



Universidad Pública de Navarra

**Diseño e implementación de una
aplicación para análisis y segmentación
de imágenes de estudios médicos de
resonancia magnética**

Máster en Ingeniería Biomédica

Trabajo Fin de Máster

Autor: Pablo Manjón Acáz

Tutores: Rafael Cabeza Laguna y Arantxa Villanueva Larre

Pamplona, Julio 2017

*“Investigar es ver lo que
todo el mundo ha visto,
y pensar lo que
nadie más ha pensado.”*

Albert Szent-Györgyi
(Filósofo húngaro, 1893-1986)

RESUMEN

El mundo de la medicina está transformándose y reinventándose continuamente acorde a los tiempos y al desarrollo tecnológico. Uno de los campos dentro de este mundo que más está sufriendo estos cambios es el de la imagen médica. La imagen médica es, sin duda, la principal arma con la que cuentan los facultativos a la hora de hacer un correcto diagnóstico del paciente, lo cual propicia un gran desarrollo y una continua evolución de las herramientas de post-procesado y análisis de imagen.

El principal objetivo de este proyecto es diseñar e implementar una aplicación que satisfaga las necesidades del equipo de Radiología para el estudio de resonancia magnética, de manera que a partir de imágenes puedan obtener ciertos parámetros con los que valorar de una manera objetiva el avance de una enfermedad y hacer un buen seguimiento del tratamiento correspondiente, haciendo comparativas entre pacientes de una misma población de un estudio determinado.

Palabras clave: GUIDE, Callback (“acción/función de llamada”), Interfaz, ROI (Región de Interés), Reconstrucción Multiplanar, Segmentación.

ABSTRACT

The world of medicine is constantly changing and reinventing itself to run with the times and with the technological development. One of the fields within this world that is undergoing these changes is the medical image. Medical imaging is undoubtedly the main tool available to physicians when it comes to making a good diagnosis of the patient, which encourage to a great development and a continuous evolution of the post-processing and image analysis tools.

The aim of this project is to design and to implement an application that satisfies the needs of the Radiology Team for the study of magnetic resonance, so that from the images they can get the parameters to evaluate in an objective way the advance of a disease and make a good follow-up of the corresponding treatment, making comparisons between patients from a single population of a given study.

Keywords: GUIDE, Callback, Interface, ROI (Region of Interest), Multiplanar Reconstruction, Segmentation.

ACRÓNIMOS

CAD: Diagnóstico Asistido por Ordenador (Computer-Aided Diagnosis).

2D: Dos Dimensiones.

3D: Tres Dimensiones.

DICOM: Digital Imaging and Communication in Medicine.

DCM: extensión o formato de imagen de tipo DICOM.

MRI: Imagen de Resonancia Magnética ('Magnetic Resonance Imaging').

GUI: Interfaz Gráfica de Usuario (Graphical User Interface).

UI: Interfaz de Usuario (User Interface).

F: Grasa (Fat) o supresión de agua. Tipo de imagen.

W: Agua (Water) o supresión de grasa. Tipo de imagen.

In: En Fase (In Phase). Tipo de imagen.

Opp: Fuera de Fase (Out of Phase). Tipo de Imagen.

ROI: Región de Interés (Region Of Interest).

MPR: Reconstrucción Multiplanar (MultiPlanar Reconstruction).

AT: Tejido Adiposo (adipose tissue). Grasa.

SAT: Tejido Adiposo Subcutáneo (Subcutaneous Adipose Tissue).

SSAT: Tejido Adiposo Subcutáneo Superficial (Superficial Subcutaneous Adipose Tissue).

DSAT: Tejido Adiposo Subcutáneo Profundo (Deep Subcutaneous Adipose Tissue).

VAT: Tejido Adiposo Visceral (Visceral Adipose Tissue).

NAT: Tejido No Graso (Non Adipose Tissue).

MT: Tejido Muscular (Muscular Tissue).

IMAT: Tejido Adiposo Inter-Muscular (Inter-Muscular Adipose Tissue).

SM: Músculo esquelético (Skeletal Muscle).

FFM: Masa Libre de Grasa (Free-Fat Mass).

CSA: Área de la sección transversal (Cross-Sectional Area).

L1 – L5: Vértebras Lumbares, de la 1 a la 5 (Lumbar vertebrae).

RGB: Rojo – Verde – Azul (Red – Green – Blue).

ÍNDICE DE CONTENIDO

1	INTRODUCCIÓN	1
1.1	OBJETIVO	2
1.2	HERRAMIENTAS ACTUALES	3
1.3	FORMAS DE CONSTRUIR APPS CON MATLAB	4
1.3.1	GUIDE	4
1.3.2	FUNCIONES DE MATLAB PARA CREAR APPS PROGRAMÁTICAMENTE	5
1.3.3	APP DESIGNER	6
1.4	GUI (GRAPHICAL USER INTERFACE) DE MATLAB	7
1.4.1	CREACIÓN DE APPS CON INTERFACES GRÁFICAS DE USUARIO EN MATLAB	7
1.4.2	FORMATO Y ELEMENTOS DE LA INTERFAZ GRÁFICA DE USUARIO	8
1.4.3	FUNCIONAMIENTO DE UNA APLICACIÓN GUI	10
1.4.4	MANEJO DE DATOS ENTRE LOS ELEMENTOS DE LA APLICACIÓN Y EL ARCHIVO '.M'	10
1.5	ESTRUCTURA DE LA MEMORIA	11
2	APLICACIÓN	12
2.1	ADAPTACIÓN DEL CÓDIGO AL FORMATO DE LOS ESTUDIOS	12
2.2	DESCRIPCIÓN DE LA FUNCIONALIDAD	13
2.3	DESCRIPCIÓN DE LA ARQUITECTURA	14
2.3.1	PROCESO 'CARGAR ESTUDIO'	16
2.3.2	PROCESOS "'CARGAR – ABRIR – BORRAR" ESTUDIO'	17
2.3.3	RECONSTRUCCIÓN MULTIPLANAR	18
2.3.4	'USERDATA'	18
2.3.5	IMÁGENES	18
2.3.6	ESTRUCTURA DE LA(S) ROI(S)	18
2.3.7	REPRESENTACIÓN DE ROI(S) DE DIFERENTES PLANOS	20
2.3.8	'TAB GROUP' O GRUPO DE PESTAÑAS	21
2.3.9	SEGMENTACIÓN	23
2.3.10	EXPORTAR SEGMENTACIÓN	23
2.4	DESCRIPCIÓN DE LA INTERFAZ	23
2.4.1	COMPONENTES DE LA INTERFAZ Y SU FUNCIONAMIENTO	23
2.4.2	COMPONENTES DE LA BARRA DE HERRAMIENTAS	31
3	RECONSTRUCCIÓN MULTIPLANAR	33
3.1	INTRODUCCIÓN A LA MPR	33
3.2	CÁLCULO DE LA RECONSTRUCCIÓN	35
3.3	LA RECONSTRUCCIÓN EN LA APLICACIÓN	37
4	SEGMENTACIÓN	39
4.1	ESTADO DEL ARTE	39

4.1.1	ABDOMEN	39
4.1.2	MUSLO	43
4.2	MÉTODOS	45
4.2.1	TIPO DE SEGMENTACIÓN	46
4.2.1.1	Variables óseas	46
4.2.1.2	Variables para la relación grasa – músculo	47
4.2.1.3	ROI(s) predefinida(s) (Variables CSA – FFM)	51
4.2.2	NIVEL DE SEGMENTACIÓN	51
4.2.3	LIMPIAR / CORREGIR	52
4.3	RESULTADOS	53
4.3.1	ABDOMEN	53
4.3.2	MUSLO	56
4.3.3	CORRECCIONES	58
4.3.4	OTROS	60
4.4	EXPORTACIÓN DE LA SEGMENTACIÓN	62
5	CONCLUSIONES Y LÍNEAS FUTURAS	65
5.1	CONCLUSIONES	65
5.2	LÍNEAS FUTURAS	65
6	BIBLIOGRAFÍA	67
	ANEXO 1. MANUAL DE USUARIO	69
-	DESCRIPCIÓN DEL FUNCIONAMIENTO	69
-	MANUAL DE USUARIO	69
	ANEXO 2. DIAGRAMA DE FLUJO	87

ÍNDICE DE FIGURAS DEL CONTENIDO

Figura 1.1 Entorno 'GUIDE'	5
Figura 1.2 Programación de Aplicación.....	6
Figura 1.3 Entorno 'App Designer'	7
Figura 1.4 Opciones del entorno 'GUIDE'.....	8
Figura 2.1 Previsualización de niveles.....	13
Figura 2.2 Información de las subcarpetas asociadas al nivel escogido	13
Figura 2.3 Formato de la carpeta del estudio	16
Figura 2.4 Puntos 'Extrema' de un objeto.....	19
Figura 2.5 Formato de ROI(s) exportada(s).....	19
Figura 2.6 Imagen del estudio en plano axial.....	20
Figura 2.7 Imagen del estudio en plano coronal.....	21
Figura 2.8 Imagen del estudio en plano sagital.....	21
Figura 2.9 Vista alterna de los cuatro tipos de imagen.....	22
Figura 2.10 Visor 1 en el grupo de pestañas	23
Figura 2.11 Interfaz del desarrollador.....	24
Figura 3.1 Correspondencia entre planos coronal, axial y sagital.....	33
Figura 3.2 Esquema de la obtención de los planos	34
Figura 3.3 Representación de la Reconstrucción Multiplanar	34
Figura 3.4 Esquema de la nueva malla de puntos.....	37
Figura 3.5 Esquema de la correlación entre planos	38
Figura 4.1 Separación SAT - VAT [11]	40
Figura 4.2 Imágenes de agua (izquierda) y grasa (derecha) [10]	40
Figura 4.3 Segmentación SAT - VAT - Músculo - Aire/Hueso [10].....	41
Figura 4.4 Localización de la fascia abdominal [11]	41
Figura 4.5 Segmentación SSAT - DSAT - VAT [11].....	42
Figura 4.6 Segmentación por contornos [9].....	43
Figura 4.7 Pasos de la segmentación de muslo [13]	45
Figura 4.8 Primera ventana emergente de la segmentación en la aplicación	46
Figura 4.9 Paso intermedio de la segmentación tipo 'grasa – músculo' en abdomen	48
Figura 4.10 Paso intermedio de la segmentación tipo 'grasa – músculo' en muslo.....	50
Figura 4.11 Segunda ventana emergente de la segmentación en la aplicación	51
Figura 4.12 Segunda ventana emergente de la segmentación en la aplicación	52
Figura 4.13 Opciones de limpiar – corregir	53
Figura 4.14 Obtención de la imagen diferencia (grasa - agua)	54
Figura 4.15 Segmentación tipo 'grasa – músculo'.....	55
Figura 4.16 Segmentación tipo 'grasa – músculo'.....	55
Figura 4.17 Obtención de la imagen diferencia (grasa - agua)	56
Figura 4.18 Segmentación tipo 'grasa – músculo'.....	57
Figura 4.19 Mapa de color creado para la segmentación 'grasa – músculo'	57
Figura 4.20 Segmentación 'grasa - músculo'	59
Figura 4.21 Segmentación corregida 'grasa - músculo'.....	59
Figura 4.22 Escala de colores para el mapa de color 'jet'	60
Figura 4.23 Segmentación tipo 'óseas'	61
Figura 4.24 Segmentación tipo 'ROIs definidas'	62
Figura 5.1 Esquema de la mejora en 'Pegar ROI'	66

ÍNDICE DE FIGURAS DEL ANEXO

Figura A. 1 Pantalla de inicio	70
Figura A. 2 Selección de carpeta	71
Figura A. 3 Selección de carpeta final	71
Figura A. 4 Previsualización de niveles.....	72
Figura A. 5 Mensajes informativos para el usuario.....	72
Figura A. 6 Vista inicial al abrir el estudio	73
Figura A. 7 Definición de ROI (forma y nombre)	74
Figura A. 8 Decisión sobre hacer otra ROI.....	74
Figura A. 9 Opción 'Hacer otra ROI'.....	75
Figura A. 10 Vista en plano axial	76
Figura A. 11 Opción 'Mantener ROI'.....	76
Figura A. 12 Opción 'Borrar ROI'	77
Figura A. 13 Decisión de las ROIs a borrar por separado	77
Figura A. 14 Representación de las ROIs sin la ROI borrada	78
Figura A. 15 Opción 'Ver solo ROI'.....	79
Figura A. 16 Opción 'Ampliar ROI'	79
Figura A. 17 ROI ampliada	80
Figura A. 18 Opción 'Exportar ROI'	81
Figura A. 19 Opción 'Exportar ROI'	81
Figura A. 20 Intercambios de las imágenes entre los distintos visores.....	82
Figura A. 21 Localización de vistas y otros controles	83
Figura A. 22 Barra de herramientas	83
Figura A. 23 Primera ventana emergente de la segmentación.....	84
Figura A. 24 Segunda ventana emergente de la segmentación.....	84
Figura A. 25 Paso intermedio de la segmentación de tipo grasa - músculo	85
Figura A. 26 Opciones de 'Limpiar - Corregir'.....	85
Figura A. 27 Ventana para confirmar exportación de datos de la segmentación.....	86
Figura A. 28 Lista de fórmulas.....	86
Figura A. 29 Información de las principales acciones	86
Figura A. 30 Diagrama de flujo de la aplicación	87

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1 Barra de herramientas del entorno GUIDE	8
Tabla 2 Componentes del entorno GUIDE	9
Tabla 3 Asociación del mapa de color con las zonas segmentadas	58
Tabla 4 Excel de parámetros que deben extraerse del estudio.....	63
Tabla 5 Excel con los parámetros exportados.....	64

1 Introducción

Hoy en día, las aplicaciones informáticas llenan el espacio que han dejado otros métodos obsoletos de análisis, estudio, entretenimiento, gestión y un largo etcétera de actividades relacionadas con el mundo laboral o lúdico. Apenas hay acciones y procesos que no estén asociados a una aplicación, y como no podía ser de otra manera, la medicina no iba a ser menos.

Cada día el mundo de la medicina y el de la ingeniería están más relacionados. Los avances tecnológicos de los últimos tiempos no hacen sino colaborar en los avances médicos, por tanto estas dos disciplinas, aparentemente tan diferentes entre sí, tienen un futuro prometedor si van de la mano, algo innegable e inevitable si se tiene en cuenta hacia dónde van dirigidas por separado.

Un campo de la medicina en el que los avances se ven reflejados claramente es el de la imagen. Los estudios de imagen médica están siendo sometidos a mejoras continuas a una velocidad de vértigo, tanto a nivel de calidad como de precisión, lo que propicia el auge del desarrollo de aplicaciones de análisis y post-procesado de estos estudios, cada vez más complejas y con más funcionalidades.

Esto es posible gracias a la aparición hace unos 40 años de los sistemas CAD¹ (diagnósticos asistidos por ordenador, o ‘computer-aided diagnosis’, de sus siglas en inglés). Estos sistemas son unos procedimientos médicos que ayudan en la interpretación de imágenes médicas y demás pruebas de contenido multimedia que puedan obtenerse del paciente. Su función principal no es la de dar un diagnóstico propio que sustituya al del especialista, sino facilitar la labor de este para ofrecerle unos recursos con los cuales le resulte más rápido y sencillo interpretar la información que tiene delante sin que se le escape ningún detalle que al ojo humano sería imperceptible. Por tanto, estos sistemas permiten optimizar al máximo la labor de los médicos, especialmente los radiólogos, ya que les permiten tener información mucho más completa y detallada reduciendo considerablemente la dificultad de analizar a simple vista una imagen, maximizando de esta manera los recursos médicos y repercutiendo en una importante reducción del tiempo de análisis de cada estudio, y por consiguiente, mejorando directamente la atención al paciente.

Estos sistemas, que están basados en reconocimiento de patrones, siguen más o menos el mismo procedimiento, que se pueden resumir en los siguientes pasos fundamentales:

- Pre-procesado. Se corrigen las imperfecciones de la imagen y se prepara para su análisis.
- Segmentación. Se detectan estructuras importantes de la imagen y se definen como regiones que se analizan individualmente.
- Estructuración. Se analizan las regiones definidas anteriormente.
- Clasificación y evaluación. Se estudian los resultados obtenidos, y se decide qué parte de la información es importante. Aquí entra en juego el radiólogo.

¹ https://es.wikipedia.org/wiki/Diagn%C3%B3sticos_asistidos_por_ordenador

Teniendo todo esto en cuenta, para el diseño y desarrollo de esta aplicación se han considerado principalmente las necesidades de un grupo de radiólogos de la Clínica San Miguel de Pamplona para el estudio de imágenes de resonancia magnética, priorizando la sencillez de entendimiento y de manejo de la interfaz y la velocidad de navegación, de procesado de los datos y de adquisición de los resultados. De esta manera, va a ser muy útil para funciones muy concretas y definidas con anterioridad.

Antes de comenzar, hay que tener presente que el diseño y el desarrollo de una aplicación, y en especial de una aplicación médica como esta, pueden ser todo lo complejos y extensos que se quiera. Siempre se le puede seguir añadiendo nuevas funcionalidades y más botones complementarios que la hagan muy completa y más perfeccionada. No obstante, siempre hay que buscar el equilibrio para optimizar los recursos con los que se cuenta y sacar el máximo rendimiento de la aplicación. No tiene ningún sentido que la aplicación esté preparada para cien funciones si se van a necesitar dos. Por ello, lo principal es la planificación y dejar claras desde el principio las necesidades y las prestaciones que tiene que ofrecer la aplicación, para que su diseño y sus características estén prácticamente cerrados desde el principio.

La herramienta de diseño utilizada para el desarrollo de la aplicación es Matlab, por sus prestaciones, por la familiarización con su entorno y por lo intuitivo de la clara y evidente relación que existe entre el código que genera la aplicación, y la interfaz y las funcionalidades de la aplicación generadas por el código, quedando todo estrechamente conectado y entendiéndose muy fácilmente el proceso de creación de la aplicación.

1.1 Objetivo

La finalidad de este Trabajo Fin de Máster es obtener una herramienta que facilite el trabajo de los radiólogos a la hora de analizar estudios de imagen médica, en concreto de resonancia magnética, permitiéndoles dar un diagnóstico más rápido y fiable.

Las imágenes con las que se ha contado corresponden a mujeres entre 50 y 60 años con cáncer de mama en estado inicial, a las cuales se les aplican diferentes tratamientos. Se pretende medir mediante la aplicación a desarrollar cómo va variando la fuerza muscular de estas pacientes en detrimento de la aparición de la disfunción muscular y la sarcopenia (pérdida degenerativa de masa muscular y aparición de tejido adiposo) que van asociadas a su enfermedad, y de qué manera afecta cada tratamiento a esa variación. De este modo, y una vez que se obtengan los datos, podrán compararse entre sí, así como con los de un grupo de control de mujeres sanas.

Las imágenes que se van a analizar siguen el estándar DICOM (de sus siglas en inglés, 'Digital Imaging and Communication in Medicine'), reconocido mundialmente para el intercambio, manejo, visualización, almacenamiento, impresión y transmisión de imágenes médicas. Estas imágenes pertenecen además a una secuencia MRI (Imagen de Resonancia Magnética, de sus siglas en inglés 'Magnetic Resonance Imaging') obtenidas por el método DIXON², el cual se basa en una pequeña variación de la

² <https://radiopaedia.org/articles/dixon-method> <http://mri-q.com/dixon-method.html>

frecuencia a la que se obtienen los distintos tipos de tejidos a la hora de llevar a cabo la adquisición de las imágenes, con el fin de conseguir una supresión uniforme de grasa en las mismas. Gracias a este método, y teniendo en cuenta la diferente reacción de las moléculas de grasa y de agua ante un campo magnético determinado, se obtienen cuatro tipos de imagen distintos:

- En fase = Agua + Grasa.
- Fuera de fase = Agua – Grasa.
- Grasa (supresión de agua) = En fase – Fuera de fase = (Agua + Grasa) – (Agua – Grasa).
- Agua (supresión de grasa) = En fase + Fuera de fase = (Agua + Grasa) + (Agua – Grasa).

Estas imágenes pertenecen a secciones de abdomen y muslo, proporcionándose en todo momento información sobre el nivel anatómico en que se encuentra la imagen mostrada. A partir de estas imágenes se quieren obtener ciertos parámetros que midan la cantidad de grasa frente a la de músculo, y comprobar si la proliferación de la primera está relacionada con la pérdida progresiva de la segunda. Una vez que se obtenga información relativa a la grasa, se desgrana con un mayor grado de detalle para poder clasificar los distintos tipos de grasa en función de su localización, siendo sobre todo relevante diferenciar claramente la subcutánea (SAT) de la visceral (VAT).

Finalmente, los datos obtenidos serán exportados a un Excel con el que va a trabajar directamente el personal médico. Este Excel contendrá la información realmente relevante que va a necesitar el radiólogo para redactar su diagnóstico y con la cual se va a conseguir esa optimización del procedimiento de análisis de la que se hablaba anteriormente.

Además de con los datos que se obtengan de los estudios de imágenes con la aplicación, se cuenta también con otros parámetros psicológicos o metabólicos, para calcular las correlaciones entre todos ellos y ver cómo afectan unos sobre otros.

No obstante, todo esto entra dentro del contexto médico en el que tiene cabida la aplicación. Las competencias de este proyecto quedan delimitadas al diseño de la aplicación, que han sido definidas según las necesidades de los especialistas médicos y teniendo en cuenta todo lo descrito en este punto.

1.2 Herramientas actuales

No son pocos los softwares que a día de hoy están disponibles en el mercado y se utilizan en hospitales y demás centros médicos que realizan una labor similar a la que realiza esta aplicación. Quizás uno de los más importantes por su fama y por su uso es *OsiriX*, aplicación suiza empleada en procesado de imágenes DICOM. Un inconveniente de esta aplicación es que está diseñada para entornos de trabajo que soporten sistema operativo Mac.

Otro de los programas más utilizados y conocidos es *ImageJ*. Es de dominio público y se puede utilizar tanto en Windows, como en Mac o Linux. No es un software específico para imágenes médicas, por lo tanto puede tener carencias a la hora de analizar características muy concretas de este tipo de imágenes. No obstante, está programado en Java, por lo tanto es compatible con complementos o ‘plug-ins’ Java y macros grabables, permitiendo ampliar su funcionalidad mediante su instalación y ofreciendo una diversidad de funciones que han tenido una gran aceptación en el mundo clínico.

Otro de los softwares más presentes en estudios y publicaciones, y uno de los más avanzados y que mejores prestaciones da en el campo de la segmentación de imágenes médicas es *SliceOmatic*, un programa canadiense con muy pocas limitaciones, caracterizado por una rápida velocidad de procesamiento y una interfaz gráfica de usuario muy intuitiva.

Otros softwares utilizados son *EasyVision*, *Amira*, *ITK*, *Analyze*, *NIHImage*, *Hippofat* o *Syngo*, entre otros.

1.3 Formas de construir Apps con Matlab

Matlab nos ofrece la posibilidad de crear nuestras propias aplicaciones de tres formas diferentes, las cuales ofrecen distintos flujos de trabajo y una funcionalidad concreta en cada caso, según los requerimientos del proyecto y la preferencia del programador a la hora de trabajar [1]. Estas son:

1.3.1 GUIDE

GUIDE es un entorno basado en “arrastrar y soltar” (drag-and-drop) elementos para establecer lo que se conoce como interfaces de usuario (UI). Mediante este editor de diseño es posible diseñar gráficamente estas interfaces (Figura 1.1). Conforme se van añadiendo objetos a la interfaz, se va generando el código subyacente de manera automática, pero el comportamiento interactivo de la aplicación se codifica por separado, en el editor de MATLAB, pudiendo modificar la programación del comportamiento de la aplicación. Las aplicaciones creadas con GUIDE pueden mostrar cualquier tipo de gráfico. GUIDE también proporciona varios componentes interactivos, incluyendo menús, barras de herramientas y tablas. A continuación, una imagen de la interfaz con la que se trabaja en GUIDE.

