



UNIVERSITAT  
POLITÈCNICA  
DE VALÈNCIA



ESCUELA TÉCNICA  
SUPERIOR INGENIEROS  
INDUSTRIALES VALENCIA

**TRABAJO FIN DE GRADO EN INGENIERÍA BIOMÉDICA**

# **ANÁLISIS DE IMÁGENES DE TOMOGRAFÍA AXIAL COMPUTERIZADA CARDÍACA PARA LA SEGMENTACIÓN AUTOMÁTICA DE GRANDES TRABÉCULAS**

AUTOR: CARLOS ROBERTO VELERT

TUTOR: DR. JOSÉ MARÍA FERRERO DE LOMA-OSORIO

COTUTORES: DR. RAFAEL SEBASTIÁN AGUILAR  
ALEJANDRO DANIEL LÓPEZ PÉREZ

**Curso Académico: 2015-16**



## Agradecimientos

A mi tutor, Chema, por su atención y preocupación, por demostrarme que cuando disfrutas con lo que haces todo sale mucho mejor, y que no hay mayor premio que la satisfacción de uno mismo sabiendo que estás ayudando a alguien con tu trabajo. Gracias por demostrarme que hay profesores y profesores.

A Rafa, cotutor, por sus consejos y sus explicaciones. Gracias por mejorar mi visión espacial y ayudarme a ver los datos como volúmenes.

A mis padres, por hacer posible toda experiencia en mi vida y haberme guiado hasta aquí.

A mis amigos, por servirme de apoyo y respiro en este duro viaje.

Y sobre todo a Alejandro, por tutorizarme y ayudarme desde el principio de este trabajo. Sin él no habría sido capaz de aprender tanto sobre segmentación, Matlab®, anatomía cardíaca y modelos tridimensionales. Gracias por enseñarme y por la paciencia que has tenido.



## Resumen

El trabajo de fin de grado propuesto es un análisis de técnicas de procesado de imagen para segmentación de estructuras cardiacas a partir de imágenes de tomografía axial computarizada (TAC). Estas estructuras son importantes para construir un modelo tridimensional de corazón humano apto para ser utilizado en simulación computacional de electrofisiología, con el fin de detectar y analizar patologías tales como arritmias. Las imágenes de TAC poseen una resolución adecuada que permite la segmentación automática de los contornos del corazón (endocardio y epicardio).

Sin embargo, las trabéculas y los músculos papilares, subestructuras superficiales dentro de los ventrículos derecho e izquierdo, son más difíciles de segmentar de manera automática. El problema fundamental es su tamaño, relativamente pequeño, y que las secciones axiales de las trabéculas que se obtienen en las imágenes de TAC no tienen continuidad con la pared cardiaca al tratarse de estructuras "aéreas".

En este trabajo se han programado diversos métodos de segmentación para el software Matlab® con el fin de evaluar la segmentación automática de dichas subestructuras ventriculares (trabéculas y músculos papilares) a partir de imágenes de TAC. Con ello se pretende realizar una comparativa de estos métodos para determinar cuál de ellos proporciona un resultado más preciso.

Para ello será necesario en primer lugar obtener las segmentaciones de los endocardios lisos (sin papilares ni trabéculas), con el fin de delimitar la región de interés y simplificar el procedimiento. A continuación, se aplicarán dichos algoritmos de segmentación. Posteriormente, se realizarán las segmentaciones manuales de trabéculas y músculos papilares para finalmente comparar ambas segmentaciones cuantitativamente.

Se han empleado un total de 5 volúmenes de TAC, obtenidos de la web de OsiriX, la cual permite la descarga libre de imágenes médicas en formato DICOM, ya sean imágenes de resonancia magnética (IRM, MRI en inglés) o de TAC. Para estos 5 volúmenes se han empleado y comparado un total de 6 algoritmos de segmentación: Otsu, iterativo basado en la media, K-means, Watershed, Snakes y detección de bordes.

Los mejores resultados se han obtenido con la utilización del algoritmo K-means en el ventrículo izquierdo, obteniéndose resultados poco precisos para el ventrículo derecho, tanto para el K-means como para el resto de algoritmos.

Para evaluar los resultados se ha empleado el índice DICE, que mide como de similares son dos segmentaciones en un rango de 0 a 1, siendo 1 el valor que indica una segmentación perfecta.

Mediante la implementación de estos algoritmos se busca que resulte posible generar de manera automática corazones virtuales con endocardios ventriculares anatómicamente detallados, correspondientes a pacientes específicos y que se utilizarán para simulación de procesos de electrofisiología cardíaca a nivel de órgano completo, tales como la taquicardia o la fibrilación ventricular entre otros.

**Palabras clave:** imagen médica, tomografía axial computarizada, segmentación, tratamiento de imagen, simulación computacional, corazón humano, arritmia.



## Resum

El treball de fi de grau proposat és una anàlisi de tècniques de processat d'imatge per segmentació d'estructures cardíques a partir d'imatges de tomografia axial computeritzada (TAC). Aquestes estructures són importants per construir un model tridimensional de cor humà apte per ser utilitzat en simulació computacional d'electrofisiologia, per tal de detectar i analitzar patologies com ara arítmies. Les imatges de TAC posseeixen una resolució adequada que permet la segmentació automàtica dels contorns del cor (endocardi i epicardi).

No obstant això, les trabècules i els músculs papil·lars, subestructures superficials dins dels ventricles dret i esquerre, són més difícils de segmentar de manera automàtica. El problema fonamental és la seva mida, relativament petit, i que les seccions axials de les trabècules que s'obtenen en les imatges de TAC no tenen continuïtat amb la paret cardíaca al tractar-se d'estructures "aèries".

En el present treball fi de grau es desenvoluparan una sèrie de codis basats en el programa Matlab® orientat a la segmentació automàtica d'aquestes subestructures miocàrdiques ventriculars (trabècules i músculs papil·lars) a partir d'imatges de TAC. Amb això es pretén realitzar una comparativa d'aquests diferents mètodes de segmentació per determinar quin d'ells és més precís.

Per a això serà necessari en primer lloc obtenir les segmentacions dels endocards llisos, a les quals s'aplicaran aquests algorismes de segmentació. Posteriorment es realitzaran les segmentacions manuals de trabècules i músculs papil·lars per finalment comparar les dues segmentacions mitjançant mètodes quantitius.

Han sigut empleats un total de 5 volums de TAC, obtinguts del web de OsiriX, la qual permet la descàrrega lliure d'imatges mèdiques en format DICOM, ja siguin imatges de ressonància magnètica (IRM, MRI en anglès) o de TAC. Per aquests 5 volums s'han utilitzat i comparat un total de 6 algorismes de segmentació: Otsu, iteratiu basat en la mitjana, K-means, Watershed, Snakes i detecció de vores.

Els millors resultats s'han obtingut amb la utilització de l'algoritme K-means al ventricle esquerre, obtenint resultats poc precisos per al ventricle dret, tant per al K-means com per a la resta d'algorismes.

Per avaluar els resultats s'ha emprat l'índex DICE, que mesura com de similars són dos segmentacions en un rang de 0 a 1, sent 1 el valor que indica una segmentació perfecta.

Mitjançant la implementació d'aquests algorismes es busca que resulte possible generar de manera automàtica cors virtuals amb endocards ventriculars anatòmicament detallats, corresponents a pacients específics i que s'utilitzaran per simulació de processos de electrofisiologia cardíaca a nivell d'òrgan complet, com ara la taquicàrdia o la fibril·lació ventricular entre d'altres.

**Paraules clau:** imatge mèdica, tomografia axial computeritzada, segmentació, tractament d'imatge, simulació computacional, cor humà, arítmia.



## Abstract

The Final Project proposed is an analysis of image processing techniques for segmentation of cardiac imaging from computerized tomography (CT) structures. These structures are important to build a three dimensional model suitable for use in electrophysiology computer simulation, in order to detect and analyze conditions such as arrhythmias human heart. The CT images have an appropriate resolution that allows automatic segmentation of the contours of the heart (endocardial and epicardial).

However, the trabeculae and papillary muscles, which are superficial or free movement substructures within the right and left ventricles, are harder to be automatically segmented due to its relatively small size and the fact that the sections of them that appear in each CT slice can be not attached to the heart wall as they are "air" structures.

In this Final Project a variety of codes based on Matlab® program and aimed at the automatic segmentation of those ventricular substructures (trabeculae and papillary muscles) from CT images are developed. The goal is to compare these segmentation methods to determine which of them provides a more accurate result.

First, the segmentation of smooth endocardial surfaces (without papillary muscles and trabeculations) must be obtained as a previous step before applying the tested segmentation methods. Later, manual segmentation of trabeculae and papillary muscles will be performed in order to compare both segmentations by means of quantitative methods.

Have been used a total of 5 volumes of TAC, obtained from the OsiriX website, which allows free download of medical images in DICOM format, whether magnetic resonance imaging (MRI, MRI) or TAC. For these 5 volumes have been used and compared a total of 6 segmentation algorithms: Otsu, iterative based on an average, K-means, Watershed, Snakes and edge detection.

The best results have been obtained by using K-means algorithm in the left ventricle, yielding inaccurate results for the right ventricle, both the K-means as for the other algorithms.

To evaluate the results we used the DICE index, which measures how similar are two segmentations in a range of 0 to 1, with 1 being the value indicating a perfect segmentation.

By implementing these algorithms it seeks to make it possible to automatically generate virtual hearts with anatomically detailed ventricular endocardios corresponding to specific patients and to be used for process simulation of cardiac electrophysiology at the level of whole organ, such as tachycardia or ventricular fibrillation among others.

**Keywords:** medical imaging, computed tomography, segmentation, image processing, computer simulation, human heart, arrhythmia.



## Lista de abreviaturas

<b>3D</b>	Tres dimensiones o tridimensional
<b>AD</b>	Aurícula derecha
<b>AI</b>	Aurícula izquierda
<b>DE-MRI</b>	Delayed Enhancement – Magnetic Resonance Imaging
<b>DICOM</b>	Digital Imaging and Communication in Medicine
<b>DT-MRI</b>	Diffusion Tensor – Magnetic Resonance Imaging
<b>GL<sub>max</sub></b>	Gray Level maximum
<b>GL<sub>min</sub></b>	Gray Level minimum
<b>MHz</b>	Megahercio
<b>MRI</b>	Magnetic Resonance Imaging
<b>PET</b>	Positron Emission Tomography
<b>ROI</b>	Region of Interest
<b>TAC</b>	Tomografía axial computarizada
<b>VD</b>	Ventrículo derecho
<b>VI</b>	Ventrículo izquierdo

## Documentos contenidos en el TFG

- MEMORIA
- PRESUPUESTO





UNIVERSITAT  
POLITÈCNICA  
DE VALÈNCIA



ESCUELA TÉCNICA  
SUPERIOR INGENIEROS  
INDUSTRIALES VALENCIA

# MEMORIA

---



# Índice de la Memoria

<b>1. Introducción</b> .....	<b>9</b>
1.1. Justificación y Motivación.....	9
1.1.1. Justificación .....	9
1.1.2 Motivación .....	10
1.2. Segmentación .....	10
<b>2. Estado del Arte</b> .....	<b>15</b>
2.1. El corazón.....	15
2.1.1. Anatomía cardíaca .....	15
2.1.2. Trabéculas y músculos papilares .....	16
2.2. Modalidades de Imagen Médica .....	18
2.2.1. Ultrasonidos .....	19
2.2.2. Resonancia Magnética .....	20
2.2.3. Tomografía Axial Computarizada .....	22
2.2.3.1 Planos cardíacos .....	23
2.3. Segmentación basada en Modelos .....	24
2.3.1. Modelos Deformables .....	25
2.3.2. Atlas cardíacos.....	25
2.3.3. Modelos Estadísticos .....	26
2.4. Segmentación basada en la Imagen.....	27
2.4.1. Método de Otsu .....	28
2.4.2. Método iterativo basado en la media .....	29
2.4.3. K-means .....	30
2.4.4. Contornos activos (Snakes) .....	32
2.4.5. Watershed.....	34
2.4.6. Detección de bordes .....	37
<b>3. Objetivos</b> .....	<b>39</b>
<b>4. Diseño e implementación</b> .....	<b>39</b>
4.1 Software de segmentación .....	39
4.1.1. Matlab® .....	39
4.1.2. Seg3D® .....	40
4.1.3. Paraview® .....	41
4.1.4. Gimias .....	42
4.2. Segmentación de la Anatomía Cardíaca .....	43

4.2.1. Pre-procesado de las imágenes de TAC .....	44
4.2.2. Segmentación de Endocardios lisos .....	45
4.2.3. Segmentación de Trabéculas y Papilares.....	52
<b>5. Resultados y pruebas .....</b>	<b>55</b>
5.1. Método de Otsu .....	55
5.2. Método iterativo basado en la media .....	57
5.3. K-means.....	58
5.4. Watershed .....	61
5.5. Detección de bordes.....	62
5.6. Contornos activos (Snakes).....	63
5.7. Comparativa general .....	64
<b>6. Conclusiones .....</b>	<b>67</b>
<b>7. Líneas futuras .....</b>	<b>68</b>
<b>8. Anexos.....</b>	<b>69</b>
8.1. Anexo 1. Códigos de segmentación .....	69
8.2. Anexo 2. Requisitos hardware y software .....	69
<b>9. Bibliografía .....</b>	<b>70</b>

# Índice de Figuras

<b>Figura 1.1:</b> Histograma ideal para la segmentación en dos zonas, objeto y fondo.....	12
<b>Figura 1.2:</b> Ejemplo de histograma complejo.....	12
<b>Figura 1.3:</b> Ejemplo de imagen umbralizada combinada con un detector de bordes.....	13
<b>Figura 1.4:</b> Ejemplo visual del funcionamiento de los algoritmos basados en la técnica de Region Growing.....	14
<b>Figura 3.1:</b> Estructura interna de un corazón humano.....	15
<b>Figura 3.2:</b> Estructura anatómica detallada del VD .....	17
<b>Figura 3.3:</b> Estructura anatómica detallada del VI. ....	18
<b>Figura 3.4:</b> Ejemplo de Ecocardiografía donde se pueden observar las 4 cámaras cardíacas.. .....	20
<b>Figura 3.5:</b> Comparación de la visualización en el eje axial entre una imagen de MRI y una de TAC ...	22
<b>Figura 3.6:</b> Imágenes obtenidas mediante un TAC multidetector de 64 cortes.....	23
<b>Figura 3.7:</b> Imagen de MRI vista en los tres planos cardíacos: a) eje corto cardíaco, b) eje largo cardíaco y c) plano de cuatro cámaras.....	24
<b>Figura 3.8:</b> Mallas de superficie de un modelo deformable creado a partir de MRI cardíaca para segmentación de ventrículos sobre imágenes de ecocardiografía .....	25
<b>Figura 3.9:</b> Atlas de ventrículos construido a partir de imágenes de MRI cardíaca .....	26
<b>Figura 3.10:</b> Resultado de segmentación empleando el método de Otsu en Matlab® .....	29
<b>Figura 3.11:</b> Resultado de segmentación empleando el método iterativo basado en la media en Matlab® .....	30
<b>Figura 3.12:</b> Ejemplo de funcionamiento del K-means con datos aleatorios y una K=2. ....	31

<b>Figura 3.13:</b> Funcionamiento del algoritmo de contornos activos o Snakes. ....	34
<b>Figura 3.14:</b> Representación de las líneas de cresta en el algoritmo Watershed. ....	35
<b>Figura 3.15:</b> Proceso de inundación del Watershed.....	36
<b>Figura 3.16:</b> Resultado de aplicar el algoritmo Watershed a una imagen de gris sin pre-procesado. Se observa el fenómeno de sobresegmentación. ....	36
<b>Figura 3.17:</b> Máscara utilizada por los métodos de Prewitt y Sobel para detectar bordes. ....	37
<b>Figura 3.18:</b> Máscara utilizada por el método de Roberts para detectar bordes. ....	38
<b>Figura 3.19:</b> Resultado de segmentar en Matlab® una imagen con cada uno de los métodos estudiados de detección de bordes. ....	38
<b>Figura 4.1:</b> Ventana principal de trabajo en Matlab®.....	38
<b>Figura 4.2:</b> Interfaz de Paraview.....	38
<b>Figura 4.3:</b> Ventanas principales de trabajo en Gimias... ..	38
<b>Figura 4.4:</b> Rotación de ejes en Gimias. ....	38
<b>Figura 4.5:</b> Vista correspondiente al plano de dos cámaras del corte 188 del TAC Toutatix.....	46
<b>Figura 4.6:</b> Resultado del algoritmo Level Set para segmentar trabéculas y papilares de manera automática en el VI. ....	47
<b>Figura 4.7:</b> Proceso de crecimiento de la semilla en el Level Set para el VI. ....	48
<b>Figura 4.8:</b> Resultados de la segmentación automática y posterior arreglo manual del endocardio del VI sobre las imágenes del TAC Toutatix. Cortes a diferentes niveles del ventrículo .....	49
<b>Figura 4.9:</b> Resultados de la segmentación automática del Level Set para el VD en el corte 135 del TAC Toutatix.. ..	50

<b>Figura 4.10:</b> Resultados de la segmentación automática y posterior arreglo manual del endocardio del VD. Cortes a diferentes niveles del ventrículo.....	51
<b>Figura 4.11:</b> Resultado final para la obtención de la ROI de los ventrículos.....	52
<b>Figura 4.12:</b> Resultado final para la obtención de la ROI de las trabéculas y papilares del VI.....	53
<b>Figura 4.13:</b> Resultado final para la obtención de la ROI de las trabéculas y papilares del VD.. .....	54
<b>Figura 5.1:</b> Resultado en Matlab® de la segmentación del corte 100 del TAC Goudurix utilizando el algoritmo de Otsu.....	56
<b>Figura 5.2:</b> Visualización en Paraview® de los resultados del algoritmo de Otsu .....	56
<b>Figura 5.3:</b> Resultado en Matlab® de la segmentación del corte 100 de la ROI del VI del TAC Toutatix utilizando el algoritmo iterativo basado en la media .....	57
<b>Figura 5.4:</b> Visualización en Paraview® de los resultados del algoritmo iterativo basado en la media .....	58
<b>Figura 5.5:</b> Resultado en Matlab® de la segmentación del corte 100 de la ROI del VI del TAC Toutatix utilizando el algoritmo K-means con una K=3. ....	60
<b>Figura 5.6:</b> Visualización en Paraview® de los resultados del algoritmo K-means con una K=3 .....	60
<b>Figura 5.7:</b> Resultado de la segmentación para el corte 200 de uno de los TACs (Toutatix) utilizados, empleando el algoritmo Watershed.....	61
<b>Figura 5.8:</b> Resultado de la segmentación para el caso anterior eliminando la sobresegmentación ..	62
<b>Figura 5.9:</b> Resultado de la segmentación del corte 200 de la ROI de ambos ventrículos del TAC Toutatix usando el algoritmo de detección de bordes mediante el método de Sobel. ....	63
<b>Figura 5.10:</b> Resultado en Matlab® de la segmentación del corte 100 de la ROI del VI del TAC Toutatix utilizando el algoritmo de contornos activos .....	64
<b>Figura 5.11:</b> Visualización en Paraview® de los resultados del algoritmo Snakes.....	64

# Índice de Tablas

<b>Tabla 1:</b> Características de cada TAC utilizado. ....	43
<b>Tabla 2:</b> Valores obtenidos del DICE con el algoritmo K-means para cada ventrículo. ....	59
<b>Tabla 3:</b> Valores obtenidos del DICE con el algoritmo K-means para ambos ventrículos. ....	59
<b>Tabla 4:</b> Comparación de DICE obtenido para el VI con los distintos algoritmos utilizados. ....	65
<b>Tabla 5:</b> Comparación de DICE obtenido para el VD con los distintos algoritmos utilizados. ....	65
<b>Tabla 6:</b> Comparación de DICE obtenido para ambos ventrículos con los distintos algoritmos utilizados. ....	65

# 1. Introducción

## 1.1. Justificación y Motivación

### 1.1.1. Justificación

Las enfermedades cardiovasculares son una serie de patologías cardíacas y de los vasos sanguíneos que ocupan el primer puesto en causas de defunción en el mundo. En el caso concreto de España, el 80% de los accidentes cardiovasculares se pueden prevenir. En nuestro país estas enfermedades producen más de 125.000 muertes y más de 5 millones de ingresos hospitalarios, lo que conlleva un elevado gasto sanitario (Who.int, 2016).

Para determinar si el sistema eléctrico cardíaco está funcionando correctamente y detectar latidos anormales o arritmias, se realiza lo que se conoce como estudio electrofisiológico intracardíaco, en el cual se colocan electrodos en el corazón para medir el impulso eléctrico. Pero esta práctica es muy invasiva, por lo que se necesita de alguna herramienta que permita realizar este estudio sin necesidad de intervenir al paciente, y es en este contexto en el que nacen los modelos cardíacos.

Pero la construcción de estos modelos, que se basan en imagen médica, requiere que esas imágenes sean previamente segmentadas para obtener la anatomía del corazón, tarea compleja de automatizar en el caso de imágenes *in-vivo*. Estos problemas asociados con la segmentación cardíaca hicieron que, a principios de los años 2000 comenzaran a realizarse y a aparecer modelos cardíacos 3D con el fin de facilitar la segmentación de la anatomía cardíaca sobre las distintas imágenes médicas (TAC y MRI). Es así como surgió la conocida como segmentación basada en modelo. No obstante, todos esos modelos necesitan una precisión elevada para ser considerados válidos, ya que un modelo que no se asemeje suficientemente al corazón del cual se ha extrapolado no sería útil.

Existen muchos factores intrínsecos a la propia anatomía cardíaca que conllevan un elevado grado de complejidad y variabilidad en el proceso de segmentación. Por ejemplo, la segmentación del epicardio del ventrículo derecho es complicada debido al fino grosor de las paredes, y es más complicada incluso en las aurículas. Incluso se complica más debido a que las zonas adyacentes al epicardio presentan un bajo contraste en comparación a este, es decir, no se diferencia con facilidad en cuanto a intensidad se refiere, tanto en imágenes de TAC como de MRI. Por lo que respecta a los endocardios, su detección se ve dificultada por su complejidad y sobre todo por la variabilidad inter-sujeto de su anatomía, es decir, varía en función del paciente. Esto se debe precisamente a la existencia de los músculos papilares y trabéculas, estructuras musculosas situadas en los endocardios ventriculares.

Todo ello conlleva que los típicos algoritmos de segmentación y procesado de imagen como pueden ser la umbralización, detección de bordes, contornos activos (Snakes), Region growing..., no sean capaces de detectar de manera correcta las estructuras cardíacas. Y es por esto que se convierte en necesario realizar un elevado ajuste manual para corregir las segmentaciones con el fin de obtener resultados aceptables, lo cual conlleva una gran cantidad de tiempo además de ser una tarea pesada.

Es aquí en este contexto donde se sitúa este trabajo final de grado, con la motivación y la justificación de crear un modelo cardíaco preciso. Y para ello es necesario añadir al modelo la existencia de trabéculas y músculos papilares. La importancia de estos músculos reside en que sirven de área de propagación para el impulso eléctrico, por lo que no circulará igual en un modelo de endocardios lisos

(con ausencia de trabéculas y papilares) que en un modelo donde se han añadido trabéculas y papilares, siendo este último mucho más preciso. Por ello se realizará una comparativa con distintos algoritmos de segmentación para determinar cuál de ellos es más preciso y ofrece mejores resultados a la hora de segmentar trabéculas y papilares.

Por tanto, el trabajo fin de grado propuesto se enmarca dentro de las técnicas de obtención de un modelo tridimensional de corazón humano apto para ser utilizado en simulación computacional de los procesos electrofisiológicos cardíacos, con el fin de detectar y analizar patologías tales como arritmias.

### **1.1.2 Motivación**

La realización de estudios y/o experimentos *in-vivo* muchas veces resulta complicada, peligrosa o incluso inviable. En cambio, la experimentación mediante simulación computacional cardíaca no presenta tales limitaciones. Además, la simulación ofrece un marco de experimentación más manejable y controlable en el que todos los parámetros están bajo el control del simulador.

Gracias a los modelos cardíacos es posible realizar estas simulaciones computacionales cardíacas, por lo que se considera que estos modelos son una potente herramienta para el estudio y análisis del comportamiento y funcionamiento cardíaco. Además, la anatomía cardíaca influye de manera significativa en estos dos factores, por lo que es necesario que los modelos tridimensionales utilizados representen la anatomía cardíaca de forma realista y detallada.

Muchos de los aparatos de TAC utilizados en la actualidad permiten una precisa segmentación automática de los endocardios lisos gracias a algoritmos de segmentación basada en modelos que forman parte de su propio software de post-procesado. No obstante, debido a la elevada variabilidad inter-sujeto que introducen las trabéculas y músculos papilares cardíacos, estos algoritmos y los equipos que los usan no son capaces de segmentar automáticamente estas estructuras e incluirlas como parte de la superficie endocárdica de los ventrículos.

Esa limitación de los algoritmos es la que constituye el motivo que impulsa este trabajo, orientado a probar diferentes algoritmos clásicos de procesamiento de imagen con el fin de agregar los papilares y trabéculas a los endocardios lisos que ya han sido previamente segmentados.

## **1.2. Segmentación**

La segmentación en procesamiento de imagen se define como el proceso de división de una imagen en distintos objetos o regiones mediante la delimitación de los contornos de los mismos. Los objetos o regiones se representan por zonas homogéneas que cumplen un mismo atributo como el color, nivel de gris o textura. En imágenes *in-vivo*, como las que se han utilizado en este trabajo final de grado, el nivel de gris viene determinado por el coeficiente de absorción de rayos X de los tejidos biológicos y la resolución de los escáneres de TAC.

La segmentación se vuelve más complicada con imágenes de naturaleza compleja, con muchos objetos para ser segmentados, zonas no homogéneas, ruido, texturas complejas... Los casos de este trabajo muestran muchos de estos factores, y es ahí donde reside su dificultad e importancia. En imágenes no

tan complejas y con condiciones favorables como un fondo homogéneo bastaría con una segmentación basada en el histograma para obtener buenos resultados. Pero dado que no existe un método que tenga un buen funcionamiento para todo tipo de imágenes, se selecciona el método de segmentación en función de la aplicación.

Cuanto más complejo es un algoritmo más compleja es a su vez la implementación de éste, y no por ello han de ser mejores los resultados obtenidos en comparación con un algoritmo más simple. Es preferible utilizar algoritmos simples que obtengan unos buenos resultados que utilizar algoritmos más complejos que sean un poco mejores o que apenas mejoren los resultados. Además, no es factible construir un algoritmo que funcione bien en todos los casos. Si se mejora un algoritmo mucho para conseguir los resultados más precisos en por ejemplo segmentación de imágenes de TAC, ese algoritmo se convierte en específico y pierde en gran medida su posible uso por ejemplo para imágenes de MRI, o si se especifica mucho un algoritmo dedicado a imágenes cardíacas, será poco viable que ese algoritmo funcione de manera correcta para imágenes cerebrales por ejemplo. Funcionará muy bien para su aplicación concreta pero muy mal para el resto.

Existen infinidad de algoritmos concretos de segmentación, basados a su vez en diferentes técnicas y métodos de segmentación. Es por ello que en este trabajo únicamente se explicarán en profundidad aquellos algoritmos escogidos para realizar la comparativa de segmentación de trabéculas y papilares en imágenes de TAC. No obstante se comentará primero de manera general las técnicas básicas de segmentación y los tipos de algoritmos existentes. Además es importante recordar que el objetivo del trabajo era tratar con algoritmos sencillos que no necesitaran de un elevado número de entradas o de intervención manual por parte del usuario, para hacer la segmentación lo más automática posible. De esta forma, se explicarán tanto los algoritmos elegidos para la comparativa como aquellos que hayan sido necesarios para algún tipo de procesamiento previo o se haya utilizado en algún momento.

Los métodos de segmentación de imágenes se pueden clasificar en automáticos y semiautomáticos. En los métodos automáticos no es necesaria la intervención del usuario para realizar la tarea de segmentación, mientras que en los semiautomáticos se necesita de una parametrización por parte del usuario para guiar la segmentación de forma correcta. Puede ser que haga falta introducir unos determinados parámetros, que se necesite un refinado, que se haya de delimitar la segmentación a determinada zona, etc. Por otra parte, también existe la segmentación manual, la cual requiere el mayor grado de interacción del usuario ya que es éste el que delinea los contornos de los objetos o regiones de manera manual.

