41. Segmentación automática con 25 iteraciones usando como funciones objetivos: a) Suma ponderada de distancias y 70 muestras de entrenamiento con $w_1 = 0.7$ y $w_2 = 0.3$; b) Distancia para derivadas de perfiles de gris y 70 muestras de entrenamiento; c) Distancia para perfiles de gris y 70 muestras de entrenamiento y d) Distancia para perfiles de gris y 7 muestras de entrenamiento.

En la figura 41 se muestran las imágenes segmentadas resultantes. En la primera columna están las imágenes que mejor resultado visual tienen con respecto a la segmentación manual. Las otras imágenes se marcaron con una circunferencia punteada de color amarillo para denotar las partes donde los contornos de cada corte se alejan más de la segmentación real o verdadera.

6.4.1. Discusión

De los resultados mostrados en las figuras anteriores se puede notar que todavía hay diferencias en algunas partes de los volúmenes segmentados automáticamente con respecto al segmentado manualmente, el cual es tomado aquí como la forma de referencia. El mejor resultado obtenido se consigue con la función objetivo compuesta por la suma ponderada de distancias de Mahalanobis de los perfiles de grises de cada punto y sus derivadas (ecuación 21).

Usar las derivadas de los perfiles es una ventaja porque evita las diferencias de contraste de las imágenes pero presenta problemas cuando existen bordes muy cercanos en estructuras diferentes como se observa en la figura 41b. Trabajar solamente con los perfiles de gris ayuda a evitar errores por bordes cercanos entre objetos como ocurre con las derivadas pero tiene el problema que no se ajusta perfectamente al borde cuando los volúmenes de prueba difieren sustancialmente en intensidades de gris y contraste con respecto a los volúmenes de entrenamiento. Es por eso que usar la suma ponderada compensa los dos errores descritos para los perfiles y las derivadas de los perfiles.

Los primeros tres resultados mostrados en la figura 41 corresponden a un modelo estadístico obtenido a partir de las 70 series de tiempo en el entrenamiento. El último resultado ilustrado en la figura 41d se obtuvo con un modelo de distribución de puntos formado con las 7 secuencias de tiempo originales como entrenamiento. El problema de usar pocas muestras de entrenamiento se ve reflejado en la incapacidad de deformación del modelo debido a que no se alcanzan los suficientes eigenvalores diferentes de cero en el proceso de análisis de componentes principales. Esto hace que el modelo se incapaz de

alcanzar algunos bordes del objeto porque el modelo de distribución de puntos no tiene la suficiente flexibilidad de deformación. El problema más grande se presenta con las concavidades de las estructuras cuando la serie de tiempo de prueba difiere en gran manera de la forma promedio del entrenamiento.

6.5. EVALUACIÓN CUANTITATIVA DE LOS RESULTADOS DE LA SEGMENTACIÓN

El siguiente paso en el análisis de los resultados es hacer una evaluación cuantitativa de las segmentaciones obtenidas. En esta parte se han seleccionado un conjunto de medidas de distancias que sirven para evaluar que tan cercana están las formas temporales segmentadas automáticamente con respecto a las segmentadas manualmente. Otras medidas que permiten evaluar el comportamiento de los modelos estadísticos construidos son conocidas como *especificidad* y la *habilidad de generalización* [68], aunque aquí no se utilizan.

6.5.1. Métricas de distancia entre formas

La noción de la distancia entre formas es una tarea muy intuitiva y un concepto que el sistema de procesamiento visual humano lleva cabo bastante bien [68]. Definir métricas de distancia entre formas es tal vez el camino más simple de buscar similitudes y hacer comparaciones entre ellas. Aquí también se adopta el hecho de que una medida de distancia es inmediatamente inducida por una norma, es decir:

$$\text{dist}\{forma1, forma2\} = \|forma1 - forma2\| \quad (24)$$

si tenemos dos formas S y Q que se quieren comparar y las cuales están representadas por un conjunto de n puntos en un espacio tridimensional S_i y Q_i con $i = 1, 2, \dots, n$. Por simplicidad, las cantidades anteriores se pueden definir por diferencias entre coordenadas:

$$d_{x,i} = S_{x,i} - Q_{x,i} \quad ; \quad d_{y,i} = S_{y,i} - Q_{y,i} \quad ; \quad d_{z,i} = S_{z,i} - Q_{z,i} \quad (25)$$

Dado que las formas están representadas por puntos homólogos entre ellos las métricas de distancias entre las formas se definen en términos de las coordenadas de las marcas que las componen.

Distancia Euclidiana Promedio: Aquí se considera que las marcas son un conjunto de n puntos en R^3 . La distancia promedio D_p para los respectivos puntos se define como:

$$D_p = \frac{\sum_{i=1}^n \sqrt{(d_{x,i})^2 + (d_{y,i})^2 + (d_{z,i})^2}}{n} \quad (26)$$

Distancia Raíz Cuadrada Promedio – RMS: En esta parte las formas corresponden a un solo vector en el espacio R^{3n} . La distancia D_{RMS} se define entonces como:

$$D_{RMS} = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (d_{x,i})^2 + \sum_{i=1}^n (d_{y,i})^2 + \sum_{i=1}^n (d_{z,i})^2}{n}} \quad (27)$$

La distancia Promedio y la RMS tienden a arrojar resultados similares en el cálculo de la similitud de las formas.

Cuadrado de la distancia Euclidiana: Esta es la métrica de distancia más común que existe. Esta métrica también se usó en el entrenamiento para medir la cercanía entre las formas alineadas. Aquí se toma cada forma definida como un solo vector. La definición general de la distancia Euclidiana D_E es:

$$D_E = \sum_{i=1}^n \|S_i - Q_i\|^2 \quad (28)$$

6.5.2. Resultados de las distancias medidas

Una vez que se han definido las métricas de distancia se pueden establecer las comparaciones entre los resultados de la segmentación automática y la segmentación manual. Aquí se muestran los resultados cuantitativos de la segmentación usando un

modelo obtenido con las 7 muestras de entrenamiento originales, así como también entrenando con las 70 muestras generadas a partir de las originales. En cada caso se evalúan los resultados con las tres funciones objetivos descritas en el capítulo anterior (ecuaciones 20, 21 y 22). Las coordenadas de las imágenes han sido normalizadas en el rango de 0 a 1.