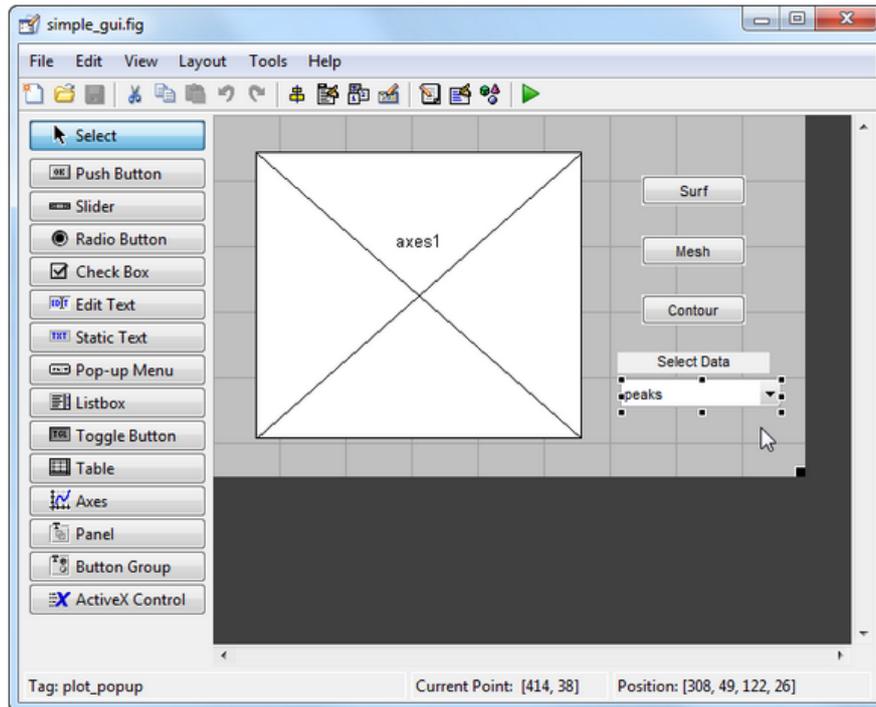


Figura 1.1 Entorno 'GUIDE'

1.3.2 Funciones de Matlab para crear Apps programáticamente

A fin de ejercer un mayor control sobre el diseño y el desarrollo, también existe la posibilidad de codificar toda la aplicación, tanto su diseño y sus propiedades como su comportamiento, utilizando solo funciones de Matlab, sin necesidad de plantillas prediseñadas (Figura 1.2). Se comienza creando una figura tradicional (que contendrá la app) y se le van añadiendo componentes interactivos. Estos componentes, así como otros gráficos y tablas, serán los mismos que los utilizados por GUIDE. Matlab contiene funcionalidad integrada que le ayudará a crear la GUI para su app de forma programática. Se recomienda esta forma de trabajar cuando la aplicación es más compleja, con un gran número de componentes interdependientes. Cabe la posibilidad de agregar cuadros de diálogo, controles de interfaz de usuario (como botones y controles deslizantes) y contenedores (como paneles y grupos de botones). En la siguiente imagen se explica gráficamente en qué consistiría el proceso. En el fondo está el código, que es lo único con lo que se va a trabajar, y en pequeño se muestra la ventana que contiene la aplicación, la cual se generaría al ejecutar el código.

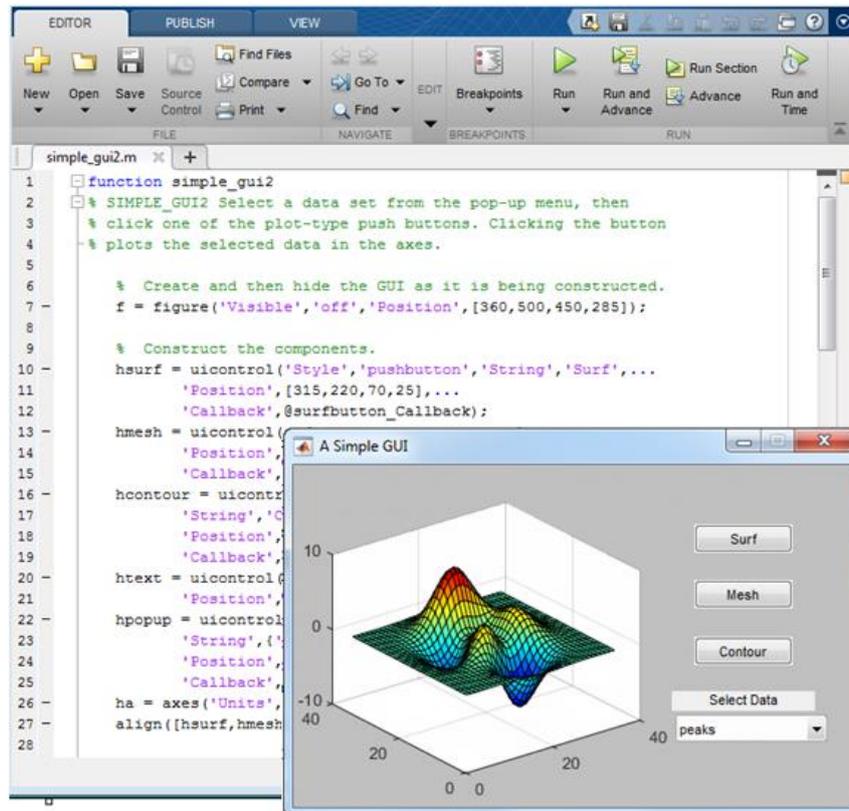


Figura 1.2 Programación de Aplicación

1.3.3 App Designer

Por último, este entorno se basa en el mismo concepto que GUIDE, pero está mucho más desarrollado (Figura 1.3). Introducido en Matlab en su versión R2016a, incluye un editor completamente integrado, en el que el diseño y el código están tan relacionados que cualquier cambio en uno afecta inmediatamente al otro. Cuenta con muchos más controles y botones. Sin embargo, los menús y las barras de herramientas no están disponibles en este modo, de igual manera que no es recomendable si se necesita representar gráficos más allá de imágenes o trazos en 2D. A continuación se muestra cómo es este entorno de diseño.



Figura 1.3 Entorno 'App Designer'

Atendiendo a las necesidades de la aplicación que se presenta en este proyecto y a la preferencia del método de trabajo, la opción escogida es la primera, el entorno de desarrollo GUIDE.

1.4 GUI (Graphical User Interface) de MATLAB

Matlab GUIDE [2] es un entorno de programación gráfica que ofrece la propia herramienta de Matlab para poder realizar y ejecutar programas de simulación a medida de forma simple. Tiene las características básicas de todos los programas visuales como Visual Basic o Visual C++.

1.4.1 Creación de apps con interfaces gráficas de usuario en Matlab

Las GUI (también conocidas como interfaces gráficas de usuario o interfaces de usuario) permiten un control sencillo (con uso de ratón) de las aplicaciones de software, lo cual elimina la necesidad de aprender un lenguaje y escribir comandos a fin de ejecutar una aplicación.

Las apps de MATLAB son programas autónomos con un frontal gráfico de usuario GUI que automatizan una tarea o un cálculo. Por lo general, la GUI incluye controles tales como menús, barras de herramientas, botones y controles deslizantes³. Muchos productos de MATLAB incluyen apps con interfaces de usuario personalizadas. También es posible crear apps personalizadas propias, incluidas las interfaces de usuario correspondientes, para que otras personas las utilicen.

³ <https://es.mathworks.com/discovery/matlab-gui.html>

1.4.2 Formato y elementos de la interfaz gráfica de usuario

A pesar de que, como ya se ha dicho, la forma de construir una app es muy similar tanto si se utiliza GUIDE como si se hace con App Designer, debido a que comparten una gran cantidad de controles, el proceso en sí mismo es diferente, principalmente en el código generado, el acceso a los componentes y la codificación de las funciones de llamada 'callback'. Con todo esto, los comandos necesarios utilizados en Matlab son igualmente distintos (funciones 'figure' o 'axes' en GUIDE serán 'uifigure' y 'uiaxes' en App Designer, por ejemplo).

Para crear esta aplicación, interesa seleccionar la opción 'Blank GUI (Default)'. Esta opción de interfaz gráfica de usuario en blanco (viene predeterminada), nos presenta un formulario nuevo, en el cual podemos diseñar nuestro programa desde cero. Como apunte, otras opciones que se presentan para funciones más delimitadas y concretas son: 'GUI with Uicontrols', 'GUI with Axes and Menu' y 'Modal Question Dialog' (Figura 1.4). A continuación se muestran gráficamente las cuatro opciones tal y como son ofrecidas por Matlab al abrir GUIDE.

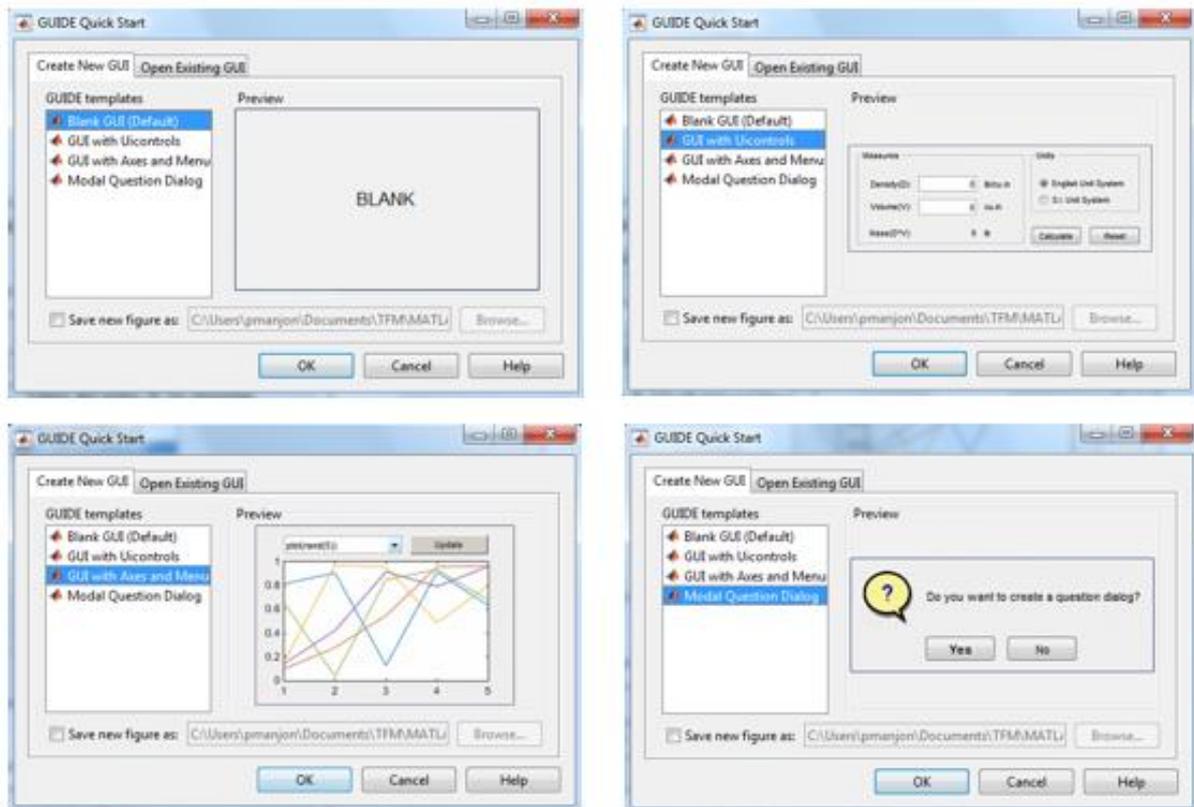


Figura 1.4 Opciones del entorno 'GUIDE'

Entre las herramientas con las que se cuenta están las siguientes:

Tabla 1 Barra de herramientas del entorno GUIDE

	Alinear objetos.
--	------------------

	Editor del menú.
	Editor del orden de las etiquetas.
	Editor de la barra de herramientas.
	Editor del archivo “.m”.
	Editor de las propiedades de los objetos.
	Navegador de los objetos.
	Grabar y ejecutar (Ctrl + T).

Y estos son los componentes, los cuales se explican brevemente a continuación:

Tabla 2 Componentes del entorno GUIDE

COMPONENTE	ICONO	DESCRIPCIÓN
Push Button		Invoca un evento que se ejecuta inmediatamente, en cuanto el usuario pulsa sobre él.
Slider		Representa un rango de valores que permite al usuario navegar por dicho rango moviendo una barra de desplazamiento.
Radio Button		Invoca un evento siempre y cuando permanezca seleccionada la opción que representa.
Check Box		Similar al ‘radio button’, la casilla de verificación es útil cuando se quiere proporcionar más de una opción independiente de las otras (el usuario puede seleccionar más de una).
Edit Text		Caja para editar o modificar texto por el usuario.
Static Text		Caja que muestra un texto fijo, estático, no modificable por el usuario. Suele utilizarse para etiquetar otros componentes, proporcionar instrucciones o mostrar valores o resultados que se puedan obtener de la aplicación.
Pop-up menu		Menú emergente que muestra una lista de opciones cuando el usuario pulsa sobre el desplegable.
Listbox		Caja con una lista deslizable de elementos que permite al usuario seleccionar más de uno al mismo tiempo.
Toggle Button		Botón con dos estados (on/off) que genera una acción e indica si está activada o desactivada.
Table		Genera una tabla para mostrar datos.
Axes		Genera unos ejes en los que se permite mostrar imágenes y gráficos.
Panel		Permite organizar los componentes de la aplicación en grupos, en función de su relación. Visualmente hace que la interfaz sea más fácil de comprender por el usuario.

Button Group		Similar al panel, pero con la función de permitir exclusividad de selección a los botones almacenados en su interior.
ActiveX Control		Controles con funciones específicas más complejas ya definidas que permiten crear aplicaciones más completas y con muchas más posibilidades y utilidades, además de hacerlas exportables a internet. Compatible solo con Microsoft.

Además, cada uno de estos elementos posee un conjunto de propiedades que son de gran utilidad a la hora de diseñar la aplicación. Algunas de las más importantes son 'Callback', 'String', 'Style', 'Tag', 'Units', 'UserData', 'Value' o 'Visible'. Más adelante se hará una explicación más exhaustiva del porqué de cada una de ellas y para qué se han utilizado.

Una de las opciones más importantes es la de 'View Callbacks', a partir de la cual se podrá generar código en la subrutina asociada al elemento en cuestión, y que la aplicación experimente algún cambio al interactuar con él. Es decir, cualquier instrucción en esta parte del programa se ejecutará cuando se realice una determinada acción sobre el elemento que se está editando. Por ejemplo, al ejecutar 'View Callbacks>>Callbacks' en el Push Button, automáticamente se genera el siguiente código sobre el que se podrá añadir lo que se desee:

```
Function pushbutton1_Callback(hObject, eventdata, handles)
% hObject handle to pushbutton1 (see GCBO)
% eventdata reserved-to be defined in a future version of MATLAB
% handles structure with handles and user data (see GUIDATA)
```

1.4.3 Funcionamiento de una aplicación GUI

Una aplicación GUIDE consta de dos archivos, .m y .fig, ambos imprescindibles para su correcto funcionamiento. El archivo .m (ejecutable) contiene el código con las correspondencias de los botones de control de la interfaz. Tiene una estructura determinada, consta de un encabezado que no se puede modificar y a continuación están las subrutinas. Y el archivo .fig contiene los elementos gráficos asociados. Cada vez que se añada un nuevo componente en la interfaz, se genera automáticamente su código asociado en el archivo .m con el código.

1.4.4 Manejo de datos entre los elementos de la aplicación y el archivo '.m'

Tanto los valores de las propiedades de los elementos (string, color, posición, etc.) como los valores de las variables transitorias del programa (las de las subrutinas o funciones de cada elemento dentro del programa) se almacenan en una estructura, a la cual se puede acceder mediante el identificador 'handles'. Para salvar los datos de la aplicación cada vez que estos sean modificados será necesario utilizar la sentencia 'guidata' [3]. Así, la definición de identificador es salvada con la instrucción 'guidata(hObject, handles)', donde 'hObject' es el elemento sobre el que se ha realizado alguna acción en la interfaz y por consiguiente en cuya subrutina se está ejecutando código. Por tanto, teniendo en cuenta todo esto, y como regla general, habría que incluir esa

instrucción en la última línea de cada función ‘callback’, si queremos que los datos de la aplicación modificados en la misma estén disponibles y actualizados en la siguiente interacción del usuario con la interfaz. Así, esta sentencia nos garantiza que cualquier cambio o asignación de propiedades o variables quede grabado y almacenado.

Otras dos sentencias muy útiles a la hora de obtener y asignar valores de las propiedades de los distintos componentes son ‘GET’ y ‘SET’, respectivamente. El procedimiento sería, en el primer caso, ‘variable = get (handles.componente, ‘Propiedad_X’)’; y en el segundo, ‘set = (handles.componente, ‘Propiedad_X’, variable)’. Siempre hay que tomar los datos o asignar unos nuevos a partir del identificador ‘handles’.

1.5 Estructura de la memoria

El capítulo 2 se centra en el diseño y la construcción de la aplicación, destacando tres bloques principales para describirla: su funcionalidad, su arquitectura y su interfaz. Además se añade un punto para explicar el tratamiento que se les hace a los datos al principio de la aplicación y la importancia de respetar el formato que deben tener para que todo funcione correctamente.

En el capítulo 3 se trata el tema de la Reconstrucción Multiplanar. Es un punto muy relevante en la aplicación por su complejidad técnica, y por consiguiente se le dedica un capítulo entero para explicar paso por paso el proceso.

El capítulo 4 profundiza en el otro bloque principal del proyecto, la segmentación. A pesar de estar incluido implícitamente en la propia aplicación, puede ser considerado como su otro pilar fundamental, por el trabajo que requiere y el largo proceso de documentación previa y de generación de código que se ha llevado a cabo. Se comenta el estado del arte hasta este momento, los métodos utilizados para segmentar y los resultados, así como el proceso posterior de exportación de los mismos.

En el capítulo 5 se exponen las conclusiones principales que se sacan de la realización de este proyecto, así como un par de líneas futuras que pueden surgir siguiendo el camino que hasta ahora lleva recorrido la aplicación.

Además, como en todo diseño de una aplicación, se añade un anexo con el Manual de Usuario, dando las pautas principales para explicar al usuario cómo funciona.

2 Aplicación

2.1 Adaptación del código al formato de los estudios

El código que cimente la aplicación GUIDE debe generarse en función de cómo esté dispuesta la información con la que se va a trabajar y adaptarse a esta, es decir, hay que tener en cuenta el formato y clasificación en el que el usuario va a proporcionar los estudios y las imágenes correspondientes. Esto es importante sobre todo a la hora de generar el código con el que va a arrancar la aplicación, para que se pueda disponer de las imágenes rápida y correctamente, realizando una buena categorización de cada uno de los cuatro tipos de imágenes en los que se divide un estudio.

En este caso, cada estudio se va a proporcionar en una carpeta anonimizada, la cual va a contener otra carpeta con el número identificativo del paciente y algún otro dato representativo. Esta segunda carpeta va a ser el archivo desde el que se va a trabajar y con el que el usuario debe comenzar (esta es la carpeta que tiene que seleccionar como punto de partida y no la anterior). A partir de aquí, el código está diseñado para que ordene y clasifique los ficheros que contiene hasta llegar a la visualización del nivel (parte del volumen total) del estudio que seleccione el usuario. Este proceso se divide en varios pasos.

La carpeta que selecciona el usuario y que contiene el estudio está compuesta de un gran número de subcarpetas. Si obviamos alguna que contiene información sobre el estudio, localizadores y demás, nos quedan las que contienen las imágenes. Cada carpeta con imágenes corresponde a uno de los cuatro tipos de imagen (grasa o “F”, agua o “W”, fase o “in” y fuera de fase u “opp”) de un nivel del volumen anatómico del estudio. Por tanto, el número de carpetas será múltiplo de cuatro (cuatro carpetas por nivel), y el total dependerá del número de niveles en los que se corte el estudio al exportarlo de la máquina con la que se ha adquirido para analizarlo en la aplicación.

Primero, descartando las subcarpetas que no contienen imágenes, se ordena el resto, de manera que se vayan agrupando de cuatro en cuatro, por niveles y teniendo los cuatro tipos de cada nivel juntos.

Después se toma una imagen de cada nivel, que en este caso va a ser de grasa, y se realiza una pre-visualización (Figura 2.1) con todas ellas para que el usuario elija y seleccione aquella imagen con cuyo nivel al que está asociada le interese trabajar finalmente en la aplicación.

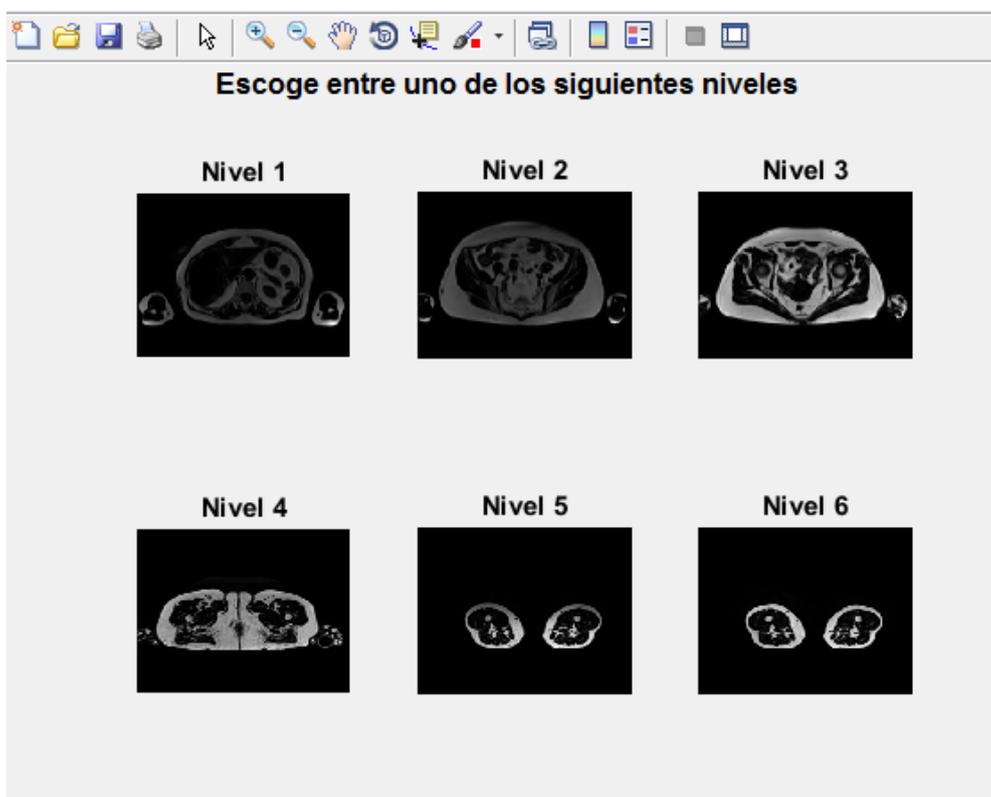


Figura 2.1 Previsualización de niveles

Finalmente, se seleccionan las cuatro subcarpetas asociadas a ese nivel y a esa imagen de grasa escogida por el usuario y se procede a cargar las imágenes correspondientes a ese nivel (subcarpeta) y diferente tipo de imagen (Figura 2.2) y a realizar los cálculos finales antes de mostrar las imágenes en la interfaz (Reconstrucción Multiplanar).

Fields	name	folder	date	bytes	isdir	datenum
1	't1_vibe_inopp_tra_p2_bh_320_in_14'	'C:\Users\p...	'06-jun-201...	0	1	7.3685e+05
2	't1_vibe_inopp_tra_p2_bh_320_opp_15'	'C:\Users\p...	'06-jun-201...	0	1	7.3685e+05
3	't1_vibe_inopp_tra_p2_bh_320_F_16'	'C:\Users\p...	'06-jun-201...	0	1	7.3685e+05
4	't1_vibe_inopp_tra_p2_bh_320_W_17'	'C:\Users\p...	'06-jun-201...	0	1	7.3685e+05

Figura 2.2 Información de las subcarpetas asociadas al nivel escogido

2.2 Descripción de la funcionalidad

La aplicación tiene como objetivo principal ofrecer una herramienta al personal médico de radiología que le facilite su labor en el análisis de los estudios de imagen médica, particularmente de resonancia magnética. Se ha intentado priorizar la sencillez y el dinamismo de cara al diseño de la interfaz, para que sea fácil de utilizar y muy intuitiva

e interactiva para el profesional sanitario, el cual va a necesitar muy poco tiempo para hacerse con el manejo de la aplicación.

Teniendo en cuenta la utilidad que se le va a dar a la aplicación, se le proporciona un mayor peso al visor de imágenes en la interfaz que al resto de elementos.

A grandes rasgos, su funcionamiento se basa en tres principales pasos:

- Primero, se debe seleccionar la carpeta en la que se encuentra el estudio a analizar, para que se realicen ciertos cálculos y la aplicación ya esté lista para mostrar las imágenes separadas según el tipo que sean (supresión de agua, supresión de grasa, fase o fuera de fase) y en cualquiera de los planos tridimensionales por los que se corte al cuerpo humano (axial, coronal o sagital), además de poder navegar y desplazarse por todo el volumen del estudio.
- Segundo, se deben de poder crear las regiones de interés que sean necesarias, tantas como se estimen oportunas. Hay distintos tipos, en función de la zona a estudiar o del nivel de detalle que se requiera, y se pueden modificar, borrar, ampliar, exportar, importar, etc.
- Y tercero, una vez que ya se tienen todas las regiones de interés deseadas, se procede a la parte de los cálculos y la segmentación.