Además, atendiendo a su funcionamiento intrínseco, los algoritmos de segmentación también pueden ser clasificados en métodos basados en el punto o elemento, basados en regiones o basados en bordes. Los basados en el punto o elemento únicamente utilizan el valor individual de cada píxel para realizar su segmentación, mientras que los basados en regiones tienen en cuenta los valores de los píxeles vecinos a la hora de determinar si ese elemento pertenece a un objeto o no. En cambio, los métodos de detección de bordes se basan en los gradientes para extraer los bordes de una imagen.

Una de las principales técnicas de segmentación aplicables a imágenes en escala de grises es la umbralización. Se trata de un método basado en el punto en el cual se busca un umbral óptimo para poder diferenciar los objetos del fondo en una imagen. Los píxeles que superen el umbral serán considerados objeto y el resto fondo, o viceversa según el objetivo del usuario. La mayoría de técnicas

de umbralización se basan en la información aportada por el histograma de la imagen (gráfico que registra la probabilidad de aparición de cada nivel de gris de la imagen) para encontrar ese umbral, sobre todo si los objetos son homogéneos y el fondo uniforme. Pero el problema está en encontrar el valor del umbral de manera que sea adecuado para la segmentación. Si se obtiene un histograma como el de la Figura 1.1, la separación se puede realizar correctamente, ya que el umbral será el valor donde aparece ese valle, dejando claramente dos picos diferenciados.

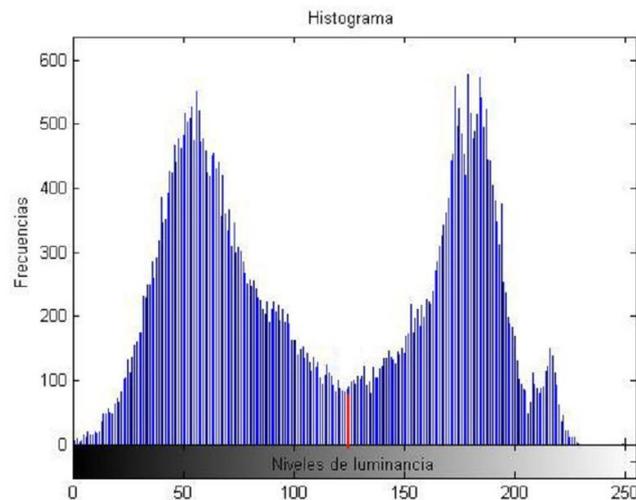


Figura 1.1: Histograma ideal para la segmentación en dos zonas, objeto y fondo. En rojo el valor que correspondería al umbral óptimo para esa segmentación. Fuente: Cattaneo y otros (2011).

Pero en la mayoría de los casos la complejidad de los histogramas hace más difícil encontrar gráficamente ese valor, ya que no tienen esa separación de regiones tan marcada. El histograma de la Figura 1.2 es una muestra de estos casos.

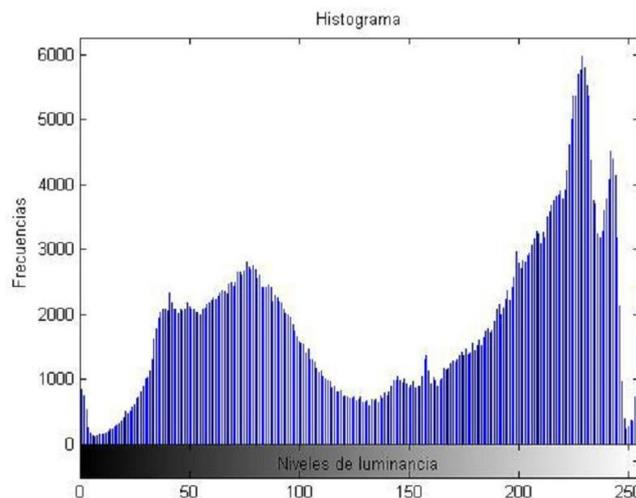


Figura 1.2: Ejemplo de histograma complejo, en el cual no es sencillo encontrar un umbral óptimo para la correcta segmentación. Fuente: Cattaneo y otros (2011).

Así pues, no existe un método de umbralización general que se aplique correctamente a todas las imágenes, si no que el método a emplear depende de la imagen, necesidades de precisión, coste computacional estimado... No obstante, existen muchas técnicas de umbralización y sobre todo de

clasificación de éstas. La clasificación que se muestra a continuación fue propuesta por los autores Sezgin y Sankur (2004):

-Métodos basados en la forma del histograma: Tienen en cuenta las características del histograma para actuar, sus picos, sus valles, su curvatura. El caso comentado anteriormente es un ejemplo de ello.

-Métodos basados en la clusterización: Modelan el histograma como una superposición de funciones gaussianas, y los datos se reducen al estudio de dos regiones, fondo y objeto, correspondientes a los lóbulos del histograma.

-Métodos basados en la entropía: Utilizan la entropía de los niveles de gris para obtener el umbral de la imagen. Este valor óptimo de umbral se corresponde con el de máxima entropía, que se interpreta como el punto de mayor información.

-Métodos basados en los atributos de la imagen: Se basan en técnicas que seleccionan el umbral según unos atributos de semejanza entre la imagen binarizada (en blanco y negro) y la original (escala de grises). Atributos como bordes, formas, textura, conectividad, momentos de nivel de gris...

-Métodos basados en información espacial: Estos métodos no utilizan el valor de gris de cada píxel como los anteriores, si no que usan la información espacial de cada píxel. Por ejemplo niveles de gris de sus vecinos, funciones de correlación y coocurrencia...

-Métodos basados en características locales: Varían el umbral para cada píxel según las características locales de la imagen. Características como rango, varianza o parámetros de superficie. Es decir, en estos casos no se obtendrá un umbral, si no uno para cada píxel.

Otra de las técnicas de segmentación principales es la detección de bordes. Consiste básicamente en detectar zonas donde los niveles de intensidad de la imagen cambian de manera brusca, es decir donde existe un elevado gradiente de intensidad de gris, característica que normalmente se corresponde con la presencia de un borde en la imagen. En imágenes médicas la combinación de detección de bordes con la umbralización es de mucha utilidad y proporciona buenos resultados como se puede apreciar en la Figura 1.3

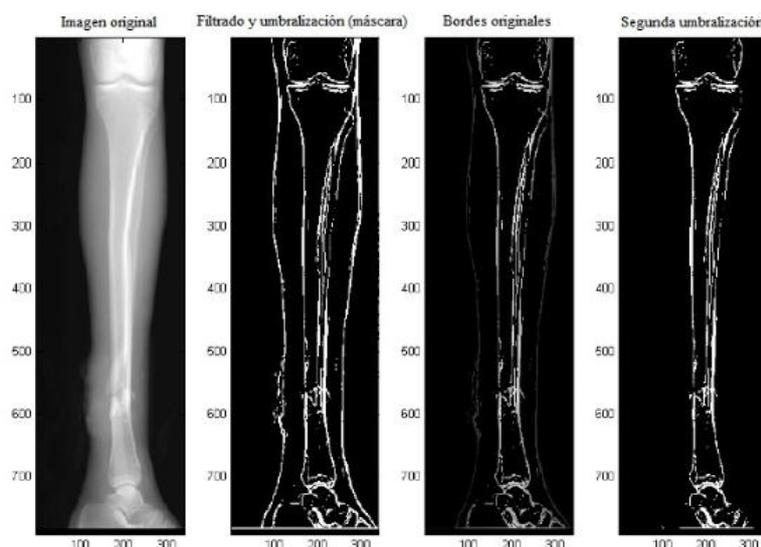


Figura 1.3: Ejemplo de imagen umbralizada combinada con un detector de bordes. Fuente: <http://www.dip.ee.uct.ac.za/~klkmay001/>

Por último, un tercer gran grupo de técnicas de segmentación son las llamadas técnicas de crecimiento de regiones (Region growing). El Region growing es una técnica basada en regiones para la segmentación de imágenes en la que los píxeles de la imagen se agregan a un conjunto de regiones semillas establecidas por el usuario. Es decir, se seleccionan una o varias zonas (pueden ser un píxel o un conjunto de ellos) iniciales llamadas semillas, y se va comprobando si los vecinos de cada zona cumplen con las características de la región, en cuyo caso son incluidos dentro de la zona y pasan a ser nuevos puntos semillas, de forma que la región va creciendo. En procesamiento de imágenes tridimensionales se usa una conectividad de 6, 8 o 26 elementos, mientras que en bidimensionales se usa de 4 u 8. La región sigue creciendo de forma iterativa hasta que ningún píxel o vóxel vecino cumple con las características de la región. En la Figura 1.4 se puede observar un esquema de este procedimiento. El crecimiento de regiones puede usarse en algunas aplicaciones de imagen médica bajo la suposición de que los píxeles que pertenecen a un mismo órgano o tejido tienen características similares.

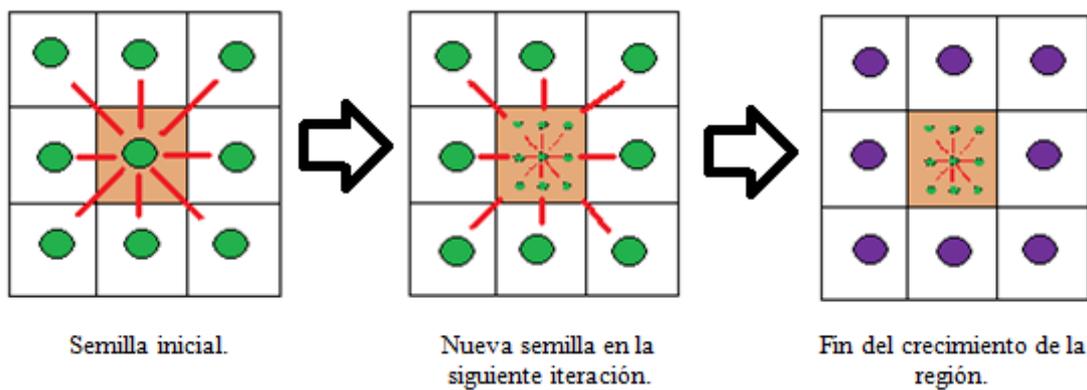


Figura 1.4: Ejemplo visual del funcionamiento de los algoritmos basados en la técnica de Region Growing.  
Fuente: [http://turing.iimas.unam.mx/~vinculacionBioMed/progrma/individual/Platicas/algorithmo\\_deteccion\\_digital.pdf](http://turing.iimas.unam.mx/~vinculacionBioMed/progrma/individual/Platicas/algorithmo_deteccion_digital.pdf)

## 2. Estado del Arte

### 2.1. El corazón

#### 2.1.1. Anatomía cardíaca

El corazón es un órgano formado principalmente por tejido muscular llamado miocardio, es el órgano más importante del sistema circulatorio y su función es bombear la sangre para que llegue a todo el organismo. Básicamente está formado por 4 cavidades: Aurícula izquierda (AI), Aurícula Derecha (AD), Ventrículo Izquierdo (VI) y Ventrículo Derecho (VD). La superficie interna de estas cavidades se denomina endocardio, mientras que la parte externa recibe el nombre de epicardio.

Las aurículas se sitúan en la parte superior del corazón y los ventrículos en la parte inferior del mismo. Cada aurícula se conecta a su correspondiente ventrículo a través de una válvula, que se encarga de permitir el paso de la sangre desde la aurícula al ventrículo y únicamente en ese sentido (unidireccional). La AI se conecta al VI mediante la válvula mitral, y la AD al VD a través de la válvula tricúspide. Ambas válvulas están rodeadas por un anillo fibroso que aísla eléctricamente las dos cavidades. Las dos válvulas se diferencian principalmente en su estructura, ya que la mitral está constituida por dos valvas mientras que la tricúspide consta de tres.

Existen también otras dos válvulas encargadas de controlar la salida de sangre de los ventrículos, la válvula pulmonar, que está situada en la salida del VD y que controla que la sangre salga unidireccionalmente por el tronco pulmonar hasta los pulmones, y la válvula aórtica, situada en la salida del VI y que controla que la sangre salga del VI unidireccionalmente hacia la aorta.

Además los ventrículos derecho e izquierdo están separados entre ellos mediante el tabique interventricular y las aurículas derecha e izquierda están separadas entre ellas por el tabique interauricular. Y todo el tabique o pared que constituye la separación entre las aurículas y los ventrículos recibe el nombre de septum o pared septal. Por último, el extremo inferior de cada ventrículo se denomina ápex, y la parte superior de ellos, donde se fusionan con las aurículas, se llama base. En la Figura 3.1 se puede observar la anatomía descrita.

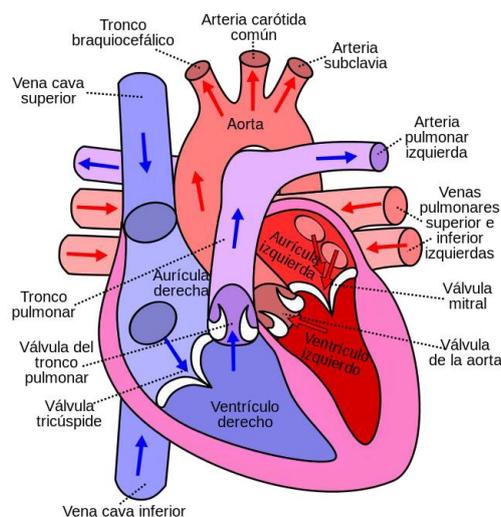


Figura 3.1: Estructura interna de un corazón humano (Wikipedia, 2016a).

La función de los ventrículos es bombear y expulsar la sangre fuera del corazón mediante dos vías, hacia los pulmones desde el VD y hacia el resto del organismo desde el VI. Por su parte las aurículas son las encargadas de recibir la sangre que retorna de los pulmones una vez que se ha oxigenado (AI) y del resto del cuerpo desoxigenada (AD).

Después de pasar por todo el cuerpo, la sangre sin oxígeno entra en la AD por las venas cava inferior y superior. Entonces la AD se llena de sangre, y ejerce una presión sobre la válvula tricúspide. Cuando se completa el llenado de la aurícula y la presión es suficiente, se abre la válvula y la sangre pasa al VD. Siguiendo el mismo procedimiento, cuando se llena el VD éste se contrae y se abre la válvula pulmonar, de modo que la sangre viaja por el tronco pulmonar y las arterias pulmonares hasta los pulmones, donde la sangre se oxigena (concretamente en los alvéolos pulmonares). Una vez oxigenada, la sangre vuelve al corazón y entra en la AI a través de las venas pulmonares, que generalmente son cuatro (a veces hay alguna más de un tamaño pequeño y cuya presencia varía de unas personas a otras), dos izquierdas y dos derechas. Una vez llena, la AI ejerce presión siguiendo el mismo proceso que la AD y la válvula tricúspide se abre, dando lugar al llenado del VI. Finalmente, la sangre, que ya está oxigenada, debido a la contracción o sístole del VI sale por la válvula aórtica hacia la arteria aorta, desde donde se dirigirá posteriormente a irrigar todo el organismo y volver a empezar el proceso.

### **2.1.2. Trabéculas y músculos papilares**

Como se ha comentado previamente, las trabéculas son estructuras musculares que se encuentran en las superficies endocárdicas de los ventrículos. Clásicamente pueden ser clasificadas en tres grupos o clases (Cardiomedica.es, 2016):

-Clase uno, correspondiente a los músculos papilares, unas estructuras musculares con forma cónica que se encuentran fijos por un lado a la pared ventricular y por otro a las llamadas cuerdas tendinosas, una serie de cordones fibrosos que conectan las válvulas aurículo-ventricular con los papilares.

-Clase dos, son las que están fijas por un extremo a una parte de la pared ventricular y por el otro extremo a otra, formando puentes y dejando la parte media libre. La trabécula septomarginal o banda moderadora es un ejemplo de esta clase y posteriormente se comentará con algo más de detalle.

-Clase tres, corresponden a aquellas que forman crestas al tener toda su longitud fija a la pared ventricular.

No obstante, comúnmente se suele llamar trabécula a aquellos pertenecientes a la clase dos, a los que tienen forma de puente. Y papilares a los pertenecientes a las otras dos clases.

El número de trabéculas y músculos papilares son diferentes según sea el VD o el VI, pero no solo eso, si no que varían enormemente en función del sujeto de análisis, es decir, que en su mayoría son diferentes para cada persona. Esta es una de las causas que convierte su segmentación en una tarea tan complicada. No obstante, sí existen una serie de estos músculos que suele estar presente en el endocardio en la mayoría de los casos, pese a que puede haber casos en los que no estén.

En el VD son tres los papilares principales que suelen localizarse, uno por cada valva de la válvula tricúspide, y que se pueden observar en la Figura 3.2: el papilar anterior, el papilar posterior y el papilar septal. Además es en este ventrículo donde está presente la trabécula septomarginal o banda

moderadora, trabécula que aparece siempre y que forma un puente entre el tabique interventricular y la base del músculo papilar anterior. Su importancia radica en que por ella discurren ramificaciones que parten de la rama derecha del haz de His, es decir parte del sistema de conducción cardíaco.

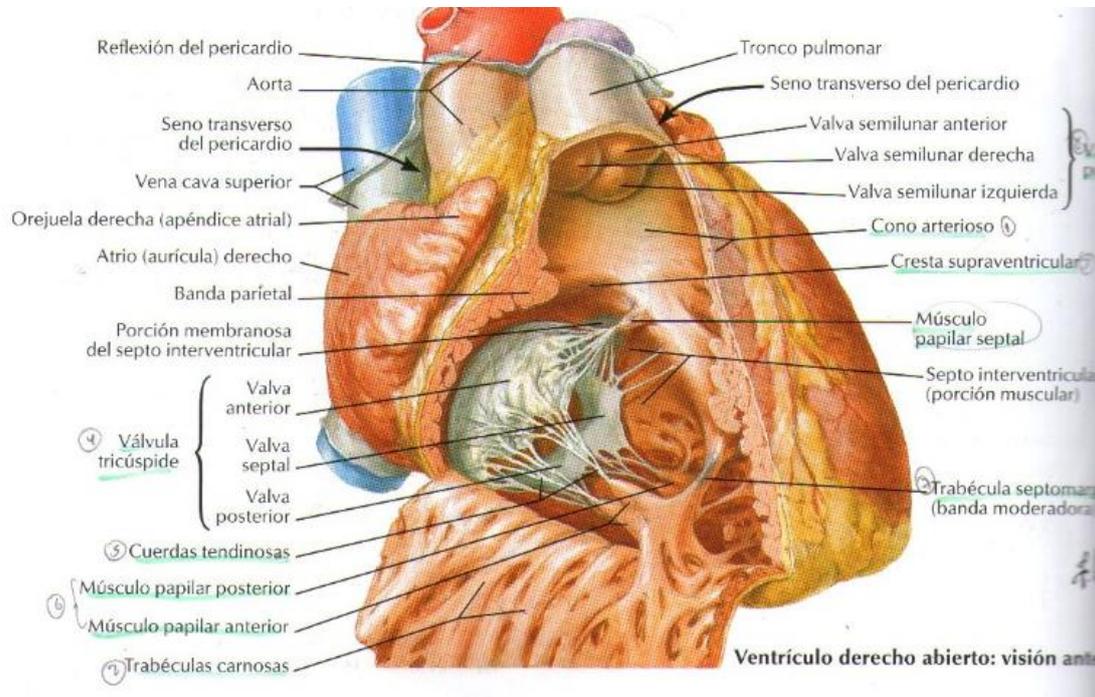


Figura 3.2: Estructura anatómica detallada del VD en el que se pueden observar las trabéculas y los principales músculos papilares. Fuente: <http://glosariosistemacardiovascular.blogspot.com.es/>

Por su parte, dado que son dos las valvas de la válvula mitral, el VI consta de dos papilares principales que normalmente están presentes: el papilar anterior y el papilar posterior. La diferencia principal con los del VD radica en que los del VI suelen ser de mayor tamaño debido a que el VI realiza más esfuerzo que el derecho. Se puede observar un esquema de las trabéculas y papilares del VI en la Figura 3.3

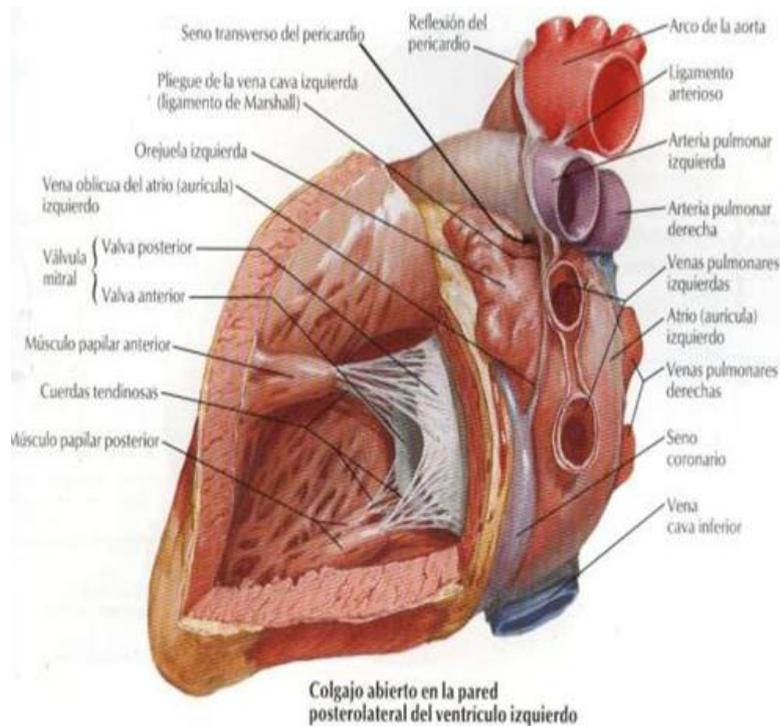


Figura 3.3: Estructura anatómica detallada del VI en el que se pueden observar las trabéculas y los principales músculos.  
 Fuente: <http://cardiorespiratoriuq.blogspot.com.es/2010/05/corazon-izquierdo-por-carolina-nino.html>

Pero, ¿cuál es la función de los papilares y de las trabéculas? Los papilares tienen como función contraerse durante la sístole de los ventrículos, actuando como tensores de las cuerdas tendinosas y manteniendo unidas las valvas de las válvulas. Tiran de los velos de las válvulas hacia abajo, hacia los ventrículos, para impedir que estas protruyan hacia las aurículas durante la contracción evitando así el flujo retrogrado de la sangre desde el ventrículo a la aurícula, lo que originaría una insuficiencia de la válvula cardíaca correspondiente, es decir, insuficiencia aórtica si el problema está en la válvula aórtica, insuficiencia mitral si es en la válvula mitral y así sucesivamente. Por tanto tienen una función mecánica, asegurando un cierre correcto de las válvulas, pero no solo eso sino que en ellos las fibras cardíacas están alineadas según el eje longitudinal del papilar, lo que conlleva a que por ellos circule más rápidamente el impulso eléctrico.

Por otra parte, las trabéculas (las de clase tres, con forma de puente) tienen una función distinta. Alteran el circuito eléctrico por dentro, ya que sirven como cortocircuitos para transmitir el impulso eléctrico, al contrario que los papilares que no alteraban el circuito eléctrico.

## 2.2. Modalidades de Imagen Médica

La eco-cardiografía, cuyo principio de funcionamiento son los ultrasonidos, fue una de las primeras técnicas empleadas en la obtención de imágenes médicas cardíacas y además sigue en uso en la actualidad. No obstante, hoy en día existen otras técnicas más modernas que permiten obtener información de la anatomía cardíaca de manera mucho más precisa, como son por ejemplo la

tomografía axial computarizada (TAC) o la resonancia magnética (MRI, del inglés *magnetic resonance imaging*).

La principal ventaja de estas técnicas modernas es que permiten obtener información de la anatomía cardíaca con elevada resolución espacial. Pero además, estas técnicas han ido evolucionando en su aplicación a la imagen médica cardíaca, lo que ha supuesto la aparición de modalidades de imagen más modernas aún, capaces de obtener no solo información anatómica y estructural, sino también información funcional muy útil.

Estas dos últimas técnicas (TAC y MRI) se han desarrollado en los últimos años para la obtención de un numeroso tipo de imágenes, entre ellas imágenes del sistema cardiovascular. Ambas técnicas se emplean para la visualización del corazón y los vasos con una gran resolución. No obstante, son técnicas muy diferentes y con distintas características, ventajas y limitaciones.

### **2.2.1. Ultrasonidos**

Las técnicas de adquisición médica basadas en ultrasonidos fueron las primeras que ocuparon el campo de la imagen médica. Estas técnicas utilizan ondas acústicas (que son ondas mecánicas) de alta frecuencia, entre 2 y 10 MHz (megahercios) que se ven reflejadas por el tejido para obtener imágenes bidimensionales del interior del cuerpo. Las aplicaciones de las imágenes por ultrasonidos son diversas. La principal es la visualización del feto en una mujer embarazada, pero también se usan para ayudar a guiar biopsias, diagnóstico de las condiciones cardíacas y evaluación de daños en el corazón, obtención de imágenes abdominales e incluso de venas en los miembros inferiores.

Para su obtención se necesita de una pequeña sonda y un gel especial que se coloca en la zona de exploración para evitar que haya aire en la interfaz de contacto entre el transductor y la piel, mejorando así la transmisión de las ondas acústicas. La sonda o transductor recoge las ondas que rebotan en el tejido y se transfiere esa información de energía a un ordenador, que posteriormente convierte las señales en la imagen final.

Esta técnica ofrece ciertas ventajas en comparación con el resto. La principal de ellas es que las imágenes se capturan en tiempo real, por lo que se puede visualizar el movimiento de los órganos internos del cuerpo además de su anatomía. También se puede observar el flujo de sangre por los vasos sanguíneos. A esto hay que añadir que es una técnica segura, no invasiva, sin efectos adversos y que no utiliza radiación ionizante como es el caso del TAC, que aporta radiación al paciente. Se trata además de una técnica barata y rápida de realizar.

No obstante, los resultados en la visualización están muy alejados por los ofrecidos por el resto de técnicas, ya que proporciona menos información anatómica debido a su pobre resolución, que se puede observar en la Figura 3.4

Por otra parte, la evolución de estas técnicas ha dado lugar a otros tipos de imágenes que aportan novedades en el uso de los ultrasonidos, consiguiendo imágenes de otras características. Éste es el caso del eco Doppler que consiste en una técnica de ultrasonido que permite la visualización y evaluación de la circulación de la sangre a través de los vasos o incluso dentro de algunos órganos como hígado o riñones.

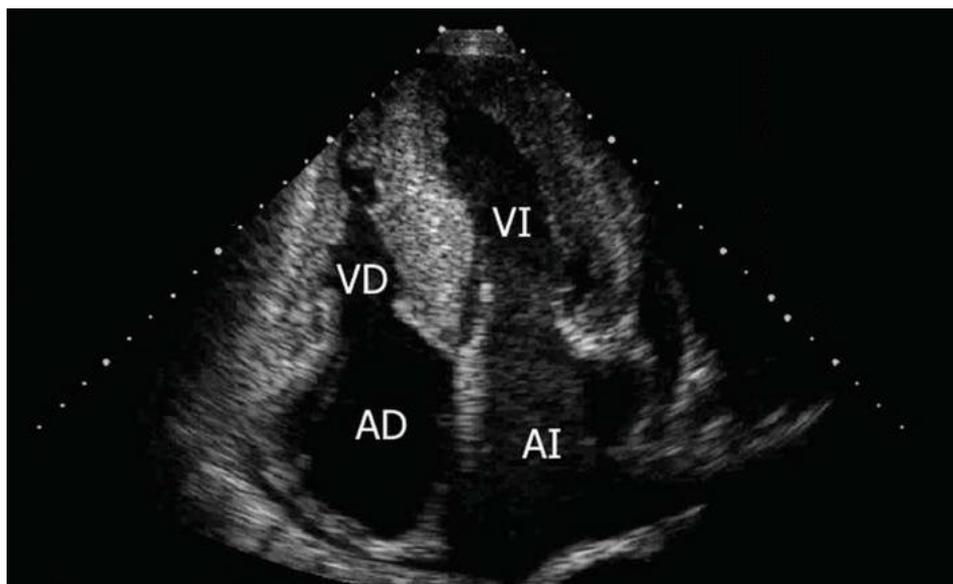


Figura 3.4 Ejemplo de Ecocardiografía donde se pueden observar las 4 cámaras cardíacas. VI: Ventriculo izquierdo. VD: Ventriculo derecho. AI: Aurícula izquierda. AD: Aurícula derecha. Fuente: <http://www.revespcardiol.org/es/diagnosis-and-therapeutic-guidance-of/articulo/13045656/>

### 2.2.2. Resonancia Magnética

Los principios físicos y básicos de la resonancia magnética son conocidos desde hace más de 50 años, pero el empleo de éstos para la obtención de imágenes médicas es relativamente reciente. La resonancia magnética utiliza un campo electromagnético generado por un gran imán y ondas de radiofrecuencia para obtener las imágenes, a diferencia del TAC que utiliza radiación ionizante.