Para recordar, todas las series de tiempo o estudios de tomografías en 4D usados para validar el algoritmo desarrollado están formados por 10 volúmenes en total y se tomaron 5 cortes o rebanadas de análisis en cada uno de ellos, en los cuales se ha marcado el ventrículo izquierdo.

En la tabla 3, 4 y 5 se observan los resultados cuando se usan solamente 7 secuencias de tiempo en el entrenamiento para cada una de las métricas de distancia definidas. En ellas se muestran también datos importantes acerca de cada estudio tomográfico como son el número de cortes que contiene cada volumen de la tomografía en 4D y el número de cortes segmentados (segunda columna de cada tabla). En la primera evaluación hecha (ver tabla 3) se utiliza la distancia Euclidiana promedio D_p con las tres funciones objetivos que se definieron para las búsquedas activas. Para cada caso se utilizaron en total 25 iteraciones en el proceso iterativo. Adicionalmente, en ella se hace una comparación con la segmentación o instancia inicial.

Tabla 3. Distancia Euclidiana Promedio D_p para los resultados usando las tres funciones objetivos con 7 muestras de entrenamiento.

Tomografías Cardiacas en 4D de Prueba	No. Cortes Seg./ Cortes Vol.	D_p de la Instancia Inicial	D_p del Resultado Final con Función Objetivo 1	D_p del Resultado Final con Función Objetivo 2	D_p del Resultado Final con Función Objetivo 3
Serie Temporal 1	5 / 80	0.0400	0.0301	0.0453	0.0299
Serie Temporal 2	5 / 145	0.0357	0.0239	0.0312	0.0230
Serie Temporal 3	5 / 66	0.0457	0.0199	0.0254	0.0203
Serie Temporal 4	5 / 66	0.0389	0.0224	0.0247	0.0228
Serie Temporal 5	5 / 76	0.0515	0.0368	0.0450	0.0366
Serie Temporal 6	5 / 81	0.0705	0.0482	0.0654	0.0493
Serie Temporal 7	5 / 130	0.0423	0.0287	0.0304	0.0270
Serie Temporal 8	5 / 136	0.0457	0.0309	0.0365	0.0305
Resultado Promedio \pm Std		0.0463 \pm 0.0109	0.0301 \pm 0.0091	0.0377 \pm 0.0136	0.0299 \pm 0.0094

En la tabla 4 se evalúa la distancia RMS medida entre los resultados de la segmentación obtenidos con cada una de las funciones objetivos y la segmentación manual, ver tabla 4. En la tercera función objetivo se usaron los pesos $w_1 = 0.3$, $w_2 = 0.7$ y $w_3 = 1$.

Tabla 4. Distancia Raíz Cuadrada Promedio D_{RMS} para los resultados usando las tres funciones objetivos con 7 muestras de entrenamiento.

Tomografías en 4D de Prueba	Cortes Seg./ Cortes Vol.	D_{RMS} de la Instancia Inicial	D_{RMS} del Resultado Final con Función Objetivo 1	D_{RMS} del Resultado Final con Función Objetivo 2	D_{RMS} del Resultado Final con Función Objetivo 3
Serie Temporal 1	5 / 80	0.0453	0.0351	0.0514	0.0349
Serie Temporal 2	5 / 145	0.0388	0.0282	0.0353	0.0273
Serie Temporal 3	5 / 66	0.0507	0.0244	0.0299	0.0248
Serie Temporal 4	5 / 66	0.0445	0.0272	0.0290	0.0275
Serie Temporal 5	5 / 76	0.0563	0.0426	0.0506	0.0422
Serie Temporal 6	5 / 81	0.0818	0.0560	0.0776	0.0577
Serie Temporal 7	5 / 130	0.0478	0.0327	0.0359	0.0313
Serie Temporal 8	5 / 136	0.0500	0.0356	0.0429	0.0356
Resultado Promedio \pm Std		0.0519 \pm 0.0131	0.0352 \pm 0.0102	0.0441 \pm 0.0160	0.0351 \pm 0.0107

De la misma forma, en la tabla 5 se muestran los resultados cuantitativos obtenidos usando la última métrica de distancia definida o cuadrado de la distancia Euclidiana D_E .

Tabla 5. Cuadrado de la Distancia Euclidiana D_E para los resultados usando las tres funciones objetivos con 7 muestras de entrenamiento.

Tomografías en 4D de Prueba	Cortes Seg./ Cortes Vol.	D_E de la Instancia Inicial	D_E del Resultado Final con Función Objetivo 1	D_E del Resultado Final con Función Objetivo 2	D_E del Resultado Final con Función Objetivo 3
Serie Temporal 1	5 / 80	0.5123	0.3079	0.6614	0.3038
Serie Temporal 2	5 / 145	0.3770	0.1984	0.3124	0.1863
Serie Temporal 3	5 / 66	0.6419	0.1490	0.2228	0.1535
Serie Temporal 4	5 / 66	0.4943	0.1845	0.2098	0.1888
Serie Temporal 5	5 / 76	0.7923	0.4532	0.6404	0.4443
Serie Temporal 6	5 / 81	1.6713	0.7847	1.5059	0.8337
Serie Temporal 7	5 / 130	0.5717	0.2674	0.3229	0.2453
Serie Temporal 8	5 / 136	0.6262	0.3175	0.4611	0.3168
Resultado Promedio \pm Std		0.7997 \pm 0.4068	0.3328 \pm 0.2062	0.5421 \pm 0.4264	0.3341 \pm 0.2225

El siguiente análisis se lleva a cabo con las muestras generadas manualmente usando el método descrito en la sección 6.3.