En niveles generales, esta es la funcionalidad que tiene la aplicación. Un poco más adelante, en este mismo capítulo, en el apartado “Descripción de la interfaz”, se hará una explicación más exhaustiva de la labor que tiene cada componente de la aplicación, tanto a nivel individual como conjuntamente con el resto de elementos con los que pueda estar relacionada.

2.3 Descripción de la arquitectura

Una parte muy importante a la hora de diseñar una aplicación de este tipo es pensar en cómo se va a estructurar internamente, es decir, cómo se va a tratar la información, para que este tratamiento sea lo más rápido y eficiente posible, y el código sea de fácil comprensión para futuras ampliaciones o modificaciones.

Siguiendo los consejos de la literatura, y corroborándolos una vez que ya estaba la aplicación bastante avanzada, todo el código forma parte de un único archivo ejecutable de Matlab ‘.m’, una única función con un gran número de subfunciones correspondientes asociadas a cada uno de los componentes (entendiendo como ejecutable el fichero que simplemente contiene el código, y no el archivo con el que se podría poner en marcha la aplicación sin necesidad de Matlab). Esto es así por varias razones. Entre otras cosas, la interacción del usuario con los diferentes botones hace que la aplicación tenga que estar continuamente entrando en distintas subfunciones, ‘callbacks’ o funciones locales que, de estar cada una en un archivo distinto, al final se acabaría perdiendo tiempo en la ejecución, ya que ese proceso es algo más lento que teniendo todas las ‘callbacks’ en una misma función. También es más útil cuando hay que hacer algún cambio que afecta a varias subfunciones simultáneamente. Conforme la

aplicación va creciendo, el código también, y si estuviera repartido en distintos archivos acabaría siendo un trabajo tedioso el tener que ir uno por uno modificando pequeños detalles.

Pero la principal ventaja es tener disponible en cualquier momento la estructura ‘handles’ que va a contener toda la información referida a la aplicación y a sus elementos, cualquier cosa que se le haya introducido y las modificaciones que haya ido haciendo el usuario trabajando con ella. Para que se guarde cada actualización de los datos, basta con incluir una línea de código al final de cada subrutina, como ya se ha comentado en el capítulo de introducción:

- *‘guidata (hObject, handles)’*.

Este archivo ‘.m’ tiene una estructura definida, con una parte de código fijo, generado automáticamente al crear una aplicación con GUIDE:

- Código de inicialización. Contiene ciertas instrucciones de control de la interfaz y de la función asociada, y no se puede modificar ni siquiera por el diseñador de la aplicación.
- Función de apertura. Puede modificarse durante el diseño de la aplicación y es útil para tareas que requieran una inicialización previa al acceso del usuario a la interfaz.
- Función de salida. Devuelve las salidas a la línea de comandos después de que la función de apertura devuelve el control y antes de que el control vuelva a la línea de comandos. También es modificable por el diseñador.
- Se incluyen plantillas de las ‘callbacks’ de los elementos que más se suelen utilizar en cuanto estos se añaden a la interfaz.

Y hay otra parte del código que añade el diseñador, en función de las necesidades de la aplicación, como ya se ha comentado:

- ‘Callbacks’ de componentes y de la figura. Controlan el comportamiento de la ventana que contiene la aplicación y de los elementos de manera individual. Cada función de llamada entra en funcionamiento en respuesta a un evento particular del elemento o de la propia figura propiciado por el usuario.
- Funciones auxiliares. Se encargan de funciones diversas no asociadas directamente con un evento. A veces se generan automáticamente junto con la ‘callback’ principal del elemento para controlar sus propiedades y no tanto su función, como ocurre cuando se añaden barras de desplazamiento.

Además de este archivo con el código de la aplicación, se genera otro archivo (en este caso ‘.fig’) que contiene la interfaz en sí, la plantilla de lo que será la parte visual de la aplicación, con todos sus componentes. Tanto este como el archivo del código (‘.m’) deben tener el mismo nombre, y generalmente es más aconsejable almacenarlos en la misma carpeta.

Por otro lado, también es importante tener clara la estructura y el recorrido que va a llevar la información entre los distintos botones de la aplicación durante todo el proceso de trabajo, esquematizando las ideas para saber qué se puede y qué no se puede hacer en cada momento, qué pasos tomar justo después de realizar uno u otro cálculo, etcétera. Para ello se ha generado un diagrama de flujo que explique gráficamente el flujo de trabajo de la aplicación de una manera clara y detallada, aclarando, ordenando y simplificando al máximo estos procesos que se pueden ir llevando a cabo en la aplicación. Se añade al final del documento, a modo de anexo (Figura A. 30 Diagrama de flujo de la aplicación).

2.3.1 Proceso ‘Cargar estudio’

Tal y como se proporcionan las imágenes con las que se va a trabajar en la aplicación, es conveniente adecuarlas correctamente antes de entrar de lleno en el estudio. Están almacenadas en subcarpetas proporcionadas directamente por el radiólogo, contenidas en una carpeta que corresponde al estudio de imagen de un paciente (Figura 2.3). Hay que tener en cuenta que son muchas imágenes para cargar simultáneamente y con las que trabajar, atendiendo al gran número de cortes que se obtienen de un volumen anatómico y teniendo que calcular cuatro tipos distintos de imagen de cada corte (siguiendo el método de obtención de imágenes DIXON, como ya se ha explicado anteriormente). El número de subcarpetas dependerá del número de niveles en los que se haya dividido todo el volumen de imágenes tomadas a la hora de exportarlas. Además, cada tipo de las imágenes DIXON también se va a almacenar en una subcarpeta distinta. Por tanto, habrá una subcarpetas con imágenes por cada nivel y por cada tipo de imagen. Resumiendo, cada carpeta, correspondiente a un estudio, contendrá “ $4N + k$ ” subcarpetas, siendo ‘N’ el número de niveles y ‘k’ el número de ciertas subcarpetas “de control” que contienen datos e información relativos al estudio y a la toma de las imágenes (‘4’ equivale a los cuatro tipos de imágenes DIXON, y ‘k’ suele ser 3). A continuación se añade un esquema explicativo. Los nombres de las dos carpetas superiores son los reales, generados automáticamente al exportar las imágenes anonimizadas.

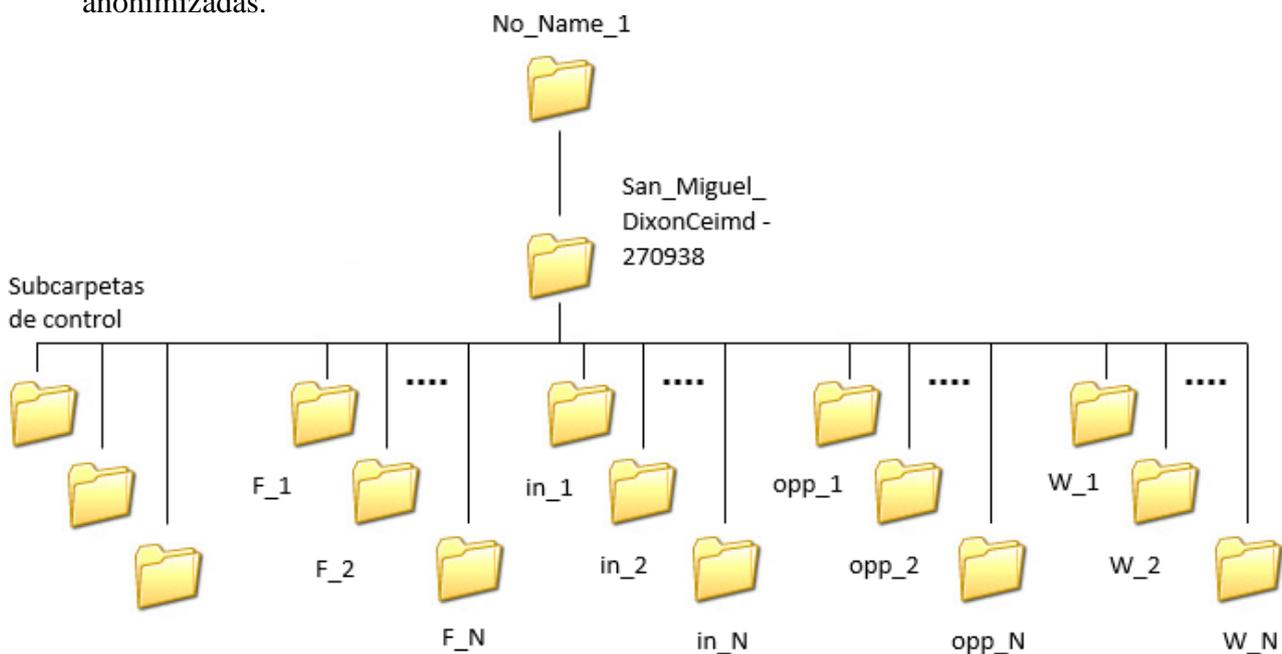


Figura 2.3 Formato de la carpeta del estudio

En realidad las subcarpetas están ordenadas según el tipo que sean y no por niveles, es por ello que se hace un primer pre-procesado en el que se ordenan primero las subcarpetas según el nivel al que pertenezcan y después por grupos de cuatro, atendiendo a los cuatro tipos de imagen. Una vez dividido el estudio en grupos de cuatro, cada uno de los cuales correspondiente a un nivel determinado del cuerpo, se ofrece una pre-visualización al usuario de los grupos (niveles) encontrados, y es este el que tiene que decidir cuál va a ser el grupo de imágenes que quiere visualizar en la aplicación y con las que va a trabajar.

Este proceso es muy importante si se tiene en cuenta que, antes de adentrarse en la aplicación definitivamente, y una vez que el usuario ha escogido el grupo de imágenes con el que trabajar, se debe llevar a cabo otro proceso, conocido como reconstrucción multiplanar, a partir de las imágenes originales (se explicará con detalle en el capítulo 3). Esta reconstrucción es computacionalmente algo costosa por los cálculos que se tienen que hacer. Es por ello que conforme aumente el número de imágenes, el tiempo de cómputo aumentará exponencialmente, por otra parte cuantas más imágenes más se ralentizará la navegabilidad de la aplicación, llegando incluso a bloquearse, y no haciéndola eficiente ni deseable. Por tanto, no es deseable aumentar el número de imágenes innecesariamente.

2.3.2 *Procesos “Cargar – Abrir – Borrar” estudio’*

La relación entre estos tres botones y sus correspondientes procesos es muy simple pero el usuario tiene que tenerla clara.

El primer paso al abrirse la interfaz de la aplicación es cargar el estudio, llevándose a cabo todo el conjunto de acciones expuesto en el punto anterior. Automáticamente se abrirá la parte del estudio seleccionada, es decir, el nivel escogido, sin necesidad de pulsar sobre el botón de ‘abrir’.

En caso de que el usuario llegue a un punto de “no retorno”, es decir, ha realizado cálculos, ha navegado por las imágenes, ha cambiado parámetros como el brillo o el contraste, etc., y le interese comenzar de nuevo en ese mismo estudio, con esas mismas imágenes, tiene la posibilidad de borrar todo lo que ha hecho hasta ese momento. Pulsando sobre el botón de ‘borrar el estudio’, se perderán de vista las imágenes y desaparecerán los datos recabados hasta ese momento, como por ejemplo los de las regiones de interés calculadas o los de la segmentación. Esto es, las imágenes del estudio simplemente se dejarán de visualizar, pero seguirán estando contenidas en la aplicación, mientras que los datos y las imágenes obtenidas durante el trabajo con la aplicación, por ejemplo, las de la segmentación, sí que se borrarán definitivamente.

La aplicación vuelve a su vista de inicio. Al abrir de nuevo el estudio volverá a verse la interfaz tal y como estaba justo después de cargarse el estudio. Por tanto es una manera de reinicializar la aplicación.

Cabe destacar que si lo que se quiere es comenzar con otro estudio, o con otro nivel del mismo estudio con el que se está trabajando, no basta con borrarlo, habría que volver a la parte principal de cargar el estudio y cargar un nuevo conjunto de imágenes.

2.3.3 *Reconstrucción Multiplanar*

Debido a la importancia y a la extensión de este apartado, se explica con un mayor grado de precisión y exactitud en el capítulo 3 de este documento.

2.3.4 *'UserData'*

Como ya se ha dicho anteriormente, la información cambia constantemente conforme se va trabajando con la aplicación, y se mantiene actualizada gracias al comando *'guidata'*. Por ello tiene que haber una herramienta para poder compartir esa información entre los componentes de la interfaz y que estos la tengan disponible en todo momento.

La forma más fácil, útil y rápida de proceder es mediante la propiedad *'UserData'* [4] que forma parte de la estructura de todos los elementos. Este campo acepta cualquier tipo de dato, incluso estructuras, por tanto cada vez que se necesite algún dato "transportado" en este espacio, basta con tomarlo con el comando *'get'* y ya estará disponible en la *'callback'* en cuestión. De igual manera, cuando sea necesario introducir un valor o se haya modificado el que contenía, puede meterse de nuevo con el comando *'set'*.

2.3.5 *Imágenes*

Ya se ha comentado cómo funciona el proceso de carga de las imágenes. Pero una vez que están cargadas en la aplicación, hay que almacenarlas en algún sitio para poder representarlas y navegar por el volumen.

El método escogido es el explicado en el punto anterior. Las imágenes se van a almacenar en la propiedad *'UserData'* de dos elementos (se van a mantener dos volúmenes):

- *Pushbutton13*. Este botón corresponde al proceso *'Cargar estudio'*. En este elemento se transportará el volumen original, es decir, las imágenes obtenidas directamente una vez que el proceso de carga está completado. Este va a ser el volumen de imágenes empleado cuando el plano de visualización sea el original, en el que han sido tomadas las imágenes, es decir, *'Axial'*.
- *Uibuttongroup1*. Este elemento corresponde al grupo de botones *'Tipo de vista'*. Va a almacenar el volumen interpolado, es decir, el que se obtiene de la *'Reconstrucción Multiplanar'*, y será el que se utilice cuando el plano de visualización sea *'Coronal'* o *'Sagital'*.

Como puede verse, se intenta asociar de una manera lógica el tipo de información de que se trata con el tipo de elemento que la contiene, intentando guardar una estrecha relación para que el manejo de los datos sea más intuitivo a la hora de diseñar la aplicación y el código.

2.3.6 *Estructura de la(s) ROI(s)*

La manera más eficiente de almacenar toda la información de las regiones de interés [5] que se vayan calculando es mediante una estructura o *'struct'* que esté disponible en

todo momento del estudio. Conforme se vayan realizando, se van introduciendo en la estructura para, a partir de ahí, poder modificarlas, pegarlas, borrarlas, etc.

Teniendo en cuenta las necesidades de la aplicación y del resto de acciones asociadas a los demás botones, se ha considerado almacenar cinco campos para cada ROI:

- 'NombreROI': Nombre de la ROI.
- 'Bound': bordes de la ROI.
- 'Plano': Plano en el que se ha obtenido la ROI (Axial, Coronal o Sagital).
- 'NCorte': Corte en el que se ha obtenido la ROI.
- 'Extrema', o los ocho puntos de los extremos más alejados del centro de la ROI (devuelve una matriz de tamaño 8x2 con información de las dos coordenadas de los puntos, cuyo formato es: arriba - izquierda, arriba - derecha, derecha - arriba, derecha - abajo, abajo - derecha, abajo - izquierda, izquierda - abajo e izquierda - arriba). En ocasiones algunos de estos puntos coinciden, considerándose el mismo punto (Figura 2.4). Estos puntos van a ser muy útiles en el proceso de 'Pegar ROI'.

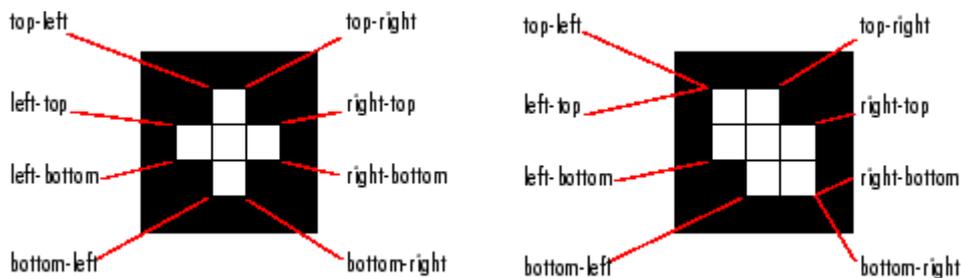


Figura 2.4 Puntos 'Extrema' de un objeto

Esta información va a estar contenida en la propiedad 'UserData' de 'uipanel1', es decir, del panel 'Tipo de ROI'.

Pulsando en el botón de 'Exportar ROI' esta estructura se va a exportar a un archivo '.mat' (Figura 2.5), quedando disponible para poder ser importada en cualquier momento, en el mismo estudio o en otro.

	1	2	3	4	5
1	'Nombre'	'Bordes'	'Plano'	'Corte'	'Puntos "Extrema"'
2	'ROI1'	235x2 double	'Axial'	'12'	8x2 double
3	'ROI2'	209x2 double	'Axial'	'31'	8x2 double
4	'ROB'	62x2 double	'Coronal'	'32'	8x2 double
5	'ROI4'	73x2 double	'Sagital'	'35'	8x2 double
6					

Figura 2.5 Formato de ROI(s) exportada(s)

2.3.7 Representación de ROI(s) de diferentes planos

Uno de los problemas de la Reconstrucción Multiplanar es la necesidad del usuario de calcular regiones de interés simultáneamente en diferentes planos. Hay que tener en cuenta dónde se han dibujado para poder colocarlas todas correctamente según el plano en el que se estén visualizando las imágenes en el momento de representarlas. Es decir las ROI realizadas en un corte tienen que ser visualizadas en cualquiera de las vistas, axial, sagital y coronal. Esta funcionalidad permite comprobar que la ROI se ha realizado en el punto anatómico de interés y comprobarlo en vistas diferentes al de su realización.

A partir del corte en el que se ha calculado cada una, y de sus puntos ‘Extrema’, se ha diseñado una parte del algoritmo para representar una proyección de cada ROI dependiendo del plano de visualización (proceso asociado al botón ‘Pegar ROI’).

En este ejemplo mostrado en las siguientes imágenes se puede ver claramente esto. Las regiones de interés 1 y 2 se han calculado en el plano ‘Axial’, la 3 en el plano ‘Coronal’ y la 4 en el plano ‘Sagital’. Obviamente, se deduce que los planos de visualización del momento de la captura de las siguientes imágenes son ‘Axial’ (Figura 2.6), ‘Coronal’ (Figura 2.7) y ‘Sagital’ (Figura 2.8) respectivamente.

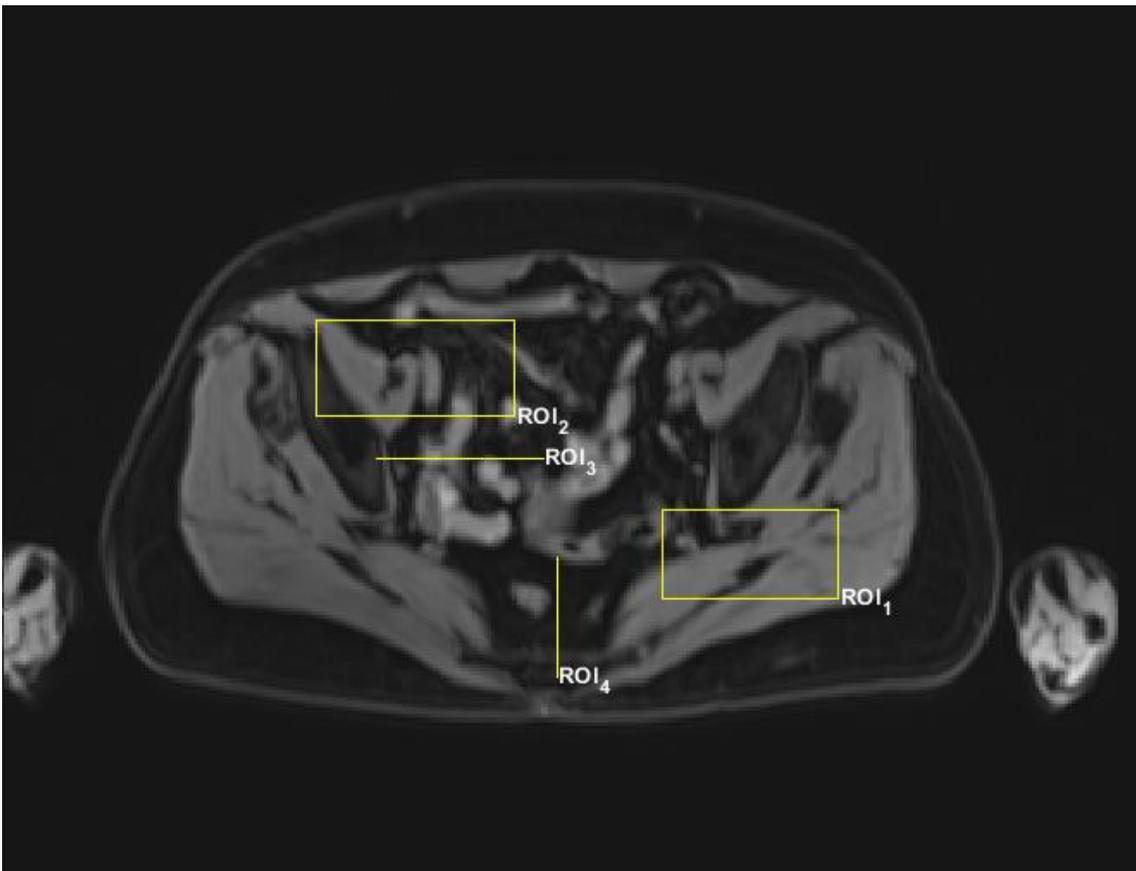


Figura 2.6 Imagen del estudio en plano axial

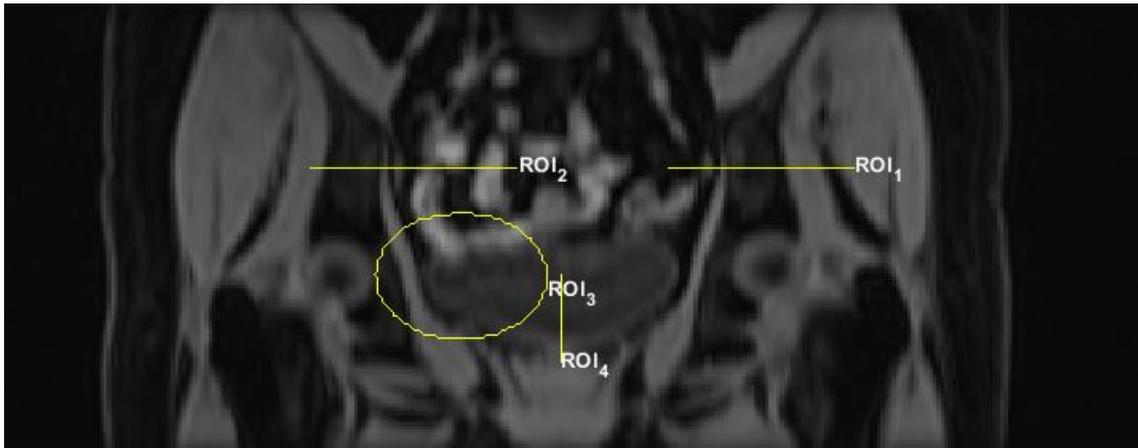


Figura 2.7 Imagen del estudio en plano coronal

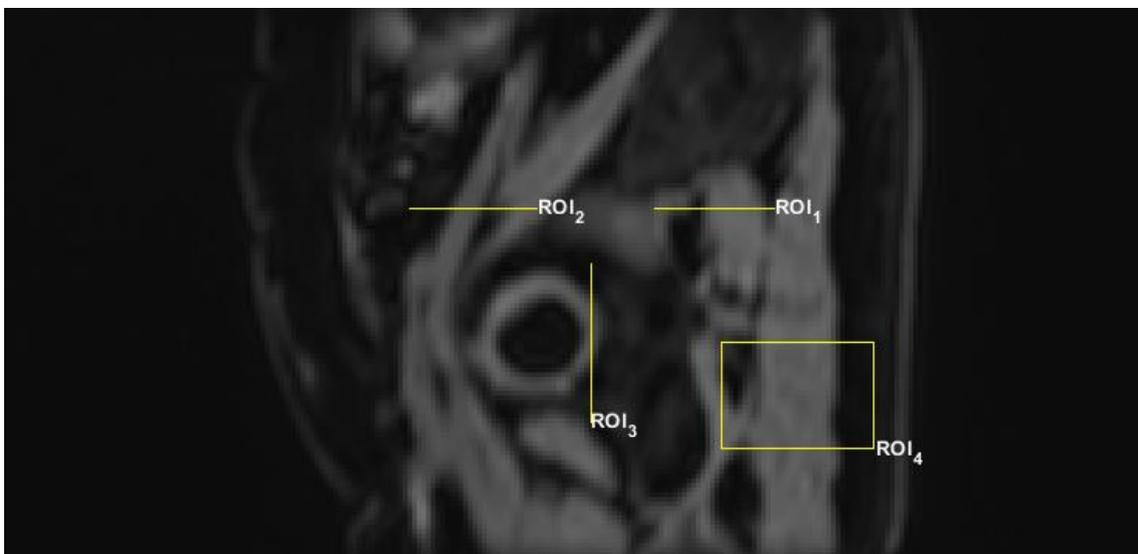


Figura 2.8 Imagen del estudio en plano sagital

2.3.8 'Tab group' o grupo de pestañas

En la interfaz de la aplicación hay cuatro 'axes' o ejes en los que se anclan las imágenes que se van a visualizar, una por cada tipo de imagen que se obtiene del estudio de imagen médica. No obstante, se va a trabajar principalmente con la primera, más grande que el resto (en el tipo de vista por defecto), si bien es cierto que cualquiera de las otras tres puede colocarse en este eje principal para poder trabajar con ellas también (Figura 2.9). A continuación se añaden cuatro imágenes en las que se pueden ver los cuatro tipos DIXON en el visor principal.