El campo magnético generado por el imán alinea los núcleos de los átomos de hidrógeno de los tejidos humanos. Los protones de los átomos de hidrógeno son excitados por esas ondas de radiofrecuencia y salen de su alineamiento con el campo magnético del imán. Al cesar el estímulo, los protones regresan a su estado anterior, relajándose y liberando energía en forma de señales de radiofrecuencia, que serán captadas por una antena y conectadas a un ordenador. Posteriormente el ordenador reconstruye estas señales y las transforma en imágenes.

Esta técnica permite obtener información precisa sobre la anatomía y la función de las estructuras cardíacas, y es eficaz para detectar anomalías como infiltración de grasa en la pared ventricular, adelgazamiento de esta o alteraciones en el movimiento cardíaco. Y una de las aplicaciones más empleadas es para mostrar la orientación de las fibras musculares de los ventrículos, aunque esta modalidad actualmente solo se utiliza en investigación y sólo funciona bien con corazones *ex-vivo* (extraídos del cuerpo del individuo). No obstante, una de las principales diferencias y desventaja en comparación con el TAC, es que la resolución temporal de la resonancia magnética es menor. Además la resolución espacial, útil para permitir una correcta visualización de los vasos y sus paredes también es menor que la de una imagen de TAC. Aunque ofrece como ventaja que no aporta radiación al cuerpo para la obtención de las imágenes.

Pese a sus limitaciones, es una buena técnica para detectar, por ejemplo, las cicatrices dejadas en la anatomía cardíaca tras un infarto de miocardio o tras un proceso de ablación por radiofrecuencia (procedimiento que suele emplearse para tratar ciertos tipos de arritmias por ejemplo).

La aplicación de la imagen médica a la imagen cardíaca y el avance tecnológico que éstas han sufrido, posibilitaron el desarrollo de otras técnicas de adquisición rápidas que poseen una buena resolución espacial y temporal, como por ejemplo la *cine-MRI* o el *dynamic-TAC*. Estas técnicas sincronizan la adquisición de la imagen con el electrocardiograma (registro no invasivo de la actividad eléctrica del corazón a nivel superficial) para obtener secuencias temporales de imágenes, consiguiendo imágenes cardíacas correspondientes a varias fases del ciclo cardíaco. De esta forma estas secuencias permiten analizar no solo la estructura si no también la funcionalidad.

Además de éstas, existen otros subtipos de imagen por resonancia magnética, cada una de ellas con un objetivo y una aplicación concretas. De éstas, las principales son:

**-Delayed Enhancement – MRI:** Conocida como DE-MRI, esta técnica permite visualizar las regiones de isquemia. Se inyecta un agente de contraste al paciente unos minutos antes de realizarle el estudio de imagen. El contraste acostumbra a ser gadolinio, y tarda más tiempo en perfundir por la región isquémica que por el miocardio sano, debido al daño de los vasos que produce la isquemia. Además también tarda más en ser eliminado de la zona afectada por la isquemia, con lo que es una buena manera de detectar este tipo de lesiones.

Las imágenes se toman pasados unos minutos de la administración del agente de contraste, tiempo suficiente para que este haya sido ya eliminado por el organismo, al menos en el miocardio sano. Por tanto, si todavía queda agente de contraste querrá decir que esa zona está afectada por lesión isquémica. Esto se traduce en las imágenes con una mayor intensidad (más brillo) en la zona afectada, debido a la presencia del gadolinio.

**-Tensor de Difusión – MRI:** Conocida como DT-MRI, esta técnica permite visualizar la difusión de las moléculas de agua dentro de los tejidos. La importancia de este tipo de imagen reside en que en el músculo cardíaco la difusión de las moléculas de agua se realiza en la dirección en la que están orientadas las fibras musculares (cardiomiocitos), de modo que mediante estas imágenes puede obtenerse la orientación de las fibras cardíacas.

No obstante, esta modalidad presenta limitaciones, y es que solo es aplicable a corazones *ex-vivo* (es decir corazones explantados). Los problemas que impiden su utilización *in-vivo* son la extremada sensibilidad al movimiento (respiración, ciclo cardíaco...) y el elevado tiempo para obtener las secuencias de imágenes.

Además sirve para detectar regiones de isquemia basándose en el cálculo de la anisotropía fraccional, que describe el grado de isotropía en la difusión de las moléculas de agua para cada vóxel de la imagen. La explicación reside en la suposición de que las zonas infartadas presentan una mayor desorganización de la orientación de las fibras.

En la Figura 3.5 se observa una comparación entre un mismo corte de TAC y de MRI. Se observan ligeras diferencias en la posición debido a que, pese a ser la anatomía del mismo paciente, la posición en el momento del examen para un tipo de imagen y otra no es la misma.

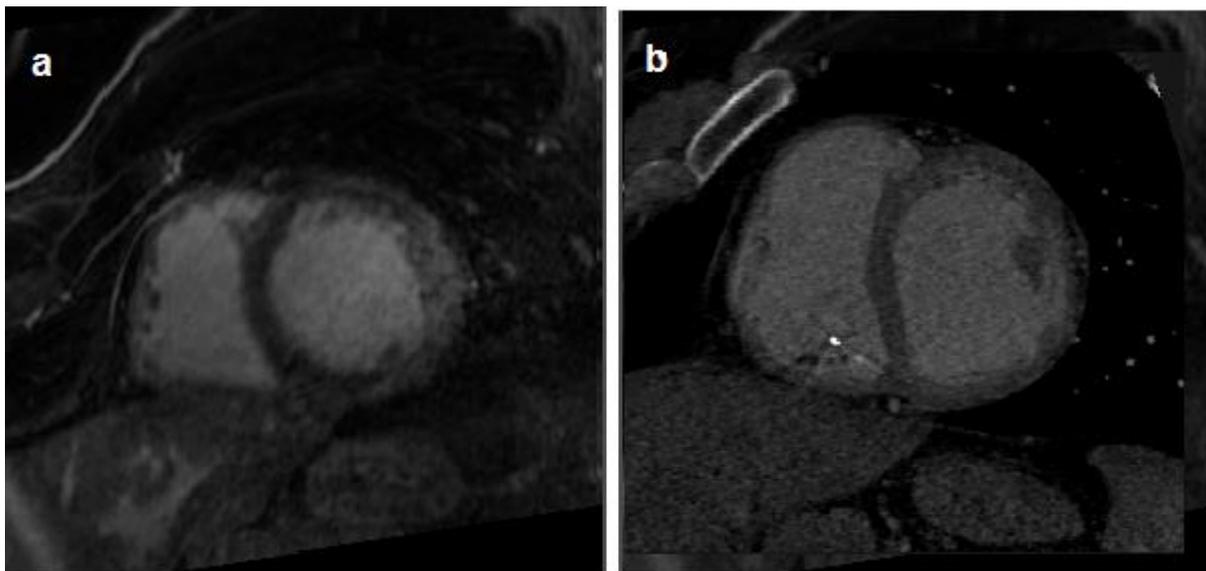


Figura 3.5: Comparación de la visualización en el eje axial entre una imagen de MRI (a) y una de TAC (b) pertenecientes al corte 73 de un mismo paciente. Fuente: Elaboración propia.

### 2.2.3. Tomografía Axial Computarizada

Esta técnica no invasiva permite obtener imágenes con un elevado detalle de manera bastante rápida y con una alta resolución temporal. La resolución temporal es clave en este tipo de imágenes, ya que las estructuras cardíacas de interés tienen un tamaño bastante reducido que van variando su posición debido a que el corazón está en continuo movimiento. Por ello, el tener una elevada resolución espacial permite detectar dichas estructuras de manera constante observando la variación de la posición.

Las imágenes de TAC se obtienen mediante una serie de haces de rayos X colimados que atraviesan al paciente al mismo tiempo que realizan un movimiento circular alrededor de él, con el objetivo de obtener imágenes tridimensionales. Los haces son atenuados por el cuerpo humano y recogidos por un detector, que mide esa atenuación y envía los valores a un ordenador. Una vez en el ordenador, se reconstruye la imagen y se muestra en un monitor.

Actualmente el dispositivo más utilizado para los exámenes cardíacos con TAC es el multidetector de 64 cortes. Existen además cierto tipo de exploraciones en las que se emplea además de un agente de contraste (intravascular) que facilita la identificación de vasos y su interior, lo que permite determinar si existe algún tipo de alteración en ellos, como estenosis o placas de ateroma. Para las imágenes de TAC, el agente de contraste suelen ser compuestos yodados o los compuestos de sulfato de bario. Además el agente de contraste también permite detectar si existen trombos dentro de las cámaras cardíacas y analizar funcionalmente los ventrículos. Calculando el volumen ventricular en la fase de sístole y en la de diástole, se puede obtener la fracción de eyección, que permite el análisis funcional de los ventrículos. No obstante, esta técnica con agente de contraste no se usa de manera extendida.

Así pues, el TAC es una técnica de imagen eficaz para el análisis de la anatomía cardíaca y de su correcto funcionamiento, ya que permite detectar enfermedades cardíacas, anomalías coronarias y evaluar la función ventricular. Por ello, el TAC es en la actualidad la técnica no invasiva idónea para obtener imágenes de la anatomía arterial y venas coronarias, gracias a la gran resolución temporal y la precisión que ofrecen. En la Figura 3.6 se observa un ejemplo de renderización de imágenes obtenidas con un TAC multidetector de 64 cortes y su precisión para la visualización de vasos sanguíneos coronarios.

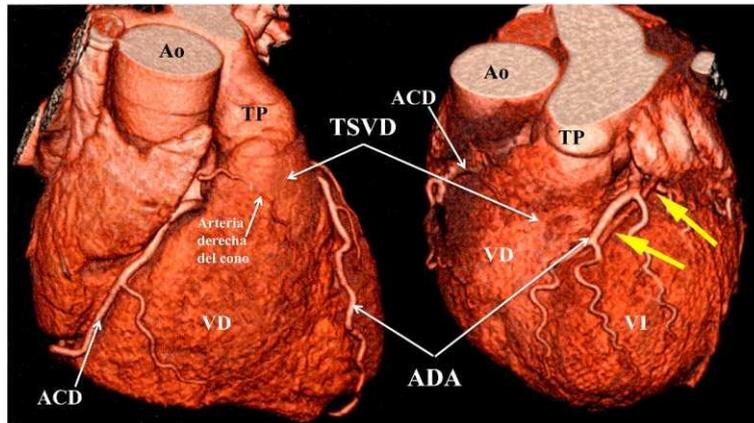


Figura 3.6: Imágenes obtenidas mediante un TAC multidetector de 64 cortes. Nótese el recorrido de las arterias coronarias. Las flechas amarillas señalan la vena coronaria mayor. ACD: Arteria coronaria derecha. ADA: Arteria descendente anterior. Ao: Arteria aorta. TSVD: Tracto de salida del ventrículo derecho. TP: Tronco principal de la arteria pulmonar. VD: Ventrículo derecho. VI: Ventrículo izquierdo.

Fuente: [http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1405-99402007000200007](http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1405-99402007000200007)

### 2.2.3.1 Planos cardíacos

Cuando se toman imágenes de TAC, se toman en planos transversales, sagitales y/o coronales, siguiendo los ejes ortogonales del cuerpo. Pero la orientación que toma el corazón en el tórax no se encuentra alineada con el eje intrínseco del cuerpo, es decir, que el corazón está rotado en una determinada angulación que provoca que su eje natural esté en un plano distinto a los ortogonales (axial, coronal y sagital).

Es por esto que el corazón tiene sus propios ejes o planos cardíacos, que permiten un correcto estudio de cualquier posible patología cardíaca. Así, cuando se obtienen imágenes cardíacas de TAC, éstas deben ser rotadas posteriormente a la adquisición para reorientarlas según los planos cardíacos.

Los planos cardíacos son tres: eje corto, eje de 4 cámaras y eje largo o eje de 2 cámaras.

-Eje corto: Se corresponde con un plano transversal o axial del corazón y se obtiene trazando un plano perpendicular al septum y paralelo a la base de los ventrículos (Figura 3.7.a). En este plano se observa el corazón en una estructura anular, que permite evaluar el tamaño del VI principalmente y, sobre todo, permite cuantificar la función cardíaca y la contractibilidad del ventrículo.

-Eje de 4 cámaras: Este eje se corresponde con un plano longitudinal (de ápex a base de los ventrículos) y con una orientación perpendicular al septum (Figura 3.7.b). El plano debe pasar por el centro de las válvulas tricúspide y mitral. Se denomina así porque permite observar simultáneamente las 4

cavidades cardíacas y valorar su tamaño, además de ver las paredes septal, apical, lateral, el ápex y el estudio y visualización de las válvulas para valorar su correcta posición.

-Eje largo o de 2 cámaras: Corresponde a un plano longitudinal al igual que el de 4 cámaras, pero esta vez con una orientación paralela al septum (Figura 3.7.c). Además pasa por el centro de la válvula mitral y por el ápex del VI. Recibe ese nombre porque permite la observación conjunta de ventrículo y aurícula de cada lado del corazón. Normalmente se utiliza para estudiar la aurícula y VI y aporta información sobre las relaciones anatómicas superoinferiores y anteroposteriores del corazón.

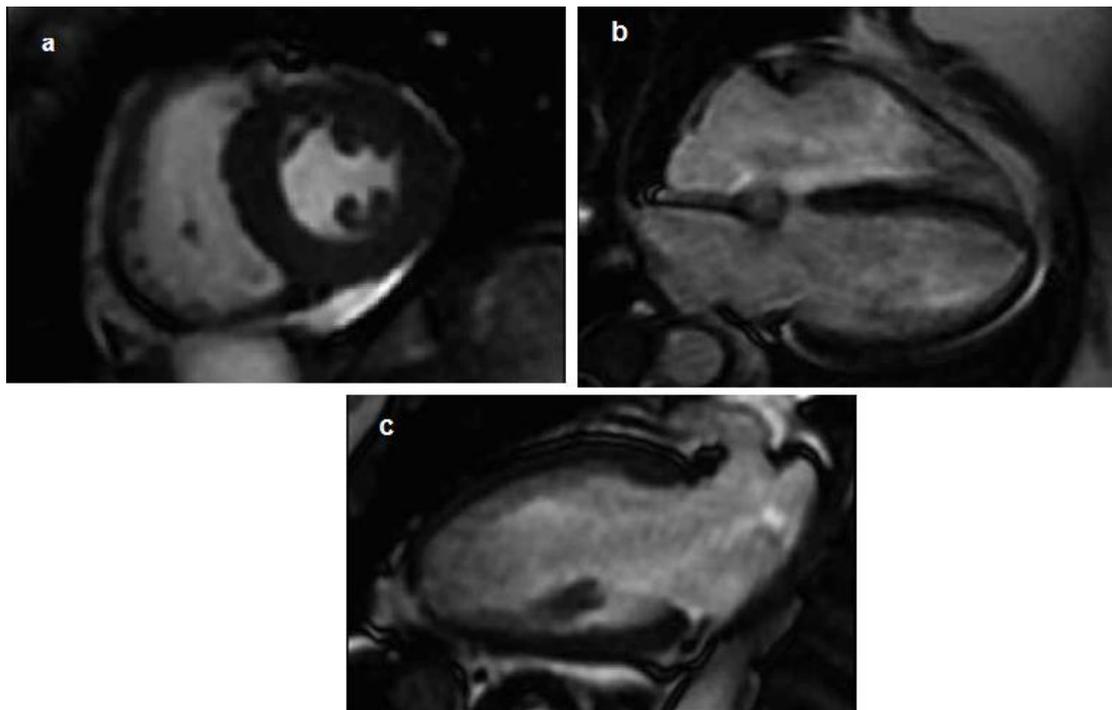


Figura 3.7: Imagen de MRI vista en los tres planos cardíacos: a) eje corto cardíaco, b) plano de cuatro cámaras y c) eje largo cardíaco. Fuente: Aluja, F., Heredia, F.M. (2015).

### 2.3. Segmentación basada en Modelos

Con el fin de automatizar el proceso de segmentar la anatomía cardíaca de los diferentes tipos de imágenes médicas que se utilizan para la construcción de modelos cardíacos personalizados, nació la llamada segmentación basada en modelo. Y con ella, varios modelos tridimensionales destinados para segmentar la anatomía cardíaca, principalmente a partir de imágenes de TAC o MRI. De hecho la mayoría de los modelos creados para segmentar la anatomía cardíaca son al mismo tiempo modelos basados en imagen médica cardíaca *in-vivo*.

Y en este gran grupo de modelos para segmentación de imagen médica se pueden encontrar diferentes tipos. Principalmente se van a comentar los modelos deformables, los atlas cardíacos y los modelos estadísticos, que son un tipo concreto de atlas cardíaco.

### 2.3.1. Modelos Deformables

Los modelos deformables son la extrapolación tridimensional de los llamados contornos activos o snakes, que serán comentados más adelante. En estos modelos el algoritmo parte de la forma predeterminada formada por el modelo cardíaco. Es decir, la segmentación de la imagen médica parte de un modelo cardíaco facilitando el proceso, debido a que la forma inicial de partida del algoritmo ya tiene una imagen semejante a lo que se desea segmentar.

Los modelos deformables se constituyen por mallas de elementos finitos (de superficie o de volumen), que tienen la característica de poder deformarse y adaptarse a la forma del corazón de un determinado paciente. Estas mallas se denominan mallas iniciales de los modelos deformables. Para realizar ese ajuste a la imagen o esa deformación de la malla, los modelos únicamente se guían por el nivel de gris (intensidad) de la imagen. La malla inicial del modelo se superpone a la imagen a segmentar y a partir de la información en la imagen comienza a deformar la malla progresivamente, iteración tras iteración. Así sucesivamente hasta que llega a un punto en que la malla inicial es lo más ajustada posible a la imagen del paciente. En la Figura 3.8 se muestra una representación de ello.

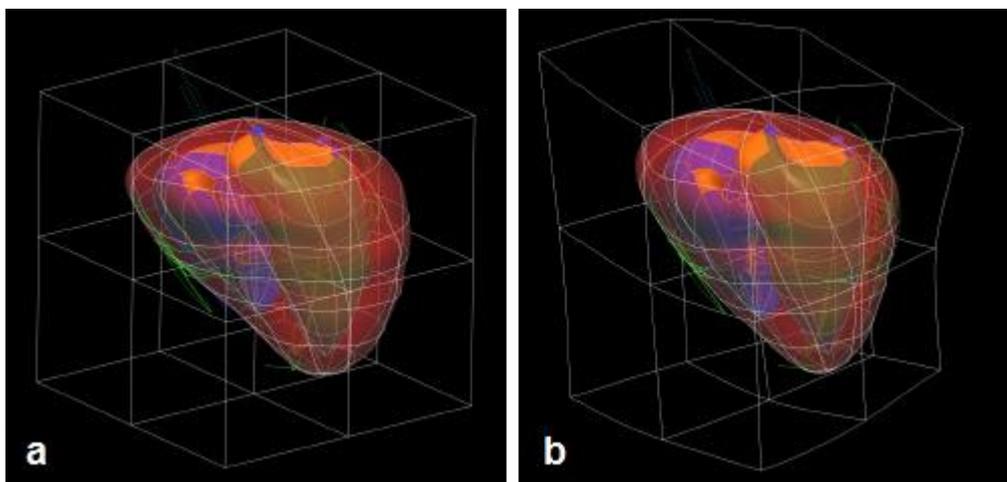


Figura 3.8: Mallas de superficie de un modelo deformable creado a partir de MRI cardíaca para segmentación de ventrículos sobre imágenes de ecocardiografía. (a) Mallas iniciales del modelo deformable. (b) Deformación de las mallas iniciales para su adaptación a la anatomía de un paciente. Fuente: Schulte et al., (2001)

### 2.3.2. Atlas cardíacos

Al comenzar a aumentar el número de imágenes médicas cardíacas disponibles aparecieron unos modelos cardíacos basados en el promedio de muchas imágenes pertenecientes a una población de individuos, los llamados atlas cardíacos. Estos modelos persiguen como objetivo obtener una serie de anatomías que representan un conjunto de geometrías válidas, para poder adaptarse a un mayor número de pacientes con mejor precisión, al tener un abanico de geometrías posibles. De esta forma, al estudiar la anatomía de un paciente, se contará con una geometría general posiblemente más parecida a la del paciente. Al obtenerse a partir de imagen médica, hace que estos modelos sean anatómicamente realistas. Por otra parte, al utilizar imágenes de una población de individuos, convierte el modelo en una anatomía genérica, ya que es un promedio y no un determinado sujeto.

Por todo ello, los atlas cardíacos son de gran utilidad en la segmentación basada en modelo. En la Figura 3.9 se muestra un atlas donde se pueden observar los landmarks.

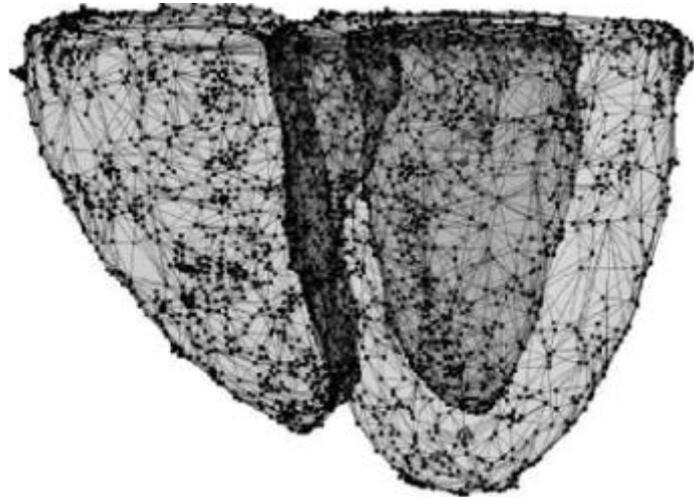


Figura 3.9: Atlas de ventrículos construido a partir de imágenes de MRI cardíaca. Los puntos negros corresponde a los landmarks del statistical shape model para segmentación de ventrículos generado a partir del atlas. Fuente: Frangi et al. (2002)

### 2.3.3. Modelos Estadísticos

A partir de los atlas cardíacos, aparece un tipo de modelo que son en realidad un conjunto de atlas cardíacos. Son los denominados modelos estadísticos o atlas estadísticos, y consisten en una gran serie de modelos cuya principal representación viene de los llamados *statistical shape models*. Esta serie de modelos tienen en común que poseen un determinado conocimiento a priori sobre la variabilidad de la anatomía cardíaca. Dicho conocimiento se consigue mediante la caracterización estadística de la variabilidad anatómica del conjunto de individuos incluidos en un atlas cardíaco.

Estos modelos son los más complejos, pero también los más modernos y precisos de los diferentes tipos de modelos de corazón para segmentación. Ese conocimiento anatómico a priori es la gran aportación de los modelos estadísticos, ya que gracias a él se evita que en la segmentación se obtengan estructuras que no se corresponden o no tienen que ver con una anatomía cardíaca real, cosa que podría suceder en los modelos deformables. En ellos, como se comentaba anteriormente, únicamente se tenía en cuenta la información que contenía la propia imagen (su intensidad), por lo que si una vez ha convergido la malla al punto óptimo las formas reconstruidas no se asemejan a una anatomía cardíaca realista, no hay ninguna herramienta que lo detecte, y se asumiría como correcta una segmentación errónea.

No obstante, ese conocimiento a priori y la variabilidad anatómica permitida por un modelo estadístico vienen condicionados por la población de sujetos utilizados para la construcción del atlas y por la calidad de las segmentaciones utilizadas para ello. Esto implica que puede haber variantes anatómicas que no son conocidas por el modelo estadístico debido a que no han aparecido en la población de

individuos con los que se ha generado el atlas y, por ende, el modelo. Y si el sujeto de estudio presenta una variación anatómica no recogida por el modelo, eso puede conducir a una mala segmentación.

Además, para que un modelo realice correctamente su función y reconozca como válidas las anatomías asociadas a determinadas patologías cardíacas, es necesario incluir en el conjunto de individuos que forman la población empleada para el atlas individuos tanto sanos como patológicos. De esta forma será posible segmentar la anatomía cardíaca de forma precisa tanto en aquellos pacientes con alguna patología cardíaca como en pacientes sanos.

Para construir un *statistical shape model* se ha de seguir el siguiente procedimiento. En primer lugar se construye un atlas cardíaco con el procedimiento típico, pero sobre cada imagen 3D cardíaca obtenida se superponen una serie de puntos que sirven como referencia y reciben el nombre de landmarks. Después se estudia la variabilidad de la posición de esos landmarks en los diferentes sujetos incluidos en el atlas y se restringe los posibles valores de la posición a un rango determinado de valores, siguiendo una norma estadística (valor medio  $\pm$  3 veces la desviación típica de los valores). Con esta técnica se consigue un conocimiento a priori sobre varias posibilidades anatómicas para cada uno de los landmarks, además de una forma media de la que partir a la hora de segmentar.

No se puede negar que la segmentación basada en modelo ha ayudado mucho en la tarea de automatizar la segmentación cardíaca en diversas modalidades de imagen médica *in-vivo*, pero no ha conseguido solucionar el problema por completo. La segmentación basada en modelo llega a conseguir unos buenos resultados en lo que a la segmentación de endocardios lisos ventriculares se refiere, sin incluir trabéculas ni papilares. No obstante, en lo que a los endocardios de las aurículas se refiere, no se obtienen tan buenos resultados. Esto se debe a que las aurículas presentan mayor complejidad y variabilidad anatómica que los ventrículos, razón por la que los modelos deformables solo se suelen aplicar a los ventrículos (debido a las limitaciones de estos modelos, previamente comentadas).

Por lo que respecta a epicardios, la mayoría de modelos solo alcanzan a segmentar correctamente el del VI, mostrando limitaciones en el del VD y ambas aurículas. Esto se debe al fino grosor de las paredes de las aurículas y del VD, además del poco contraste existente entre el epicardio y los tejidos circundantes que se muestran en las imágenes *in-vivo*, ya sean TAC o MRI.

En cuanto a las trabéculas y músculos papilares, no hay ningún tipo de modelo que sea capaz de segmentar de manera precisa los endocardios lisos con ese nivel de detalle. La causa de este problema es la elevadísima variabilidad intersujeto de ambas estructuras, cosa que imposibilita la generación inicial de una malla adecuada en el caso de los modelos deformables. O en el caso de los estadísticos, hace imposible caracterizar de manera analítica tanta variabilidad existente.

Es por todas estas razones que la segmentación manual actualmente sigue siendo la elección más utilizada en la segmentación de imagen médica cardíaca *in-vivo*, especialmente en las aurículas y en el epicardio del VD.

## 2.4. Segmentación basada en la Imagen

A continuación se explican de manera general el funcionamiento y las características principales de los algoritmos con los que se ha trabajado y entre los cuales se ha realizado el análisis comparativo.