Análogamente, se utilizan las tres funciones objetivos con cada una de las métricas definidas. Por lo tanto, a continuación se analizan los resultados cuando usamos 70 muestras de entrenamiento. Esto se ilustra en las tablas 6, 7 y 8.

Tabla 6. Distancia Euclidiana Promedio D_p para los resultados usando las tres funciones objetivos con 70 muestras de entrenamiento.

Tomografías Cardiacas en 4D de Prueba	No. Cortes Seg./ Cortes Vol.	D_p de la Instancia Inicial	D_p del Resultado Final con Función Objetivo 1	D_p del Resultado Final con Función Objetivo 2	D_p del Resultado Final con Función Objetivo 3
Serie Temporal 1	5 / 80	0.0507	0.0356	0.0727	0.0286
Serie Temporal 2	5 / 145	0.0436	0.0220	0.0360	0.0193
Serie Temporal 3	5 / 66	0.0423	0.0249	0.0404	0.0203
Serie Temporal 4	5 / 66	0.0389	0.0222	0.0404	0.0187
Serie Temporal 5	5 / 76	0.0426	0.0381	0.0578	0.0360
Serie Temporal 6	5 / 81	0.0798	0.0474	0.0767	0.0419
Serie Temporal 7	5 / 130	0.0480	0.0340	0.0504	0.0298
Serie Temporal 8	5 / 136	0.0530	0.0383	0.0405	0.0351
Resultado Promedio \pm Std		0.0498 \pm 0.0130	0.0328 \pm 0.0090	0.0518 \pm 0.0157	0.0287 \pm 0.0087

Tabla 7. Distancia Raíz Cuadrada Promedio D_{RMS} para los resultados usando las tres funciones objetivos con 70 muestras de entrenamiento.

Tomografías en 4D de Prueba	Cortes Seg./ Cortes Vol.	D_{RMS} de la Instancia Inicial	D_{RMS} del Resultado Final con Función Objetivo 1	D_{RMS} del Resultado Final con Función Objetivo 2	D_{RMS} del Resultado Final con Función Objetivo 3
Serie Temporal 1	5 / 80	0.0565	0.0422	0.0845	0.0334
Serie Temporal 2	5 / 145	0.0475	0.0256	0.0402	0.0228
Serie Temporal 3	5 / 66	0.0474	0.0289	0.0463	0.0246
Serie Temporal 4	5 / 66	0.0435	0.0252	0.0458	0.0223
Serie Temporal 5	5 / 76	0.0474	0.0439	0.0647	0.0413
Serie Temporal 6	5 / 81	0.0929	0.0551	0.0903	0.0497
Serie Temporal 7	5 / 130	0.0533	0.0381	0.0603	0.0350
Serie Temporal 8	5 / 136	0.0571	0.0433	0.0471	0.0402
Resultado Promedio \pm Std		0.0557 \pm 0.0158	0.0378 \pm 0.0105	0.0599 \pm 0.0189	0.0337 \pm 0.0099

Tabla 8. Cuadrado de la Distancia Euclidiana D_E para los resultados usando las tres funciones objetivos con 70 muestras de entrenamiento.

Tomografías en 4D de Prueba	Cortes Seg./ Cortes Vol.	D_E de la Instancia Inicial	D_E del Resultado Final con Función Objetivo 1	D_E del Resultado Final con Función Objetivo 2	D_E del Resultado Final con Función Objetivo 3
Serie Temporal 1	5 / 80	0.7984	0.4443	1.7834	0.2789
Serie Temporal 2	5 / 145	0.5643	0.1644	0.4039	0.1298
Serie Temporal 3	5 / 66	0.5617	0.2086	0.5356	0.1509
Serie Temporal 4	5 / 66	0.4740	0.1585	0.5233	0.1246
Serie Temporal 5	5 / 76	0.5619	0.4824	1.0476	0.4267
Serie Temporal 6	5 / 81	2.1564	0.7596	2.0388	0.6175
Serie Temporal 7	5 / 130	0.7105	0.3624	0.9079	0.3064
Serie Temporal 8	5 / 136	0.8159	0.4685	0.5547	0.4040
Resultado Promedio \pm Std		0.7284 \pm 0.5498	0.3811 \pm 0.2042	0.9744 \pm 0.6205	0.3048 \pm 0.1732

6.5.3. Resultados de las curvas de evolución de la segmentación

Otra manera de evaluar el comportamiento del algoritmo de segmentación teniendo en cuenta las funciones objetivos y los modelos formados a partir de una cantidad específica de muestras de entrenamiento es mirar que tan rápido y preciso es el ajuste de la segmentación en función del tiempo o del número de iteraciones.

En las figuras 42 y 43 se ilustran las gráficas de la distancia euclidiana promedio D_p contra las iteraciones para los resultados obtenidos con las tres funciones objetivos propuestas. Adicionalmente, se hace la clasificación con los modelos de distribución de puntos resultantes de entrenar con las 7 muestras o formas temporales originales y con las 70 muestras generadas manualmente a partir de las iniciales.

En el primer caso (figura 42) se muestra el resultado para la primera serie de tiempo de nuestra base de datos de prueba. En el segundo caso (figura 43) se presenta el mismo comportamiento para la segunda forma temporal. Como se puede observar se ha seleccionado la distancia euclidiana promedio D_p para evaluar la evolución de la segmentación. Sin embargo, se podría utilizar cualquiera de las funciones o métricas de distancia definidas anteriormente en este mismo capítulo. En cada una de las gráficas

mencionadas se tiene la distancia medida entre la segmentación automática y la manual para cada iteración.