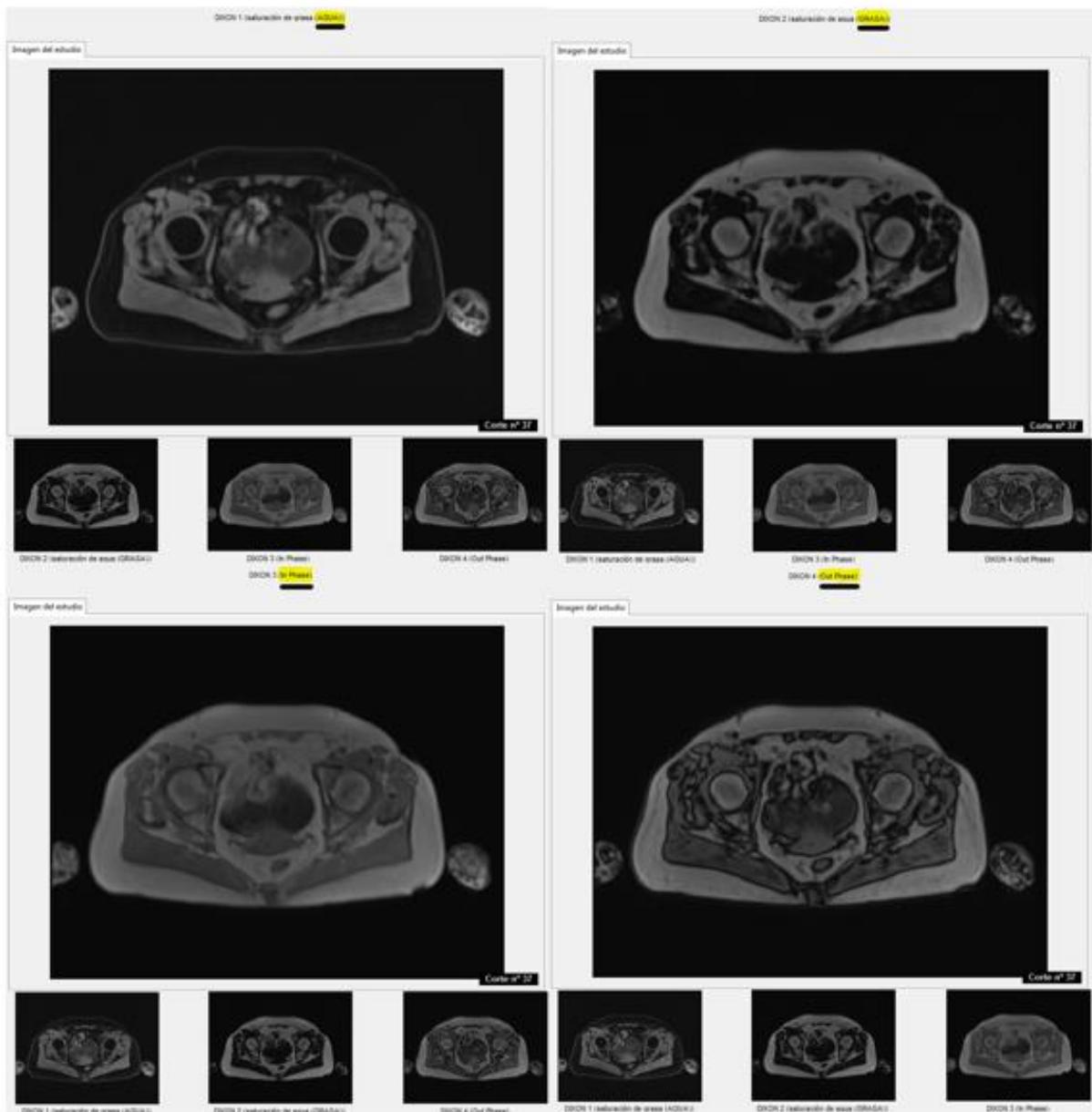


Figura 2.9 Vista alterna de los cuatro tipos de imagen

Para optimizar las funciones de la aplicación se ha incrustado esta imagen principal en un ‘tab group’ o grupo de pestañas. Por defecto solo habrá una pestaña con la imagen del estudio que se esté visualizando, pero cada vez que se proceda a calcular una ‘Segmentación’ (que se explicará más adelante en el capítulo 4), cada nueva imagen obtenida o cualquier imagen que requiera un proceso en el que sea necesaria la interacción del usuario, será representada en una pestaña nueva. De esta manera, no se pierde ninguna de las imágenes que se han visto hasta ese momento y están todas a mano para ir hacia atrás en cualquier momento o para comparar el resultado de dos segmentaciones, por ejemplo (Figura 2.10).

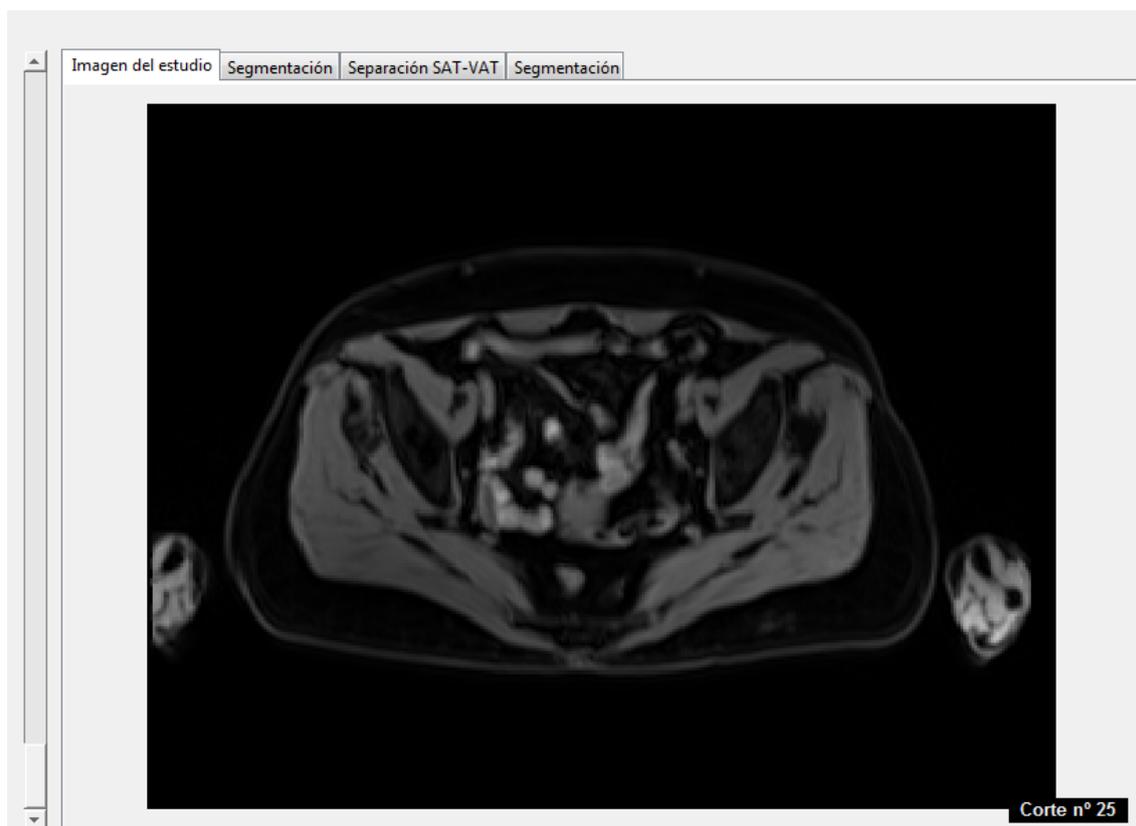


Figura 2.10 Visor 1 en el grupo de pestañas

2.3.9 Segmentación

Debido a la importancia y a la extensión de este apartado, se explica con un mayor grado de precisión y exactitud en el capítulo 4 de este documento.

2.3.10 Exportar segmentación

Debido a la importancia y a la extensión de este apartado, se explica con un mayor grado de precisión y exactitud en el capítulo 4 de este documento.

2.4 Descripción de la interfaz

El conjunto de elementos que compone una interfaz de una aplicación puede ser muy diverso y variado, siguiendo el criterio del desarrollador. En función de este criterio y de las preferencias a la hora de programar, ya sean estéticas o no, puede llegarse a una multitud de diseños diferentes pero consiguiendo aun así la misma funcionalidad.

2.4.1 Componentes de la interfaz y su funcionamiento

Teniendo en cuenta las necesidades que se iban presentando durante la implementación de la aplicación, han sido utilizados casi todos los tipos de elementos disponibles para su diseño. Destacan los botones (en todas sus formas posibles) y los ejes. Estos últimos

van a ser una pieza fundamental, dado que es una aplicación para la visualización y el estudio de imagen médica.

A continuación se enumeran uno a uno dichos elementos y se explica brevemente la función que desempeña cada uno (por el orden en el que se muestran en la interfaz, de izquierda a derecha y de arriba abajo, tal y como se muestra en la Figura 2.11 de la interfaz diseñada en el entorno GUIDE):

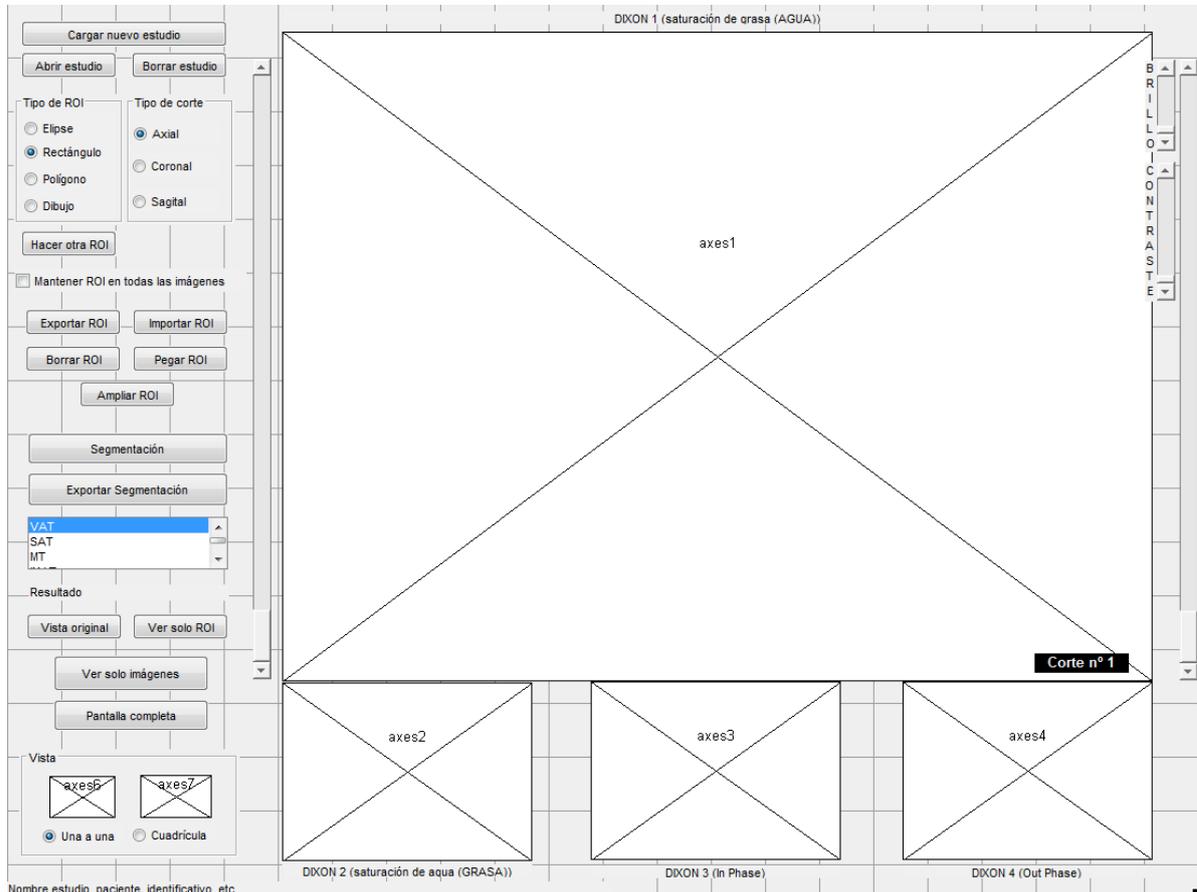


Figura 2.11 Interfaz del desarrollador

- Botón 'Cargar nuevo estudio'.

Es el primer botón que hay que pulsar al abrir la interfaz. Se encarga de seleccionar la carpeta que contiene el estudio que se quiere mostrar, y de cargar toda la información que ésta contiene, así como de realizar los cálculos correspondientes a la 'Reconstrucción Multiplanar' para poder obtener y tener disponibles desde el principio las imágenes tanto en corte axial, como coronal y sagital (a pesar de que las imágenes se proporcionan en un corte concreto), tal y como se explicará más adelante y con detalle en el capítulo 3. Este proceso tarda unos segundos en los que se muestra al usuario una barra de proceso de carga (para que no piense que la aplicación se ha quedado colgada). Una vez que toda la información está cargada y preparada para mostrarse, emerge un cuadro de texto indicándolo. Hasta que no se acepta este mensaje emergente, se mantiene la pantalla de inicio y muchos elementos aún no son visibles. En cuanto se hace, se abren las imágenes y aparecen todos los elementos que faltaban.

- Botón 'Abrir estudio'.

Cuando se ha borrado el estudio, se vuelve a mostrar con este botón. Los ejes, las cajas de texto asociadas a estos, y las barras de desplazamiento se hacen visibles, y se muestra la primera imagen de cada uno de los cuatro tipos de imágenes del estudio (agua, grasa, fase y fuera de fase). No será necesario pulsar este botón cuando se cargan las imágenes, ya que se mostrarán directamente cuando finalice la carga.

- *Botón 'Borrar estudio'*.

Pulsando este botón se borra todo lo que se haya hecho con el estudio desde el momento en que se ha abierto. Cualquier tipo de cálculo, ROI, cambio de vista, cambio de corte, etc., quedan borrados y vuelve a inicializar todos los parámetros. La vista vuelve a ser la de inicio, justo antes de que se abra el estudio y se muestren las imágenes.

- *Panel 'Tipo de ROI'*.

Contiene las cuatro opciones que se dan para generar una ROI en la imagen del eje 1. No puede haber más de una seleccionada al mismo tiempo. Cada vez que se confirma una ROI y se le asigna un nombre, la aplicación pregunta si se necesita otra y se vuelve a repetir el proceso en caso afirmativo. En caso de no querer hacer más, siempre está disponible la opción de 'Hacer otra ROI' por si se quiere añadir otras más adelante.

- Botón 'Elipse'.

Dibuja una elipse. Puede modificarse su tamaño o borrarse antes de darle doble clic y confirmar la ROI.

- Botón 'Rectángulo'.

Dibuja un rectángulo. Puede modificarse su tamaño o borrarse antes de darle doble clic y confirmar la ROI.

- Botón 'Polígono'.

Se van dibujando puntos con el ratón y estos se van uniendo. Acaba cuando se clica sobre el primer punto o pulsando el botón derecho del ratón. Se pueden mover, borrar o añadir vértices antes de confirmar la ROI.

- Botón 'Dibujo'.

Se dibuja a mano alzada sin dejar de soltar el botón izquierdo del ratón. Al soltarlo, el final del trazo se une con el principio. Se añade la opción de transformar este dibujo a mano alzada en un polígono para así igualmente poder modificarlo antes de confirmar la ROI.

- *Grupo de botones 'Tipo de corte'*.

Contiene las tres opciones que se dan para visualizar el estudio según el plano o el eje desde el que se quiere ver. No puede haber más de una seleccionada al mismo tiempo.

- Botón 'Axial'.

Plano transversal u horizontal. Perpendicular al eje longitudinal del cuerpo. Definen las zonas proximal y distal, dividiendo el cuerpo en parte de arriba y de abajo.

- Botón ‘Coronal’.

Plano frontal. Orientado de manera vertical, divide al cuerpo en anterior y posterior.

- Botón ‘Sagital’.

Plano lateral. Se orienta igualmente de manera vertical, pero perpendicularmente a los anteriores, dividiendo el cuerpo en zonas derecha e izquierda.

- *Botón ‘Hacer otra ROI’.*

Botón útil en caso de querer añadir otra región de interés cuando ya se habían establecido la(s) ROI(s) en un primer paso y ya se habían realizado otras acciones con éstas. Es el botón que hay que seleccionar una vez que se rechaza la opción de seguir dibujando regiones de interés cuando se selecciona el tipo de ROI.

- *Botón ‘Mantener ROI en todas las imágenes’.*

Seleccionar este botón en caso de querer seguir visualizando las ROI dibujadas sobre la imagen cuando se realicen otras acciones como cambiar de vista o visualizar otros cortes del estudio empleando la barra de desplazamiento.

- *Botón ‘Exportar ROI’.*

Se exportan a un fichero ‘.mat’ la estructura que se ha ido creando conforme se definían las distintas regiones de interés tal y como se ha explicado anteriormente. En el nombre del fichero exportado se deja claro la carpeta del estudio y el tipo de corte o plano de la imagen que se estaba visualizando en el momento de exportar.

- *Botón ‘Importar ROI’.*

Con esta opción se puede añadir las regiones de interés previamente definidas y exportadas. La solución realizada para que estas ROIs importadas puedan ser modificadas es tomar una selección representativa de los puntos del borde de cada una y dibujarlos sobre el mismo contorno, para que se puedan modificar, borrar o añadir, antes de definir la ROI nueva, es decir permitiendo la mismas funcionalidades que presenta la herramienta ROI originalmente. Este proceso se repite hasta que no quede ninguna por importar del archivo. En caso de que alguna ROI haya sido definida en un plano distinto al que se está visualizando en el momento de importarla, esta se representará directamente, sin opción a modificarla, tal y como se explica en el apartado 2.2.7, ‘Representación de ROI(s) de diferentes planos’.

- *Botón ‘Borrar ROI’.*

Da la opción de borrar todas de golpe (si hay más de una) o de seleccionar cuál o cuáles son las regiones que se quiere borrar.

- *Botón 'Pegar ROI'.*

En caso de que no se tenga seleccionada la opción de “Mantener ROI”, este botón sirve para pegar la ROI en la imagen que se está visualizando en ese momento, si no se han borrado y siguen en memoria (que no se vean no quiere decir que no sigan estando ahí, no es necesario un botón de ‘Copiar’ previo).

- *Botón 'Ampliar ROI'.*

Se muestra únicamente la parte de la imagen correspondiente a la ROI en todo el eje de visualización. Esta opción es muy interesante para el radiólogo cuando quiera seleccionar una zona muy concreta de la imagen, ya que permite delimitar de manera más exacta la ROI. La parte negativa de este botón es que, en caso de que la ROI sea muy pequeña o la resolución de la imagen no sea lo suficientemente buena, no será muy útil, ya que el resultado estará muy poco nítido. Si hay más de una, da la opción de elegir cuál se quiere ver. Si este botón está pulsado (modo “on”) se bloquean la mayoría del resto de opciones. Tiene efecto sobre los cuatro ‘axes’.

- *Botón 'Segmentación'.*

Calcula la segmentación de las imágenes. Puede ser de tres tipos, según las necesidades del usuario: ósea, grasa/músculo o de ROI(s) previamente definida(s). La imagen resultante se muestra en una nueva pestaña. La importancia de este apartado es tal que se ha considerado oportuno dedicarle un capítulo propio (para más información, ‘Capítulo 4. Segmentación’).

- *Botón 'Limpiar / Corregir'.*

Modifica el resultado de la segmentación cuando se ha segmentado y clasificado un conjunto de píxeles como grasa visceral, al cual realmente no pertenece. Se da la opción de borrar directamente la zona afectada y que no compute como segmentada para los datos exportados, o se puede convertir y añadirla a otro grupo (para más información, ‘Capítulo 4. Segmentación’).

- *Botón 'Exportar segmentación'.*

La segmentación que se ha obtenido con el botón anterior tiene como finalidad obtener ciertos valores para poder parametrizar unas características concretas que se quieren obtener de los individuos cuyos estudios están siendo analizados. Con este botón se realizarán varios cálculos a partir de esos valores extraídos de la segmentación y se exportarán a un Excel para poder ser analizados y comparados consecuentemente. La importancia de este apartado es tal que se ha considerado oportuno dedicarle un capítulo propio (para más información, ‘Capítulo 4. Segmentación’).

- *Lista 'Lista de fórmulas'.*

Se ofrecen una serie de cálculos útiles para el estudio de las imágenes y de sus características, cuando se realiza la segmentación de grasa/músculo. Es una manera de tener los datos previos a la exportación, por si vistos los resultados, se quiere repetir el estudio o la segmentación.

- *Caja de texto 'Resultado de lista de fórmulas'.*

En esta caja de texto se muestran algunos de los resultados de las fórmulas definidas en la lista anterior, siempre y cuando lo que se obtenga pueda mostrarse en forma de número o texto. Si no hay cálculos almacenados, mostrará el mensaje “No hay datos”.

- *Botón 'Vista original'.*

Se vuelve a la vista principal, la misma que se obtiene justo después de cargar y abrir el estudio. La diferencia con borrar y abrir el estudio de nuevo es que en este caso la información y los cálculos del estudio permanecen.

- *Botón 'Ver solo ROI'.*

Funcionalidad similar a la del botón “Ampliar ROI”. La diferencia es que no se amplía la imagen, sino que simplemente todo lo que esté fuera de la ROI se elimina y únicamente se mantiene la parte de la imagen delimitada por ella. Tiene efecto sobre los cuatro ‘axes’.

- *Botón 'Ver solo imágenes'.*

Se expanden los ejes que contienen las imágenes para maximizar el espacio para la visualización. La mayoría de los botones se eliminan en esta vista, manteniéndose el botón para volver a la vista anterior o la barra para moverse por las distintas imágenes del estudio.

- *Botón 'Pantalla completa'.*

Se maximiza la interfaz y se amplían en proporción todos los elementos que contiene (es muy importante que las unidades de todos ellos estén normalizadas para que se reescalen automáticamente).

- *Panel 'Vista'.*

Panel que contiene los elementos que ofrecen los dos tipos de vista (manteniendo la estructura de la interfaz, simplemente variando la posición y el tamaño de los ‘axes’ en su espacio delimitado).

- *Ejes 'Vista “una a una”’.*

Forma de visualización por defecto. La imagen 1 más grande que las otras 3, ya que es la que interesa y en la que se van a realizar los cambios. Contiene una imagen de un cuadrado.

- *Botón 'Vista “una a una”’.*

Botón pulsado cuando se requiera esta vista (por defecto al inicializar).

- *Ejes 'Vista “cuadrícula”’.*

Forma de visualización en la que los 4 ejes tienen el mismo tamaño. Similar a la vista “Ver solo imágenes” pero más pequeña y con los botones en su sitio. Contiene una imagen binaria de 4 cuadrados.

- *Botón 'Vista “cuadrícula”’.*

Botón pulsado cuando se requiera esta vista.

- *Caja de texto 'Datos del estudio'.*

Texto que aparece en la parte inferior de la interfaz, útil por si se quiere mostrar datos relativos al estudio o al paciente.

- *Barra 'Zoom'.*

Barra de desplazamiento para acercar y alejar las imágenes (se sincronizan los ejes para ello). Se mantiene el zoom incluso al cambiar de vista o de tipo de corte. Solo se inicializa al abrir el estudio de nuevo o al volver a “Vista original”. Se encuentra a la izquierda del eje 1.