### 2.4.1. Método de Otsu

El método de Otsu es un algoritmo basado en el punto. Se trata de un algoritmo que, de manera iterativa, trata de obtener un umbral óptimo para segmentar los objetos deseados por medio de la técnica de umbralización. Lo que diferencia a los algoritmos de umbralización es la forma en la que obtienen el umbral, y en el caso del método de Otsu este umbral se calcula de forma que maximice la separabilidad entre clases (objetos y fondo) teniendo en cuenta los niveles de intensidad. El umbral óptimo calculado por el método de Otsu será aquel que maximice la ecuación 1, que calcula la separabilidad entre clases.

$$\sigma_B^2 = \frac{[\mu_T q(t) - \mu(t)]^2}{q(t)[1 - q(t)]} \quad (1)$$

Donde  $q(t)$  y  $1 - q(t)$  son las probabilidades de cada una de las dos clases en que se divide la imagen. El cálculo de las probabilidades  $q(t)$ ,  $\mu(t)$  y  $\mu_T$  viene dado por las ecuaciones 2, 3 y 4 respectivamente.

$$q(t) = \sum_{l=0}^t P(l) \quad (2)$$

$$\mu(t) = \sum_{l=0}^t lP(l) \quad (3)$$

$$\mu_T = \sum_{l=0}^{L-1} lP(l) \quad (4)$$

Donde  $P(l)$  hace referencia al histograma normalizado de la imagen en escala de grises y  $L$  al número de niveles posibles de gris, que para imágenes de 8 bits es de 256, 512 para 16 bits y así sucesivamente.

Dado que el método es iterativo, el algoritmo calcula las probabilidades  $q(t)$  y  $\mu(t)$  para cada iteración excepto en la primera. Por ello, el cálculo de las probabilidades iterativas queda reducido a las ecuaciones 5 y 6.

$$q(t) = q(t - 1) + P(t) \quad (5)$$

$$\mu(t) = \mu(t - 1) + tP(t) \quad (6)$$

En la Figura 3.10 se puede observar la umbralización de una imagen de ejemplo utilizando el umbral calculado por el método de Otsu.



Figura 3.10: Resultado de segmentación empleando el método de Otsu en Matlab®.  
Fuente de la imagen original: <https://www.cs.cmu.edu/~chuck/lennapg/lenna.shtml>

## 2.4.2. Método iterativo basado en la media

Se trata de un método basado en el punto, que utiliza el método de umbralización para segmentar los objetos deseados. En el caso del método iterativo basado en la media, el umbral se obtiene de manera automática siguiendo los siguientes pasos:

- 1- Se obtiene un valor inicial para el umbral, que proviene de la media de la imagen. Se cogen todos los píxeles de la imagen y a partir del valor de intensidad de ellos se saca un valor que corresponde a la media.
- 2- Se aplica ese umbral calculado a la imagen, obteniendo 2 clases. Una clase ( $C_1$ ) que corresponde con los píxeles mayores o iguales que el umbral y otra clase ( $C_2$ ) correspondiente a los píxeles menores que el umbral.
- 3- Una vez que se han clasificado los píxeles en esas dos clases, se vuelve a calcular la media. Pero esta vez se calculan dos medias, la de los píxeles de la clase  $C_1$  y la media de los valores pertenecientes a los de la clase  $C_2$ . Se obtienen por tanto dos medias  $m_1$  y  $m_2$ .
- 4- A continuación se recalcula el umbral como la media de las medias  $m_1$  y  $m_2$ , tal como indica la ecuación 7.

$$\text{umbral} = \frac{1}{2}(m_1 + m_2) \quad (7)$$

- 5- Se repiten los pasos del 2 al 4 hasta que el umbral no varíe más de una cierta cantidad entre dos iteraciones seguidas. Esa cantidad es establecida por el usuario. Un valor aceptable de esta diferencia máxima, y que se ha utilizado en la implementación del algoritmo para la segmentación de las imágenes de TAC, es de 0'01.

En la Figura 3.11 se observa el resultado de este método de segmentación para la misma imagen que se ha utilizado con el algoritmo de Otsu.



Figura 3.11: Resultado de segmentación empleando el método iterativo basado en la media en Matlab®. Fuente de la imagen original: <https://www.cs.cmu.edu/~chuck/lennap/lenna.shtml>

### 2.4.3. K-means

El algoritmo K-means es un algoritmo basado en la técnica de clusterización, que es la clasificación de los datos en un determinado número de grupos o áreas según unas características concretas. La idea básica es obtener un número  $K$  (introducido por el usuario) de centros iniciales y formar grupos o clústeres de manera que todos los objetos de la imagen se van asociando a su centro más cercano y después se recalculan los centros. Si al recalculan los centros resultan ser idénticos a los valores anteriores, el algoritmo se detiene y acaba su clasificación, si no es el caso vuelve a recalculan nuevos centros hasta que no hay variación con los centros anteriores o hasta que se cumpla algún otro criterio de parada establecido por el usuario, como número de reasignaciones o diferencia mínima de los centroides. A continuación se muestra un ejemplo de la implementación del algoritmo para el caso de imágenes bidimensionales en escala de grises, que son con las que se ha trabajado en este proyecto. La estructura básica del algoritmo K-means consta de cuatro pasos:

- 1- Inicialización de los  $K$  centros: Se genera un número de clústeres según las especificaciones introducidas por el usuario, es decir, según el número de clases que éste desea definir. El valor de los centros de cada una de las clases se calcula mediante la ecuación 1:

$$Centroide_i^0 = GL_{min} + \left(i - \frac{1}{2}\right) \frac{GL_{max} - GL_{min}}{K} \quad (8)$$

$$i = 1, 2, \dots, K$$

Donde  $Centroide_i^0$  corresponde al cetroide inicial de la clase  $i$ -ésima, y  $GL_{max}$  y  $GL_{min}$  son el máximo y el mínimo valor de nivel de gris (Gray Level) de la muestra respectivamente.

- 2- Asignación de cada punto a su centro más cercano: El criterio que se sigue para determinar a qué clase pertenece cada uno de los píxeles de la imagen se basa en la distancia euclídea (cuya fórmula se puede observar en la ecuación 9, aunque existen otro tipo de distancias para utilizarse como criterio, mucho menos usadas. Cada píxel será asignado a la clase de la cual esté a menor distancia euclídea:

$$Distancia_{i,j} = abs(GL_{min} - Centroide_i) \quad (9)$$

$$i = 1, 2, \dots, K; \quad j = 1, 2, \dots, N$$

Donde  $Distancia_{i,j}$  es la distancia del píxel  $j$  al centroide  $i$ .  $N$  es el número total de píxeles o puntos a clasificar.

- 3- Recalcular los nuevos  $K$  centroides: El nuevo cálculo, que se muestra en la ecuación 10, se realiza mediante la media de los píxeles o puntos que han sido asignados a cada centro anterior:

$$Centroide_i^m = \frac{1}{N_i} \sum_{j=1}^{N_i} GL_j, \quad i = 1, 2, \dots, K \quad (10)$$

Donde  $N_i$  es el número de píxeles o puntos que han sido asignados a la clase  $i$ -ésima en el paso anterior.

- 4- Si el valor de los centroides ha variado, se repite nuevamente el paso 2. Si no es así, el algoritmo finaliza.

En la Figura 3.12 se observa una representación visual del funcionamiento del algoritmo K-means para puntos, pero funciona de la misma forma para píxeles, asignando cada píxel a una clase según su intensidad.

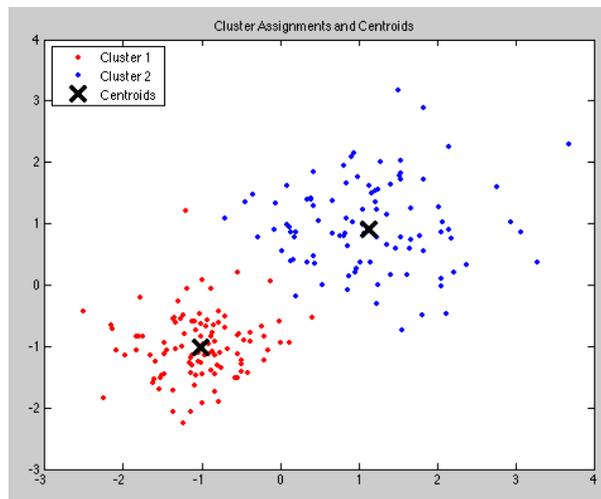


Figura 3.12: Ejemplo de funcionamiento del K-means con datos aleatorios y una  $K=2$ . Los puntos en rojo pertenecen a una clase, los puntos en azul a otra y las cruces marcan los centroides de cada una de las clases.

Fuente: <https://idus.us.es/xmlui/handle/11441/34225>

El problema principal del K-means es esa inicialización del número de clústeres, ya que es un algoritmo sensible a dicha inicialización y el resultado final dependerá en gran medida del número de clústeres utilizados. En apartados siguientes se ha hecho un análisis y una comparativa de resultados de las segmentaciones variando la  $K$  para un mismo conjunto de imágenes, observándose claras diferencias entre una elección y otra. El problema es que nada garantiza que una elección sea la correcta o no, y realizar un proceso de prueba y error cambiando cada vez el número de clases resulta costoso. Por ello

existen estudios y autores (Kittler e Illingworth, 1986; Ridler y Calvard, 1978) que intentan encontrar métodos para la inicialización del K-means, como redistribuir las medias de manera uniforme o utilizar las medias de los resultados anteriores, aunque el método de la aleatoriedad inicial es el que mayor eficiencia muestra debido a la valoración resultado-coste.

No obstante, ésta no es la única limitación que ofrece el K-means, sino que además se trata de un algoritmo de búsqueda local, es decir, que la solución encontrada no se garantiza que sea la óptima. Por eso se debe conocer a priori el número de clases que optimizarían el resultado, el problema es que no se puede saber sin un estudio o conocimiento previo de la imagen.

#### 2.4.4. Contornos activos (Snakes)

Un contorno activo o snake se define matemáticamente como una curva paramétrica cuya expresión es la mostrada en la ecuación 11. Es un algoritmo basado en métodos de segmentación de bordes:

$$x(s) = [x(s), y(s)], \quad s \in [0,1] \quad (11)$$

Un contorno activo se podría asemejar a un hilo elástico que rodea el objeto que se desea segmentar. En realidad, el snake es un conjunto de puntos (reciben el nombre de snaxels) que forman un contorno mediante interpolación de puntos. Pero el contorno requiere de una inicialización que además ha de ser cerca del objeto que se desea segmentar y englobándolo. Una vez inicializado, el algoritmo tratará de ajustar la curva al contorno cerrado del objeto, reconociendo y segmentando aquello que se desea. Por tanto, el punto clave del algoritmo es ajustar esa curva paramétrica o contorno activo a unos puntos cercanos que pertenecerán al objeto que se desea detectar.

Este ajuste o acercamiento al objeto por parte del snake se consigue al asociar el contorno activo a una función de energía por cada característica importante que posee el contorno del objeto o región que se desea segmentar. De esta forma se pueden extrapolar unas ideas básicas del algoritmo de snakes: el contorno activo con que se inicializa y que envuelve al objeto debe ser continuo, no puede doblarse ni retorcerse (debe ser suave), y el snake es atraído al contorno en función de las características del contorno del objeto.

De esta forma aparecen cuatro términos de energía que rigen el comportamiento de la curva y que quedan agrupados en dos bloques:

-Energía interna: Es la energía que controlan las características intrínsecas de la curva, la que se encarga de definir la deformación y capacidad del snake por adaptarse al contorno del objeto. Está compuesta por la llamada energía elástica o de curvatura, que es la encargada de hacer suave el snake, controlando la resistencia del contorno activo a doblarse y retorcerse. El otro término de la energía interna es la denominada energía de rigidez o de contorno, y es la encargada de la continuidad de la función de energía, actuando de manera que se resiste a ser estirado y/o encogido, tratando además de que el snake que envuelve al objeto sea continuo.

-Energía externa: Es la que se encarga de guiar al snake hacia la frontera del objeto que se desea segmentar. Está formada por la energía de la imagen, que es la que representa las características del objeto hacia el que se pretende atraer al contorno activo (posición de los bordes, punto de intensidad

elevada...) y la energía externa restrictiva, que es la suma de energías que se oponen al acercamiento hacia el objeto.

Todas estas energías deben tener un mismo rango de valores, normalmente se toma el intervalo [0,1]. Y para parametrizar el algoritmo se utilizan unos coeficientes acompañando a cada término de energía, lo que les da un cierto nivel de flexibilidad. Estos coeficientes son más elevados según la importancia de un determinado tipo de energía en la imagen. Así pues finalmente se obtendría la ecuación 12:

$$E_{total} = \alpha * E_{rigidez} + \beta * E_{curvatura} + \gamma * E_{imagen} + \delta * E_{externa\ restrictiva} \quad (12)$$

Siendo  $\alpha, \beta, \gamma, \delta$  los coeficientes para dar más o menos prioridad a una energía. En las ecuaciones 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20 y 21 se recogen todas las energías y su forma de obtención.

$$E_{snake}^* = E_{interna} + E_{externa} \quad (13)$$

$$E_{interna} = E_{curvatura} + E_{rigidez} \quad (14)$$

$$E_{curvatura} = \sum_1^n |v_{i-1} - 2v_i + v_{i+1}|^2 \quad (15)$$

Donde  $v_i$  representa a cada snaxel utilizado según su posición y n el número de snaxels utilizado para ajustar el contorno activo.

$$E_{rigidez} = \sum_1^n |d - ||v_i - v_{i-1}||| \quad (16)$$

Donde d es la distancia euclídea entre snaxels.

$$E_{externa} = E_{imagen} + E_{externa\ restrictiva} \quad (17)$$

$$E_{imagen} = \sum_1^n \frac{\min_i - \text{mag}_i}{\max_i - \min_i} \quad (18)$$

Donde min y max son el valor máximo y mínimo del gradiente del nivel de gris de 9 píxeles vecinos de un punto del contorno activo, y mag es el valor del gradiente de un píxel considerado vecino de ese mismo punto.

$$E_{externa\ restrictiva} = E_{muelle} + E_{volcán} \quad (19)$$

$$E_{muelle} = k|x_1 - x_2|^2 \quad (20)$$

Que responde a la ecuación típica del muelle, siendo k la constante elástica y x la posición del contorno.

$$E_{volcán} = \frac{k}{|x_1 - x_2|^2} \quad (21)$$

El objetivo del contorno activo o snake es desplazarse sobre la imagen de manera que se minimice el funcional de energía de la ecuación 22

$$E_{snake}^* = \int_0^1 E_{snake}(x(s))ds \quad (22)$$

Y recordando la ecuación 13, se obtiene la ecuación 23.

$$E_{snake}^* = \int_0^1 E_{interna}(x(s))ds + \int_0^1 E_{externa}(x(s))ds \quad (23)$$

Los contornos activos muestran una serie de ventajas en comparación con otros algoritmos de segmentación. Son robustos frente al ruido y a la existencia de bordes falsos, son curvas cerradas y

suaves lo que facilita una mejor adaptabilidad para la segmentación del borde del objeto, reconstruyen partes del contorno del objeto a segmentar, durante el proceso de minimización de energía para adaptarse al objeto funcionan de forma autónoma y además tratan de adaptarse a cualquier forma.

No obstante, también presentan una serie de limitaciones como el reducido rango de energías y valores, necesitan información a priori de la forma y localización del objeto a segmentar (ya que ha de estar contenido en él), la necesidad de inicializar con una cercanía al objeto y englobándolo y que el algoritmo tiene problemas cuando hay presentes concavidades en el objeto a segmentar.

En la Figura 3.13 se muestra un ejemplo de cómo funciona y se adapta el algoritmo de contornos activos o snakes a un objeto.

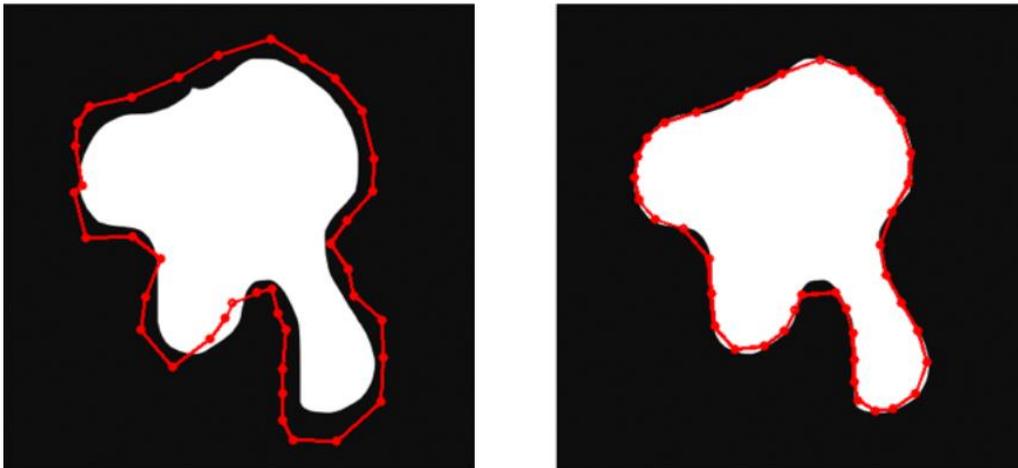


Figura 3.13: Funcionamiento del algoritmo de contornos activos o Snakes. A la izquierda los contornos en el momento de inicialización. A la derecha los Snakes una vez se han ajustado al contorno del objeto.

Fuente: <http://www.dais.unive.it/~bergamasco/teachingfiles/lab-snake-part1.pdf>

Aunque existe una familia de algoritmos, llamados *Level Sets* que derivan de los snakes y tienen una ventaja y utilidad importante. Los *Level Sets* son un tipo de contornos activos que permiten una adaptación implícita a la topología. Estos métodos basados en *Level Set* muestran ventajas en el procesamiento de imagen médica debido a su habilidad para extraer las formas y bordes de anatomías cóncavas u órganos con concavidades. De hecho, este algoritmo es el que se ha utilizado en este trabajo para una primera segmentación automática (seguida de una manual para corregir los resultados) de las trabéculas y músculos papilares con el software Seg3D®, con el fin de exportarla posteriormente a Matlab® para poder comparar resultados con una correcta segmentación.

#### 2.4.5. Watershed

El algoritmo Watershed es también una técnica de segmentación basada en los bordes. Para entender este algoritmo se ha de ver la imagen en escala de grises como si fuera un relieve topográfico, donde los píxeles de mayor intensidad corresponderían con picos y los de menor intensidad con valles. De esta forma cada píxel tendría su altura determinada en función de su nivel de gris. Esta representación es útil para captar mejor el efecto de algunas transformaciones como pueden ser las operaciones morfológicas (erosión, dilatación, cierre, apertura...).

Al igual que en otros algoritmos, el objetivo de éste es dividir la imagen de gris en regiones u objetos, una de ellas el fondo y el resto el objetivo de la segmentación. Para ello trata de detectar los bordes o contornos de los objetos o regiones que se desea encontrar.

En primer lugar, se considera que los bordes de la imagen se corresponden con los de aquellas zonas donde el nivel de gris varía bruscamente, de manera más directa que sus píxeles vecinos. Entonces se define la imagen correspondiente al gradiente de la imagen original, en la que habrá píxeles de valor elevado en aquellos puntos donde existe un cambio rápido de intensidad, un borde. El valor de cada píxel se corresponde entonces con el valor del gradiente de ese píxel en la imagen de partida. En la Figura 3.14 se observan las llamadas líneas de cresta de la imagen gradiente, que corresponderían precisamente a los bordes de la imagen original.

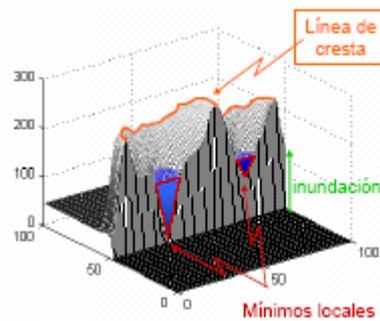


Figura 3.14: Representación de las líneas de cresta en el algoritmo Watershed.  
Fuente: <http://upcommons.upc.edu/bitstream/handle/2099.1/3860/54960-1.pdf>

Así pues, se debe imaginar la imagen como tridimensional para entender bien el Watershed. Dos coordenadas espaciales y el nivel de gris de la imagen que correspondería a la altura. De esta forma, haciendo la extrapolación de la imagen gradiente a un relieve topográfico se pueden considerar tres tipos de puntos en la imagen: puntos que son mínimos locales, puntos en los que si se colocase una gota de agua caería obligatoriamente hacia un mínimo y puntos en los que esa gota podría caer hacia más de un mínimo.

Los puntos que cumplen con la opción de caer hacia un único mínimo se llaman *catchment basin* o cuenca de ese mínimo. Los que cumplen la opción de caer hacia varios mínimos son las llamadas líneas de cresta o líneas de watershed. El algoritmo trata de llegar hasta esas líneas de cresta que corresponden con los mayores gradientes de la imagen original.

Conceptualmente, la forma de trabajar del algoritmo simula la existencia de un agujero en cada mínimo local y la inundación del relieve desde abajo, entrando el agua a una velocidad constante. El agua sube e inunda las cuencas de cada mínimo, y cuando se van a juntar dos cuencas se forma un dique para evitar que se unan, lo que eliminaría un borde de la imagen original. Se continúa con la subida del agua hasta que solo se observan las partes de arriba de los diques. Se quedan entonces las líneas de watershed o de cresta, que una vez inundado el relieve forman un camino conectado, mostrando por tanto los bordes continuos entre regiones. En la Figura 3.15 se puede observar este proceso

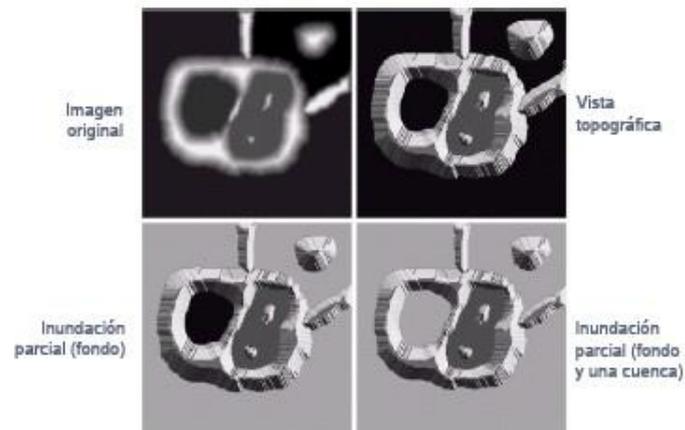


Figura 3.15: Proceso de inundación del Watershed. En gris se representa lo que equivaldría al agua que inunda las cuencas y sirve para detectar los bordes de los objetos a segmentar.

Fuente: <http://upcommons.upc.edu/bitstream/handle/2099.1/3860/54960-1.pdf>

No obstante, aplicar directamente el algoritmo de watershed sobre la imagen gradiente no es una buena opción para segmentar, ya que se suele producir un fenómeno llamado sobresegmentación. Este efecto consiste en la segmentación de un elevado número de objetos falsos, y los verdaderos contornos se enmascaran por la aparición de estos contornos falsos. La sobresegmentación se suele producir por la presencia de ruido en la imagen, pero también puede producirse por la existencia de zonas no homogéneas u objetos y texturas poco importantes o de un tamaño despreciable, que al fin y al cabo también son procesados por el algoritmo. Esto se debe a que el algoritmo trabaja con mínimos locales, y si en la imagen hay algún píxel que tiene un valor de intensidad bajo rodeado por otros de intensidad superior, será reconocido como objeto incluso si se trata únicamente de un píxel.

De hecho este problema es uno de los que surgió con las imágenes utilizadas en este trabajo al utilizar el algoritmo y que hace complicada la validación del watershed para imágenes *in-vivo*, concretamente de TAC que son las que se han utilizado. La Figura 3.16 muestra el fenómeno de sobresegmentación comentado.



Figura 3.16: Resultado de aplicar el algoritmo Watershed a una imagen de gris sin pre.procesado. Se observa en la parte derecha de la imagen el fenómeno de sobresegmentación que tiene lugar. Fuente de la imagen original:

<https://www.cs.cmu.edu/~chuck/lennapg/lenna.shtml>

Pero la sobresegmentación se puede solucionar mediante dos métodos: eliminando los contornos falsos o irrelevantes creados por el algoritmo una vez aplicado el watershed, o modificando la imagen

gradiente para que las regiones de mínimos locales (valles o cuencas) se correspondan con los objetos que se desean segmentar. Esta última opción se realiza mediante la utilización de marcadores, que imponen los mínimos locales en aquellos objetos deseados, descartando el resto. Aunque esta tarea se complica cuando los objetos a segmentar son de un tamaño pequeño.

### 2.4.6. Detección de bordes

Los algoritmos basados en la detección de bordes se basan en detectar zonas donde el nivel de gris varía de manera significativa. Permiten obtener información sobre las fronteras de regiones y objetos y permite segmentar estos últimos.

Estas técnicas utilizan operadores regionales basadas en aproximaciones de la primera y segunda derivada de los niveles de gris de la imagen. Esto se debe a que las derivadas son la representación matemática de ese cambio brusco de intensidad, es decir, del gradiente de la imagen de gris. De esta forma cuanto mayor es el valor de la derivada, más contraste existe y más rápida es la variación de nivel de gris.

En el software *Matlab*<sup>®</sup>, que es el que se ha utilizado para la implementación de los algoritmos, existe una función que trata de detectar estos bordes. Es la función “*edge*”. Esta función detecta los bordes de una imagen con distintos niveles de intensidad, obteniendo una imagen binaria del mismo tamaño que la original donde los píxeles con valor 1 corresponden a aquellos donde se ha detectado un borde y los píxeles con valor 0 al resto.

Pero existen diferentes métodos de obtención de esta imagen de bordes binaria según determinados factores como la máscara empleada para la detección del gradiente, si se utiliza un filtrado previo o no, etc. De esta forma, el software *Matlab*<sup>®</sup> ofrece diversos métodos: Sobel, Prewitt, Roberts, LoG y Canny.

**-Prewitt:** Involucra los vecinos de filas y columnas contiguas para intentar ofrecer inmunidad al ruido. Detecta bien bordes verticales y horizontales. En la Figura 3.17 se observa las máscaras que utiliza; este método funciona con una  $K=1$ .

**-Sobel:** Este método es más sensible a los bordes diagonales que el de Prewitt. Utiliza las dos máscaras de la Figura 3.17 con  $K=2$

<b>Gradiente fila</b>	<b>Gradiente columna</b>																		
<table border="1" style="border-collapse: collapse; margin: auto;"> <tr><td>1</td><td>0</td><td>-1</td></tr> <tr><td>K</td><td>0</td><td>-K</td></tr> <tr><td>1</td><td>0</td><td>-1</td></tr> </table>	1	0	-1	K	0	-K	1	0	-1	<table border="1" style="border-collapse: collapse; margin: auto;"> <tr><td>-1</td><td>-K</td><td>-1</td></tr> <tr><td>0</td><td>1</td><td>0</td></tr> <tr><td>1</td><td>K</td><td>1</td></tr> </table>	-1	-K	-1	0	1	0	1	K	1
1	0	-1																	
K	0	-K																	
1	0	-1																	
-1	-K	-1																	
0	1	0																	
1	K	1																	

Figura 3.17: Máscara utilizada por los métodos de Prewitt y Sobel para detectar bordes.  
Fuente: [http://www4.ujaen.es/~satorres/practicas/practica3\\_vc.pdf](http://www4.ujaen.es/~satorres/practicas/practica3_vc.pdf)

**-Roberts:** Este método consigue una buena respuesta para bordes diagonales y buenos resultados de localización. El problema es que es muy sensible al ruido, lo que provoca una mala calidad en la detección. Las máscaras que utiliza aparecen en la Figura 3.18

Gradiente fila		
0	0	0
0	0	1
0	-1	0

Gradiente columna		
-1	0	0
0	1	0
0	0	0

Figura 3.18: Máscara utilizada por el método de Roberts para detectar bordes.  
Fuente: [http://www4.ujaen.es/~satorres/practicas/practica3\\_vc.pdf](http://www4.ujaen.es/~satorres/practicas/practica3_vc.pdf)

**-LoG (Laplaciano de la gaussiana):** Consiste en suavizar la imagen mediante la convolución con una gaussiana, para posteriormente cruzar la imagen con el laplaciano, para detectar los bordes.