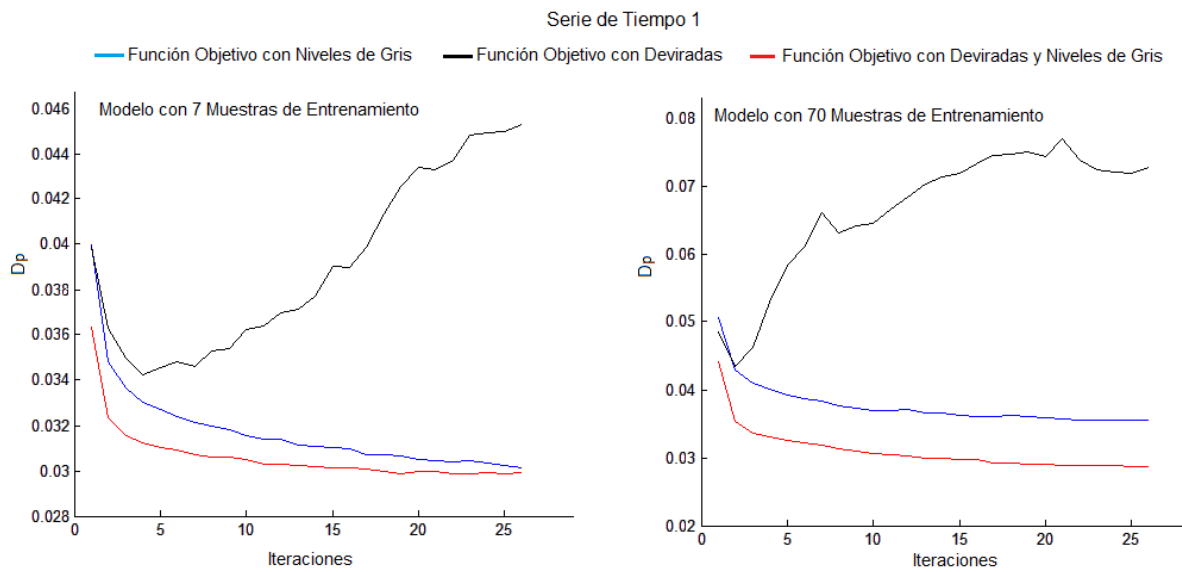


Figura 42. Evolución de la segmentación con respecto a cada iteración usando las tres funciones objetivos propuestas. Se evalúa para la primera serie de tiempo de prueba a través de la distancia euclidiana promedio D_p .

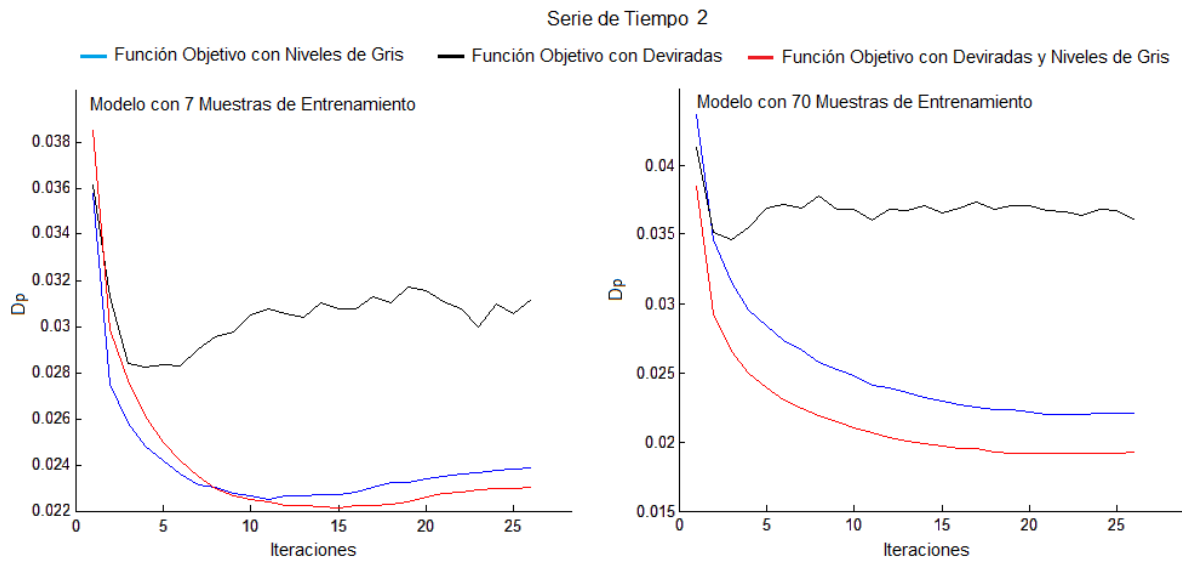


Figura 43. Evolución de la segmentación con respecto a cada iteración usando las tres funciones objetivos propuestas. Se evalúa para la segunda serie de tiempo de prueba a través de la distancia euclidiana promedio D_p .

De las figuras anteriores, se puede notar que el mejor resultado se obtiene en cada caso con la tercera función objetivo o aquella que se forma como una suma ponderada de las distancias de Mahalanobis medidas para los perfiles de grises y las derivadas de estos perfiles. Esta curva se presenta en color rojo en las gráficas.

Para hacer una comparación entre los modelos de distribución de puntos obtenidos con 7 y 70 muestras de entrenamiento respectivamente contrastamos las curvas de evolución resultantes en ambos casos cuando procesamos con la función objetivo que presenta mejor desempeño en la segmentación.

En la figura 44 se pueden observar los resultados de dicha comparación. Análogamente, se muestran los resultados obtenidos para las dos primeras secuencias de tiempo de la base de datos de prueba. En cada caso hay dos curvas que muestran la evolución usando cada modelo de distribución de puntos. En todos los casos las curvas han sido obtenidas procesando y segmentando para un total de 25 iteraciones.