- *Caja de texto 'Información Imagen 1'.*

Texto que contiene la información relacionada con la imagen del eje 1.

- *Grupo de pestañas para 'Imagen 1'.*

Contiene la pestaña que va a contener la ‘Imagen 1’, siendo esta la única pestaña por defecto. Irá añadiendo pestañas cada vez que se calcule la segmentación.

- *Pestaña 1 para 'Imagen 1'.*

Contiene la ‘Imagen 1’. Se crea en la rutina de inicialización a este efecto. El resto de pestañas se crearán automáticamente si son necesarias (al calcular la segmentación). Se le reconoce por estar siempre la primera y llevar el título de “Imagen del estudio”.

- *Ejes 'Imagen 1'.*

Contiene una de las 4 imágenes del estudio que se visualizan simultáneamente (por defecto, la de agua o supresión de grasa). En este eje se dibuja la ROI y se realiza el cambio de tipo de corte o plano, entre otras acciones.

- *Caja de texto 'Información Imagen 2'.*

Texto que contiene la información relacionada con la imagen del eje 2. Además tiene una funcionalidad asociada para poder intercambiar las imágenes de los ejes 1 y 2 y de sus textos asociados.

- *Ejes 'Imagen 2'.*

Contiene una de las 4 imágenes del estudio que se visualizan simultáneamente (por defecto, la de grasa o supresión de agua).

- *Caja de texto 'Información Imagen 3'.*

Texto que contiene la información relacionada con la imagen del eje 3. Además tiene una funcionalidad asociada para poder intercambiar las imágenes de los ejes 1 y 3 y de sus textos asociados.

- *Ejes 'Imagen 3'.*

Contiene una de las 4 imágenes del estudio que se visualizan simultáneamente (por defecto, la de fase).

- *Caja de texto 'Información Imagen 4'*.

Texto que contiene la información relacionada con la imagen del eje 4. Además tiene una funcionalidad asociada para poder intercambiar las imágenes de los ejes 1 y 4 y de sus textos asociados.

- *Ejes 'Imagen 4'*.

Contiene una de las 4 imágenes del estudio que se visualizan simultáneamente (por defecto, la de fuera de fase).

- *Caja de texto 'Información "número de corte"'*.

Texto superpuesto sobre el eje 1 que informa en todo momento del corte del estudio que se está visualizando.

- *Barra 'Desplazamiento por los cortes del estudio'*.

Barra de desplazamiento que permite ir mostrando todas las imágenes correspondientes al estudio y que conforman el “volumen” obtenido considerando dichas imágenes como una sucesión.

- *Barra 'Ajuste del brillo'*.

Barra de desplazamiento que permite aumentar el brillo original de la imagen. Es relativo a la imagen que se esté mostrando, por tanto va cambiando en función de cada imagen, y sus valores oscilan entre 0 y 1 (0 = la imagen se queda como está, no se aumenta el brillo; 1 = se aplica un ajuste de brillo a todos los píxeles de la imagen sumándoles el valor medio de brillo de la imagen original).

- *Caja de texto 'Brillo'*.

Texto asociado a la barra de desplazamiento del brillo y que le da nombre.

- *Barra 'Ajuste del contraste'*.

De funcionamiento similar a la barra para el ajuste de brillo, esta barra permite aumentar el contraste original de la imagen. También es relativo a cada imagen e igualmente toma valores entre 0 y 1 (0 = no se aumenta el contraste; 1 = se aumenta el contraste de la siguiente manera: se calcula la diferencia entre los valores máximo y mínimo de los niveles de gris de la imagen. Al nuevo máximo de la imagen se le aplica una corrección equivalente a restarle un 25% de esta diferencia. Y al nuevo mínimo se le suma ese 25%. Realmente la corrección no se realiza sobre la imagen en sí, sino sobre el rango de valores en los que representa la imagen). El contraste máximo permitido es duplicar el contraste original. Los valores de los píxeles que queden fuera de ese nuevo rango con el que se mostrará la imagen saturarán.

- Máximo.

$$I_{max} = I_{max} - 0.25 * (I_{max} - I_{min})$$

- Mínimo.

$$I_{min} = I_{min} + 0.25 * (I_{max} - I_{min})$$

- *Caja de texto 'Contraste'*.

Texto asociado a la barra de desplazamiento del contraste y que le da nombre.

- *Figura 'Interfaz'*.

Ventana que contiene todos los componentes y que supone el soporte de la interfaz.

Hay ciertas funciones que no están asociadas a ningún elemento, como las de inicialización, es decir, aquellas que tienen lugar en cuanto se abre la aplicación, sin necesidad de que el usuario interactúe con ella. Se hacen invisibles los ejes hasta que se cargue el estudio y se centra la ventana que contiene la interfaz, por ejemplo.

Además de todo esto, se pretende facilitar la interacción entre el usuario y la interfaz, ya no solo mediante estos botones, sino mediante otros elementos que no están presentes continuamente pero que favorecen la comunicación entre el usuario y la aplicación, permitiendo que la persona que está trabajando tenga la sensación en todo momento de que tiene el control de la aplicación y de que esta está respondiendo a sus acciones. Estos elementos son, por ejemplo, los 'pop-ups' o mensajes emergentes que surgen para que el usuario confirme que quiere realizar alguna acción o escoja entre varias opciones. Otros elementos son las señales que indican que la aplicación está en funcionamiento cuando tiene que realizar algún proceso más lento y que confirman que no se ha bloqueado, como el mensaje con la barra de proceso de carga al principio, mientras se están cargando las imágenes, o el puntero del ratón en forma de reloj mientras se calcula la segmentación. Son señales muy simples pero efectivas, ofreciendo un continuo 'feedback' al usuario para que se cerciore de que todo está en orden.

2.4.2 Componentes de la barra de herramientas

Además de los elementos que componen la aplicación, la barra de herramientas de la interfaz también puede ser diseñada por el desarrollador tal y como se explica a continuación. Los primeros cuatro ('uipushtool') han sido modificados en el código para que realicen unas tareas concretas, mientras que el resto ('uitoggletool') se han dejado tal y como venían por defecto, ya que sus funciones son exactamente las que se espera de ellos.

- *Botón 'Nuevo estudio'*.

Su función es la misma que las de los botones 'Borrar estudio' y 'Abrir estudio' juntas, una a continuación de la otra.

- *Botón 'Nuevo archivo'*.

Su función es la misma que las de los botones 'Borrar estudio' y 'Cargar estudio' juntas, una a continuación de la otra.

- *Botón 'Guardar imagen'*.

Con este botón se puede guardar en formato '.jpg' lo que se esté mostrando en ese momento en el eje 1.

- *Botón 'Imprimir imagen'*.

Del mismo modo que el botón anterior, toma lo que se muestra en el eje 1 pero en este caso lo imprime.

- *Botón 'Acercar'*.

Acercas las imágenes de los 4 ejes a la vez.

- *Botón 'Alejar'*.

Aleja las imágenes de los 4 ejes a la vez.

- *Botón 'Mover'*.

Mueve simultáneamente las imágenes de los 4 ejes tras la función 'Acercar'.

- *Botón 'Cursor'*.

Ofrece información de un punto de la imagen, como sus coordenadas X e Y, o su nivel de intensidad. Es una herramienta independiente para cada eje.

3 Reconstrucción Multiplanar

3.1 Introducción a la MPR

Uno de los principales procedimientos en el desarrollo de la aplicación es el cálculo y obtención de los otros dos tipos de plano para la visualización de las imágenes a partir del que viene dado por el estudio original. Es decir, suponiendo que las imágenes se tomen en el plano horizontal o axial, que suele ser lo normal, a partir de un proceso que incluye la interpolación de puntos como base del mismo, se obtienen los planos coronal y sagital. Esto es lo que se conoce como Reconstrucción Multiplanar o Multiplanar Reconstruction en inglés (MPR) [6].

La Reconstrucción Multiplanar ha conseguido que la representación de imágenes no esté restringida al plano axial convencional en el que suelen tomarse. Para superar esta limitación se reconstruyen estas imágenes de la forma más simple posible, es decir, tomándolas todas conjuntamente de manera que se conciben como un todo, como un volumen, y “cortando” este volumen en otro plano, en este caso ortogonal, obteniendo imágenes coronales y sagitales (Figura 3.1). En muchas ocasiones esta transformación entre planos es necesaria atendiendo a la parte del cuerpo humano que se quiera estudiar. Es el caso de la columna vertebral o la espina dorsal, donde, por necesidad, se tienen que visualizar las imágenes en el plano sagital.

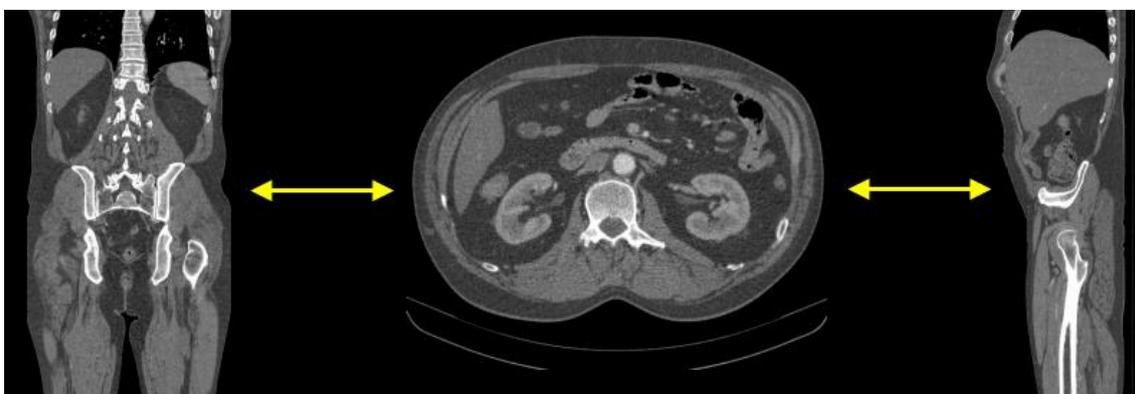


Figura 3.1 Correspondencia entre planos coronal, axial y sagital⁴

En el siguiente sencillo esquema (Figura 3.2) se explica gráficamente este concepto de reconstrucción de las imágenes en distintos planos. El ortoedro se correspondería con el volumen generado al considerar las imágenes axiales como una sucesión, y el óvalo de color gris sería el abdomen. Es decir, habría que considerar que el ortoedro equivaldría al cuerpo humano tumbado, boca arriba o boca abajo (es indiferente para este ejemplo). De esta manera es más visual la equivalencia entre planos.

⁴ https://www.radiantviewer.com/dicom-viewer-manual/multiplanar_reconstructions_mp.htm



Figura 3.2 Esquema de la obtención de los planos

Los tres tipos de plano disponibles en la aplicación son los siguientes:

Plano axial: atraviesa el cuerpo del plano anterior al posterior, o de adelante atrás, dividiendo el cuerpo en secciones superior e inferior.

Plano coronal: atraviesa el cuerpo de izquierda a derecha, dividiéndolo en secciones anterior y posterior.

Plano sagital: atraviesa el cuerpo del plano anterior al posterior, del mismo modo que el axial, pero es perpendicular a este, dividiendo el cuerpo en secciones izquierda y derecha.

A continuación se añade una imagen explicativa de los distintos tipos de plano (Figura 3.3). El último es un plano oblicuo o “customizado”, que al final del capítulo se comentará, pudiendo tomarse en cualquier dirección (generalmente con una orientación escogida por el propio usuario).

Multiplanar reconstruction

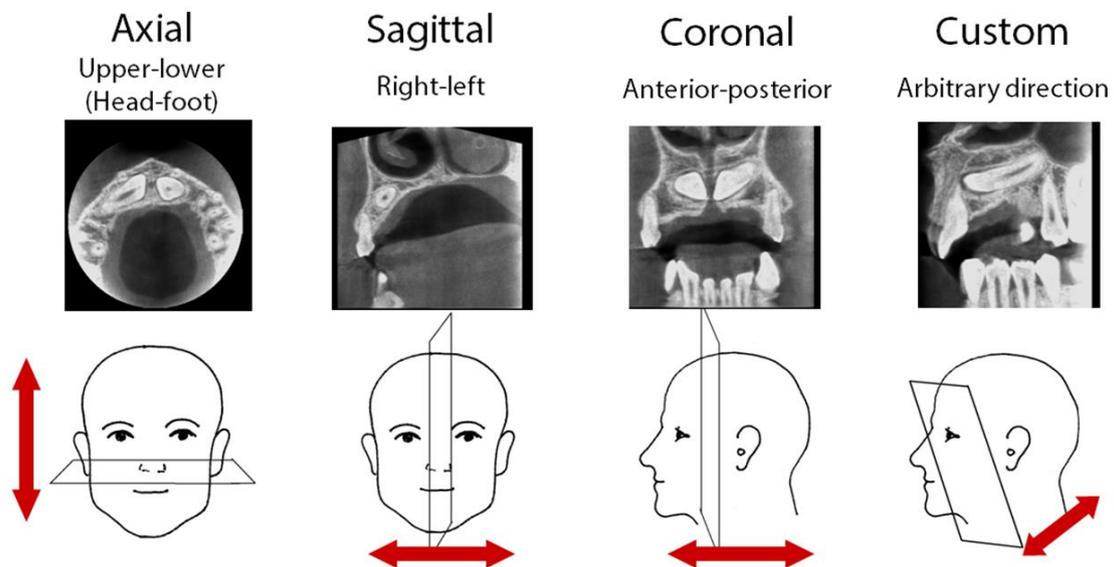


Figura 3.3 Representación de la Reconstrucción Multiplanar⁵

⁵ <http://www.soredex.com/en/3d-imaging/>

3.2 Cálculo de la Reconstrucción

La parte más técnica de este proceso se divide en dos claros pasos [7]:

- *Meshgrid*. La primera parte del proceso consiste en generar una malla 3D de coordenadas que van a definir los puntos en los que tiene que haber valores en el nuevo volumen que se va a generar. Es decir, suponiendo que cada valor de la imagen, y por consiguiente del volumen, está contenido en un punto definido por unas coordenadas, hay que calcular esas nuevas coordenadas para después darles valores que contener. ‘Meshgrid’ es el comando a utilizar en Matlab para llevarlo a cabo.
- *Interp3*. El segundo paso consiste en calcular los valores de los puntos de la malla obtenida en el proceso anterior, mediante interpolación cúbica. A partir del volumen original (que contiene los valores reales de las imágenes), de la malla 3D original (que sostiene esos valores), y de la nueva malla que contendrá el volumen interpolado, se calculan los nuevos valores de los vóxeles de este volumen, con los cuales se reformarán las nuevas imágenes que se visualizarán en la aplicación. ‘Interp3’ es el comando a utilizar en Matlab para llevarlo a cabo.

El problema viene cuando realmente la información que se proporciona para realizar el estudio no es volumen como tal, sino una sucesión de imágenes. La solución pasa por tomar el número de imágenes como la tercera dimensión en un supuesto volumen 3D (Z). Así, siendo las imágenes de tamaño X (filas) e Y (columnas), se tiene una malla original de puntos $X \times Y \times Z$ con valores. El proceso consiste en reformular esta malla de puntos según ciertas necesidades y teniendo en consideración el compromiso entre las prestaciones de la aplicación y la carga computacional asociada a las mismas, dando lugar a una nueva malla de dimensiones $X' \times Y' \times Z'$ (hay que tener en cuenta que no siempre se podrá contar con una máquina potente y la navegabilidad y el funcionamiento de la aplicación no se puede ver comprometida). En ocasiones la calidad quedará ligeramente comprometida en favor de la velocidad, y viceversa, en función de cuál de las dos se priorice sobre la otra y de los recursos de los que se disponga. En este caso se ha pretendido alcanzar un punto lo más intermedio posible. Por este motivo, se ha creído suficiente multiplicar por cuatro la tercera dimensión del volumen original (es decir, obtener cuatro imágenes nueva por cada imagen original).

Una vez que la malla de puntos ya está generada, el siguiente paso sería muestrear los valores originales de ese volumen en los nuevos puntos del nuevo volumen solicitado, quedando las imágenes disponibles para ser representadas.

Es en este punto donde entra en juego la interpolación cúbica. El valor interpolado de cada punto solicitado del nuevo volumen se basa en una convolución cúbica⁶ de los

⁶ La convolución cúbica es una técnica de remuestreo muy utilizada en procesamiento de imagen, cuya finalidad es obtener el valor de un píxel o de un vóxel mediante la interpolación de los valores de los puntos más cercanos alrededor de la ubicación de ese píxel o vóxel (es decir, sus vecinos, 8 en el caso del píxel o 2D y 26 en el caso del vóxel o 3D). El tiempo de procesado es algo mayor que en caso lineal.

valores de sus puntos vecinos de la malla en cada dimensión. Algunos de los requerimientos para que este procesado sea correcto son:

- El espaciado entre los puntos de la malla debe ser uniforme en cada dimensión, si bien no tiene por qué ser el mismo en todas las dimensiones.
- Son necesarios al menos cuatro puntos en cada dimensión.
- El tiempo de computación y la memoria utilizados son mayores que en el caso de interpolación lineal.

Uno de los detalles más importantes de este proceso a tener en cuenta es mantener la isotropía de los vóxeles del volumen y por consiguiente, de los píxeles de la nueva imagen. Esto es, conservar las dimensiones, manteniendo la uniformidad en todas las orientaciones. Se respetan las relaciones entre las medidas de los píxeles de las imágenes originales y se tiene en cuenta la distancia entre estas imágenes en el volumen original, dato importante ya que en las nuevas imágenes esta distancia formará parte de la medida de sus píxeles en alguna de sus dos dimensiones. Si no se tiene en cuenta este detalle, las imágenes obtenidas estarán, como poco, distorsionadas.

A continuación se incluyen dos de las líneas principales del código de la aplicación encargadas de llevar a cabo la Reconstrucción. Puede apreciarse que, a la hora de implementar el cálculo de la nueva malla de puntos, se tiene en cuenta lo comentado en el párrafo anterior.

```
[Xq, Yq, Zq] = meshgrid (1:y, 1:x,  
1: (IA1info.PixelSpacing(1)/IA1info.SliceThickness):(z/4)), donde:
```

- Xq, Yq, Zq son las coordenadas de la nueva malla de puntos en cada dimensión.
- x, y, z son el tamaño original del volumen.
- IA1info contiene la información de la cabecera de una imagen del volumen.
- PixelSpacing es una de las propiedades de esa cabecera, siendo un vector de tamaño 1x2 con sus dimensiones 'x' e 'y'.
- SliceThickness es otra propiedad de la cabecera, siendo el grosor de cada corte.

```
Vq = interp3(X, Y, Z, IAdaux, Xq, Yq, Zq, 'cubic'), donde:
```

- Vq es el nuevo volumen interpolado.
- X, Y, Z son las coordenadas de la malla de puntos original en cada dimensión.
- IAdaux es el volumen original, contenido en X, Y, Z.
- Xq, Yq, Zq son las coordenadas de la nueva malla de puntos obtenida en el proceso anterior.
- 'cubic' indica que la interpolación es cúbica.

La tercera dimensión del nuevo volumen va a depender del tamaño del pixel y del grosor de los cortes, considerado como la distancia entre un corte y el siguiente. De esta manera las imágenes resultantes, como ya se ha dicho, seguirán siendo nítidas, y sus píxeles isotrópicos.

Por lo general, si se concibe el número de imágenes como la tercera dimensión del volumen, tal y como se hace en estos casos, esta siempre va a ser considerablemente menor que las otras dos, que representan las dimensiones reales de cada imagen. Es

decir, en un estudio casi siempre se van a tener bastantes menos imágenes que píxeles tienen estas imágenes en cualquiera de sus dos dimensiones. Así que, dado que es un proceso computacionalmente costoso y que la resolución en las dimensiones X e Y es bastante buena, se ha considerado interpolar únicamente la dimensión Z, haciendo que por cada vóxel en el volumen original, haya cuatro vóxeles en el nuevo volumen (Figura 3.4). De esta manera se pretende conseguir un tamaño de píxel lo más cuadrado y proporcional posible en cualquiera de sus direcciones.

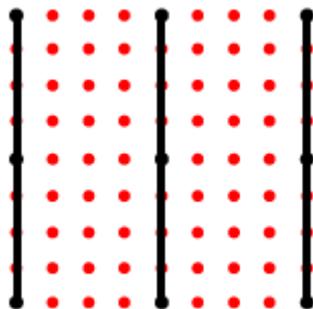


Figura 3.4 Esquema de la nueva malla de puntos

La imagen anterior muestra una clara idea de una manera muy simple de lo que supone la interpolación en esta aplicación, la cual se acaba de explicar. Siendo las líneas verticales negras las imágenes originales, los puntos rojos representan los puntos de la nueva malla de puntos sobre la que se quiere construir el nuevo supuesto volumen (entendiendo volumen como conjunto de imágenes).

Hay otros tipos de reconstrucciones multiplanares, más complejos y costosos que este, como pueden ser la reconstrucción de un plano no ortogonal (oblicuo), muy útil para analizar alguna estructura anatómica concreta no visible fácilmente con ninguno de los tres planos ortogonales, o de un plano curvo, para imagen vascular, por ejemplo. No obstante, el uso de este tipo de reconstrucciones se considera innecesario en esta aplicación teniendo en cuenta una vez más las necesidades y los requerimientos que se han hecho por parte del personal radiológico.

3.3 La Reconstrucción en la Aplicación

Al solicitar el cambio de plano en la visualización de las imágenes en la aplicación, se genera en el visor de la 'Imagen 1' una intersección de dos líneas, una verde (vertical) y otra roja (horizontal), cuya correspondencia con los dos planos a los que se puede cambiar la vista se presenta en la Figura 3.5 (es un esquema representativo, las dimensiones de cada imagen varían en función de las de las originales).

Esta reconstrucción tiene lugar cuando se carga el estudio. Así, casi la totalidad de la carga computacional se concentra al principio y de esta manera la información queda disponible para que el usuario la utilice cuando le interese. Cada vez que seleccione un cambio de tipo de corte (plano), en vez de tener que volver a recalcular las imágenes que quiere obtener, basta con tomar la información del comienzo e indexarla

adecuadamente para mostrar las imágenes requeridas, ahorrándose un tiempo de cómputo considerable y haciendo la navegación mucho más ligera y ágil para el usuario [8].

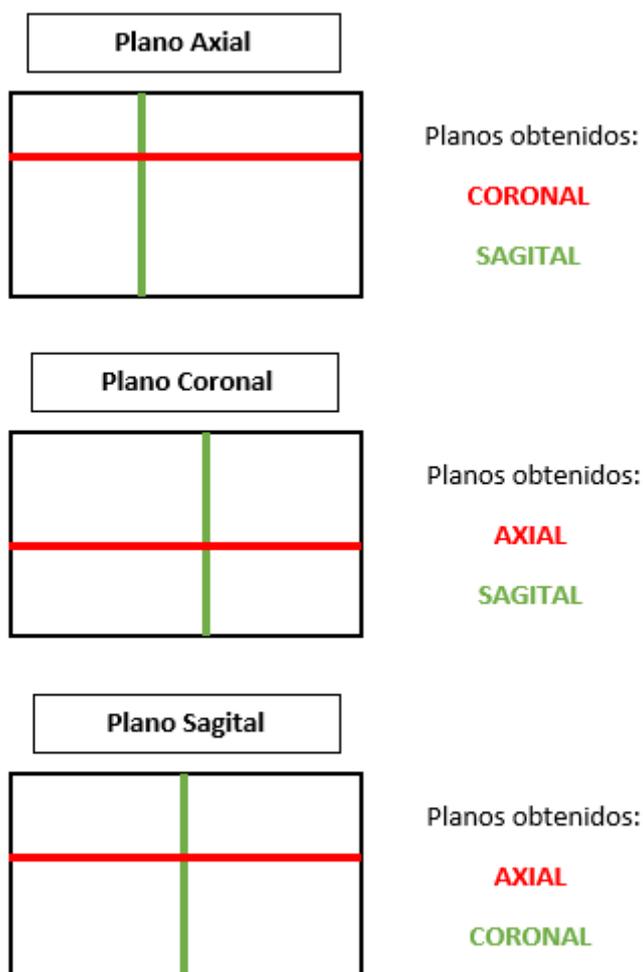


Figura 3.5 Esquema de la correlación entre planos

Hay que añadir que, dado que después de interpolar habrá muchas más imágenes que en el estudio original, una vez obtenido el volumen interpolado, no se tomarán todas las imágenes cuando se trabaje en el plano axial, para que la navegación por el volumen no sea muy costosa ni lenta. Si se tiene en cuenta que por cada imagen original se obtienen cuatro nuevas, las diferencias entre estas nuevas imágenes serán muy pequeñas como para tener que mostrarlas todas y que para el usuario sea información útil. Por esta razón, el volumen interpolado será utilizado únicamente en caso de que el usuario requiera mostrar las imágenes en los planos obtenidos en la Reconstrucción. Una vez más, se intenta buscar un equilibrio entre prestaciones y eficiencia computacional.