**-Canny:** Es el más potente y eficaz de los detectores de bordes. En primer lugar realiza una convolución con filtro gaussiano para reducir el nivel de ruido de la imagen. A continuación, se calcula el módulo y la dirección del gradiente de la imagen suavizada con el objetivo de encontrar los píxeles con mayor valor de gradiente, es decir, donde la variación es máxima. Después se eliminan los píxeles que no son máximos locales en la dirección perpendicular al borde (la dirección del gradiente). Por último se realiza una umbralización con un umbral doble para evitar bordes falsos y discontinuidades en ellos.

En la Figura 3.19 se muestra una imagen segmentada mediante cada una de las técnicas para poder comparar resultados.

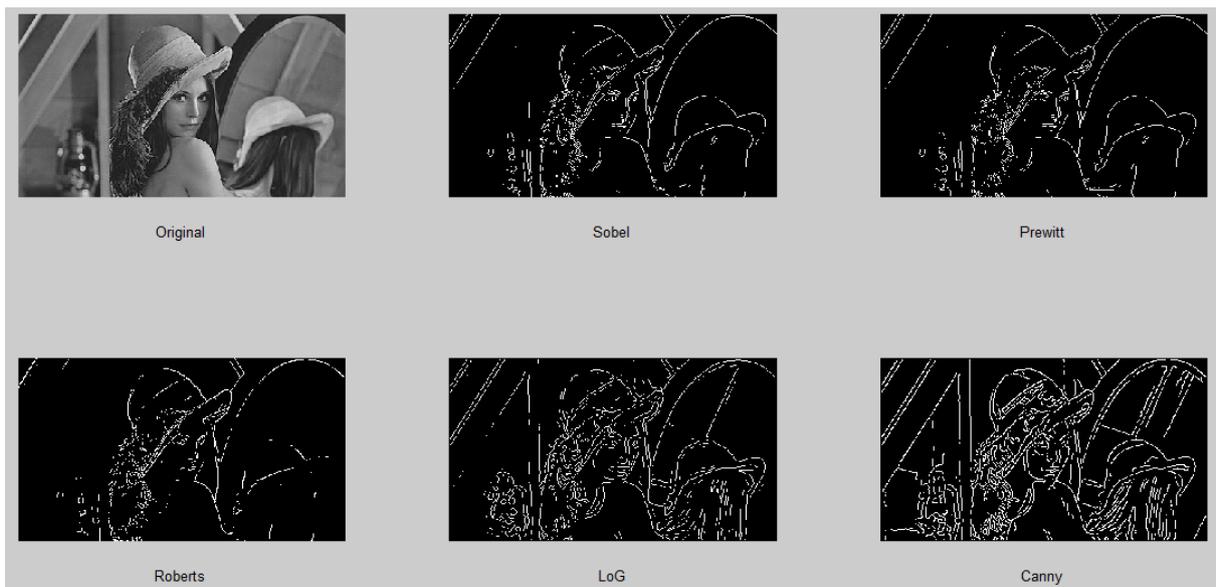


Figura 3.19: Resultado de segmentar en Matlab® una imagen con cada uno de los métodos estudiados de detección de bordes.  
Fuente de la imagen original: <https://www.cs.cmu.edu/~chuck/lennapg/lenna.shtml>

En nuestro caso se ha utilizado el detector de bordes de Sobel para la implementación del algoritmo en Matlab®, ya que es el que utiliza el software por defecto y además es sencillo.

### 3. Objetivos

El procesado de imagen y concretamente la segmentación de imágenes, es una herramienta muy potente en el área médica, que nos permite detectar patologías, delimitar la anatomía y conseguir un diagnóstico preciso. Es por ello necesario que la segmentación sea lo más parecida posible a la realidad, con el mínimo porcentaje de fallo. De esta forma, los objetivos a alcanzar en este trabajo final de grado son los siguientes:

- Segmentar las regiones de interés (ROIs) de los TACs obtenidos para quedarnos únicamente con la zona de los endocardios lisos, a partir de los cuales podremos segmentar las trabéculas y papilares existentes en su interior. Para ello se utilizará el programa Seg3D®. Los TACs se obtendrán de la página web de OsiriX, que posee un repositorio de imágenes médicas en formato DICOM de múltiples modalidades (TAC, MRI, PET, PET-TAC...).
- Generar códigos en Matlab® basados en algoritmos sencillos de segmentación que sean capaces de segmentar las trabéculas y músculos papilares del endocardio sobre imágenes de TAC con los endocardios lisos previamente delineados. Los códigos deberán incluir la función de abrir y leer las imágenes DICOM de TAC obtenidas para poder realizarles el posterior procesado. Además se utilizarán operaciones morfológicas para refinar y optimizar el resultado de las segmentaciones.
- Realizar una comparativa de los códigos generados en Matlab® para determinar qué algoritmo de segmentación de entre los testeados proporciona resultados más precisos para añadir de manera automática las trabéculas y papilares a los endocardios lisos previamente segmentados. La comparativa se realizará utilizando métodos cuantitativos y se mostrarán tablas que indiquen la precisión de cada uno de los métodos empleados, siempre que ésta sea evaluable.

## 4. Diseño e implementación

### 4.1 Software de segmentación

#### 4.1.1. Matlab®

Para las segmentaciones de los TACs y la evaluación de los algoritmos implementados se ha utilizado el software Matlab®. A continuación, se explica el procedimiento a seguir para realizar una

segmentación de cada TAC desde que se cargan las ROIs desde Seg3D<sup>®</sup> hasta que se obtiene el índice DICE para la evaluación de la segmentación.

En primer lugar, es necesario copiar en la barra de direcciones “*path*” el nombre de la carpeta en la que se encuentran las ROIs exportadas y los algoritmos implementados que se van a ejecutar. El contenido de la carpeta aparecerá en la parte izquierda, en la ventana *Current Folder*. La Figura 4.1 muestra la ventana de trabajo del programa.

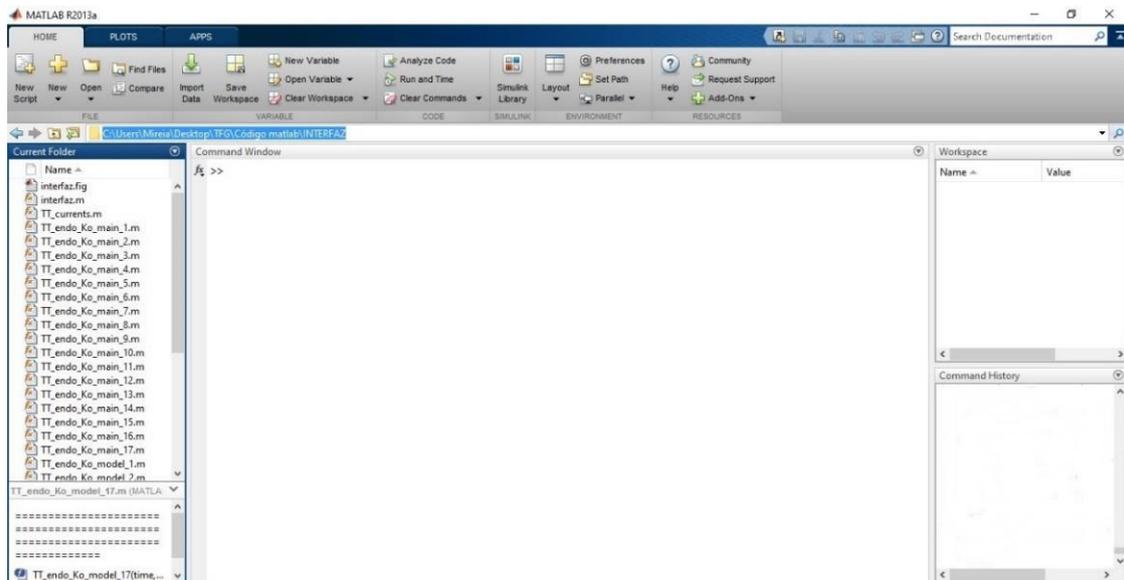


Figura 4.1: Ventana principal de trabajo en Matlab.

A continuación, se debe seleccionar la ROI del TAC con la que se desea trabajar. Como se ha explicado anteriormente, se han exportado hasta 6 ROIs por cada TAC. Si, por ejemplo, se desea evaluar la segmentación para el VI el procedimiento será el siguiente: cargar la ROI del VI del TAC deseado y después aplicar el algoritmo que se desea evaluar seleccionando la opción “*Run*”. Una vez aplicado el algoritmo, el resultado que se obtiene es la segmentación de la ROI por parte del algoritmo seleccionado. Pero ahora es necesario comparar ese resultado con la segmentación de referencia de las trabéculas para evaluar cuan precisa es la segmentación obtenida. Es ahí donde se utilizan las ROIs de las trabéculas y papilares previamente segmentadas en Seg3D<sup>®</sup>. Se carga ahora la ROI de las trabéculas correspondientes a la ROI del ventrículo segmentado, en este caso la ROI de las trabéculas del VI. Una vez está cargada, se ejecuta la función que calcula el índice DICE para comparar el resultado de las segmentaciones en Matlab<sup>®</sup> y la ROI correspondiente para ver en qué grado se asemejan. Un resultado de 1 querría decir que la segmentación con los algoritmos implementados en Matlab<sup>®</sup> ha sido perfecta.

#### 4.1.2. Seg3D<sup>®</sup>

Para la obtención de las ROIs correspondientes a las segmentaciones de referencia se ha utilizado el software Seg3D<sup>®</sup>. El proceso de segmentación y obtención de ellas será explicado posteriormente en el apartado referente a la segmentación de la anatomía cardíaca. A continuación, se explica el proceso para cargar las imágenes y procesarlas hasta llegar al paso previo de comenzar la segmentación.

Una vez se ha abierto el programa, es necesario seleccionar la opción *“Start New Project”* e indicar el nombre que se le desea adjudicar, así como la ruta en la que guardarlo. Una vez hecho esto, hay que importar las imágenes médicas con las que se desea trabajar, que en nuestro caso son los TACs. Para ello, hay que clicar en la barra de herramientas, apartado *“File”* e ir a *“Import Layer from Image Series”* en el caso que los volúmenes se tengan como una serie de imágenes correspondientes a cada corte (como es nuestro caso). En el caso de que se tenga un único archivo para el volumen clicar en la opción *“Import Layer from Single File”*. Finalmente, se selecciona todo el conjunto de imágenes (cortes) y se abren.

Si la rotación con Gimias® no ha sido del todo correcta, es posible rotar las imágenes pero únicamente con giros múltiplos enteros de 90° en cada uno de los ejes.

Para ajustar la visualización se ha de clicar en *“View”* y elegir el número de vistas y el eje que se desea observar.

Por último, para ajustar el brillo y el contraste se debe pinchar en el apartado *“Open the appearance menu”*, situado debajo del título de las máscaras y representado con el dibujo de un pincel, y modificar las barras de ambos parámetros según se desee.

### **4.1.3. Paraview®**

Paraview® es un programa con multitud de herramientas y opciones centradas en la visualización interactiva de datos 3D. Permite visualizar una gran variedad de datos distintos e interactuar con ellos con el fin de poder observar aquello que se desea.

En el caso de nuestro trabajo, Paraview® ha sido utilizado para poder comprobar visualmente la precisión de las reconstrucciones 3D generadas a partir de las segmentaciones obtenidas, es decir, como volumen.

Simplemente, se ha de seleccionar la opción *“Open”* y escoger el archivo de extensión *.vtk* (*The Visualization Toolkit*), que se ha debido crear previamente a partir de los resultados de segmentación mediante una función Matlab® implementada a tal efecto. Para una óptima comprobación se puede variar la opacidad de uno de los volúmenes para observar si encaja con el modelo deseado.

En la Figura 4.2 se puede observar la interfaz de Paraview® y las herramientas con las que permite trabajar.

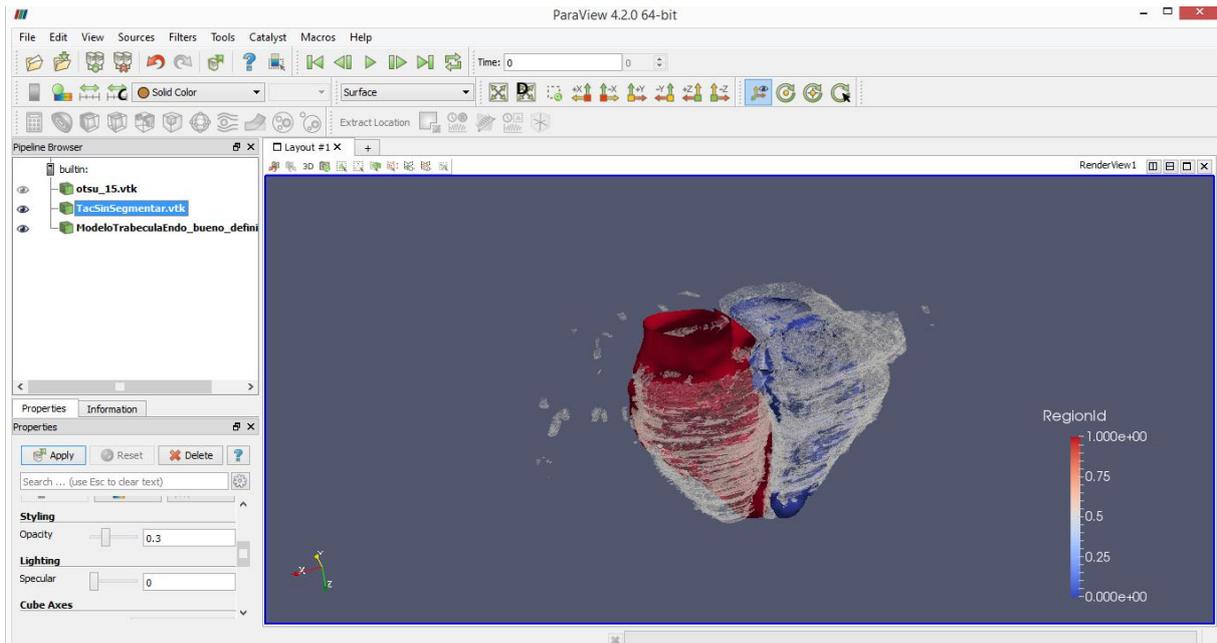


Figura 4.2: Interfaz de Paraview. Se observa la representación tridimensional de un corazón. En blanco la ROI del TAC Toutatix sin segmentar. En azul y rojo un volumen correspondiente a endocardios lisos.

#### 4.1.4. Gimias

Gimias® es un programa destinado principalmente a la visualización, edición y segmentación de imágenes biomédicas (archivos DICOM especialmente).

Las dos ventanas mostradas en la Figura 4.3 son el espacio de trabajo de Gimias®, la ventana "Dicom" y la ventana "Scene View", que es la que se ha usado para trabajar con los TACs. Por tanto, se debe clicar en esta ventana en primer lugar y posteriormente en "Open directory" para seleccionar los cortes correspondientes del TAC que se desea rotar.

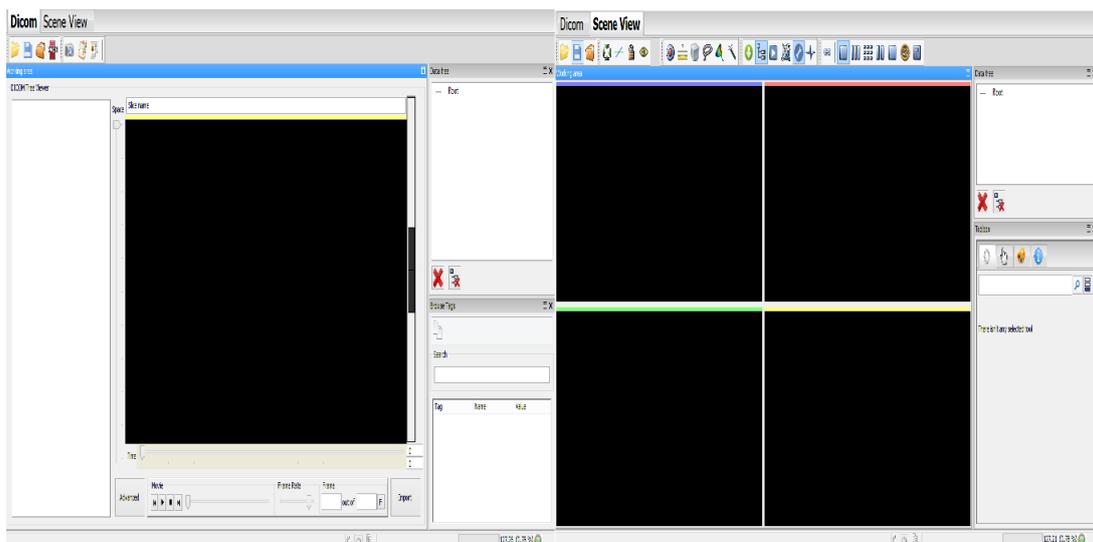


Figura 4.3: Ventanas principales de trabajo en Gimias. A la izquierda la ventana "Dicom", a la derecha la ventana "Scene View" con la que se ha trabajado.

Una vez abierto el volumen con el que se desea trabajar, se realiza el proceso de rotación de los ejes tal y como se explica más adelante en el apartado de pre-procesado de imágenes de TAC.

## 4.2. Segmentación de la Anatomía Cardíaca

Como se ha comentado anteriormente, las imágenes que se han utilizado en este trabajo han sido obtenidas de la web de descarga libre de OsiriX, concretamente del apartado “Downloads” (Descargas). En él, se pueden observar multitud de archivos de imágenes DICOM *in-vivo*, tanto de TAC como de MRI en muchas de sus variedades posibles. Además no solo existían volúmenes de imágenes cardíacas, sino que la web ofrece volúmenes de distintos tipos de órganos tanto para TAC como para MRI. Así pues se seleccionaron aquellos volúmenes que cumplían los requisitos del trabajo, en primer lugar que fueran imágenes cardíacas y posteriormente que pertenecieran a la modalidad de TAC en lugar de MRI. De los 8 volúmenes posibles finalmente se seleccionaron los 5 que mejores características ofrecían para la segmentación. Estas características que se tuvieron en cuenta eran tales como: resolución, aparición de tejidos colindantes al corazón que dificultaran la segmentación, tamaño y geometría... Los 5 volúmenes escogidos fueron: *Agecanomix*, *Toutatix*, *Cardix*, *Fourdix* y *Goudurix*. Como curiosidad, todos ellos pertenecen a nombres de personajes de *Astérix y Obélix*, al igual que el resto de volúmenes de la web.

El problema es que la web no ofrece los parámetros de obtención (plano de obtención por ejemplo) de los volúmenes ni las especificaciones de los equipos, así que no fue posible tener en cuenta estos datos.

Una vez abiertos los diferentes volúmenes de imágenes de TAC cardíacos, se observó que las características de cada uno eran diferentes: resolución, dimensiones, espaciado (“spacing”), tamaño del vóxel y orientación no se correspondían en los diferentes volúmenes. En la Tabla 1 se muestran las características de cada uno de los TACs utilizados antes de cualquier tipo de preprocesado.

Tabla 1: Características de cada TAC utilizado.

	<b>Agecanomix</b>	<b>Toutatix</b>	<b>Cardix</b>	<b>Fourdix</b>	<b>Goudurix</b>
<b>Nº de cortes</b>	262	432	508	482	258
<b>Dimensiones</b>	413 x 198	512 x 353	512 x 458	512 x 203	504 x 371
<b>Spacing original*</b>	0.57, 1.04, 0.83	0.33, 0.45, 0.38	0.40, 0.34, 0.39	0.49, 0.69, 0.50	0.40, 0.55, 0.83
<b>Volumen del vóxel*</b>	0.48959	0.057	0.0524	0.16846	0.18263

\*Para intentar homogeneizar los TACs, después de su rotación se cambió el spacing de todos ellos por los valores 0.4, 0.4 y 0.4 para cada eje respectivamente, con lo que el tamaño del vóxel se vio reducido a 0.064. El campo N° de cortes hace referencia al valor del eje Z, que se hizo coincidir con la vista del plano de dos cámaras (plano axial del cuerpo).

### 4.2.1. Pre-procesado de las imágenes de TAC

Dado que ninguno de ellos estaba orientado según los ejes cardíacos, en primer lugar fue necesario editarlos con el software *Gimias*®, que permite rotar libremente las imágenes para orientarlas según los ejes deseados. En nuestro caso, esta rotación se corresponde con la obtención de los planos cardíacos, que son los habituales para la visualización y segmentación de las imágenes cardíacas.

La vista más utilizada normalmente para la segmentación de la anatomía cardíaca es la del eje corto cardíaco, especialmente cuando se trata de segmentar los ventrículos. Por ello, se rotaron los TACs de manera que se obtuviese en el eje axial el plano corto cardíaco.

Una vez abierto el TAC en *Gimias*®, se debe colocar el ratón sobre los ejes de cada una de las 3 vistas y realizar las rotaciones pertinentes para que cumplan las condiciones explicadas en el apartado de los planos cardíacos. El resultado debe ser semejante a lo que se observa en la Figura 4.4.

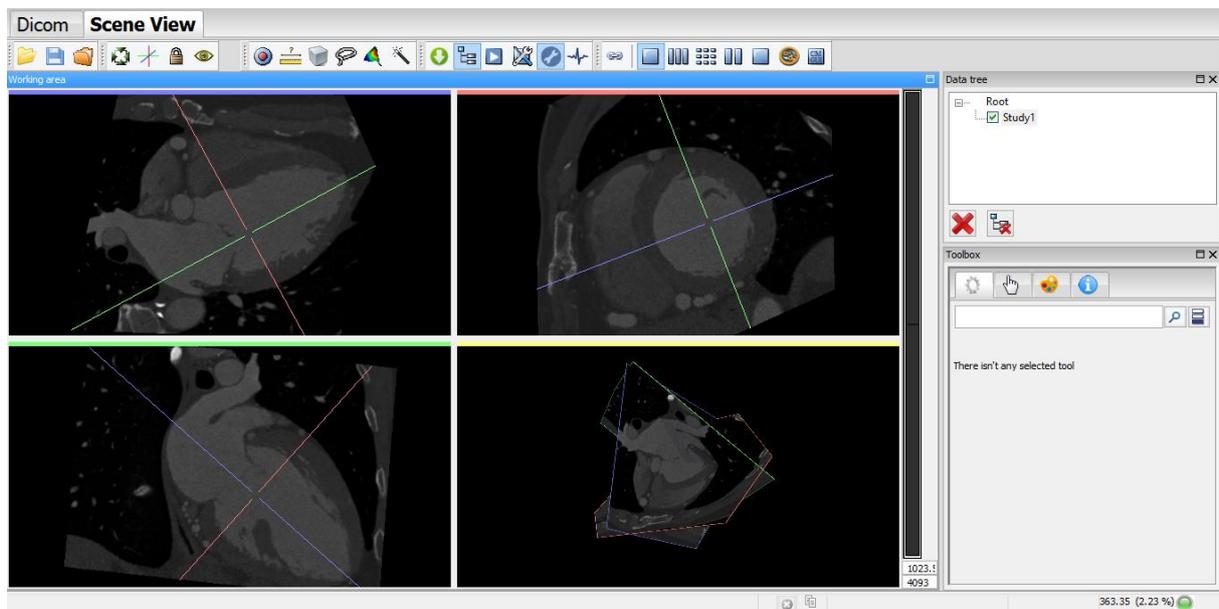


Figura 4.4: Rotación de ejes en Gimias. Se muestra el resultado una vez se han rotado los ejes de manera que se obtengan los planos cardíacos.

Una vez rotados los ejes, se debe clicar en *Tools* → *Image Processing* → *Change Image Direction by AXIS*.

De esta forma ya están los TACs rotados, pero falta guardar ese nuevo estado y exportarlo como un nuevo volumen de imágenes. Para ello hay que seleccionar la siguiente secuencia de opciones: *Tools* → *Converters* → *Create a DICOM Series (ITK)*.

Finalmente se escoge la carpeta en la que se desea exportar el TAC una vez rotado, en la opción “*Output*”, y se aplican las opciones elegidas. De esta forma, cuando se abran los TACs con el programa elegido, ya estarán rotados según los ejes cardíacos.

Una vez fueron rotadas las imágenes, se guardaron en nuevos volúmenes y se abrieron posteriormente con *Seg3D*<sup>®</sup> para comenzar la siguiente fase de pre-procesado. En ella el objetivo fue definir una región de interés (ROI) sobre las imágenes de TAC, ya que en ellas se mostraban zonas y tejidos que rodeaban el corazón. Estas zonas y tejidos dificultarían la correcta segmentación de la anatomía cardíaca con algunos algoritmos, sobre todo los basados en el punto, ya que aportan intensidades muy distintas al tratarse de diferentes zonas, lo que enmascararía e introduciría mucho ruido en los objetos que se desean segmentar. Por tanto, nuestra ROI debía contener únicamente los endocardios lisos, para así limitar la aplicación de los algoritmos implementados para la segmentación de papilares y trabéculas a las cavidades internas de ambos ventrículos.

#### **4.2.2. Segmentación de Endocardios lisos**

En primer lugar se necesitaba obtener las ROIs de los endocardios lisos, es decir, toda el área del endocardio donde se incluyen trabéculas, papilares y el pool de sangre.

Para realizar la segmentación de los endocardios lisos se utilizó el software *Seg3D*<sup>®</sup> que cuenta con numerosas herramientas disponibles para la segmentación, tanto manual como automática, de imágenes *in-vivo*. Además, posee una serie de filtros que sirven para eliminar todas aquellas zonas que no interesan o para unir regiones en una misma segmentación.

El software no presenta herramientas específicas de segmentación para un ventrículo u otro, de modo que se utilizó el mismo procedimiento para ambos ventrículos, aunque con resultados muy diferentes. En el caso de los endocardios lisos esto se debe a la fina pared del VD, que dificulta una correcta segmentación sin sobrepasar los límites, además del bajo contraste que existe en el VD entre la sangre y la pared miocárdica, ya que en el caso de las imágenes de TAC con las que se ha trabajado el pool de sangre se muestra más oscuro que en el VI y dificulta la correcta limitación de la superficie endocárdica. En la Figura 4.5 se puede observar esta diferencia de contrastes entre el pool del VD y el del VI, además de la diferencia de grosor de la pared de ambos ventrículos. Y en el caso de las trabéculas y papilares, la gran diferencia de resultados entre ambos ventrículos se debe precisamente al pobre contraste de los músculos papilares y trabéculas con el pool de sangre.

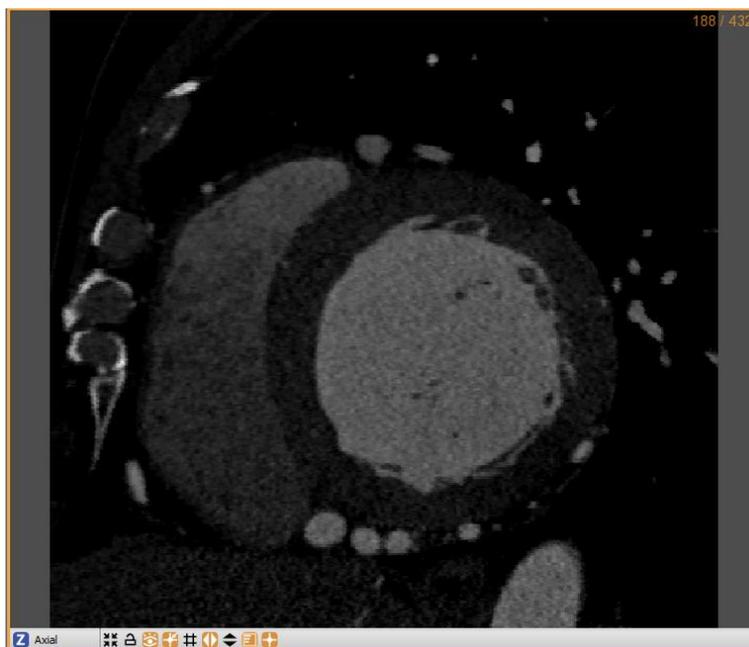


Figura 4.5: Vista correspondiente al plano de dos cámaras del corte 188 del TAC Toutatix. En él se observa a la izquierda el VD y a la derecha el VI. Se aprecia el mayor contraste del VI con el resto de estructuras cardíacas e incluso algunos papilares. El contraste del VD en cambio es más pobre y hace más complicado detectar papilares. Además la pared de este ventrículo se observa más fina que la pared del VI.