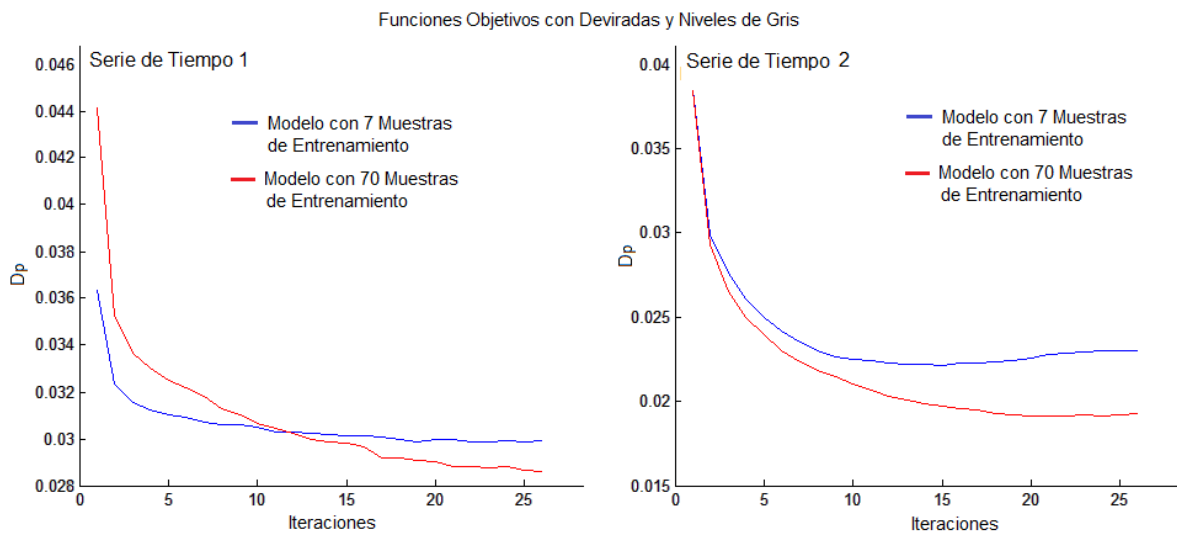


Figura 44. Evolución de la segmentación con respecto a cada iteración usando la función objetivo que presenta mejor desempeño. La comparación se hace para los PDM obtenidos con 7 y 70 muestras de entrenamiento respectivamente. Se evalúa para las dos primeras secuencias de tiempo de prueba. Se utiliza la distancia euclidiana promedio D_p .

6.5.4. Discusión

En las tablas anteriores se han dado resultados cuantitativos en los que se compara la segmentación manual con la automática a través del algoritmo propuesto. De manera general se puede apreciar que se obtienen mejores resultados cuando se construye el modelo estadístico con 70 muestras de entrenamiento. Esto sucede porque en el modelo se pueden retener muchos mas eigenvectores que permiten una mayor capacidad de deformación y de ajuste del modelo a nuevas formas. Cuando se entrenaron con 7 muestras de entrenamiento solamente fue posible guardar 6 eigenvectores para cada caso de prueba, mientras que con 70 muestras de entrenamiento se obtuvieron 63 eigenvectores significativos en el modelo de distribución de puntos.

Ya se había mostrado en los resultados visuales que la función objetivo formada por la suma ponderada de las distancias de Mahalanobis de los niveles de grises y las derivadas de estos perfiles generaban mejores resultados en la segmentación final. Esto se puede constatar de los resultados promedios dados en cada tabla analizada. De aquí se puede observar también que la segmentación más óptima cuando se entrena con 70 muestras se obtiene con dicha función objetivo (cifras en rojo en las tablas 6, 7 y 8). Sin embargo, con un modelo formado por menos muestras de entrenamiento el proceso de segmentación es más irregular y se ilustran también buenos resultados con la primera función objetivo (solo perfiles).

De las gráficas de evolución de la segmentación también se puede notar que el mejor desempeño se obtiene siempre con la tercera función objetivo. Aquí se ha evaluado el comportamiento con 25 iteraciones pero es posible que en algunos casos se necesite mucho más procesamiento. De estas gráficas se puede notar también que usar las derivadas de los perfiles de grises como función objetivo no es una buena opción. El problema se presenta porque existen bordes cercanos a la estructura de análisis que causan los errores de la segmentación. En las últimas curvas (figura 44) también se aprecia un mejor resultado cuando el modelo es entrenado con 70 muestras o formas temporales.

CAPITULO 7. CONCLUSIONES

En este proyecto se implementó un método de segmentación usando modelos deformables para aplicarlos en la descripción y análisis de imágenes de tomografías cardiacas en cuatro dimensiones. En este caso la cuarta dimensión hace referencia al tiempo, lo que indica que se tienen objetos tridimensionales que están cambiando con el tiempo.

Los resultados visuales muestran una muy buena aproximación en la segmentación final usando el algoritmo ASM. Con este proyecto se demostró que los modelos deformables son una excelente opción para llevar a cabo procesos de segmentación donde los objetos y estructuras de análisis presentan una gran variabilidad de una muestra a otra en cuanto al contraste de las imágenes y la forma específica de los objetos, tal como suele ocurrir con los estudios que provienen de las distintas modalidades de imágenes médicas.

Los efectos de contraste y ruido en las imágenes trabajadas y utilizadas como prueba se pudieron contrarrestar usando las funciones objetivos que combinan las distancias de Mahalanobis de los perfiles de grises y las derivadas de los mismos. De los resultados obtenidos se pudo verificar que usar solamente funciones objetivos compuestas por las derivadas de los perfiles conlleva a errores en la segmentación cuando existen estructuras con bordes cercanos. De la misma forma, la segmentación usando los perfiles de grises presenta problemas cuando las imágenes presentan gran variabilidad en contraste. El mejor resultado se obtuvo con la tercera función objetivo con valores de pesos $w_1 = 0.3$, $w_2 = 0.7$ y $w_3 = 1$.