4 Segmentación

4.1 Estado del arte

En el contexto de la imagen médica, la segmentación tiene una relevancia considerable sobre otras técnicas ya que permite analizar imágenes de una manera más o menos sencilla y poder sacar conclusiones que a simple vista o utilizando otros métodos no se podrían obtener, ayudando a fundamentar un diagnóstico de manera fiable y objetiva.

No obstante, la complicación de la segmentación viene dada por la heterogeneidad en las imágenes estudiadas, debida a las diferencias anatómicas entre individuos. Esto provoca que, a grandes rasgos, una segmentación simple sea más o menos viable para cualquier tipo de imagen utilizando la misma herramienta, mientras que si se quiere conseguir resultados más precisos y segmentaciones más depuradas, el hecho de obtener resultados aceptables para cualquier imagen se vuelve una tarea prácticamente imposible.

Este problema queda patente en la literatura. Hay multitud de artículos y publicaciones que hacen referencia a este tema (como los consultados para la realización de este trabajo y que se incluyen en la Bibliografía), pero los resultados obtenidos en todos ellos no distan mucho los unos de los otros, siendo siempre las imágenes estudiadas bastante uniformes y de buena calidad.

Cabe destacar, entre toda la literatura consultada, cinco publicaciones de segmentación que utilizan técnicas similares y siguen los mismos pasos. Cuatro de ellas hacen referencia a imágenes de abdomen, zona en la que se centran la mayor parte de los estudios y las investigaciones, mientras que la quinta se centra en el estudio de la grasa y el músculo del muslo.

4.1.1 *Abdomen*

El principal objetivo de todos estos estudios es el análisis de la aparición de grasa y la relación que tiene con la cantidad de músculo, estudiando la relación entre ambos. Entran en juego diversos factores que juegan un papel fundamental en ese proceso, como los metabólicos, pero son tenidos en cuenta únicamente al final, cuando ya se tienen los resultados, para poder analizarlos, compararlos y entenderlos dentro de un contexto determinado, ya que dependen de cada paciente estudiado.

Los procesos propuestos por Positano [9], Cordes [10], Sadananthan [11] y Armao [12], los cuales han servido como principales referencias, son muy similares, pudiendo dividirse en varios pasos pero siempre con una finalidad principal, la división precisa de la grasa en dos partes: subcutánea y visceral (SAT – VAT), tal y como se muestra en la siguiente figura (Figura 4.1). En este caso, la primera imagen se corresponde con la imagen de grasa original del estudio. La segunda es la máscara asociada a la grasa obtenida de la imagen anterior. La SAT sería la correspondiente a la imagen resultante de arriba, y la VAT la de la imagen de abajo.

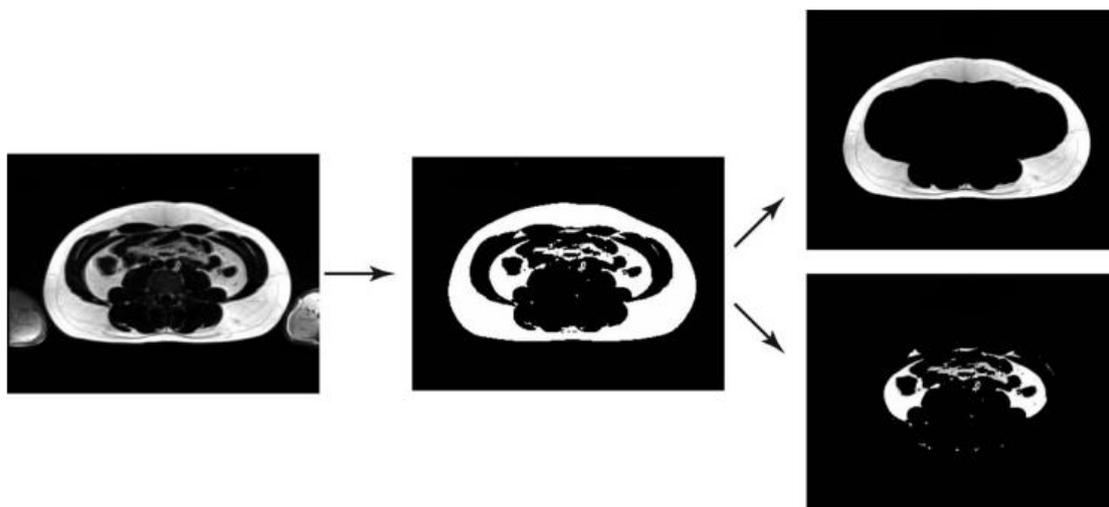


Figura 4.1 Separación SAT - VAT [11]

En el estudio llevado a cabo por Cordes [10], a partir de la diferencia de las imágenes originales de agua y de grasa (Figura 4.2) se obtiene una imagen con la que calcular una clusterización o agrupación en tantos elementos como se indique, en este caso tres, con el fin de definir grupos con características similares. De esta manera se obtiene la imagen separada en aire/hueso/fondo, grasa y tejido no graso (NAT, de sus siglas en inglés Non Adipose Tissue), principalmente agua, dentro del cual entrará el músculo.

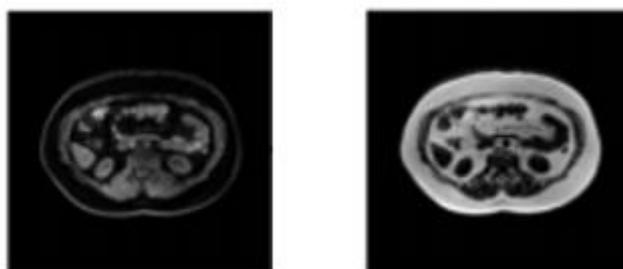


Figura 4.2 Imágenes de agua (izquierda) y grasa (derecha) [10]

A continuación se extrae la parte correspondiente a la grasa con la que se obtienen los bordes, tanto el externo, el que se correspondería con los límites anatómicos (borde del abdomen, borde externo de la grasa subcutánea), como el interno, que sería el que separa la grasa subcutánea de la visceral, con la ayuda de operadores morfológicos y un método que se conoce como modelo de contorno activos ('active contour'). Este modelo, también llamado 'snakes' (serpientes), es un proceso que consiste en calcular ciertos valores de energía e ir minimizándolos en cada iteración hasta que no se pueda seguir minimizando o se haya alcanzado el número máximo de repeticiones.

Una vez se tengan esos bordes, se puede definir la SAT como la parte de la imagen que queda entre ellos y la VAT como el resto, la que queda dentro del borde interno. Después se incluye lo que se había descartado al extraer la grasa, y ya queda la imagen segmentada correctamente (Figura 4.3).

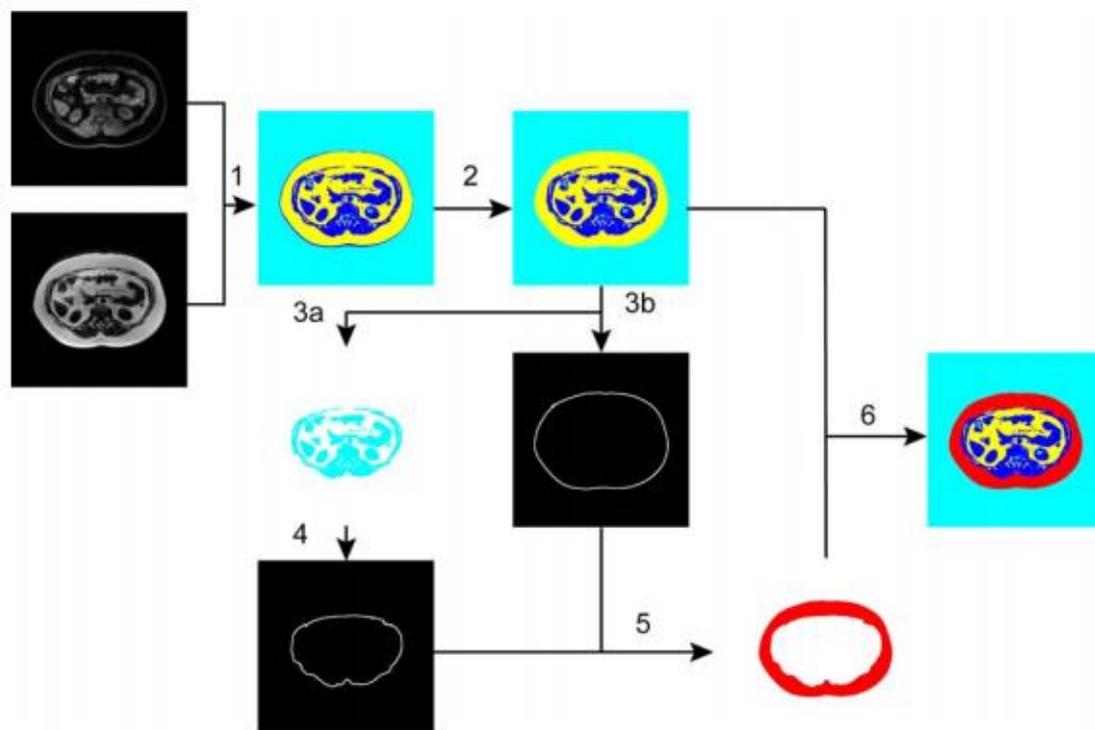


Figura 4.3 Segmentación SAT - VAT - Músculo - Aire/Hueso [10]

En algunas publicaciones, como en la de Sadananthan [11], también localizan el borde correspondiente a la fascia (Figura 4.4), que se corresponde con una ligera variación en los niveles de iluminación de la parte de la grasa subcutánea. La fascia es una estructura de tejido conectivo que divide la grasa subcutánea superficial de la profunda, por tanto es una manera de obtener unos resultados más precisos y desglosados siempre que sea posible. Será bastante interesante y más fácil localizar la fascia en individuos con más cantidad de grasa.

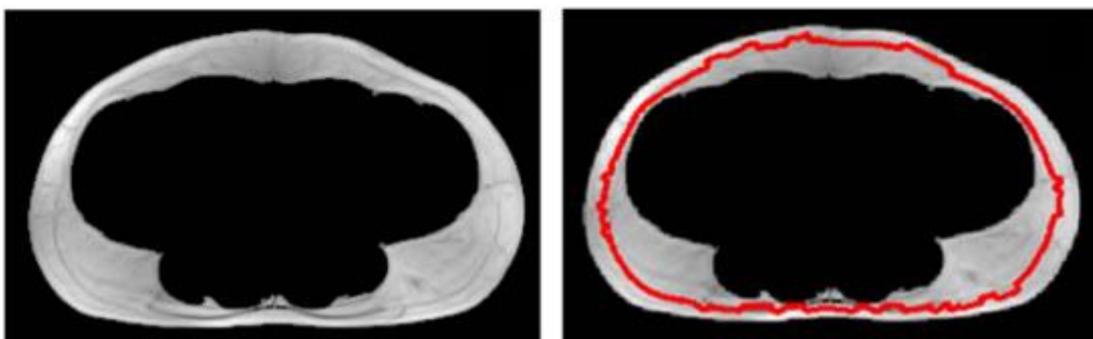


Figura 4.4 Localización de la fascia abdominal [11]

La primera imagen es la parte correspondiente a la grasa subcutánea de la imagen original. En la segunda aparece representada la fascia en rojo, dividiendo los dos tipos de grasa subcutánea, SSAT, la que queda fuera de la fascia, y DSAT, la que queda dentro.

En la siguiente imagen (Figura 4.5) se presenta el siguiente paso, la segmentación después de haber localizado la fascia. Se ven, por un lado, las imágenes originales (a la izquierda) de un individuo con peso normal (arriba) y de otro con sobrepeso (abajo). A la derecha se pueden ver las imágenes segmentadas correspondientes, siendo la parte roja la grasa subcutánea superficial (SSAT), la verde la grasa subcutánea profunda (DSAT) y la violeta la grasa visceral (VAT). Obviamente este proceso es más sencillo cuando hay un claro sobrepeso, ya que las zonas correspondientes a cada tipo de grasa son más gruesas y están más claramente definidas.

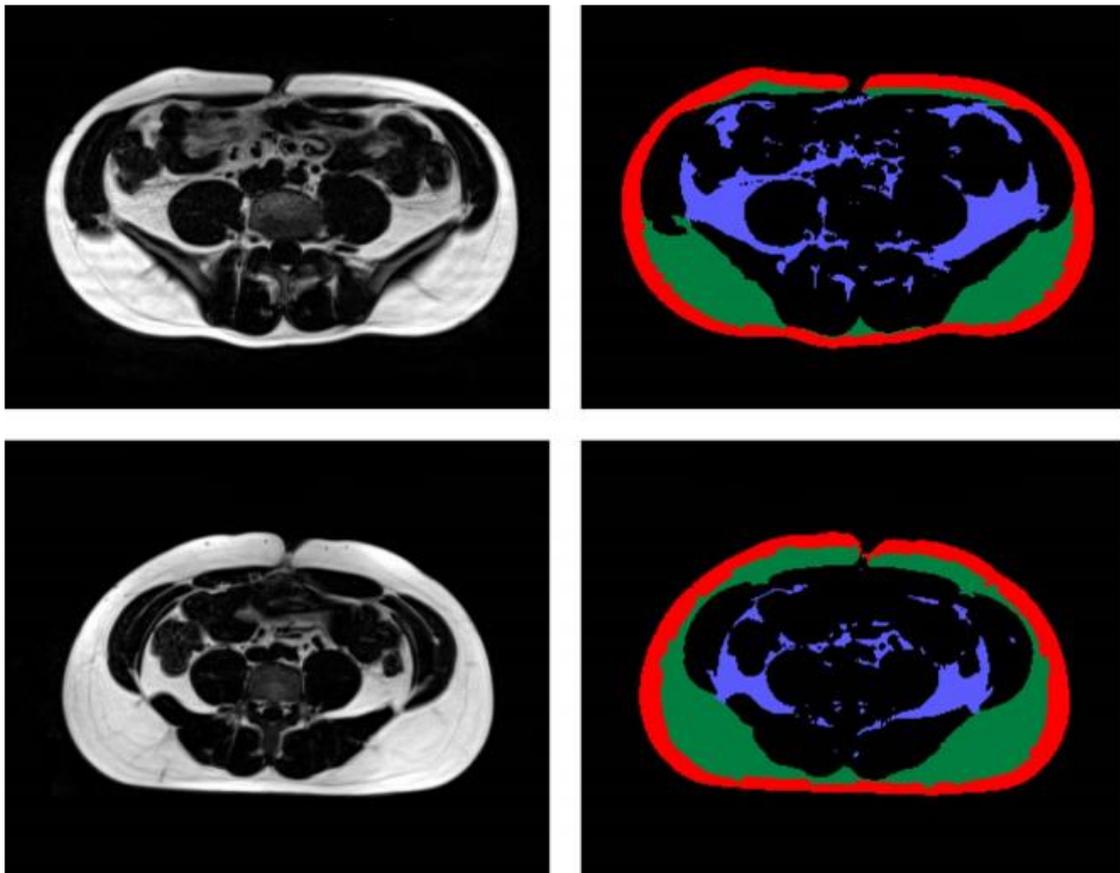


Figura 4.5 Segmentación SSAT - DSAT - VAT [11]

Por otra parte, en imágenes muy claras y con sus partes anatómicas muy definidas todo este proceso puede automatizarse con una continua detección de bordes, utilizando el método de contornos activos que ya se ha comentado.

El proceso comienza a partir de una estructura como puede ser un rectángulo o una circunferencia que ocupe prácticamente la totalidad de la imagen. Teniendo como origen estos límites, la estructura se va reduciendo de manera iterativa hasta encontrar los límites del abdomen, obteniendo el borde externo de la grasa subcutánea (SAT).

En la siguiente iteración, este borde será la estructura original desde la que se partirá para encontrar el siguiente borde, que serán los límites internos de la región de grasa subcutánea, coincidiendo con la delimitación de la cavidad en la que se encuentran las vísceras.

Si la masa muscular está también bien definida se puede volver a realizar el mismo proceso para calcular los límites internos de los músculos abdominales y dorsales, que se correspondería con los límites externos de la zona en la que se encuentra la grasa visceral.

La siguiente imagen (Figura 4.6) del estudio de Positano [9] muestra muy intuitivamente este proceso.

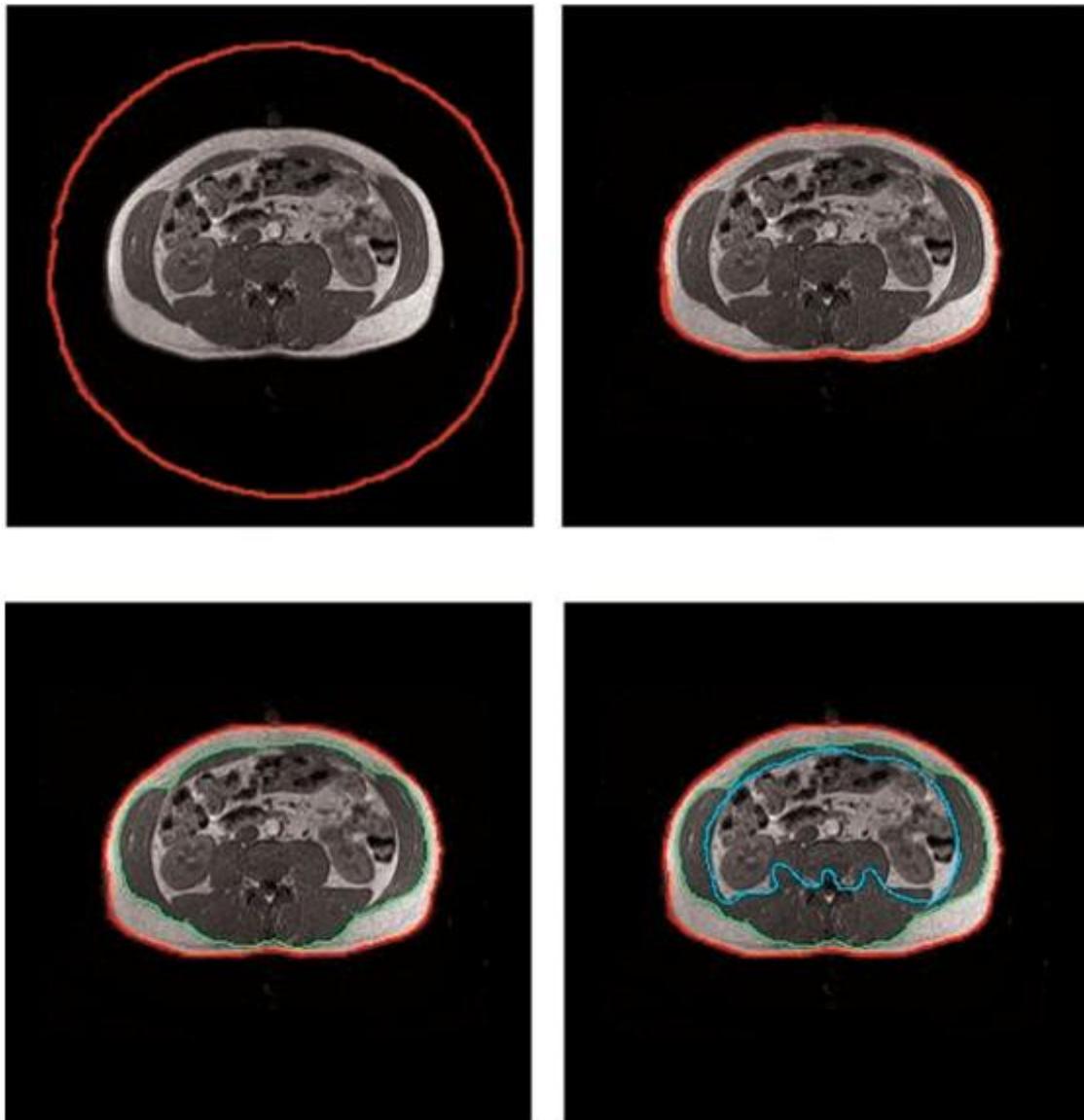


Figura 4.6 Segmentación por contornos [9]

4.1.2 Muslo

En el caso del muslo, el proceso es similar al del abdomen, pero con alguna diferencia obvia, ya que por ejemplo en el muslo no se va a encontrar grasa visceral, como es de esperar, y no tiene sentido intentar hacer esos cálculos.

De igual manera, en este tipo de imágenes se tiene mucho más en consideración la grasa de tipo inter-muscular, mucho más presente, por norma general, en muslo que en abdomen (siempre hay excepciones, y más hablando de Medicina y el cuerpo humano).

Se ha tomado como referencia una publicación de Orgiu [13], en la cual se busca un método de segmentación automática para discriminar el músculo esquelético (SM) y los dos componentes que conforman el tejido adiposo (AT), la grasa subcutánea (SAT) y la inter-muscular (IMAT).

El algoritmo propuesto se basa también, por un lado, en el clustering, a partir del cual se obtienen tres partes diferenciadas (hueso, músculo esquelético y grasa), y por otro, en los contornos activos, gracias al cual puede detectarse la fascia muscular y puede separarse la grasa en sus componentes subcutánea e inter-muscular. Todo esto, con ayuda de operadores morfológicos y otros procesos que ayudan a adaptar la imagen en un pre-procesado (como la optimización del histograma para homogeneizar su iluminación), da lugar a un resultado bastante aceptable.

En la siguiente imagen (Figura 4.7) se representa el proceso descrito por pasos.

En la primera fila y de izquierda a derecha se muestran las máscaras o imágenes binarias correspondientes a la grasa, al músculo y al fondo (junto con todo aquello correspondiente al muslo que no entra dentro ni de grasa ni de músculo). Esta última máscara del fondo va a servir para obtener el hueso, que es el paso explicado en la segunda fila. En la primera imagen se muestra de nuevo la máscara, en la segunda la región cortical y en la tercera ya se obtiene segmentado el hueso. En la tercera fila se expone la segmentación del músculo, quitándole la piel (segunda imagen) y procesando este resultado morfológicamente (tercera imagen). En la cuarta fila, se emplea un método conocido como 'convex hull' (casco o cáscara convexa) por zonas, que consiste en unir todos aquellos huecos entre las diferentes partes de la máscara, en este caso el músculo, pero intentando respetar la forma (de ahí que divida el proceso en cuatro partes). El resultado final (tercera imagen) es una máscara rellena cuyo borde servirá para el método de contornos activos empleado finalmente (quinta fila) y gracias al cual se va a conseguir separar la grasa en dos, la subcutánea (entre la piel y el músculo) y la inter-muscular (la que se encuentra en la zona delimitada por la máscara muscular, dentro de la fascia del muslo). En la segunda imagen de la última fila puede apreciarse el resultado de aplicar contornos activos, obteniendo el borde correspondiente a la fascia. Y en la última imagen se aprecian los bordes delimitando los músculos únicamente y separando el músculo de la grasa inter-muscular.