Es por ello que para la segmentación de los endocardios lisos fue necesario aplicar primero algoritmos de segmentación semiautomática y, posteriormente, corregir los resultados de manera manual para eliminar errores de segmentación y/o añadir zonas no segmentadas. Pese a que el VI proporciona mejores resultados que el VD, en los dos fue necesario realizar esta combinación de métodos de segmentación. Debido a estas dificultades en la segmentación automática, la segmentación manual sigue siendo la principal herramienta en la segmentación de imágenes cardíacas *in-vivo*, pese a que es una tarea costosa y complicada.

Por estas razones se decidió segmentar por separado VI y VD, para que el contraste de uno no afectara al otro ventrículo, y unir las segmentaciones de ambos una vez realizadas.

**-VI:** Para la parte semiautomática de la segmentación de endocardios lisos se utilizó un algoritmo propio que ofrece *Seg3D*<sup>®</sup> y que se ha comentado anteriormente, el *Level Set*. En la Figura 4.6 se puede observar el resultado que muestra el algoritmo para uno de los cortes del VI. Como se ve en la imagen, el algoritmo deja sin segmentar las zonas más oscuras (de mayor contraste con el pool de sangre) del VI que son precisamente las trabéculas y músculos papilares. El hecho de que se queden sin segmentar estas zonas es lo que posteriormente permitirá realizar una validación de los resultados de segmentación de las trabéculas y músculos papilares obtenidos por medio de los algoritmos implementados.

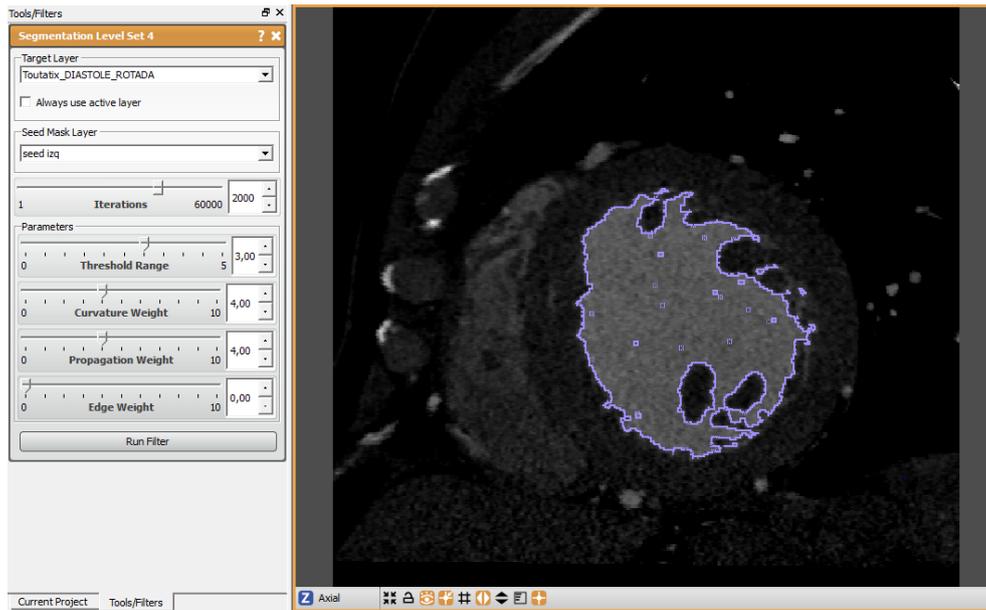


Figura 4.6: Resultado del algoritmo Level Set para segmentar trabéculas y papilares de manera automática en el VI. La imagen corresponde al corte 135 del TAC Toutatix en lo equivaldría al eje axial del cuerpo. Se observa como deja sin segmentar por una parte las trabéculas y papilares y además ciertos puntos de pequeño tamaño que serían considerados ruido. A la izquierda de la imagen se observa el panel correspondiente a los factores que regulan el crecimiento del Level Set.

Para emplear el Level Set, en primer lugar es necesario crear una máscara “semilla”, a partir de la cual la segmentación irá creciendo teniendo en cuenta los píxeles que cumplan con las condiciones de la máscara semilla. El crecimiento de la máscara está controlado por una serie de parámetros que son: el umbral de aceptación, el factor de curvatura, el factor de propagación y el factor de borde. Además, se ha de indicar el número de iteraciones que se desea que realice el algoritmo y tras las cuales finaliza. Es importante que la “semilla” se coloque en aquella zona cuya intensidad es la que se desea segmentar, en este caso sería dentro del endocardio, para que se acabe ajustando a las paredes de éste. Al aumentar el umbral de aceptación, el algoritmo discrimina menor número de píxeles, por lo que será menos preciso pero crecerá más rápidamente. Sucederá lo mismo al aumentar el factor de propagación, ya que la conectividad usada para el crecimiento de la “semilla” es aumentada. Por otra parte, el factor de curvatura es el encargado de regular la adaptación del crecimiento de la “semilla” a aquellas zonas con concavidades o curvas, ajustándose correctamente al contorno. El factor de borde hace que aumente la separación entre píxeles segmentados y es un factor que normalmente se deja con valor 0. En la Figura 4.7 se muestra este crecimiento de la máscara “semilla”, y el panel de factores que regulan el crecimiento del *Level Set* se puede observar en la Figura 4.6.

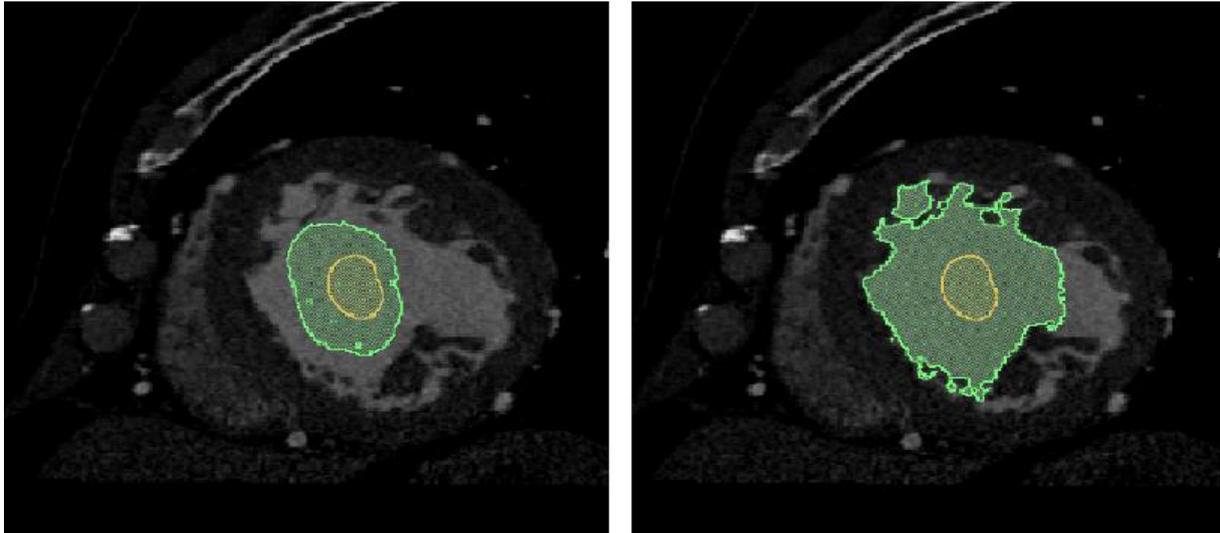


Figura 4.7: Proceso de crecimiento de la semilla en el Level Set para el VI. En naranja la máscara semilla, en verde el crecimiento que va desarrollando la máscara con cada iteración. La imagen pertenece al corte 103 del TAC Toutatix.

Una vez acabadas las iteraciones del algoritmo, el resultado que se obtiene es similar al de la Figura 4.6. En ese momento se procedió a realizar la corrección manual de la segmentación. En primer lugar se repasaron los cortes de los volúmenes de TAC para comprobar que el *Level Set* había dejado sin segmentar aquellas zonas correspondientes a trabéculas y papilares, diferenciadas por tener un contraste elevado con el pool de sangre y ser regiones más oscuras.

Para la segmentación manual *Seg3D*<sup>®</sup> incluye varias herramientas. La opción escogida fue la herramienta "*Paint Brush*" que consiste en una especie de pincel, del cual se puede ir aumentando o disminuyendo el tamaño según convenga, y que permite rellenar o eliminar zonas con total libertad. Este proceso se realizó corte por corte para completar la segmentación obtenida por el *Level Set*, de modo que ahora incluyese esas zonas más oscuras (trabéculas y papilares) y eliminando aquellos resultados que no se correspondiesen con la anatomía del endocardio. Al finalizar este proceso se obtenía ya el endocardio del ventrículo correspondiente correctamente segmentado. Es importante recordar que el objetivo del trabajo únicamente es trabajar con los ventrículos, por lo que las áreas de las aurículas y de los vasos obtenidas con la segmentación del *Level Set*, fueron eliminadas con la "*Paint Brush*" para dejar únicamente endocardios ventriculares. El resultado final de la segmentación de endocardio liso para el VI se muestra en la Figura 4.8

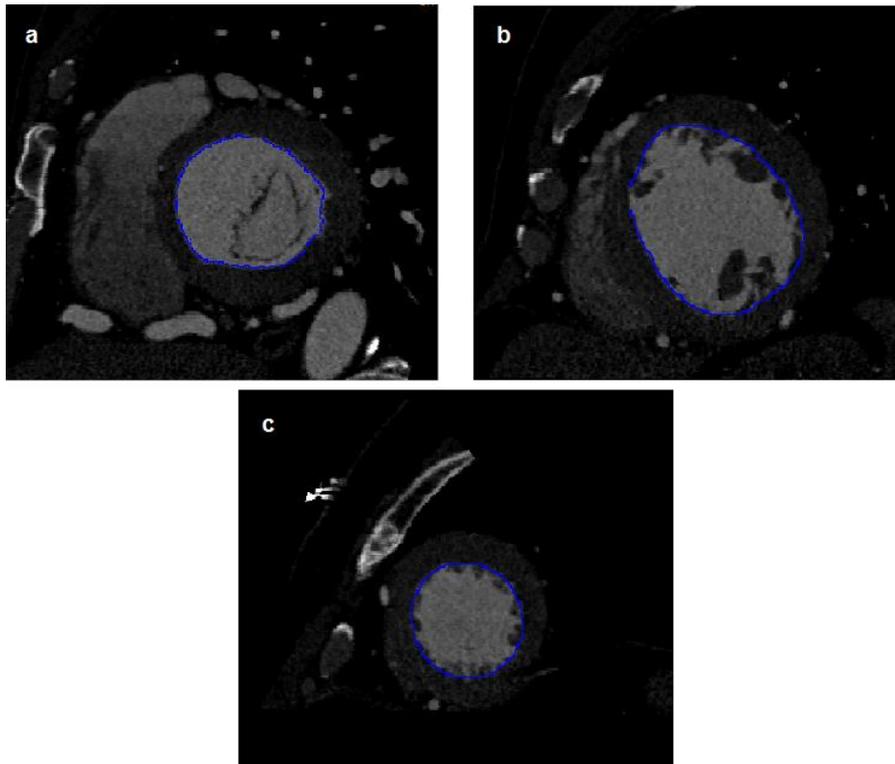
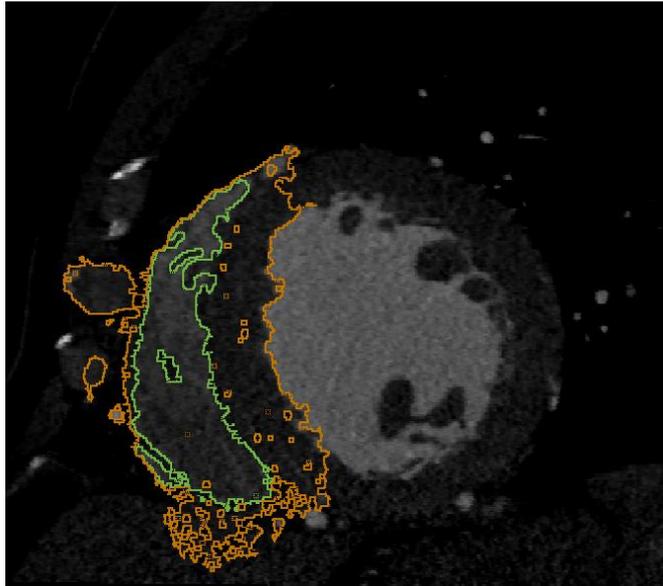


Figura 4.8: Resultados de la segmentación automática y posterior arreglo manual del endocardio del VI sobre las imágenes del TAC Toutatix. Cortes a diferentes niveles del ventrículo: a) nivel basal, b) nivel medio y c) nivel apical.

**-VD:** En las segmentaciones del VD de la Figura 4.8 se puede observar que, a diferencia del VI que presentaba una misma forma circular a lo largo de todo el volumen, los contornos del endocardio derecho no presentan una forma circular ni tampoco igual a lo largo de los diferentes cortes. A nivel del ápex (Figura 4.8.c) comienza teniendo una pequeña forma cónica que va aumentando de tamaño y variando su forma para llegar a tener cada vez más forma cóncava (Figura 4.8.b) y acabar con forma de media luna a nivel basal (Figura 4.8.a).

Además, como se ha comentado anteriormente, los resultados de las segmentaciones para el VD no son tan buenos como para el VI debido al nivel de intensidad que se muestra en él. El pool de sangre del VD tiene un menor contraste con los tejidos adyacentes y, además, varía dentro del propio endocardio en cada corte. Es más difícil detectar trabéculas y papilares de forma automática con el algoritmo Level Set, por lo que en este ventrículo la segmentación manual cobra especial importancia. En la Figura 4.9 se pueden observar los malos resultados que se obtienen con la segmentación automática del VD basada en *Level Sets*, incluso variando los parámetros del algoritmo en *Seg3D*<sup>®</sup>.



*Figura 4.9: Resultados de la segmentación automática del Level Set para el VD en el corte 135 del TAC Toutatix. En naranja se observa el resultado obtenido por el algoritmo y en verde el resultado deseado que se debería obtener.*

Comparando entre sí las imágenes de VI y VD se observa la mayor complejidad anatómica del VD y, por tanto, la mayor dificultad de su segmentación. Ocurre lo mismo entre aurículas y ventrículos, por eso se hace más complicada la correcta segmentación de las aurículas. Factores como la complejidad anatómica de las aurículas, la variabilidad de éstas según se avanza en el volumen y la presencia de los grandes vasos sanguíneos son las causas de la complicada segmentación.

El proceso de segmentación fue idéntico al explicado para el VI, utilizando la máscara “semilla” esta vez en el VD y ajustando ligeramente los parámetros del *Level Set*. La diferencia principal reside en que en este caso la parte manual cobra mucho más protagonismo debido a los malos resultados del algoritmo semiautomático, de modo que se tuvo que corregir a mano la segmentación de todos los volúmenes. El resultado se muestra en la Figura 4.10.

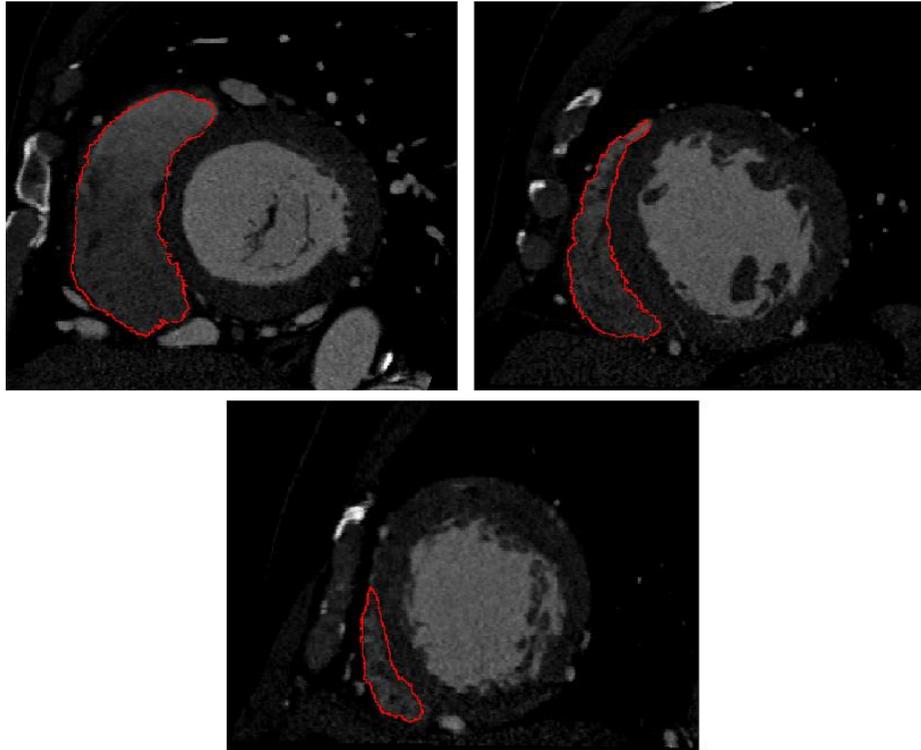


Figura 4.10: Resultados de la segmentación automática y posterior arreglo manual del endocardio del VD sobre las imágenes del TAC Toutatix. Cortes a diferentes niveles del ventrículo, con el mismo orden que para el VI.

Una vez obtenida la máscara de segmentación de cada uno de los dos endocardios lisos de los ventrículos, era necesario unirlos en una sola máscara y aplicarla al volumen de TAC para obtener solo la ROI que se deseaba. Para ello, se utilizaron en primer lugar operaciones lógicas que ofrece el software *Seg3D*<sup>®</sup>. En la barra de herramientas, concretamente en la opción “Mask Filters”, se encuentran las operaciones lógicas. En este caso, la operación lógica necesaria era un “OR”. De esta forma, se obtuvo la Figura 4.11, que muestra en primer lugar (Figura 4.11.a) la máscara final de segmentación de ambos ventrículos, y en segundo lugar (Figura 4.11.b) la ROI de los endocardios deseada. Esta ROI fue obtenida tras utilizar otra opción de *Seg3D*<sup>®</sup>, denominada “Mask Data”. Esta herramienta enmascara las imágenes utilizadas (en este caso los TACs) con la máscara definida por la ROI seleccionada, que será la de los dos endocardios lisos.

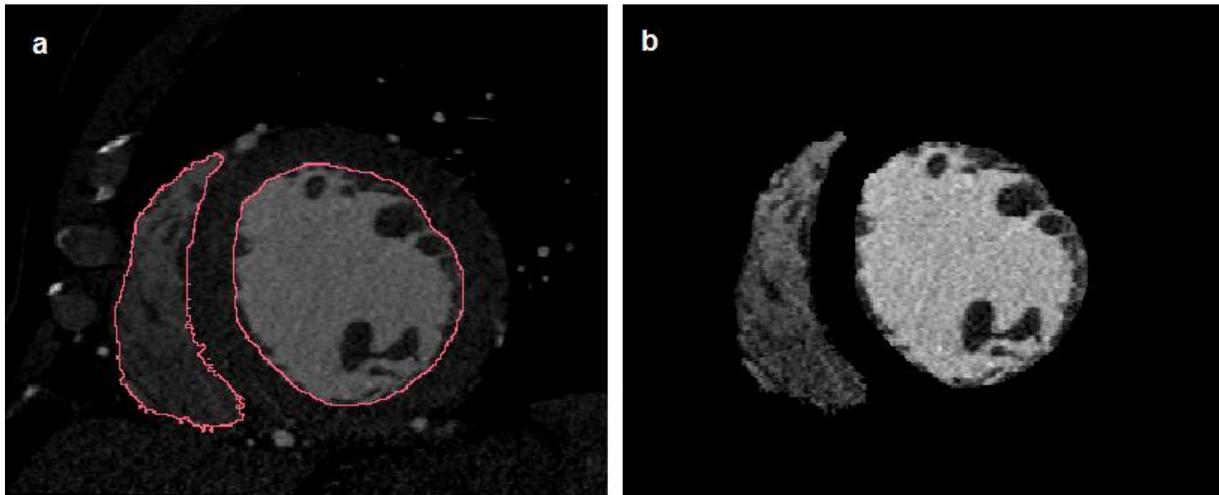


Figura 4.11: Resultado final para la obtención de la ROI de los ventrículos. Se observa a) la máscara de unión de ambos endocardios de los ventrículos habiendo utilizado la operación lógica de unión "OR" y b) la ROI final preparada para ser exportada a Matlab® al aplicar el filtro "Mask Data" a la imagen a).

### 4.2.3. Segmentación de Trabéculas y Papilares

El objetivo principal de este trabajo era conseguir una buena segmentación de las trabéculas cardíacas y de los músculos papilares una vez que ya habían sido previamente segmentados los endocardios lisos, para poder añadirlos posteriormente cuando se requiera realizar un modelo cardíaco con endocardios anatómicamente detallados. Por ello, la segmentación de las trabéculas y papilares se hace indispensable y cobra especial relevancia, ya que se requiere que se detecten todas aquellas que son visibles en las imágenes de TAC.

Para la segmentación de estas estructuras se realizó el proceso en dos fases, ya que directamente no daba resultados precisos. Así pues, en primer lugar se aprovechó que ya se habían realizado las segmentaciones de los endocardios lisos, y por otro lado que además se disponía del resultado del *Level Set*, que detectaba la anatomía del endocardio excluyendo como parte de él las trabéculas y papilares, como se muestra en la Figura 4.6 del punto anterior. Una vez segmentados los endocardios lisos, se segmentaron posteriormente las trabéculas y papilares mediante operaciones lógicas tal y como se explica en los párrafos siguientes.

Las trabéculas y papilares son exclusivos de los endocardios ventriculares, razón por la cual no era necesario segmentar las aurículas, epicardio ni los grandes vasos para cumplir con los objetivos del trabajo.

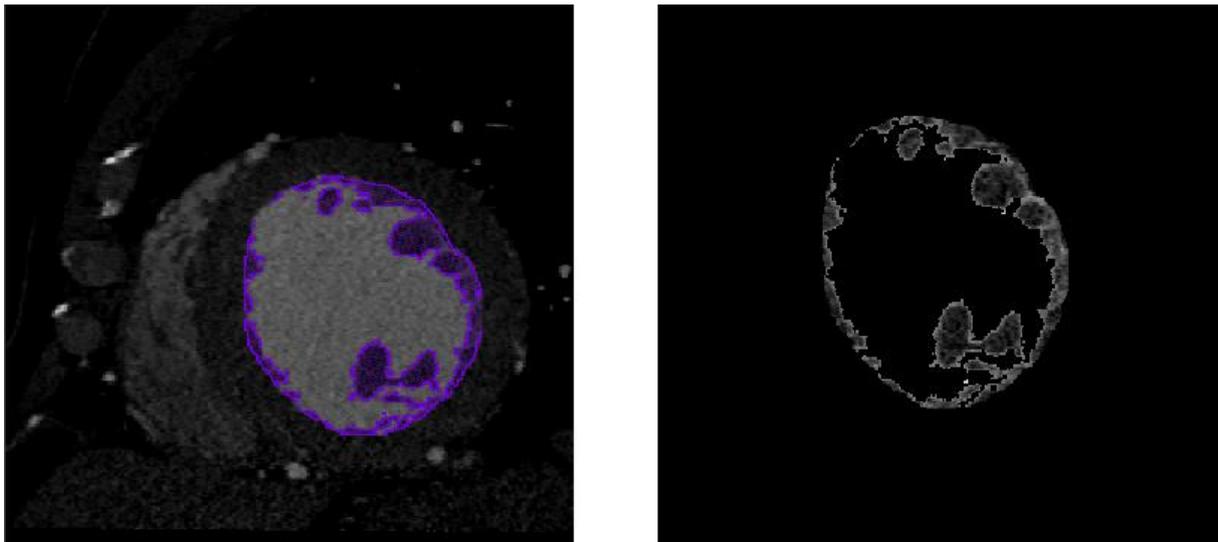
Estas estructuras son difíciles de apreciar en imágenes *in-vivo*, especialmente en MRI. No obstante, esto tampoco quiere decir que se aprecien con claridad en las imágenes de TAC y en muchos casos existen dudas acerca de si se trata de estas estructuras o no, especialmente en el VD.

Para intentar minimizar este problema, fue necesario ir ajustando el brillo y el contraste para detectar mejor las trabéculas y papilares, y *Seg3D*® permite al usuario realizar esta labor de manera sencilla tal y como se ha explicado en el apartado de Software de segmentación.

Esta técnica también fue empleada para facilitar la segmentación del endocardio liso, ya que el lugar donde acababa la pared endocárdica en ocasiones no se distingue fácilmente, sobre todo en el caso del VD como se ha comentado previamente. También se empleó bastante la visualización de las segmentaciones en los otros dos planos cardíacos principales, para ir comprobando sobre las otras vistas las segmentaciones realizadas sobre el eje corto.

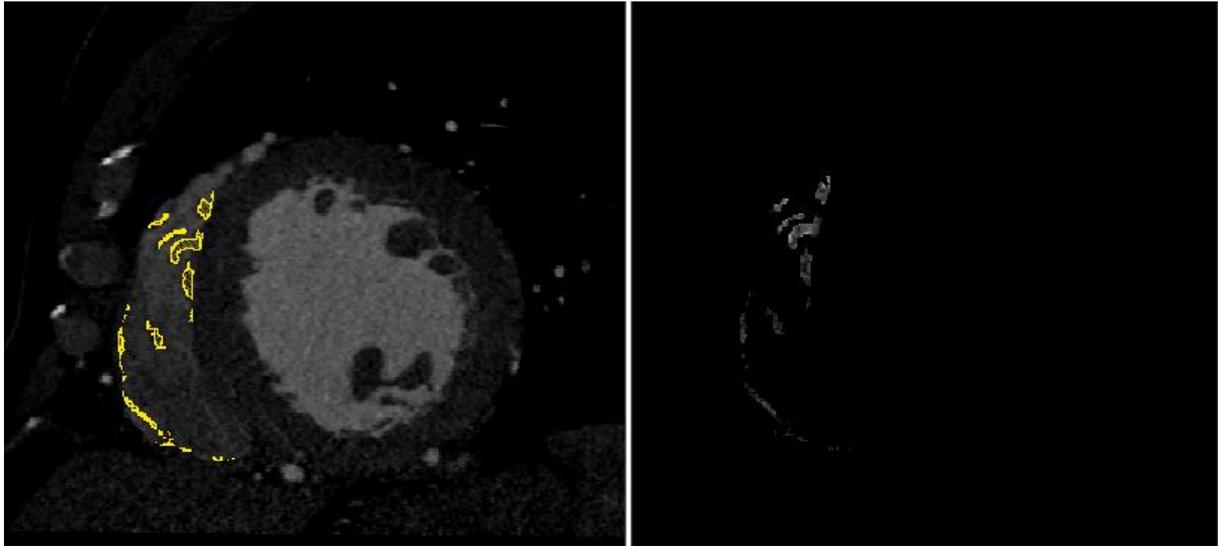
Como se comentaba anteriormente, para la segmentación de las trabéculas y papilares se aprovecharon las dos máscaras que ya se tenían segmentadas de la parte de los endocardios lisos, y mediante otra operación lógica, esta vez se utilizó un “XOR”, se obtuvieron las segmentaciones deseadas. La operación “XOR” realiza la resta de las dos máscaras que se le indican, de forma que al pasarle la máscara de todo el endocardio liso y la máscara resultado del *Level Set* que segmentaba el endocardio excluyendo en él los papilares y trabéculas, se aislaron exclusivamente las ROIs correspondientes a estas últimas estructuras.

Posteriormente, al igual que para el caso de la obtención de la ROI de endocardios lisos, fue necesario utilizar el filtro “Mask Data” para enmascarar los volúmenes de datos de TAC y conseguir así el resultado final, las trabéculas y papilares segmentadas. En la Figura 4.12 se muestra el proceso y el resultado obtenido para el VI.