Adicionalmente, construir el modelo con muchas muestras de entrenamiento permite un mayor grado de adaptación en el proceso de segmentación. De las comparaciones hechas con 7 y 70 muestras de entrenamiento en el cálculo del modelo se llegó a la conclusión que usando mas muestras de entrenamiento se pueden obtener ajustes en los detalles más finos de los bordes de las estructuras. Sin embargo, esto constituye un gran problema dado que generalmente en aplicaciones de imágenes médicas la información y los datos son bastante escasos.

La principal desventaja de los algoritmos ASM está dada por la cantidad de datos de entrenamiento necesarios para obtener un buen modelo estadístico. Como el modelo solo captura información global a partir del momento estadístico de primer orden (información promedio) no es posible tener una representación de los detalles finos de las estructuras. Adicionalmente, las funciones objetivos que se usan dependen mucho del tipo de imágenes que se quieren procesar o analizar. En este proyecto se emplearon distancias de Mahalanobis dado que las tomografías computarizadas generalmente presentan buenas resoluciones y definición de los bordes de las estructuras.

Otra desventaja que se puede encontrar con el método de segmentación es que requiere de un algoritmo de inicialización. Dado que la segmentación con ASM se basa en búsquedas locales sobre las vecindades de los pixeles la instancia inicial debe estar muy cerca del objeto que se quiere segmentar. A pesar de que en este proyecto se usó una inicialización manual por parte del usuario final siempre será de gran interés desarrollar algoritmos automáticos para llevar a cabo esta tarea.

El proyecto desarrollado junto con algoritmos de estimación de movimientos puede ser usado como una herramienta de ayuda en la evaluación del comportamiento mecánico del corazón usando tomografías computarizadas en cuatro dimensiones. A pesar de que el análisis y los resultados fueron evaluados para imágenes tomográficas el algoritmo se puede extender a otras modalidades de imágenes médicas como puede ser resonancia magnética.

Como proyecto futuro se pretende desarrollar un modelo deformable multiresolución que sea capaz de ajustarse a detalles más finos de las estructuras aprovechando la representación multiescala que se obtiene a partir de algunas transformadas. No obstante, se quiere también desarrollar un algoritmo de inicialización automática usando métodos estadísticos de clasificación de pixeles como campos aleatorios de Markov o bien funciones discriminantes Bayesianas.

REFERENCIAS

- [1] M. Kass, A. Witkin, and D. Terzopoulos, “Snakes: Active contour models”, *Int’l Journal on Computer Vision*, 1: 321–331, 1987.
- [2] P. Lipson, A. L. Yuille, et al., “Deformable templates for feature extraction from medical images”, en: *Proc. of the First European Conference on Computer Vision, Lectures Notes in Computer Science*, 413-417, 1990.
- [3] F. L. Bookstein, “Principal warps: Thin-plate splines and the decomposition of deformations”, *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, 11: 567-585, 1989.
- [4] T. Cootes, C. Taylor, D. Cooper, and J. Graham, “Active shape model - their training and application”, *Computer Vision and Image Understanding*, 61: 38–59, 1995.
- [5] A. Beinglas and H. J. Wolfson, “Articulates object recognition, or: How to generalize the generalized transform” en: *Proc. of IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, 461-466, 1991.
- [6] G. L. Scott, “The Alternative Snake – and other animals”, en: *Proc. del 3rd Alvey Vision Conference*, 341-347, 1987.
- [7] U. Grenader, Y. Chow, and D. M. Keenan, “Hands: A Pattern theoretic study of Biological Shapes”, volumen 2, Springer-Verlag, New York, 1991.
- [8] U. Grenader and M. I. Miller, “Representations of knowledge in complex systems”, *J. R. Stat. Soc.*, 56: 549-603, 1994.
- [9] C. Goodall, “Procrustes methods in the statistical analysis of shape”, *J. R. Stat. Soc. B.*, 53: 285-339, 1991.

- [10] A. Hill, T. F. Cootes, C. J. Taylor, “Active Shape Models and the shape approximation problem”, *Image and Vision Computing*, 14: 601-607, 1996.
- [11] F. Arámbula Cosío, J. A. Márquez Flores, M. A. Padilla Castañeda, “Use of simplex search in active shape models for improved boundary segmentation”, *Pattern Recognition Letters*, 31: 806–817, 2010.
- [12] W. Kwok-Wai, L. Kin-Man, N. Kit-Chong, “An accurate active shape model for facial feature extraction”, *Pattern Recognition Letters*, 26: 2409–2423, 2005.
- [13] Z. Zheng, J. Jiong, D. Chunjiang, X. H. Liu, J. Yang, “Facial feature localization based on an improved active shape model”, *Information Sciences*, 178: 2215–2223, 2008.
- [14] D. Shi, S. R. Gunn, R. I. Damer, “Handwritten Chinese character recognition using nonlinear active shape models and the Viterbi algorithm”, *Pattern Recognition Letters*, 23: 1853–1862, 2002.
- [15] T. F. Cootes, A. Hill, C. F. Taylor, J. Haslam, “The use of active shape models for locating structures in medical images”, *Image and Vision Computing*, 12: 355–365, 1994.
- [16] P. P. Smyth, C. J. Taylor, J. E. Adams, “Vertebral shape: automatic measurements with active shape models”, *Radiology*, 211: 571–578, 1999.
- [17] T. Mcinerney, D. Terzopoulos, “Deformable models in medical image analysis: a survey”, *Medical Image Analysis*, 1: 91–108, 1996.
- [18] S. Y. Chen, J. Zhang, Q. Guan, S. Liu, “Detection and amendment of shape distortions based on moment invariants for active shape models”, *IET Image Process.*, 5: 273–285, 2011.