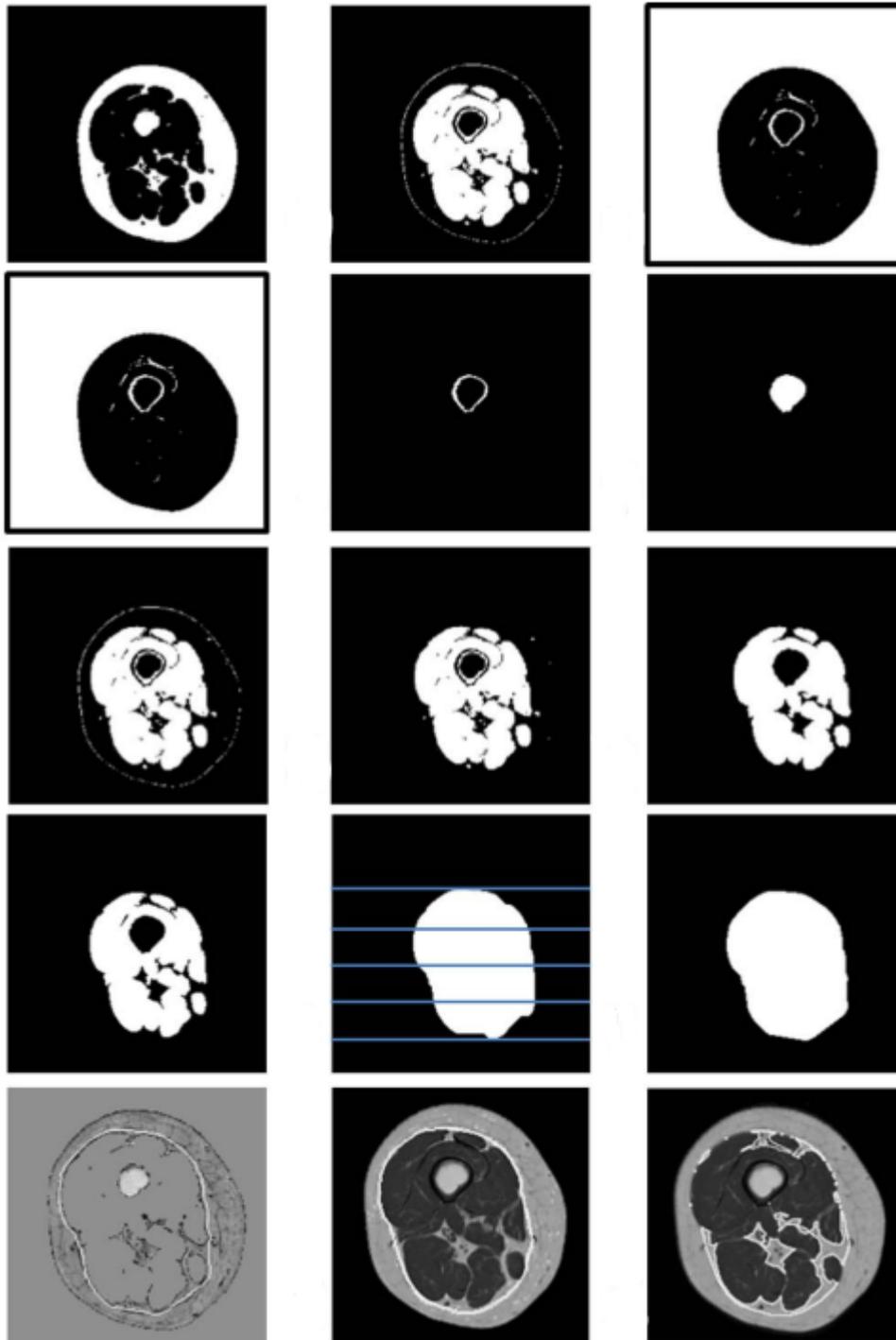


Figura 4.7 Pasos de la segmentación de muslo [13]

4.2 Métodos

Como ya se ha explicado en el apartado anterior, debido a la diversidad y a la heterogeneidad de las imágenes, hay que intentar buscar algoritmos más o menos uniformes que acepten la mayor cantidad de variación posible para no tener que generar un código distinto para cada pequeña porción o para cada nivel del volumen anatómico.

En esta aplicación, atendiendo a las necesidades de los estudios radiológicos y al tipo de imágenes que se van a tratar, la segmentación se divide en varias partes. No obstante, hay partes del algoritmo que se comparte, o en las que se utilizan los mismos métodos. Es el caso de la binarización de la imagen, uno de los primeros pasos de la segmentación. Para todas las imágenes se va a utilizar el método de “Otsu”, ya que es el que mejor prestaciones da y el más fiable cuando se trata este tipo de imágenes. Busca el umbral global más óptimo en función del histograma, maximizando la varianza intra-clase de los píxeles pertenecientes a las dos clases a identificar.

Además, hay que apuntar que, teniendo en cuenta que lo que se quiere estudiar generalmente es el nivel de grasa sobre el de músculo, la imagen que por defecto la aplicación utiliza para los trabajos de segmentación es la de grasa. No obstante, siguen estando disponibles los otros tres tipos (agua, fase y fuera de fase) por si se quiere tomar referencias o ver algo que en la de grasa resulta más difícil.

4.2.1 Tipo de segmentación

Por un lado, la primera decisión que hay que tomar al pulsar sobre el botón que pone en marcha el proceso de segmentación es la selección del tipo de segmentación que se quiere calcular (Figura 4.8). Esto dependerá de los cálculos que se quieran realizar, las variables que se quieran obtener y de los pasos que se hayan tomado hasta este momento. Pueden ser tres: segmentación para variables óseas, para variables de relación entre grasa y músculo, y para variables relativas a pequeñas regiones de interés ya dibujadas anteriormente.

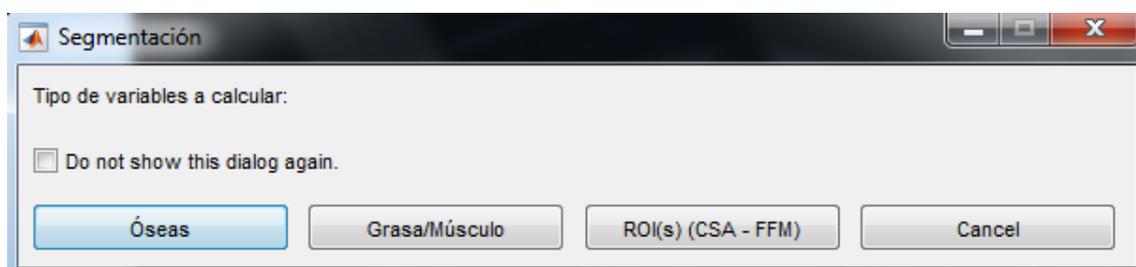


Figura 4.8 Primera ventana emergente de la segmentación en la aplicación

4.2.1.1 Variables óseas

Esta primera opción de la segmentación hace referencia al cálculo de ciertos parámetros en unos huesos puntuales que se aprecian claramente en las imágenes. Estos huesos son las vértebras lumbares (de la L2 a la L5), las cabezas femorales, los cuellos femorales y el fémur a la altura de la mitad del muslo. De todos ellos habrá que calcular la masa libre de grasa (FFM, de sus siglas en inglés, ‘free-fat mass’) [14]. Además, en el estudio del muslo habrá que obtener las áreas cortical (área del hueso sin contar la médula ósea), medular (área de la médula ósea) y global (áreas cortical y medular).

Es importante dejar constancia de que hay que diferenciar entre realizar la segmentación de las vértebras o del resto, ya que en el primer caso, para poder hacer el cálculo de los

cuatro cuerpos vertebrales es necesario que el plano de visualización sea sagital. Para cualquier otro caso, el plano será axial.

Al final, el valor más importante es el que resulta del cálculo del FFM. Se obtiene uno para cada ROI definida.

Como complemento, se añade una nueva pestaña al visor de la imagen 1 en la que se muestra la imagen original que estaba siendo segmentada, con la parte correspondiente a las regiones de interés superpuesta y representada en un mapa de color, en función del valor del FFM de cada píxel.

4.2.1.2 Variables para la relación grasa – músculo

La segunda opción que se ofrece es la segmentación propiamente dicha. Es la opción escogida cuando se quieren obtener diversas medidas del nivel de grasa y del de músculo a nivel global, en toda la imagen, y no exclusivamente en las regiones de interés indicadas. La imagen con la que se va a trabajar es la que se esté visualizando en el visor 1 en el momento de pulsar sobre el botón de ‘Segmentación’, por tanto se puede comenzar el proceso con cualquiera de los cuatro tipos distintos de imagen.

- Abdomen

Una vez que la imagen está preparada para ser tratada, el usuario debe intervenir (va a ser la única vez que el usuario tenga que interactuar con la aplicación en este proceso, por lo que se podría considerar que es semi-automático, pero sin que el usuario tenga que estar colaborando continuamente). Se abre una nueva pestaña de “Separación SAT – VAT” en la cual el usuario debe definir una ROI que, a grandes rasgos, esté dibujada entre lo que sería a simple vista la zona de la grasa subcutánea y las vísceras. A partir de este momento, el algoritmo toma el borde de esta región de interés como la máscara inicial en el proceso de contornos activos y completa la segmentación (Figura 4.9).



Figura 4.9 Paso intermedio de la segmentación tipo 'grasa – músculo' en abdomen

Se calcula también la clusterización o agrupación de los píxeles de la imagen según su similitud, en tres grupos, que serán grasa, músculo y resto (agua o aire o fondo) [15]. La imagen empleada en este proceso será la diferencia obtenida de restarle la imagen de agua a la imagen de grasa. A partir de ahora se hará referencia a ella como imagen diferencia.

Este procedimiento de clusterización tiene un inconveniente, y es que lleva implícito que no se puede prever el valor concreto que asocia a cada uno de los clusters, y por lo tanto puede cambiar cada vez que se calcule. Es por esto que una parte importante del código debe ser la de definir, según los niveles de gris de los píxeles, a qué corresponde cada grupo indexado, y poder así representar la imagen final siempre de la misma manera y con los mismos colores característicos. Esto se consigue de la siguiente manera:

- Para definir qué grupo corresponde a la SAT, y una vez que se dispone de la máscara asociada a este tipo de grasa, se calcula la moda de la parte de la imagen clusterizada relativa a esa zona.
- Para la VAT, se toma la parte de imagen clusterizada relativa a la zona que queda dentro de la máscara de la SAT. En esta zona habrá píxeles de los tres grupos. Se calcula la media de los píxeles asociados a cada uno de los grupos, asociando el grupo cuya media sea más alta a la VAT (ya que en la imagen de grasa, los niveles de gris de los píxeles de la grasa son más claros).
- Para calcular el tejido muscular, MT, siguiendo el proceso anterior, se toma el segundo mayor valor de las medias (este tejido es más oscuro que la grasa, pero más claro que la parte asociada a aire o hueso).

- Finalmente, para la IMAT [16], sabiendo el valor al que equivalen los grupos de VAT y de MT, se puede afinar más todavía y deducir que cualquier píxel asociado al grupo de VAT que se encuentre dentro de un grupo grande de píxeles asociados a MT, se considera IMAT. Se incluye en este grupo de grasa y se resta por tanto del grupo de la VAT.

Por otro lado, se aplica una umbralización a la imagen diferencia con valor umbral obtenido por 'Otsu'. La imagen binaria obtenida hay que limpiarla, para lo cual se aplican varios procesadores morfológicos seguidos de un cálculo de contornos activos y de un 'convex hull'. De este resultado se obtienen las componentes conexas, para dejar únicamente la de mayor área, eliminando de esta manera brazos y elementos indeseables para la segmentación (esta componente equivale al abdomen).

A partir de aquí ya se puede obtener la primera máscara, que junto con la ROI dibujada por el usuario servirá para la primera diferenciación entre SAT y VAT. Estas máscaras se combinan convenientemente con la imagen diferencia y con los clusters para llegar al resultado final de la segmentación por colores de la imagen.

Finalmente, esa imagen resultante se expone en una nueva pestaña del visor de la imagen 1, con el fondo blanco, la grasa subcutánea en rojo (se define a posteriori, para diferenciarla del color en el que se ha segmentado toda la grasa) y la grasa visceral en amarillo. Respecto al resto de colores, el azul oscuro se correspondería con hueso y aire, y el azul celeste con el agua y el músculo.

Si por cualquier motivo el usuario se confunde a la hora de introducir la ROI, puede cerrar la pestaña y volver a dibujarla, reiniciando el proceso de la segmentación.

En cuanto a los parámetros obtenidos, son principalmente cinco: la grasa subcutánea, la grasa visceral, el tejido muscular, la grasa inter-muscular y el volumen total del abdomen o del muslo de la imagen (siempre considerando solo una pierna). A partir de estos valores, se calculan las relaciones entre ellos.

- Muslo

Del mismo modo que para el caso de abdomen, cuando se calcula la segmentación del muslo, hay que dibujar un ROI (Figura 4.10) entre la grasa y el músculo. En el caso de la segmentación del muslo hay que apuntar que el valor asociado a la grasa visceral no será calculado, ya que, obviamente, al no haber vísceras tampoco hay grasa que pueda categorizarse como visceral, por lo tanto no tiene sentido calcular la VAT en este tipo de imágenes. La separación de grasa que habrá que definir es SAT – IMAT.



Figura 4.10 Paso intermedio de la segmentación tipo 'grasa – músculo' en muslo

La segmentación llevada a cabo en imágenes de muslo no difiere mucho de la que se le aplica a imágenes de abdomen.

Una de las principales diferencias es la búsqueda de la fascia, que en este caso coincidirá, más o menos, con aplicar un 'convex hull' al resultado de un 'active contour' a partir de la ROI definida por el usuario. El límite entre grasa subcutánea y grasa intermuscular es muy sutil, y puede haber discrepancias en función de las publicaciones que se consulten y el tipo de algoritmo empleado.

Cuando ya han buscado los clusters y se ha separado la grasa en sus dos tipos principales, se aísla la región del hueso, a partir de la cual se extrae la información relativa al hueso y a la médula, como sus áreas, valores que son requeridos en el Excel de datos.

Si en el caso del abdomen se ha añadido un color más para diferenciar los dos principales tipos de grasa, teniendo cuatro grupos o clusters, en este caso se va a marcar también la médula por separado, teniendo la imagen resultante dividida en cinco clusters y por consiguiente en cinco colores.

En cuanto a los resultados obtenidos, en las relaciones en las que uno de los valores que intervenga sea el de la VAT, será sustituido por el valor de grasa intermuscular (IMAT). Además, cabe destacar que, con el fin de obtener una imagen resultante de las dos piernas, se calculan los valores de manera global para toda la imagen. Por tanto, los resultados se dividen entre dos para tener los valores que equivaldrían únicamente a uno

de los muslos, considerando ambas piernas idénticas o al menos con una distribución uniforme y una cantidad de cada tipo de tejido idéntica.

4.2.1.3 ROI(s) predefinida(s) (Variables CSA – FFM)

Y en este tercer caso, se tienen que obtener los valores de FFM [17] [18] y de área seccional [19] (CSA, de sus siglas en inglés, ‘cross-sectional area’) de varios músculos, y en función del nivel anatómico al que corresponda la imagen.

Antes de proceder a la parte de segmentación, el usuario debe ir definiendo las regiones de interés asociadas a los músculos de los que quiera obtener resultados. Una vez que las tengas todas dibujadas, el proceso de la segmentación podrá ponerse en marcha, y se obtendrá un resultado parecido al del punto 1 (variables óseas).

De igual manera, como información complementaria, se abrirá una nueva pestaña con el resultado de la segmentación, es decir, la imagen original, y la(s) ROI(s) superpuesta(s) en mapa de color según los valores de FFM obtenidos en cada píxel.

La diferencia en este apartado es que hay que tener en cuenta que puede ser interesante realizar los cálculos de estos músculos en cualquiera de los tres planos, posibilidad que queda contemplada en la aplicación.

4.2.2 Nivel de segmentación

El nivel en el que se calcula la segmentación es útil para que la aplicación sepa a qué “altura” del volumen anatómico corresponden las imágenes, y por tanto, dónde debe incluir los datos obtenidos a la hora de exportarlos al Excel (Tabla 4).

En realidad, los niveles tienen sentido en la segunda y tercera opción de los tipos de segmentación (relación grasa / músculo y ROI(s) muscular(es)).

En el primer caso, no se refiere tanto al nivel de la imagen sino directamente sobre qué huesos se va a realizar la segmentación. Estos son lumbares (de L2 a L5), cabezas femorales, cuellos femorales y muslo (Figura 4.11).

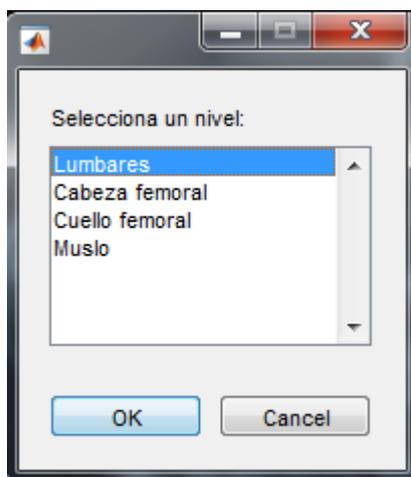


Figura 4.11 Segunda ventana emergente de la segmentación en la aplicación

En los otros dos casos los niveles son muy similares. Los niveles en los cálculos de la parte grasa / músculo serán los lumbares (de la L2 a la L5), la cabeza femoral derecha, la cabeza femoral izquierda y el muslo. Es importante que se consideren ambas cabezas femorales como niveles distintos, para individuos con caderas desniveladas, algo no poco común sobre todo conforme los pacientes tienen más edad. Si ambas cabezas femorales están a la misma altura, los datos serán idénticos en ambas, considerándose el mismo nivel.

Y en la parte de los músculos definidos por regiones de interés, también se distinguen los distintos niveles lumbares (esta vez incluyendo la primera lumbar, de la L1 a la L5), la cabeza femoral, el cuello femoral y el muslo. En este caso no es tan importante tener en cuenta los desniveles de la cadera a la altura de las cabezas femorales (Figura 4.12).



Figura 4.12 Segunda ventana emergente de la segmentación en la aplicación

4.2.3 Limpiar / Corregir

Existe una opción muy útil para el caso de la segmentación de grasa – músculo. Una vez que se ha obtenido el resultado de la segmentación, es posible que haya zonas que no se hayan clasificado correctamente y que el radiólogo quiera modificarlas manualmente. Para eso está disponible esta herramienta, que permite corregir la imagen resultante limpiando los grupos de píxeles aislados, pudiendo asignarles otro grupo o no. De momento esta opción está diseñada únicamente para el caso en el que algo que no sea grasa visceral esté segmentado y clasificado como tal, debido a que era el caso más típico de error que se daba en la segmentación. Principalmente ocurre cuando se segmentan imágenes de abdomen, por eso se habla de grasa visceral, pero también está disponible en segmentación de muslo, en caso de que se quiera corregir, en este caso, la grasa inter-muscular.

Quedándonos con el caso del abdomen, por ejemplo, se propone que mediante un cálculo de componentes conexas, la aplicación aísla todas las zonas de la imagen que pertenezcan a lo que se ha segmentado como grasa visceral (VAT), creando una máscara binaria y asignando un índice o etiqueta a cada una de las componentes o grupo de píxeles aislados. Previamente se aplica una apertura morfológica para que, en caso de

que haya zonas conectadas por algún píxel, puedan separarse y considerarse componentes conexas distintas, siendo el resultado más preciso y evitando que se borren zonas correctamente segmentadas.

El usuario únicamente deberá pinchar dos veces sobre la zona que le interese corregir. La aplicación localiza su componente conexa asociada y la borra de la máscara, y por consiguiente también se borra esa parte de la imagen segmentada resultante (o se convierte a otro grupo).

Una vez que se ha localizado la componente a eliminar del grupo segmentado como grasa visceral, se ofrecen varias opciones para decidir qué hacer con ella, a criterio del radiólogo (Figura 4.13). Se puede ‘limpiar y borrar’, no incluyéndola en ningún grupo y coloreándose de blanco, del mismo modo que se hace con el fondo; se puede incluir en los grupos segmentados como hueso o como músculo; o se puede convertir a otro tipo de grasa, creándose un grupo nuevo (esta última opción es similar a la primera en cuanto a que sobre los datos va a tener el mismo efecto, pero visualmente es más interesante).

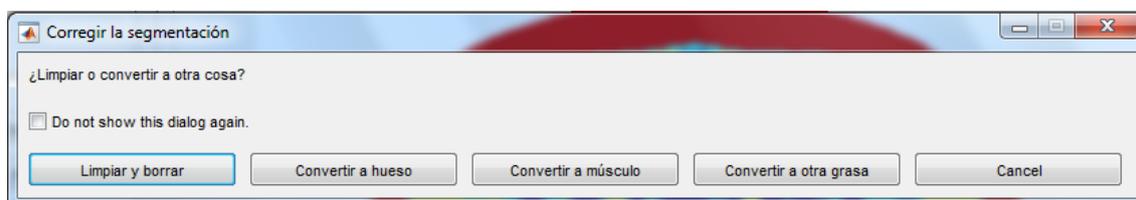


Figura 4.13 Opciones de limpiar – corregir

Cada vez que se realiza una corrección de la segmentación, la nueva imagen resultante se abre en una nueva pestaña, y este proceso se puede llevar a cabo tantas veces como se quiera. Esto es muy útil en caso de que en algún caso se obtenga una imagen no deseada o se haya borrado una parte bien segmentada, pudiendo volver a la imagen anterior.

4.3 Resultados

En cuando a los resultados, ya se ha comentado que a nivel gráfico la segmentación propiamente dicha y la más característica es la llevaba a cabo en la opción dos, al calcular las relaciones entre grasa y músculo.

4.3.1 Abdomen

La imagen de la que se partirá será la diferencia entre la imagen de grasa y la de agua (Figura 4.14). A continuación se muestran estas dos imágenes y la imagen diferencia (asociadas al corte 17 del volumen).

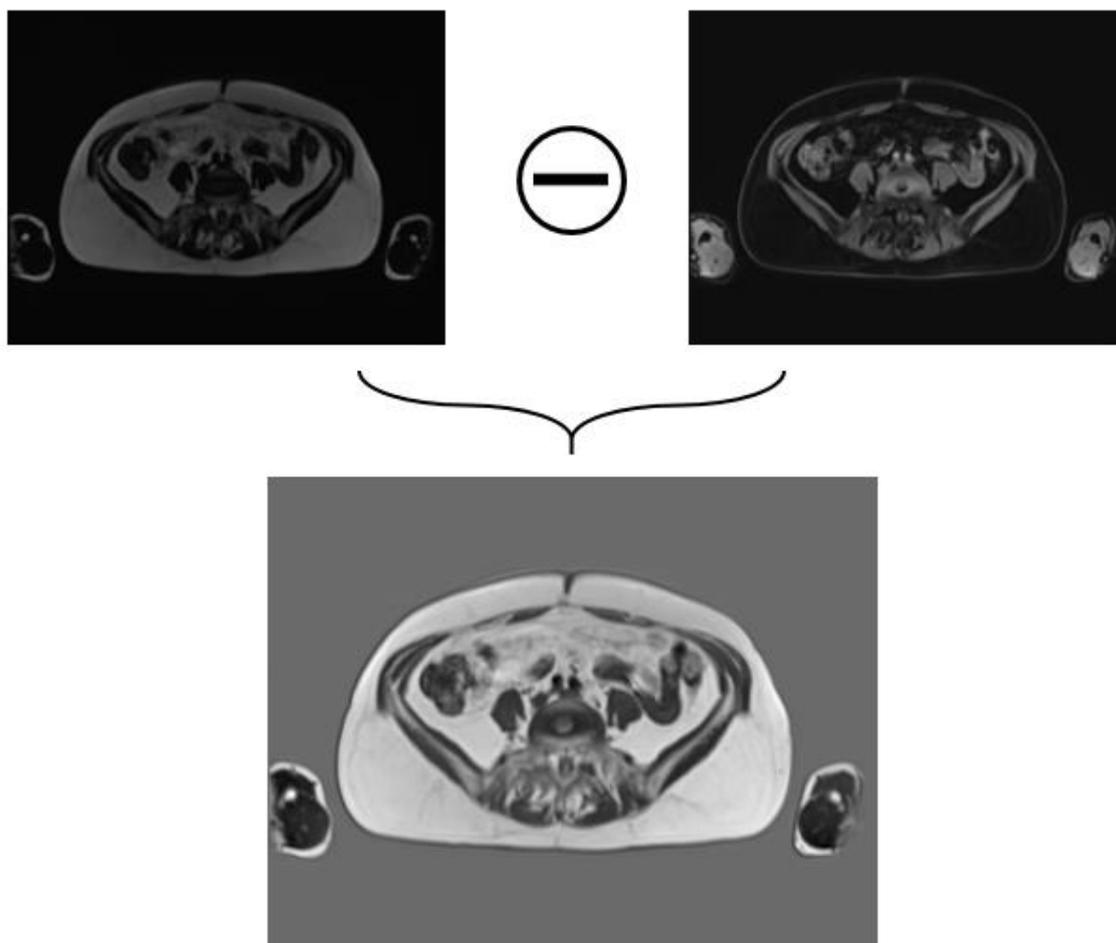


Figura 4.14 Obtención de la imagen diferencia (grasa - agua)

A continuación, tal y como se podía observar en la Figura 4.9, se abre en una pestaña nueva con la imagen que se ha escogido para calcular la segmentación, mostrando lo mismo que se muestra en ese momento en 'Imagen del estudio'. El usuario debe dibujar la ROI a grandes rasgos. No es necesario que sea muy precisa y no tiene que ser exactamente de la forma del borde interno del SAT, el algoritmo se encarga de hacer el ajuste.

Para demostrar la robustez del algoritmo empleado, se exponen a continuación dos imágenes segmentadas que se corresponden con dos cortes muy diferentes entre sí (cortes 17 y 37) anatómicamente hablando (Figura 4.15 y Figura 4.16). Como puede apreciarse, la primera pertenece a un corte en el cual la grasa subcutánea ocupa una mayor proporción del abdomen, por tanto, y como ya se explicado anteriormente, la segmentación será más sencilla de calcular y su resultado más preciso. No obstante, como se puede apreciar, en la imagen más compleja sigue segmentando bien las distintas partes diferenciadas del abdomen (si bien es cierto que presenta más irregularidades), y además respetando los mismos colores, de lo que se deduce que la parte de control de los valores obtenidos de la clusterización también realiza su función correctamente. Los colores están asociados de la siguiente manera: el rojo para la grasa subcutánea, el amarillo para la grasa visceral, el azul celeste para el hueso y el aire, y el azul oscuro para el agua y el músculo.