*Figura 4.12: Resultado final para la obtención de la ROI de las trabéculas y papilares del VI. A la izquierda la máscara de segmentación obtenida tras la operación lógica “XOR” realizada con la máscara de endocardio liso y la del resultado del *Level Set*. A la derecha la ROI final de las trabéculas y papilares del VI obtenida al aplicar el filtro “Mask Data” a la máscara de segmentación.*

Para el VD el proceso fue el mismo, con la diferencia esperada en los resultados finales debido al peor resultado previo de la segmentación del *Level Set* en el VD, que no discriminaba correctamente las trabéculas y papilares debido al menor contraste con el pool de sangre. Estas diferencias de resultados son observables comparando la Figura 4.12 y la Figura 4.13.



*Figura 4.13: Resultado final para la obtención de la ROI de las trabéculas y papilares del VD. A la izquierda la máscara de segmentación obtenida tras la operación lógica "XOR" realizada con la máscara de endocardio liso y la del resultado del Level Set. A la derecha la ROI final de las trabéculas y papilares del VD obtenida al aplicar el filtro "Mask Data" a la máscara de segmentación.*

Finalizadas las segmentaciones de las trabéculas y papilares de ambos ventrículos, era necesario unirlos en una sola máscara. Para ello se procedió igual que para unir los dos endocardios lisos, utilizando la operación lógica "OR", obteniendo ya el objetivo de trabéculas y papilares de ambos ventrículos. Esta nueva ROI es de vital importancia, ya que es la que servirá como patrón de referencia para evaluar de manera cuantitativa la precisión de los resultados obtenidos con los algoritmos de segmentación implementados.

Una vez completada la segmentación de los endocardios lisos y de las trabéculas y papilares, se exportaron todas ellas a formato Matlab para poder trabajar posteriormente con ellas en dicho programa. Se exportaron un total de 6 ROIs por cada TAC: endocardio liso izquierdo, endocardio liso derecho, unión de endocardios lisos, trabéculas del endocardio izquierdo, trabéculas del endocardio derecho y trabéculas de ambos endocardios, incluyendo el volumen de TAC original.

## 5. Resultados y pruebas

En este apartado se mostrarán imágenes de las segmentaciones obtenidas por cada uno de los algoritmos para un determinado corte. Además, se adjuntarán figuras del resultado tridimensional de estas segmentaciones obtenidas con Paraview®. Finalmente, se mostrarán una serie de tablas que recogen valores numéricos representativos de la precisión de las segmentaciones obtenidas con los algoritmos implementados.

Estos valores numéricos corresponden al llamado índice DICE, un estadístico utilizado para la comparación de la similitud entre dos muestras y ampliamente empleado en la evaluación de resultados de segmentación, cuya fórmula viene dada por la ecuación 24:

$$DICE = 2 \frac{|X \cap Y|}{|X| + |Y|} \quad (24)$$

Donde  $X$  es la región definida por la segmentación tomada como patrón de referencia e  $Y$  es la región definida por la segmentación resultante de los algoritmos evaluados.

En nuestro caso,  $X$  será la máscara obtenida mediante la segmentación en Seg3D® (Level Set + manual), la cual se tomará como patrón de referencia.

Por su parte,  $Y$  será la máscara de segmentación generada por cada uno de los algoritmos implementados con Matlab®, cuya precisión se desea evaluar.

Matemáticamente el DICE se define como un índice que puede obtener valores en el rango  $[0,1]$ , donde 1 significaría la coincidencia total de la segmentación. Es decir, cuanto más cercano sea el valor más precisa será la segmentación.

Al realizar las segmentaciones, se comprobó en Paraview® que los resultados se ajustaban bastante para el VI pero no tanto para el VD, por lo que se pensó que el VD podría alterar los verdaderos resultados de los algoritmos cuando se segmentara la ROI de ambos ventrículos. Por ello se realizaron las comprobaciones para VI, VD y ambos ventrículos por separado respectivamente.

### 5.1. Método de Otsu

Para el método de Otsu los resultados del DICE obtenidos no fueron muy altos, a excepción de algún TAC concreto (*Goudurix*). Esto se debe a que el algoritmo es sensible a grandes diferencias de intensidad dentro de la zona de trabajo. Debido a que utiliza las intensidades de todos los píxeles para obtener el umbral que maximiza la diferencia, es posible que un conjunto de píxeles desplace el umbral óptimo y acabe segmentando cosas que no son trabéculas ni papilares. En la Figura 5.1 se muestra el resultado del algoritmo para un corte del TAC *Goudurix*. En la Figura 5.2 se ve el resultado del algoritmo para todo el volumen y para ambos ventrículos juntos.

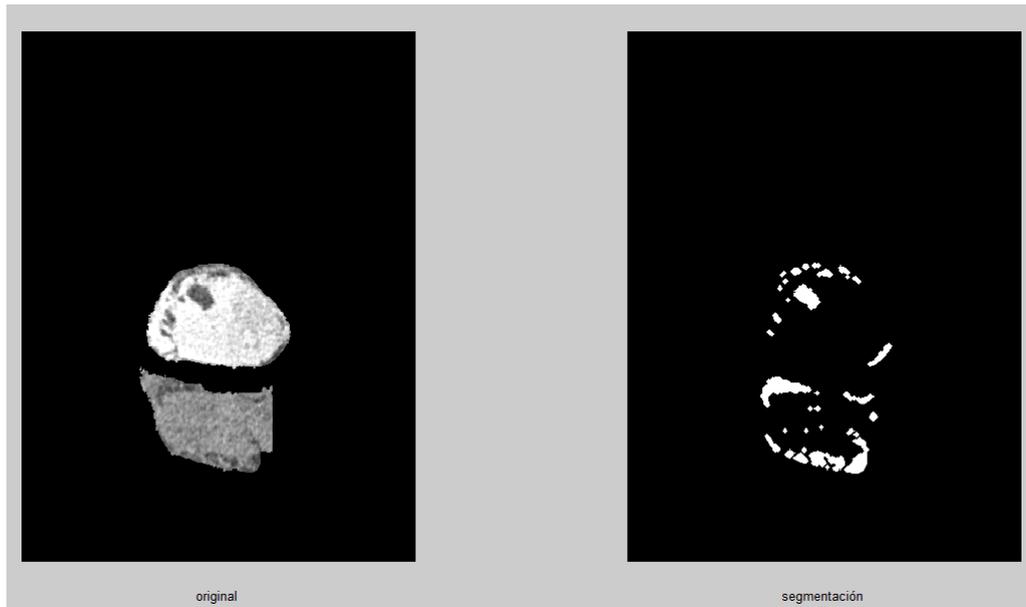


Figura 5.1: Resultado en Matlab® de la segmentación del corte 100 del TAC Goudurix utilizando el algoritmo de Otsu. A la izquierda el corte original, a la derecha la máscara binaria resultante de la segmentación.

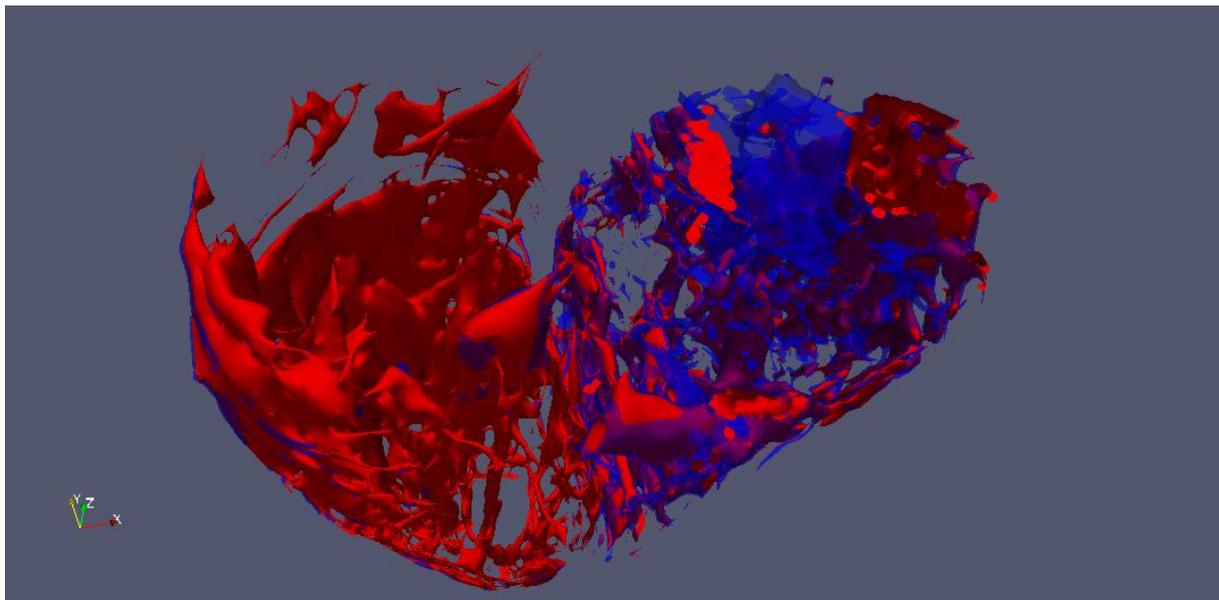


Figura 5.2: Visualización en Paraview® de los resultados del algoritmo de Otsu. Se observa en rojo la ROI correspondiente a la segmentación de trabéculas y papilares para el TAC Goudurix, a la izquierda el VI y a la derecha el VD. En azul el resultado del método de Otsu aplicado a la ROI de ambos ventrículos, es decir, las trabéculas y papilares que ha encontrado el algoritmo automáticamente en los ventrículos.

El mejor resultado para este algoritmo se obtuvo precisamente para el TAC *Goudurix* con la ROI correspondiente a ambos ventrículos. Se obtuvo un valor del DICE igual a 0'7503.

## 5.2. Método iterativo basado en la media

El método iterativo basado en la media obtuvo unos buenos resultados de manera general para el VI, pero bastante bajos cuando se aplicó al VD y a la unión de ventrículos. Esto es debido a que, como en el caso anterior, el resultado se ve enmascarado por la resolución del VD, que rebaja finalmente el DICE de la ROI de ambos ventrículos. Este efecto es más patente en este algoritmo debido a que utiliza el parámetro estadístico de la media, que se puede ver fuertemente alterado si hay píxeles que se alejan de manera exagerada del resto. Debido a la diferencia de contraste entre el VI y el VD, el umbral que se obtiene para la segmentación se encuentra desplazado, provocando resultados confusos.

Es por esta razón que si se aplica solo al VI sí se obtienen buenos resultados. El mayor DICE para este algoritmo se consiguió para el TAC *Toutatix* y la ROI del VI, cuyo valor fue de 0'7655. En las Figuras 5.3 y 5.4 se pueden observar estos resultados para un único corte del propio TAC y para el volumen con *Paraview*®.

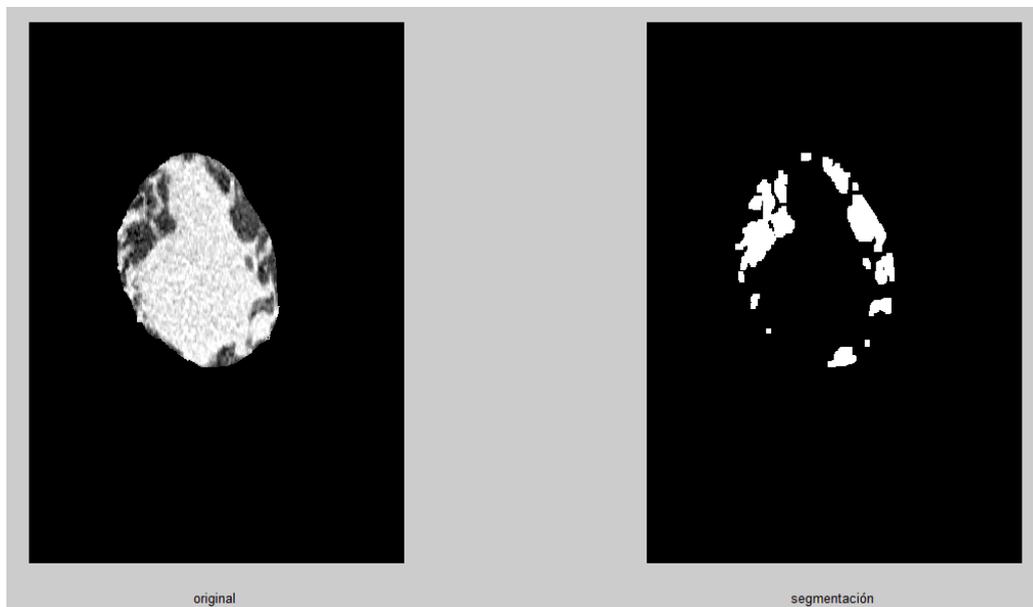


Figura 5.3: Resultado en Matlab® de la segmentación del corte 100 de la ROI del VI del TAC *Toutatix* utilizando el algoritmo iterativo basado en la media. A la izquierda el corte original, a la derecha la máscara binaria resultante de la segmentación.

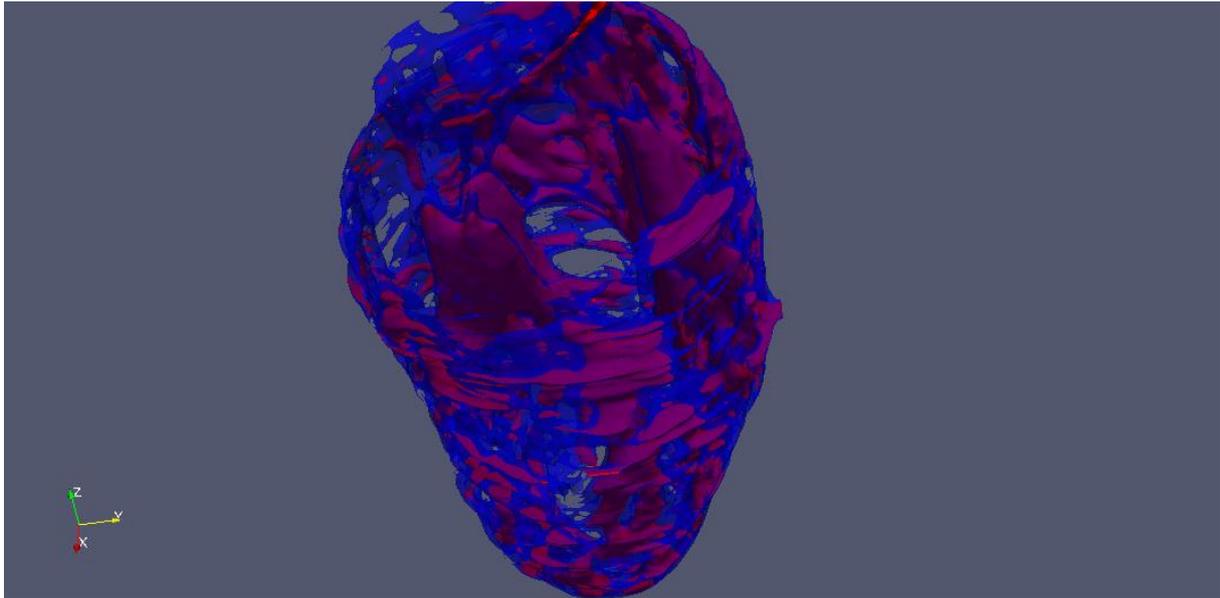


Figura 5.4: Visualización en Paraview® de los resultados del algoritmo iterativo basado en la media. En rojo la ROI correspondiente a la segmentación de trabéculas y papilares para la ROI del VI del TAC Toutatix. En azul el resultado de las segmentaciones aplicando el algoritmo iterativo de la media para la ROI del VI. En morado las zonas que coinciden.

### 5.3. K-means

El algoritmo K-means fue el que consiguió obtener el DICE más alto para un TAC y una ROI concreta. No obstante, los resultados que ofreció fueron los más dispares, ya que para algunos TACs (los de mejor resolución) obtenía buenos índices de segmentación pero para otros obtenía un DICE muy bajo.

La principal causa de este problema es que, como se ha comentado anteriormente, al K-means es necesario introducirle una entrada como parámetro inicial antes de que el algoritmo sea ejecutado, el número de clases que se desea obtener. En este caso, se decidió utilizar una  $K=3$ , ya que las clases que se podían encontrar eran: sangre, trabécula y papilares y fondo o restos.

No obstante, a priori no se puede determinar cuál es la  $K$  óptima para realizar la segmentación. Es por ello que se realizaron una serie de pruebas en todos los TACs cambiando el número de clases entre 3,5 y 7, que se había observado daban los resultados más significativos. Además, ocurría lo mismo que en los casos anteriores, y es que para el VI se obtenían buenos resultados pero los errores cometidos en el VD enmascaraban el resultado final de los 2 ventrículos. Por ello, se realizaron las pruebas para cada una de las 3 ROIs. En las Tablas que se muestran a continuación (Tabla 2 y Tabla 3) se muestran los resultados obtenidos para los distintos valores de  $K$  empleados.

Tabla 2: Valores obtenidos del DICE con el algoritmo K-means para cada ventrículo.

<b>VI</b>	K=3	K=5	K=7		<b>VD</b>	K=3	K=5	K=7
Agecanomix	0.8834	0.5803	0.3838		Agecanomix	0.2779	0.3504	0.3879
Toutatix	0.9430	0.8348	0.7422		Toutatix	0.1224	0.1312	0.1382
Cardix	0.8991	0.8408	0.7185		Cardix	0.0766	0.0766	0.0769
Fourdix	0.5260	0.8679	0.8553		Fourdix	0.1230	0.1253	0.1264
Goudurix	0.8829	0.5834	0.3055		Goudurix	0.2761	0.2925	0.4348

Se muestran los resultados para la utilización de distintos valores de K. Además se observan por separado los valores obtenidos para el VI (a la izquierda) y para el VD (derecha).

Tabla 3: Valores obtenidos del DICE con el algoritmo K-means para ambos ventrículos.

<b>Ambos Ventrículos</b>	K=3	K=5	K=7
Agecanomix	0.4795	0.5297	0.5085
Toutatix	0.5245	0.5010	0.4761
Cardix	0.2465	0.2113	0.1911
Fourdix	0.2361	0.3047	0.3133
Goudurix	0.3836	0.4108	0.4204

Se muestran los resultados obtenidos para la ROI de ambos ventrículos en los diferentes TACs utilizados, empleando distintos valores de K.

Se observa, por ejemplo, que para el VD la opción de una K=7 es ligeramente mejor, a pesar de que aun así el índice de coincidencia con la segmentación de referencia sigue siendo bajo. Para el VI, en cambio, es mejor una K=3, con la que se obtienen altos índices de coincidencia. Finalmente para la ROI de ambos ventrículos se obtienen resultados dispersos, a veces mejor una K=3 y otras una K=7, dependiendo de la influencia del VD en la segmentación. En las Figuras 5.5 y 5.6 se observan las segmentaciones en un corte y en el volumen completo del VI para el caso que mayor DICE obtuvo.

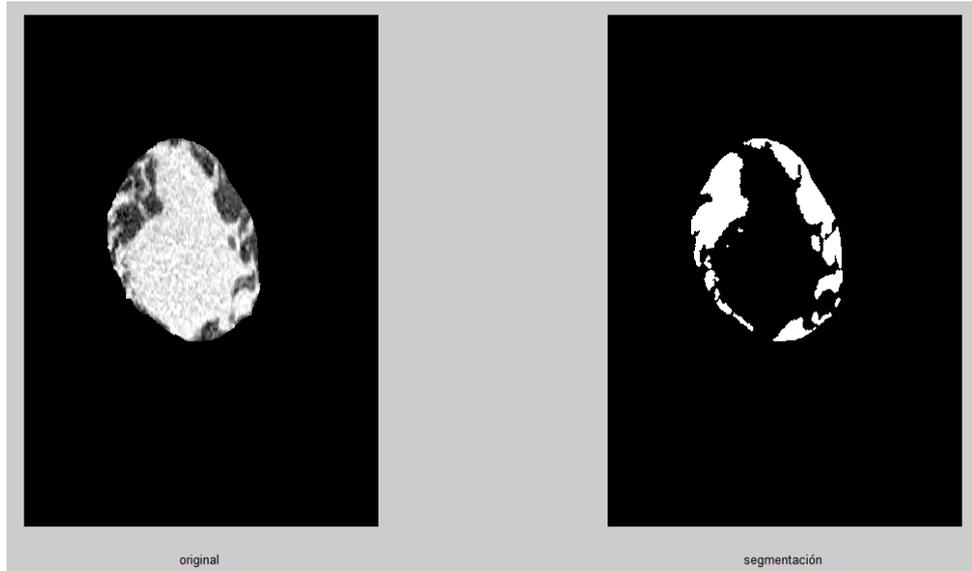


Figura 5.5: Resultado en Matlab® de la segmentación del corte 100 de la ROI del VI del TAC Toutatix utilizando el algoritmo K-means con una K=3. A la izquierda el corte original, a la derecha la máscara binaria resultante de la segmentación.

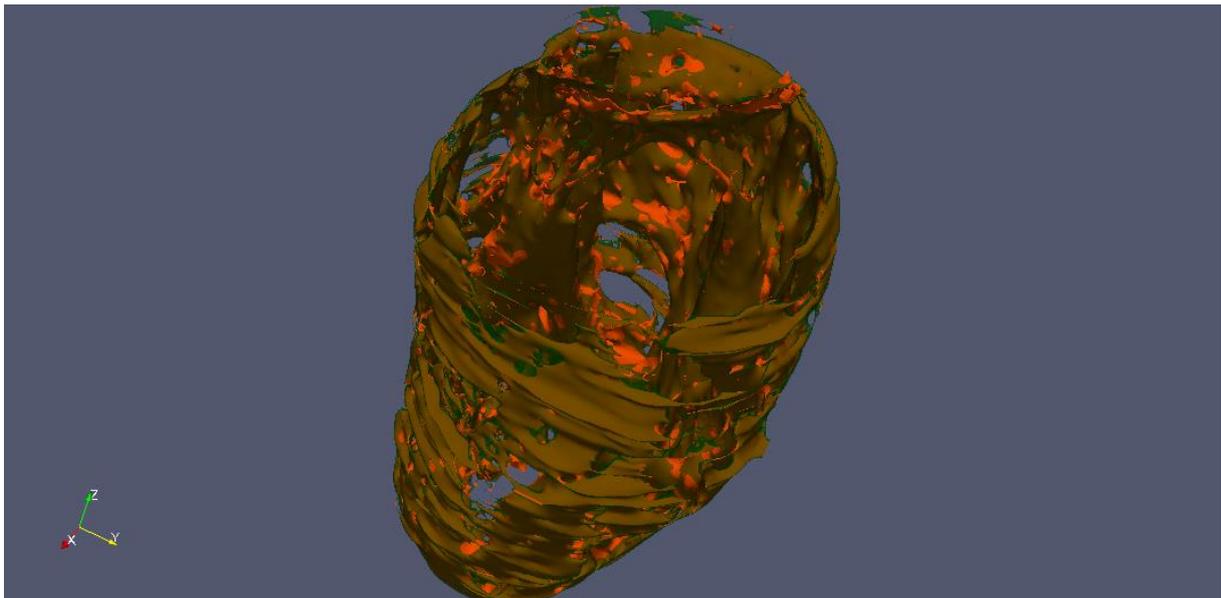


Figura 5.6: Visualización en Paraview® de los resultados del algoritmo K-means con una K=3. En verde la ROI correspondiente a la segmentación de trabéculas y papilares para la ROI del VI del TAC Toutatix. En naranja el resultado de las segmentaciones aplicando el algoritmo K-means para la ROI del VI. Y en ocre las zonas que coinciden para ambas.

## 5.4. Watershed

Debido a los factores explicados anteriormente en el apartado de watershed, los resultados obtenidos para este algoritmo mostraban en primer lugar una sobresegmentación. Posteriormente, se intentó solventar el problema con la adjudicación de mínimos locales, pero debido a que este tipo de imágenes son no homogéneas y presentan ruido, las segmentaciones continuaban sin ofrecer buenos resultados.

Existen multitud de píxeles con intensidades muy diferentes en una región muy próxima, lo que daba lugar a un elevado número de falsos positivos. Además, la posterior modificación del código para eliminar la sobresegmentación logró solventar el problema, pero no conseguía detectar los papilares y trabéculas debido al pequeño tamaño de estos. Las modificaciones solo sirvieron para detectar 2 objetos, ambos endocardios ventriculares. La solución para revertir este problema sin sufrir una sobresegmentación requeriría de un pre-procesado con mucha interacción manual y muy específico para cada imagen a segmentar, complicando bastante el proceso de segmentación. Por esta razón, y dados los objetivos del trabajo, se descartó su inclusión en el análisis comparativo, concluyéndose por tanto que no era uno de los algoritmos más adecuados para resolver el problema abordado en este trabajo. En la Figura 5.7 se observa el resultado de aplicar el Watershed a un corte de uno de los TACs con los que se ha trabajado, observándose una importante sobresegmentación.

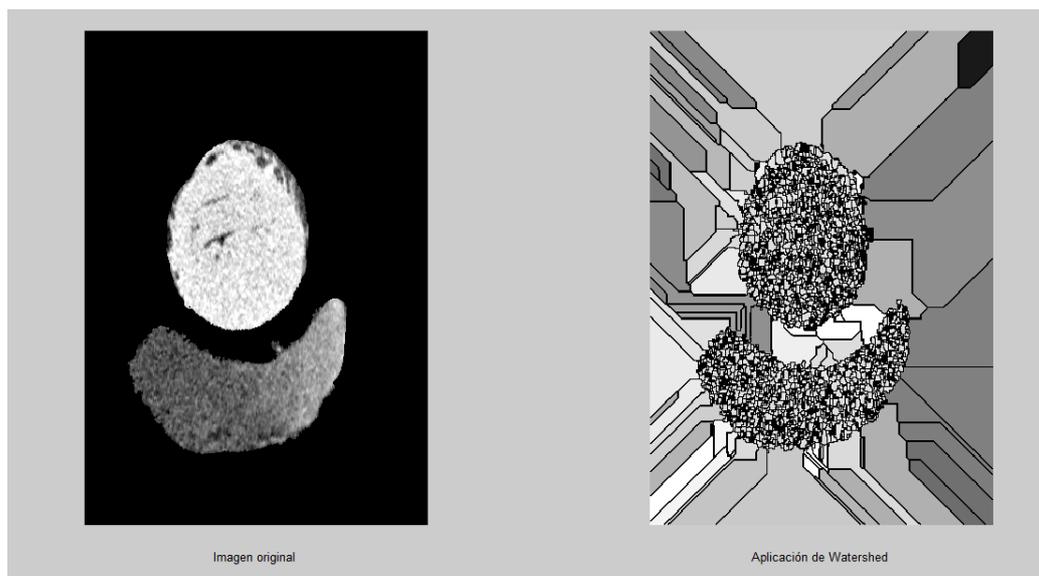


Figura 5.7: Resultado de la segmentación para el corte 200 de uno de los TACs (Toutatix) utilizados, empleando el algoritmo Watershed. En la izquierda el corte original. En la derecha se observa el efecto de sobresegmentación explicado.

No obstante, pese a mejorar los resultados anteriores, no consigue la segmentación deseada, ya que únicamente es capaz de detectar como objeto los dos ventrículos y uno de ellos parcialmente debido al contraste existente dentro del propio VD. El resultado se muestra en la Figura 5.8

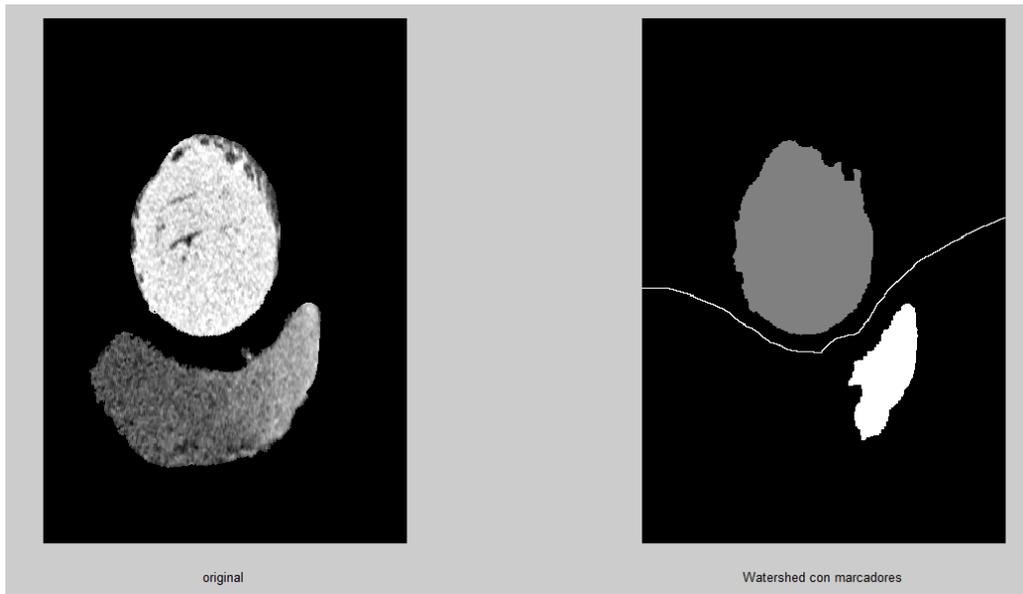


Figura 5.8: Resultado de la segmentación para el caso anterior eliminando la sobresegmentación. El algoritmo solo consigue detectar dos zonas, el VI (gris) y parte del VD (blanco) separados por la línea de cresta.