- [19] H. H. Thodberg, A. Rosholm, “Application of the active shape model in a commercial medical device for bone densitometry”, *Image and Vision Computing*, 21: 1155–1161, 2003.
- [20] G. Behiels, F. Maes, D. Vandermeulen, P. Suetens, “Evaluation of image features and search strategies for segmentation of bone structures in radiographs using Active Shape Models”, *Medical Image Analysis*, 6: 47–62, 2002.
- [21] H. Li, O. Chutatape, “Boundary detection of optic disk by a modified ASM method”, *Pattern Recognition*, 36: 2093 – 2104, 2003.
- [22] F. Arambula Cosio, “Automatic initialization of an active shape model of the prostate”, *Medical Image Analysis*, 12: 469-483, 2008.
- [23] R. Toth, P. Tiwari, M. Rosen, G. Reed, J. Kurhanewicz, A. Kalyanpur, S. Pungavkar, A. Madabhushi, “A Magnetic Resonance Spectroscopy Driven Initialization Scheme for Active Shape Model Based Prostate Segmentation”, *Medical Image Analysis*, 15: 214-225, 2011.
- [24] A. C. Hodge, A. Fenster, D. B. Downey, H. M. Ladak, “Prostate boundary segmentation from ultrasound images using 2D active shape models: Optimisation and extension to 3D”, *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 84: 99–113, 2006.
- [25] B. G. Becker, F. Arambula Cosio, M. E. Guzman Huerta, J. A. Benavides-Serralde, “Automatic segmentation of the cerebellum of fetuses on 3D ultrasound images, using a 3D Point Distribution Model”, en: *Proc. of the International Conference of IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*, 4731-4734, 2010.
- [26] A. F. Frangi, D. Rueckert, J. A. Schnabel, W. J. Niessen, “Automatic construction of multiple-object 3-D statistical shape models: Application to cardiac modeling”, *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 21: 1151–1166, 2002.

- [27] T. F. Cootes, C. J. Taylor, "Using grey-level models to improve active shape model search", *Pattern Recognition*, 1: 63-67, 1994.
- [28] H. C. Van Assen, M. G. Danilouchkine, A. F. Frangi, S. Ordás, J. J. M. Westenberg, J. H. C. Reiber, B. P. F. Lelieveldt, "SPASM: A 3D-ASM for segmentation of sparse and arbitrarily oriented cardiac MRI data", *Medical Image Analysis*, 10: 286–303, 2006.
- [29] T. Heimann, M. Hans-Peter, "Statistical shape models for 3D medical image segmentation: A review", *Medical Image Analysis*, 13: 543–563, 2009.
- [30] D. Shen, E. H. Herskovits, C. Davatzikos, "An Adaptive-Focus Statistical Shape Model for Segmentation and Shape Modeling of 3-D Brain Structures", *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 20: 257-270, 2001.
- [31] A. Gupta, T. O'Donnell, A. Singh, "Segmentation and tracking of cine cardiac MR and CT images using a 3-D deformable model", en: *Proc. of IEEE Conference on Computers in Cardiology*, 661-664, 1994.
- [32] J. Bailleul, S. Ruan, C. Jean-Marc, "Statistical Shape Model-based Segmentation of brain MRI Images", en: *Proc. of the 29th Annual International Conference of the IEEE on Engineering in Medicine and Biology Society - EMBS*, 5255-5258, 2007.
- [33] A.P. King, J. M. Blackall, G. P. Penney, D. J. Hawkes, "Tracking liver motion using 3-D ultrasound and a surface based statistical shape model", en: *Proc. of IEEE Workshop on Mathematical Methods in Biomedical Image Analysis – MMBIA*, 145-152, 2001.
- [34] A. Hill, A. Thornham, C. J. Taylor, "Model –Based Interpretation of 3D Medical Images", en: *Proc. of the 4th British Machine Vision Conference*, 339-348, 1993.

- [35] C. Tobon-Gomez, C. Butakoff, S. Aguade, F. Sukno, G. Moragas, A. Frangi, “Automatic Construction of 3D-ASM Intensity Models by Simulating Image Acquisition: Application to Myocardial Gated SPECT Studies”, *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 27: 1655-1667, 2008.
- [36] C. Butakoff, S. Balocco, S. Ordas, and A. F. Frangi, “Simulated 3-D ultrasound LV cardiac images for active shape model training”, en: *Proc. of the SPIE Medical Imaging 2007: Image Processing*, 6512, 2007.
- [37] G. Hamarneh, T. Gustavsoonb, “Deformable spatio-temporal shape models: extending active shape models to 2D + time”, *Image and Vision Computing*, 22: 461-470, 2004.
- [38] T. Kohlberger, D. Cremers, M. Rousson et. Al., “4D Shape Priors for a Level Set Segmentation of the Left Myocardium in SPECT Sequences”, en: *Proc. of the Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention – MICCAI Conference: Lecture Notes in Computer Science*, 4190: 92-100, 2006.
- [39] R. Chandrashekhara, A. Rao, G. I. Sanchez-Ortiz, D. Ruecker, “Construction of a statistical model for cardiac motion analysis using nonrigid image registration”, en: *Proc. of the Information Processing of Medical Imaging – IPMI Conference: Lecture Notes in Computer Science*, 2732: 599-610, 2003.
- [40] E. Debreuve, M. Barlaud, G. Aubert, I. Laurette, J. Darcourt, “Space-time segmentation using level set active contours applied to myocardial gated SPECT”, *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 20: 643–659, 2001.
- [41] J. Montagnat, H. Delingette, "4D deformable models with temporal constraints: application to 4D cardiac image segmentation", *Medical Image Analysis*, 9: 87-100, 2005.

- [42] J. T. Bushberg, A. J. Seiber, E. M. Leidholdt, J. M. Boone, 2nd Edition, “The essential physics of medical imaging”, Lippincott Williams & Wilkins, Philadelphia, 2002.
- [43] R. C. Gonzalez, R. E. Woods, “Digital Image Processing”, 2nd Edition. Prentice Hall, New Jersey, 2002.
- [44] P. Suetens, “Fundamentals of Medical Imaging”, 2nd Edition, Cambridge University Press, New York, 2009.
- [45] G. Dougherty, “Digital Image Processing for Medical Applications”, Cambridge University Press, New York, 2009.
- [46] A. C. Kak, M. Slaney, “Principles of Computerized Tomographic Imaging”, IEEE Press, 1988.
- [47] J. Radon, P. C. Parks, "On the determination of functions from their integral values along certain manifolds" (translator), IEEE Transactions on Medical Imaging: 170–176, 1986.
- [48] N. B. Smith, A. Webb, “Introduction to Medical Imaging Physics, Engineering and Clinical Applications”, Cambridge University Press, New York, 2011.
- [49] R. B. Workman Jr., R. E. Coleman, “PET/CT: Essentials for Clinical Practice”, Springer, New York, 2006.
- [50] T. M. Buzug, “Computed Tomography: From Photon Statistics to Modern Cone-Beam CT”, Springer, Berlin Heidelberg, 2008.
- [51] J. Hirsch, “Computed Tomography: Principles, Design, Artifacts and Recent Advances”, 2nd Edition, SPIE, Washington, 2009.

- [52] N. Otsu, "A threshold selection method from gray-level histograms", IEEE Trans. Sys. Man. Cyber., 9 : 62–66, 1979.
- [53] A. Goshtasby, D. Turner, "Segmentation of cardiac cine MR images for extraction of right and left ventricular chambers", IEEE Transactions on Medical Imaging, 14: 56–64, 1995.
- [54] S. Kaushikkar, D. Li, E. Haale, V. Dávila-Román, "Adaptive blood pool segmentation in three-dimensions: application to MR cardiac evaluation", J. Magn. Reson. Imag., 6: 690–697, 1996.
- [55] J. Weng, A. Singh, M. Chiu, 1997. "Learning-based ventricle detection from cardiac MR and CT images", IEEE Transactions on Medical Imaging, 16: 378–391, 1997.
- [56] A. Rao, D. Gillies, "Vortex Segmentation from Cardiac MR 2D Velocity Images using Region Growing about Vortex Centres", en: Proc. of the International Workshop on Medical Imaging and Augmented Reality, 222-225, 2001.
- [57] M. A Alattar, "Segmentation of left ventricle in cardiac MRI images using adaptive multi-seeded region growing", en: Proc. of the Biomedical Engineering Conference - CIBEC, 25 – 28, 2010.
- [58] G. Waiter, F. McKiddie, T. Redpath, S. Semple, R. Trent, "Determination of normal regional left ventricular function from cine-MR images using a semiautomated edge detection method", Magnetic Resonance Imaging, 17: 99–107, 1999.
- [59] J. Sénégas, C. Cocosco, T. Netsch, "Model-based segmentation of cardiac MRI cine sequences: a bayesian formulation", en: Proc. of the SPIE Medical Imaging Conference, 5370: 432–443, 2004.

- [60] W. Sun, M. Cetin, R. Chan, V. Reddy, G. Holmvang, V. Chandar, A. Willsky, “Segmenting and tracking the left ventricle by learning the dynamics in cardiac images”, en: Proc. of the Information Processing in Medical Imaging Conference - IPMI, 553–565, 2005.
- [61] L. Cordero-Grande, G. Vegas-Sánchez-Ferrero, P. Casaseca-de-la-Higuera, J. Alberto San-Román-Calvar, A. Revilla-Orodea, M. Martín-Fernández, C. Alberola-López, “Unsupervised 4D myocardium segmentation with a Markov Random Field based deformable model”, *Medical Image Analysis*, 15: 283–301, 2011.
- [62] S. Antoine , G. Mireille , B. Dominique , C. Jean-Louis, B. Hervé Le, “A Surface-Volume Matching Process Using a Markov Random Field Model for Cardiac Motion Extraction in MSCT Imaging”, en: Proc. of the Functional Imaging and Modeling of the Heart – FIMH Conference, Lecture Notes in Computer Science, 3504: 946-947, 2005.
- [63] G. Stalidis, N. Maglaveras, S. Efstratiadis, A. Dimitriadis, C. Pappas, “Model based processing scheme for quantitative 4-D cardiac MRI analysis”, *IEEE Trans. Inf. Technol. Biomed.*, 6: 59–72, 2002.
- [64] D. P. Banh, I. S. Kyprianou, S. Paquerault, K. J. Myers, "Morphology-based three-dimensional segmentation of coronary artery tree from CTA scans", en: Proc. of SPIE Medical Imaging: Image Processing, 6512, 2007.
- [65] M. Lorenzo-Valdés, G. I. Sanchez-Ortiz, R. Mohiaddin, D. Rueckert, “Atlas-based segmentation and tracking of 3D cardiac MR images using non-rigid registration”, en: Proc. of the Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention – MICCAI Conference, 642–650, 2002.
- [66] A. C. Guyton, J. E. Hall, “Tratado de Fisiología Médica”, 10^a edición, Mc Graw Hill Interamericana, 2000.

[67] I. L. Dryden, K. V. Mardia, “Statistical Shape Analysis”, John Wiley & Sons, New York, 1998.

[68] R. Davies, C. Twining, C. Taylor, “Statistical Models of Shape - Optimisation and Evaluation”, Springer, London, 2008.

[69] J. G. Murphy, M. A. Lloyd, “Mayo Clinic Cardiology”, 3th edition, Mayo Clinic Scientific Press, 2007.

[70] Wikipedia la enciclopedia libre, “Corazón”, en: <http://es.wikipedia.org/wiki/Corazón>.

[71] O. Ecabert, J. Peters, H. Schramm, C. Lorenz, J. V. Berg, M. J. Walker, M. Vembar, M. E. Olszewski, K. Subramanyan, G. Lavi, J. Weese, “Automatic Model-Based Segmentation of the Heart in CT Images”, IEEE Transactions on Medical Imaging, 27: 1189-1201, 2008.

[72] Web personal del Doctor Garrido, “Curso de Electrocardiograma”, en: <http://www.galeon.com/medicinadeportiva/CURSOECG1.htm>.