## 5.5. Detección de bordes

El algoritmo de detección de bordes, es otro de los algoritmos que se descartó para la comparativa de resultados, ya que tampoco proporcionaba resultados precisos. En este caso, los malos resultados se deben a que las trabéculas y papilares no son solo contornos, si no estructuras con área. Por tanto el detector de bordes únicamente detectaría los contornos de ellos. Además, la naturaleza de las imágenes utilizadas conlleva a muchos falsos positivos, ya que el nivel de intensidad de los píxeles varía bastante incluso dentro del propio ventrículo.

No obstante, la utilidad de este algoritmo fue determinante para obtener un buen funcionamiento por parte del algoritmo de contornos activos o Snakes. Para el algoritmo de contornos activos, era necesario una máscara de inicialización que estuviese cerca del objeto que se desea segmentar y que contuviese al objetivo de segmentación, y eso es precisamente lo que aporta la detección de bordes.

Así pues, aunque no ofrecía buenos resultados por sí mismo y se descartó para el análisis comparativo, se decidió usar como paso previo para la correcta implementación del algoritmo Snakes.

En la Figura 5.9 se observa un ejemplo de la segmentación que ofrece el algoritmo de detección de bordes para uno de los cortes de los TACs utilizados.

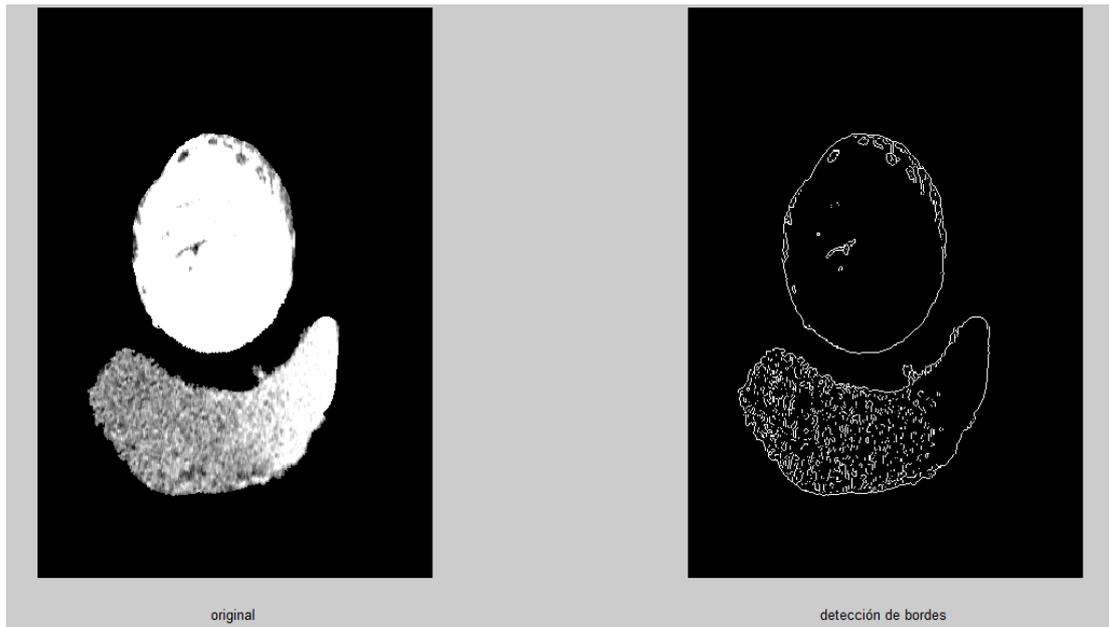


Figura 5.9: Resultado de la segmentación del corte 200 de la ROI de ambos ventrículos del TAC Toutatix usando el algoritmo de detección de bordes mediante el método de Sobel.

Como se puede observar, los resultados fueron mucho peores para el VD que para el izquierdo, premisa que se mantuvo con todos los TACs y todos los algoritmos. Además, el algoritmo segmenta siempre el borde que delimita los endocardios, región que no debería ser segmentada ya que no son trabéculas ni papilares.

## 5.6. Contornos activos (Snakes)

Para el algoritmo Snakes no se obtuvieron buenos resultados de manera general. Se debe recordar que es un algoritmo complejo y necesita de una máscara de inicialización cercana a la zona a segmentar. Por tanto, tiene más factores que pueden alterar la segmentación.

Básicamente, el problema reside en la naturaleza de las imágenes de TAC utilizadas, que dado que tienen ruido la adaptación del contorno al objeto se hace complicada.

El valor más alto de DICE en este caso fue para la ROI del VI del TAC Toutatix, siendo igual a 0'6385. En las Figuras 5.10 y 5.11 se observan los resultados.

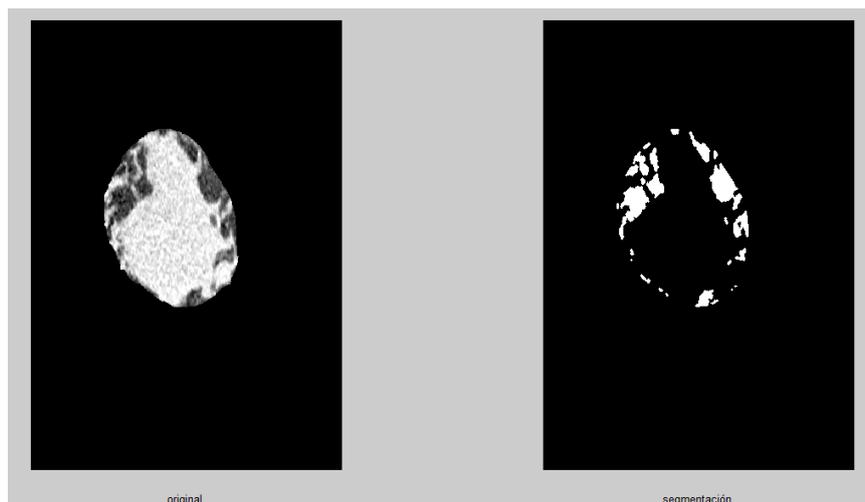


Figura 5.10: Resultado en Matlab® de la segmentación del corte 100 de la ROI del VI del TAC Toutatix utilizando el algoritmo de contornos activos. A la izquierda el corte original, a la derecha la máscara binaria resultante de la segmentación.

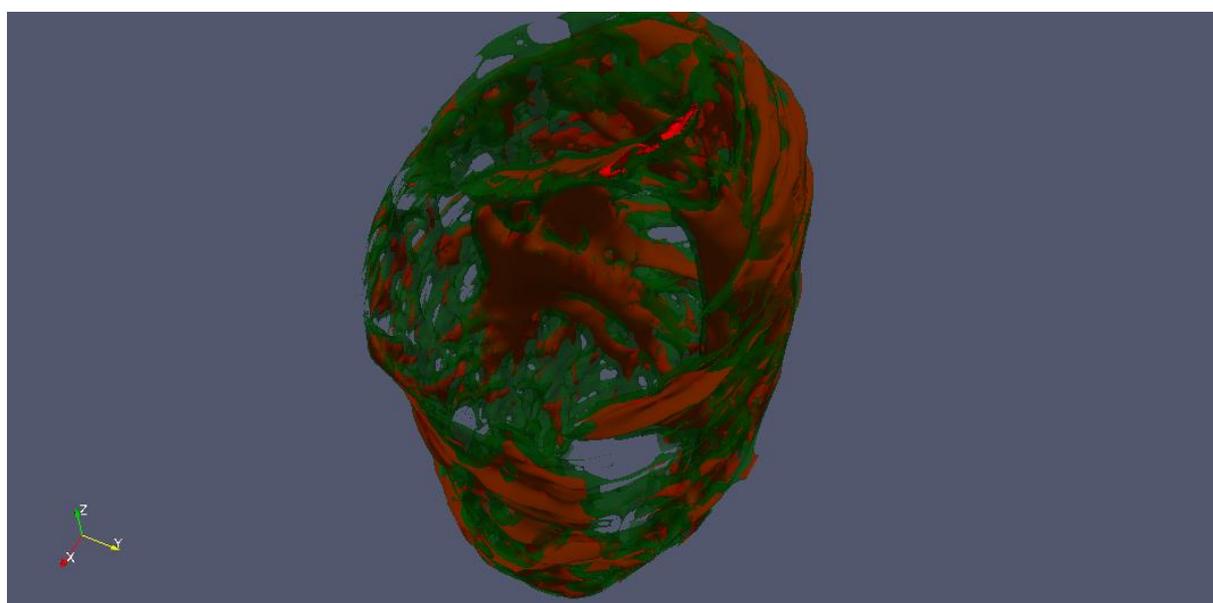


Figura 5.11: Visualización en Paraview® de los resultados del algoritmo Snakes. En verde la ROI correspondiente a la segmentación de trabéculas y papilares para la ROI del VI del TAC Toutatix. En rojo el resultado de las segmentaciones aplicando el algoritmo de contornos activos para la ROI del VI. Y en marrón las zonas que coinciden para ambas

## 5.7. Comparativa general

Una vez mostradas las segmentaciones de algunos cortes para cada algoritmo y las representaciones tridimensionales de los mejores resultados, en este apartado se mostrarán las tablas finales con todos los DICEs obtenidos para cada prueba, dividiéndolos también en tres tablas dependiendo de la ROI a segmentar. Así pues, se adjuntan las Tablas 4, 5 y 6.

Tabla 4: Comparación de DICE obtenido para el VI con los distintos algoritmos utilizados.

VI	Otsu	Iterativo Media	K-means* <sup>1</sup>	Contornos activos
Agecanomix	0.3538	0.6601	0.8834	0.3774
Toutatix	0.5376	0.7655	0.9430	0.6385
Cardix	0.3121	0.7552	0.8991	0.6025
Fourdix	0.5042	0.5627	0.5223	0.4358
Goudurix	0.7391	0.7499	0.8829	0.3659

Tabla 5: Comparación de DICE obtenido para el VD con los distintos algoritmos utilizados.

VD	Otsu	Iterativo Media	K-means* <sup>1</sup>	Contornos activos
Agecanomix	0.5534	0.3120	0.2779	0.5016
Toutatix	0.2521	0.1933	0.1224	0.5114
Cardix	0.0787	0.1397	0.0766	0.2291
Fourdix	0.1484	0.1320	0.123	0.1430
Goudurix	0* <sup>2</sup>	0.7291	0.2761	0.0244

Tabla 6: Comparación de DICE obtenido para ambos ventrículos con los distintos algoritmos utilizados.

Ambos Ventrículos	Otsu	Iterativo Media	K-means* <sup>1</sup>	Contornos activos
Agecanomix	0.4401	0.4499	0.4795	0.4497
Toutatix	0.4290	0.4340	0.5243	0.4068
Cardix	0.1198	0.1787	0.2465	0.1755
Fourdix	0.2292	0.1965	0.2361	0.2153
Goudurix	0.7503	0.3938	0.3836	0.1725

El \*<sup>1</sup> hace referencia a que los valores de esa columna de K-means son aquellos que se han obtenido para una K=3. Por otro lado \*<sup>2</sup> muestra un valor de 0 para una de las segmentaciones. Esto es a causa

de que el umbral seleccionado por el método Otsu en esa ROI no coincide en absoluto con ningún píxel de las trabéculas pre-segmentadas.

## 6. Conclusiones

Se pueden sacar una serie de conclusiones a partir de los resultados obtenidos. En primer lugar, ha sido posible implementar una serie de algoritmos que sean capaces de segmentar de manera automática las trabéculas y los papilares de los ventrículos. Es cierto que los índices de calidad de los resultados de segmentación en la mayoría de los casos no son muy elevados, pero esto se debe a diversas causas, la mayoría procedentes de la naturaleza de las imágenes obtenidas, que pueden ser solventadas. Con un equipo de tomografía computerizada que disponga de la resolución apropiada y permita obtener imágenes de buena calidad, los resultados se verían mejorados notablemente.

Por otro lado, se hace evidente la diferencia de resultados entre el VI y el VD, con lo que se puede concluir que, en estas condiciones, los algoritmos no son capaces de segmentar correctamente las trabéculas y papilares en el VD pero sí en el VI.

Otra de las conclusiones a extraer, es que, de todos los algoritmos implementados y analizados en este trabajo, el algoritmo K-means es el que proporciona mejores resultados para el VI y puede ser el adecuado para utilizar en un supuesto proceso de segmentación automática donde las variables como resolución, dimensiones del TAC y demás estén más controladas.

Algoritmos como el watershed o la detección de bordes no serían apropiados en un primer momento para la realización de las segmentaciones en este tipo de imágenes. No obstante, con un elevado pre-procesado, quizá serían buenas opciones para ser utilizados en el proceso de segmentación automática. Habría que valorar la relación coste-resultados, ya que un elevado coste computacional podría ser un gran inconveniente si la mejora de los resultados no es significativa. No hay que olvidar que los algoritmos no deben ser excesivamente específicos (que sólo obtengan resultados precisos para unos datos concretos) a un solo TAC, ya que si no perderían rendimiento cuando se aplicasen al resto. Es decir, se debe asegurar que proporcionan resultados precisos para segmentar todos los TACs cardíacos que se empleen.

Se pueden extraer también conclusiones referentes al software de segmentación utilizado. El programa empleado para la segmentación de las ROIs, *Seg3D*<sup>®</sup>, ofrece numerosas prestaciones y buenos resultados en cuanto a segmentación. El elevado número de herramientas de segmentación ha hecho posible la extracción de unas ROIs apropiadas.

Finalmente, se ha de tener en cuenta la relevancia que aportan los resultados a la posibilidad de que estos algoritmos sean empleados para la obtención de un modelo cardíaco adecuado. Es cierto que la inclusión de músculos papilares y trabéculas en el modelo hará que éste sea más realista desde el punto de vista tanto anatómico como electrofisiológico. No obstante, a excepción de un par de algoritmos que rondaban un DICE de 0'9, los resultados no aportan una ayuda completa al modelo, ya que no consiguen generar una reconstrucción 3D de los papilares y las trabéculas verdaderamente similar a la de la anatomía cardíaca real del paciente del que procede la imagen de TAC.

## 7. Líneas futuras

Después de la realización de este Trabajo Final de Grado, se presentan diversas líneas futuras para trabajar en ellas. En primer lugar, se podría estudiar y analizar los resultados de segmentación que ofrecerían algoritmos más complejos, de mayor coste computacional y que necesiten de parámetros de entrada para mejorar la precisión y eficacia. Además, un pre-procesado más exhaustivo o un post-procesado o refinado posterior más elaborado podría ofrecer resultados distintos, posiblemente mejores, para los algoritmos con los que se ha trabajado.

Otra posibilidad sería trabajar en la implementación de algoritmos diferenciados para el VI y el VD respectivamente. Es decir, a la vista que los resultados para el VD distan de ser precisos para los algoritmos que se han utilizado, se podría intentar utilizar un algoritmo para segmentar automáticamente las trabéculas y papilares del VI, y otro algoritmo diferente para la segmentación de trabéculas y papilares del VD.

Por otro lado, la utilización de otro tipo de datos, más homogéneos o con una mejor resolución (sobre todo para el VD) abriría una vía de estudio que aportaría resultados mejores. El uso de otros softwares de segmentación también sería una posibilidad para intentar conseguir otros resultados.

Finalmente, a partir de este Trabajo Final de Grado sería posible realizar ese modelo cardíaco que era el objetivo final de las segmentaciones. Podría llevarse a la práctica para comprobar la influencia sobre los resultados obtenidos con un modelo cardíaco con los endocardios pre-segmentados al que se le han añadido las trabéculas y papilares segmentados, en comparación con los obtenidos con un modelo cardíaco que carece de dichas estructuras.

## **8. Anexos**

### **8.1. Anexo 1. Códigos de segmentación**

Los códigos implementados y utilizados para la obtención de resultados de segmentación se han adjuntado al trabajo en formato CD-ROM, ya que no es posible incluirlos en la memoria debido a su extensión.

### **8.2. Anexo 2. Requisitos hardware y software**

#### **Requisitos de software**

- Software matemático Matlab®, versión 2014 o superior.
- Software de segmentación Seg3D®.
- Software de visualización Paraview®.
- Software para rotación de imágenes de TAC, Gimias®.
- Sistemas operativos:
  - Windows: Windows 7 o posteriores. Recomendado Windows 8 de 64 bits.
  - Mac OS: Mac OS X o posteriores. Recomendado Mac OS X 10.10.
  - Linux: Linux 3.9 o posteriores. Recomendado Linux 4.6.

#### **Requisitos de hardware**

- Procesador: Intel®Core™ i5 o posteriores. El trabajo se ha realizado con un Intel®Core™ i7-4510U CPU @ 2.00Ghz 2.60 Ghz
- Memoria RAM: Mínimo 3 GB de RAM para hacer funcionar los algoritmos. El trabajo se ha realizado con una memoria de 16 GB de RAM, recomendada 4 GB o superior.
- Disco duro: Mínimo recomendado 640 GB.

## 9. Bibliografía

- Alejandro F. Frangi, Daniel Rueckert, Julia A. Schnabel y Wiro J. Niessen, "Automatic construction of multiple-object three dimensional statistical shape models: Application to cardiac modelling", IEEE Transactions on Medical Imaging, Vol. 21, Nº 9, pp. 1151-1166, Septiembre 2002.
- Aluja, F., Heredia, F.M. (2015). Cardiac Imaging Planes and Myocardial Segmentation in Magnetic Resonance Imaging. 2015; 173-64.
- Anatomía Fenestra. (2012). *Ventriculo Derecho*. [online] Available at: <https://anatomiafenestra.com/2012/07/06/ventriculo-derecho/> [Accessed 18 Aug. 2016].
- Anon, (2016). [online] Available at: <https://www.cs.cmu.edu/~chuck/lennapg/lenna.shtml> [Accessed 25 Aug. 2016].
- Anon, (2016). [online] Available at: <http://www.sc.ehu.es/ccwgrrom/transparencias/pdf-vision-1-transparencias/capitulo-6.pdf> [Accessed 22 Aug. 2016].
- Anon, (2016). [online] Available at: [http://www4.ujaen.es/~satorres/practicas/practica3\\_vc.pdf](http://www4.ujaen.es/~satorres/practicas/practica3_vc.pdf) [Accessed 17 Aug. 2016].
- Cardiomedica.es. (2016). [online] Available at: <http://www.cardiomedica.es/ccbasicas/anat/index.php> [Accessed 20 Aug. 2016].
- Cardiorespiratoriuq.blogspot.com.es. (2016). *cardiorespiratoriuq: Corazón izquierdo por CAROLINA NIÑO MUÑOZ*. [online] Available at: <http://cardiorespiratoriuq.blogspot.com.es/2010/05/corazon-izquierdo-por-carolina-nino.html> [Accessed 19 Aug. 2016].
- Cattaneo, C. A., Larcher, L. I., Ruggeri, A. I., Herrera, A. C., & Biasoni, E. M. (2011). Métodos de Umbralización de Imágenes Digitales Basados en Entropía de Shannon y Otros. *Asociación de Mecánica Computacional Argentina*, 30, 2785-2805.
- Cazorla M. A., Cáceres P., Escolano F., Gallardo D., Rizo R. (1995). Detección Automática con Snakes y Representación 3D sobre Imágenes Cerebrales, *VI Conferencia de la Asociación Española Para la Inteligencia Artificial*.
- Dip.ee.uct.ac.za. (2016). *Home Page: Mayuresh Kulkarni*. [online] Available at: <http://www.dip.ee.uct.ac.za/~klkmay001/> [Accessed 25 Aug. 2016].
- Es.slideshare.net. (2016). *Anatomía del corazón jose herrera final2*. [online] Available at: <http://es.slideshare.net/herreramd/anatoma-del-corazn-jose-herrera-final2> [Accessed 20 Aug. 2016].
- Glosariosistemacardiovascular.blogspot.com.es. (2016). *Glosario del Sistema Cardiovascular*. [online] Available at: <http://glosariosistemacardiovascular.blogspot.com.es/> [Accessed 23 Aug. 2016].
- Haralick, R. and Shapiro, L. (1985). Image segmentation techniques. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, 29(1), pp.100-132.
- Hernández, C., Zudaire, B., Castaño, S., Azcárate, P., Villanueva, A. and Bastarrika, G. (2007). Principios básicos de resonancia magnética cardiovascular (RMC): secuencias, planos de adquisición y protocolo de estudio. *Anales del Sistema Sanitario de Navarra*, 30(3).

- Karim, R., Bhagirath, P., Claus, P., James Housden, R., Chen, Z., Karimaghaloo, Z., Sohn, H., Lara Rodríguez, L., Vera, S., Albà, X., Hennemuth, A., Peitgen, H., Arbel, T., González Ballester, M., Frangi, A., Götte, M., Razavi, R., Schaeffter, T. and Rhode, K. (2016). Evaluation of state-of-the-art segmentation algorithms for left ventricle infarct from late Gadolinium enhancement MR images. *Medical Image Analysis*, 30, pp.95-107.
- Kittler, J., & Illingworth, J. (1986). Minimum error thresholding. *Pattern recognition*, 19(1), 41-47.
- Lopez-Perez, A., Sebastian, R. and Ferrero, J. (2015). Three-dimensional cardiac computational modelling: methods, features and applications. *BioMedical Engineering OnLine*, 14(1).
- Medlineplus.gov. (2016). *Arritmias: MedlinePlus enciclopedia médica*. [online] Available at: <https://medlineplus.gov/spanish/ency/article/001101.htm> [Accessed 18 Aug. 2016].
- Medlineplus.gov. (2016). *Estudio electrofisiológico intracardíaco (EEFIC): MedlinePlus enciclopedia médica*. [online] Available at: <https://medlineplus.gov/spanish/ency/article/003867.htm> [Accessed 17 Aug. 2016].
- M. Sezgin, B. Sankur. Survey over image thresholding techniques and quantitative performance evaluation. *Journal of Electronic Imaging* 13(1), 146–165, 2004.
- Oefa.blogspot.com.es. (2016). *Oscar Fernandez Asuncion: DETECCION DE BORDES: algoritmo de Canny*. [online] Available at: <http://oefa.blogspot.com.es/2009/04/deteccion-de-bordes-algoritmo-de-canny.html> [Accessed 24 Aug. 2016].
- Ridler, T. W., & Calvard, S. (1978). Picture thresholding using an iterative selection method. *IEEE trans syst Man Cybern*, 8(8), 630-632.
- Rolf F. Schulte, Gregory B. Sands, Frank B. Sachse, Olaf Dössel y Andrew J. Pullan, "Creation of a Human Heart Model and its Customisation using Ultrasound Images", *Biomedizinische Technik/Biomedical Engineering*, Vol.46, Nº2, pp. 26-28, 2001.
- Who.int. (2016). *OMS | Enfermedades cardiovasculares*. [online] Available at: <http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs317/es/> [Accessed 18 Aug. 2016].
- ZhongxiangZhu ,Bo Zhao ,Enrong Mao and Zhenghe Song, *Image segmentation based on Antcolony optimization and K-means clustering*, Proceedings of the IEEE international conference on Automation and logistics, Jinan, China, August 18-21,2007.
- (ACR), R. (2016). *Seguridad del paciente - Materiales de Contraste*. [online] Radiologyinfo.org. Available at: <http://www.radiologyinfo.org/sp/info.cfm?pg=safety-contrast> [Accessed 21 Aug. 2016].
- (ACR), R. (2016). *Ultrasonido (Ecografía)*. [online] Radiologyinfo.org. Available at: <http://www.radiologyinfo.org/sp/info.cfm?pg=genus> [Accessed 19 Aug. 2016].





UNIVERSITAT  
POLITÈCNICA  
DE VALÈNCIA



ESCUELA TÉCNICA  
SUPERIOR INGENIEROS  
INDUSTRIALES VALENCIA

# PRESUPUESTO

---



# Índice del Presupuesto

1. Capítulo 1. Costes de personal.....	76
2. Capítulo 2. Costes de hardware.....	76
3. Capítulo 3. Costes de software .....	77
4. Capítulo 4. Resumen del presupuesto desglosado por conceptos.....	78

Capítulo 1 del presupuesto: Costes de personal

Capítulo 1: Costes de personal					
Perfil	Número de horas	Coste unitario	Coste imputable (sin cuota patronal)	Cuota patronal (37.45%)	Coste imputable total
Ingeniero programador	100.00 h	30.00 €/h	3,000.00 €	1,123.50 €	4,123.50 €
Ingeniero biomédico	200.00 h	40.00 €/h	8,000.00 €	2,996.00 €	10,996.00 €
Subtotal (sin cuota patronal)					11,000.00 €
Subtotal (con cuota patronal)					15,119.50 €

Capítulo 2 del presupuesto: Costes de hardware

Capítulo 2: Costes de hardware							
Descripción	Coste del equipo (sin IVA)	Periodo de amortización	Periodo de uso	Uds.	Coste imputable (sin IVA)	IVA (21%)	Coste imputable total
Ordenador personal	1,100 €	3 años	1 año	1	366.67 €	77.02€	443.67 €
Subtotal (sin IVA)	443.67 €						
Subtotal (con IVA)	443.67 €						

<b>Capítulo 3: Costes de software</b>							
<b>Programa</b>	<b>Coste total de la licencia (sin IVA)</b>	<b>Nº de licencias</b>	<b>Duración de la licencia</b>	<b>Periodo de uso</b>	<b>Coste imputable (sin IVA)</b>	<b>IVA (21%)</b>	<b>Coste imputable total</b>
<b>MATLAB R2016a (incluyendo Image processing toolbox)</b>	2,000.00 €	4	Indef.	1 año	500.00 €	105.00 €	605.00 €
<b>Sistema Operativo Microsoft Windows 10 Pro</b>	230.58 €	1	Indef.	1 año	230.58 €	48.42 €	279.00 €
<b>Microsoft Office Profesional 2016</b>	445.45 €	1	Indef.	1 año	445.45 €	93.55 €	539.00 €
<b>Paraview</b>	0 € (licencia BSD)	1	Indef.	1 año	0.00€	0.00€	0.00€
<b>GIMIAS</b>	0 € (licencia Creative Commons by-nc)	1	Indef.	1 año	0.00€	0.00€	0.00€
<b>Seg3D (universidad de Utah)</b>	0€	1	Indef.	1 año	0.00€	0.00€	0.00€
<b>Subtotal (sin IVA)</b>					<b>1,176.03 €</b>		
<b>Subtotal (con IVA)</b>					<b>1,423.00 €</b>		

Resumen del presupuesto

<b>RESUMEN DEL PRESUPUESTO (con cuota patronal e IVA incluidos)</b>	
<b>Costes de personal</b>	<b>15,119.50 €</b>
<b>Costes de software</b>	<b>1,423.00 €</b>
<b>Costes de hardware</b>	<b>443.67 €</b>
<b>Total costes directos</b>	<b>16,986.17 €</b>
<b>Total costes indirectos (21% costes directos)</b>	<b>3,567.09 €</b>
<b>TOTAL COSTES (DIRECTOS + INDIRECTOS)</b>	<b>20,553.26 €</b>