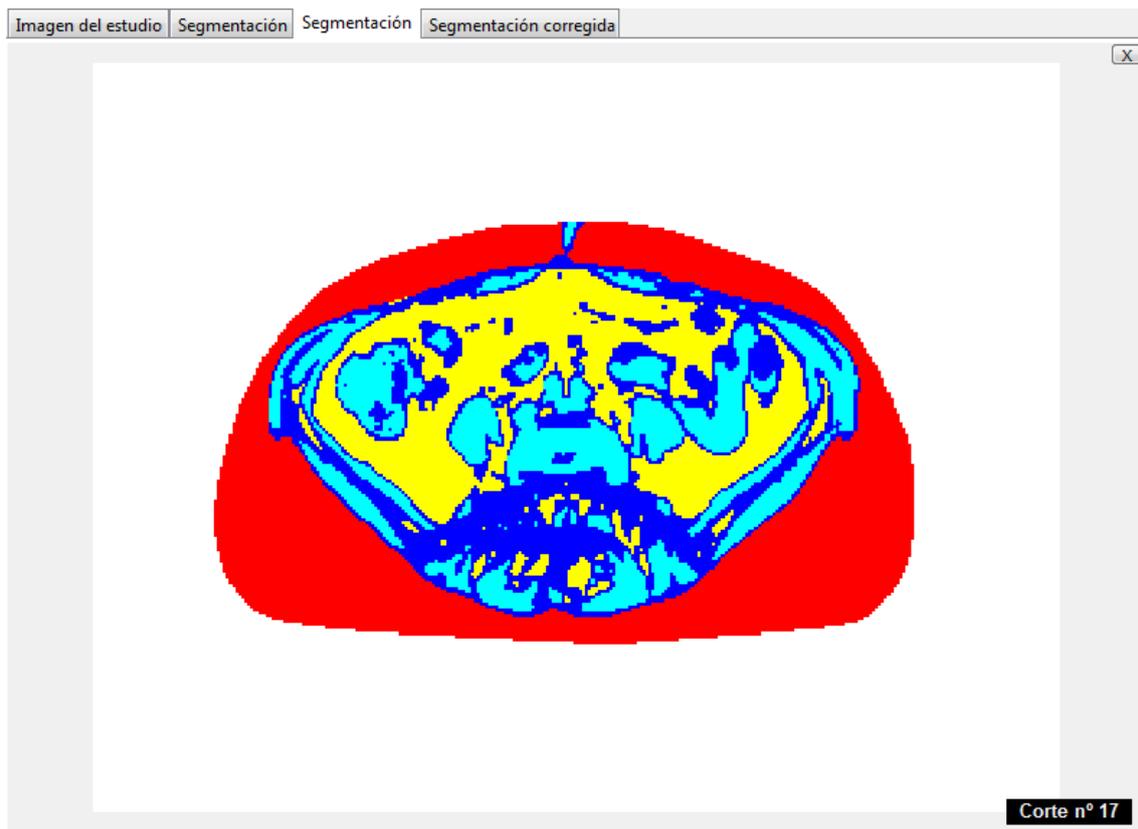


Figura 4.15 Segmentación tipo 'grasa – músculo'

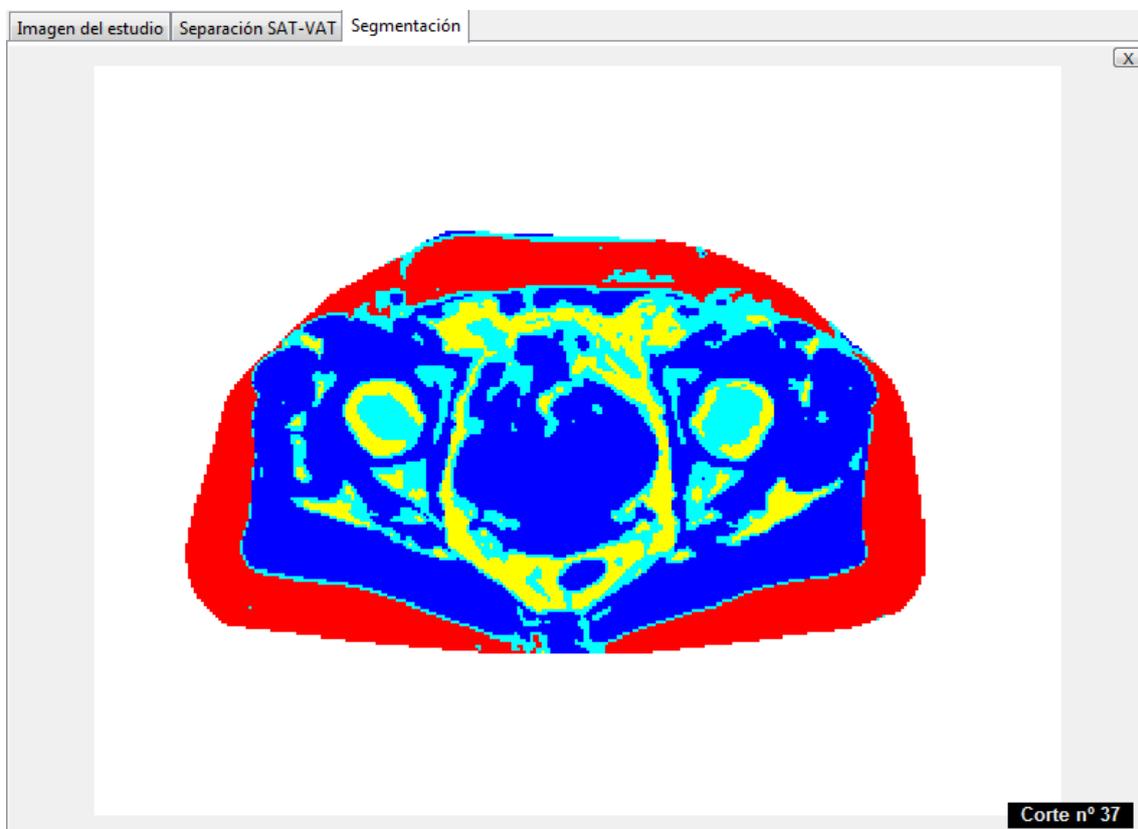


Figura 4.16 Segmentación tipo 'grasa – músculo'

Obviamente no se tienen en cuenta los brazos, ya que no interesan para los cálculos y se borrarán siempre que estén presentes, o cualquier otro artefacto que pueda interferir durante el proceso.

4.3.2 Muslo

En el caso del muslo, el procedimiento seguido es el mismo. La imagen de partida (Figura 4.17) también es la imagen diferencia (la de grasa menos la de agua).

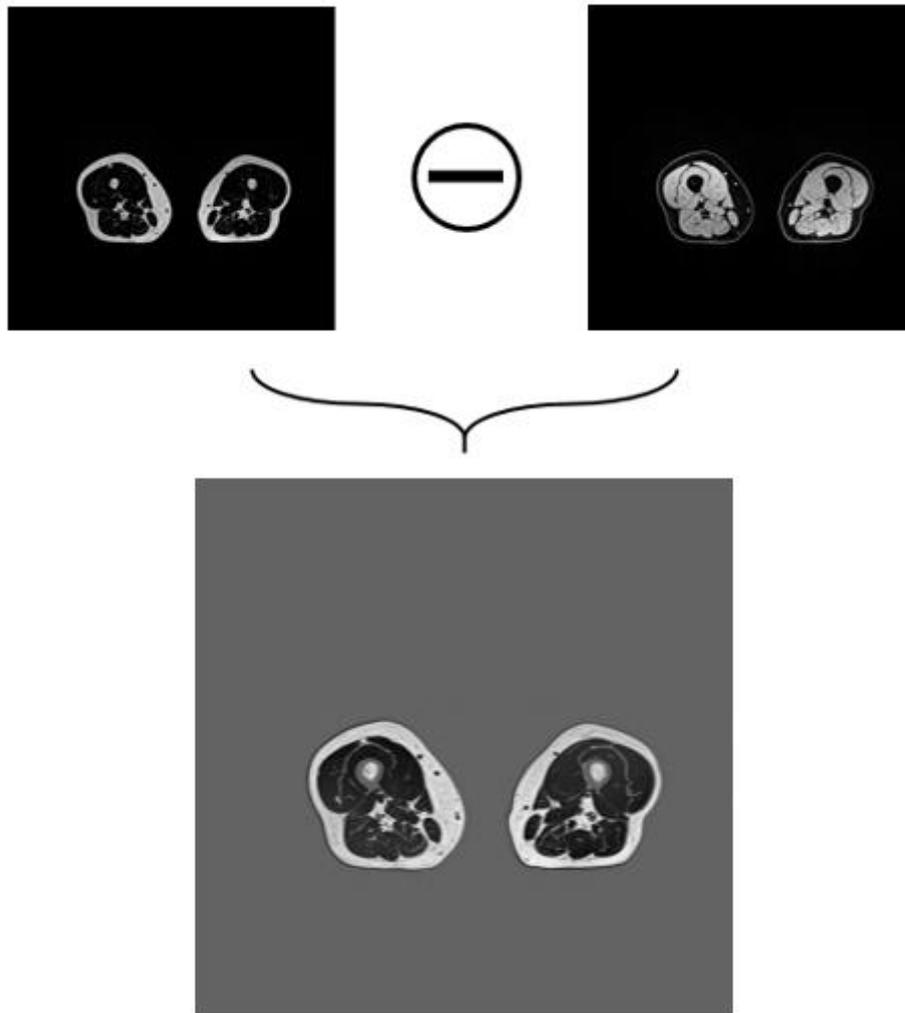


Figura 4.17 Obtención de la imagen diferencia (grasa - agua)

Y tal y como se ha explicado en el apartado de Métodos, la imagen resultante (Figura 4.18) está dividida en cinco colores: el rojo para la grasa subcutánea, el azul celeste para el tejido muscular, el amarillo para la grasa inter-muscular, el azul oscuro para el hueso, y el naranja para la médula ósea.

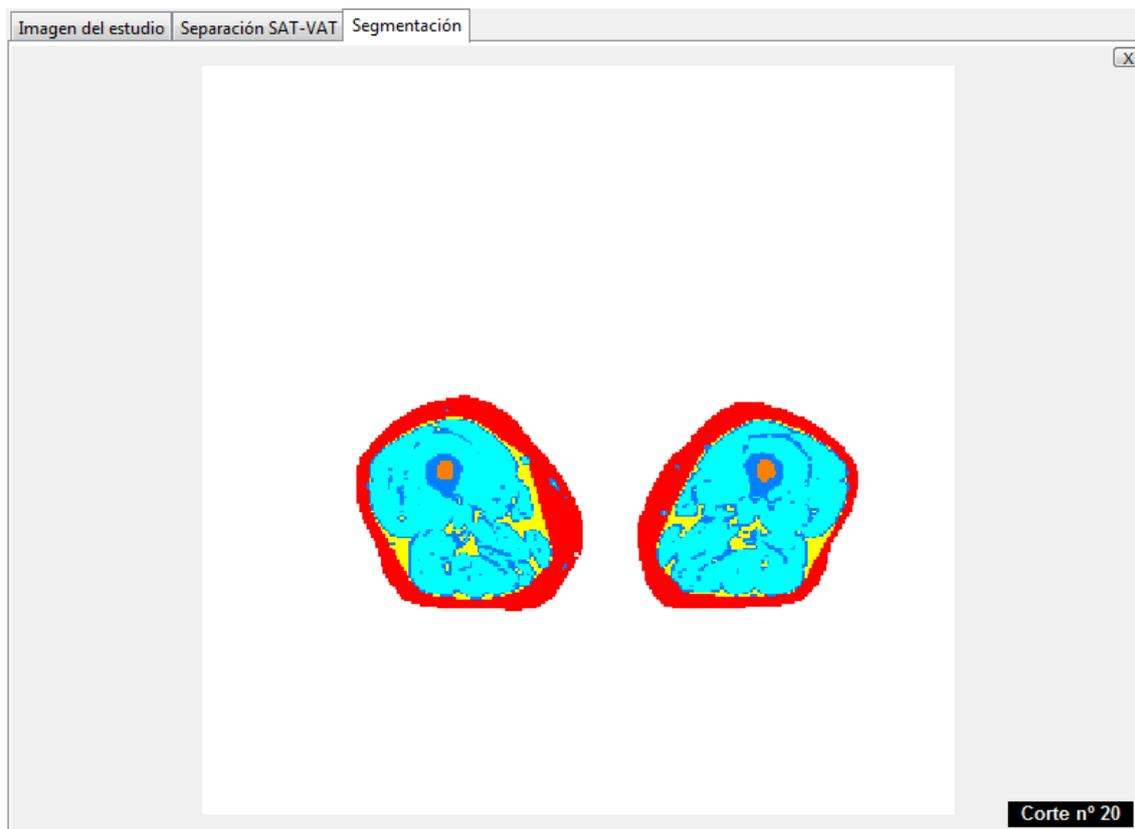


Figura 4.18 Segmentación tipo 'grasa – músculo'

Se ha optado por crear un mapa de color propio (Figura 4.19) para que los colores con los que se represente el resultado sean siempre los mismos para cada zona. Se ha definido guardando una estrecha relación con el mapa predefinido de tipo 'jet' (Figura 4.22), muy utilizado en este tipo de estudios. El proceso final por el cual la imagen indexada en clusters pasa a una imagen en color se consigue con el comando de Matlab 'label2rgb', el cual permite introducir un mapa de color propio para convertir esos índices en colores (en caso de no definir el tipo de mapa de color, el que emplea por defecto es el 'jet'). Para el 'zerocolor', es decir, el color que toman los píxeles indexados con el número 0, se le asigna el blanco, que es el color que se le asignará al fondo en el resultado de la segmentación.

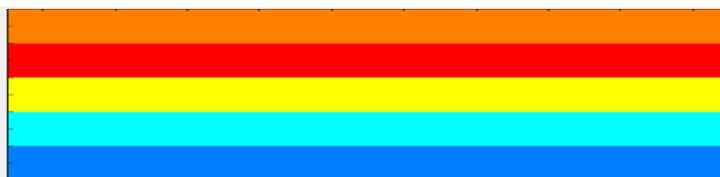


Figura 4.19 Mapa de color creado para la segmentación 'grasa – músculo'

Es importante tener una asociación fija y clara entre este mapa de colores creado para la segmentación de tipo 'grasa – músculo' y las zonas o tejidos segmentados de la imagen, y saber con qué color se representa cada uno de ellos (Tabla 3). A continuación se muestra esta correspondencia entre cada color y la parte de la imagen que se le asigna, según el resultado obtenido en la segmentación.

Tabla 3 Asociación del mapa de color con las zonas segmentadas

	Abdomen	Muslo
	(Borrar – ‘Otro tipo de grasa’)	Médula ósea
	SAT	SAT
	VAT	IMAT
	Hueso - Aire	MT - Agua
	MT - Agua	Hueso - Aire
	Fondo	Fondo

4.3.3 Correcciones

Como ya se ha comentado, corregir el resultado de la imagen segmentada es bastante sencillo para el usuario. Basta con que vaya haciendo doble ‘click’ sobre los grupos de píxeles más o menos aislados (se acabarán de aislar con el procesado morfológico) para que se localicen en la imagen y dejen de ser parte de la grasa segmentada (Figura 4.20 y Figura 4.21). En el ejemplo de la imagen, que es el que se ha utilizado anteriormente (Figura 4.15) se ve cómo hay un conjunto de píxeles más o menos agrupados (en amarillo, en la parte de abajo del abdomen), que no guardan mucha relación con el resto de la grasa visceral y que, siguiendo el criterio del radiólogo, corresponderían a otro tipo de grasa. Por tanto, hay que ‘limpiar y corregir’ la primera imagen que se ha obtenido del proceso de segmentación tantas veces como grupos de píxeles se quieran modificar. El resultado es el que se muestra en la Figura 4.21, habiéndose eliminado esas zonas del grupo asociado a la grasa visceral y siendo ahora parte del grupo asociado con otro tipo de grasa (es decir, no asociado a ningún grupo de los ya segmentados).

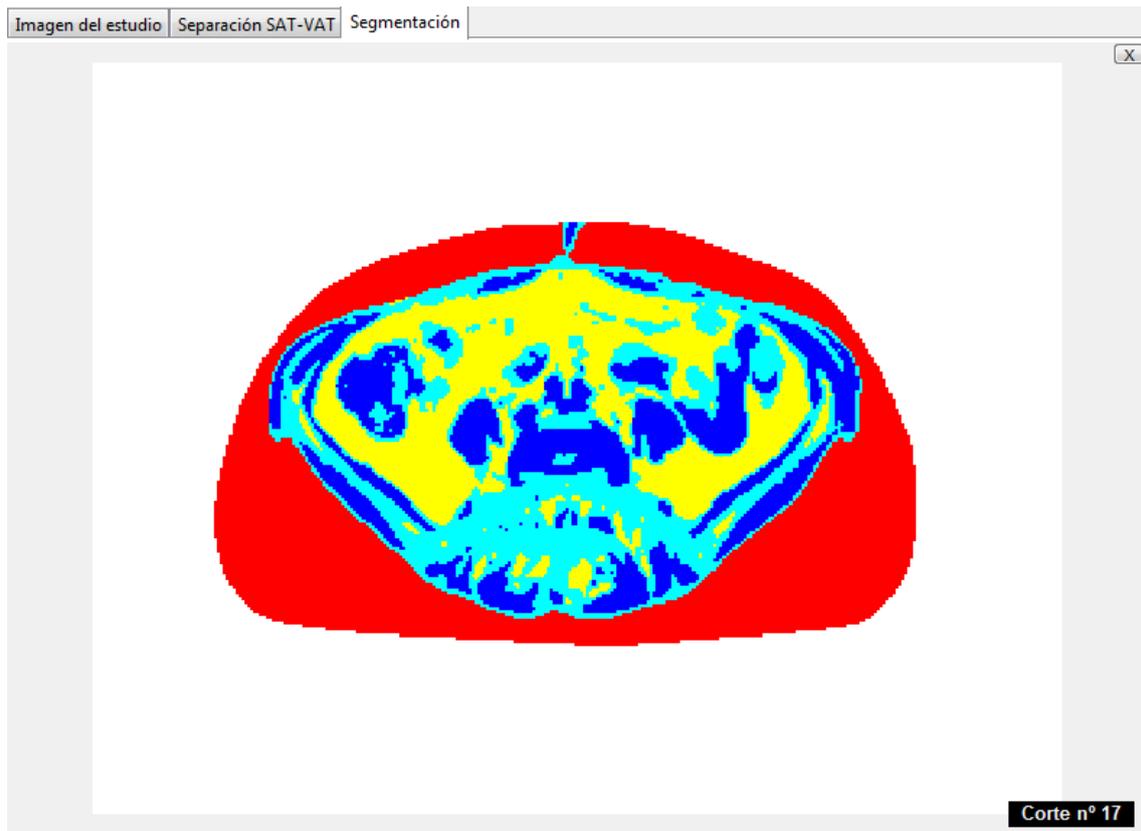


Figura 4.20 Segmentación 'grasa - músculo'

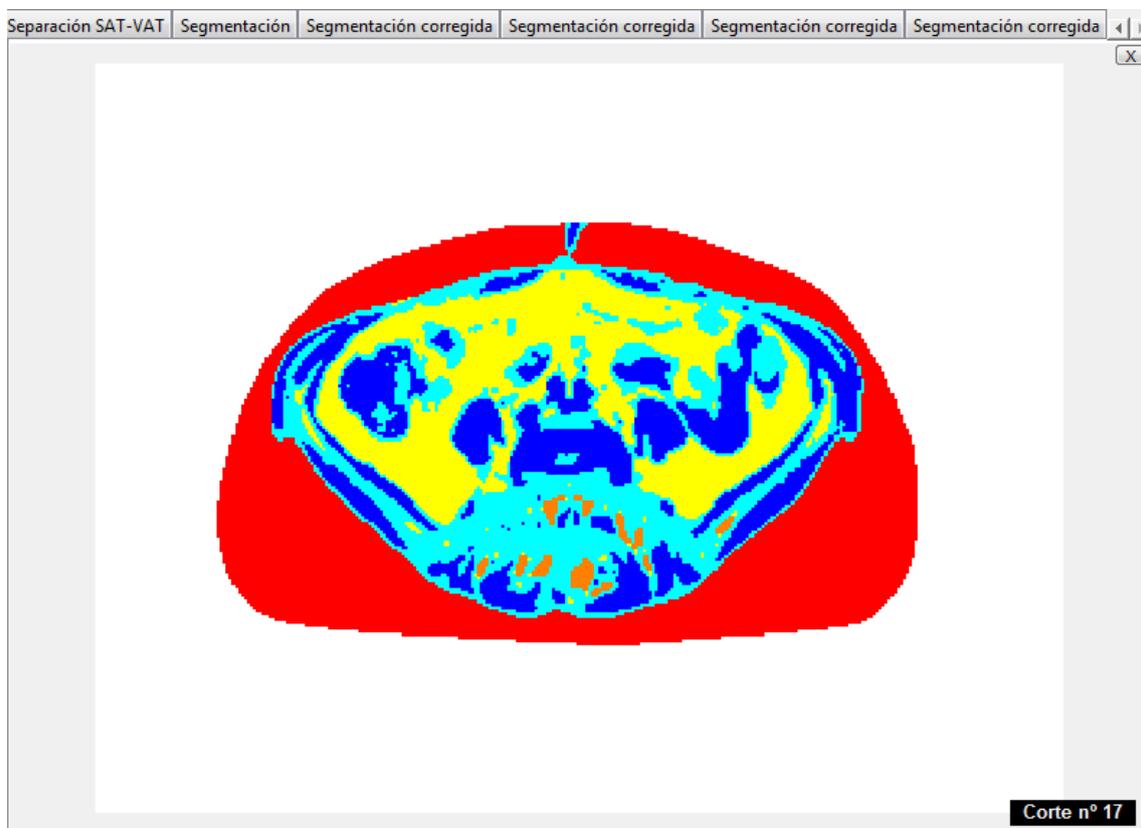


Figura 4.21 Segmentación corregida 'grasa - músculo'

4.3.4 Otros

En cuanto a los otros dos tipos de segmentación, ya se ha comentado que, en lo referente a sus resultados en forma de imagen, se utilizan los valores del FFM píxel por píxel para representar las regiones de interés en mapa de color superpuestas en la imagen original en escala de grises, para poder tener una referencia espacial anatómica y la representación tenga sentido. El mapa de color utilizado es del tipo ‘jet’. Es el más utilizado en estos casos por sus tonalidades azules para valores bajos y rojos para valores altos, asociados a ciertos aspectos subjetivos que pueden ser útiles a la hora de analizar los resultados, como ‘no peligro (azul) – peligro (rojo)’. Como se ha dicho unas líneas más arriba, en la segmentación completa de abdomen y muslo se sigue el mismo patrón, al convertir la imagen clusterizada (que simplemente está indexada en función del grupo al que pertenezca cada píxel) en imagen RGB. En la siguiente imagen (Figura 4.22) se muestra la escala de colores que emplea.



Figura 4.22 Escala de colores para el mapa de color ‘jet’

La siguiente imagen (Figura 4.23) que a simple vista puede parecer sencilla de obtener es un poco más compleja de calcular. El tener que representar en una misma imagen una parte en escala de grises y otra en color, con un mapa de color determinado, suponía un problema, ya que si se representa una imagen con un mapa de color, este tendrá efecto sobre todos los píxeles de la imagen. El mapa de color tiene asociada una matriz con valores que mapea los píxeles de la imagen antes de representarlos. Una opción es la de intentar dividir esta matriz en dos, correspondientes a dos mapas de color distintos, pero es una tarea tediosa y poco fiable, por tanto la manera de conseguirlo es transformando la imagen original en escala de grises en una imagen a color RGB. La parte de la imagen resultante que aparece en grises se obtiene introduciendo los mismos niveles de gris originales en los tres canales de la imagen RGB. Para la parte a color, los índices obtenidos en el proceso intermedio de la transformación de la imagen de grises a la imagen a color se mapean con el mapa de color ‘jet’ cuando se produce esa transformación. De esta manera se guardan con los valores de ese mapa de color, sin necesidad de tener que aplicarlo a la imagen final antes de representarla (lo que haría que los grises también se vieran a color, en caso de aplicarlo).

La imagen corresponde al estudio de segmentación de vértebras, que, como se puede observar, se calcula efectivamente en plano sagital. Esta segmentación se engloba dentro del cálculo de variables óseas.

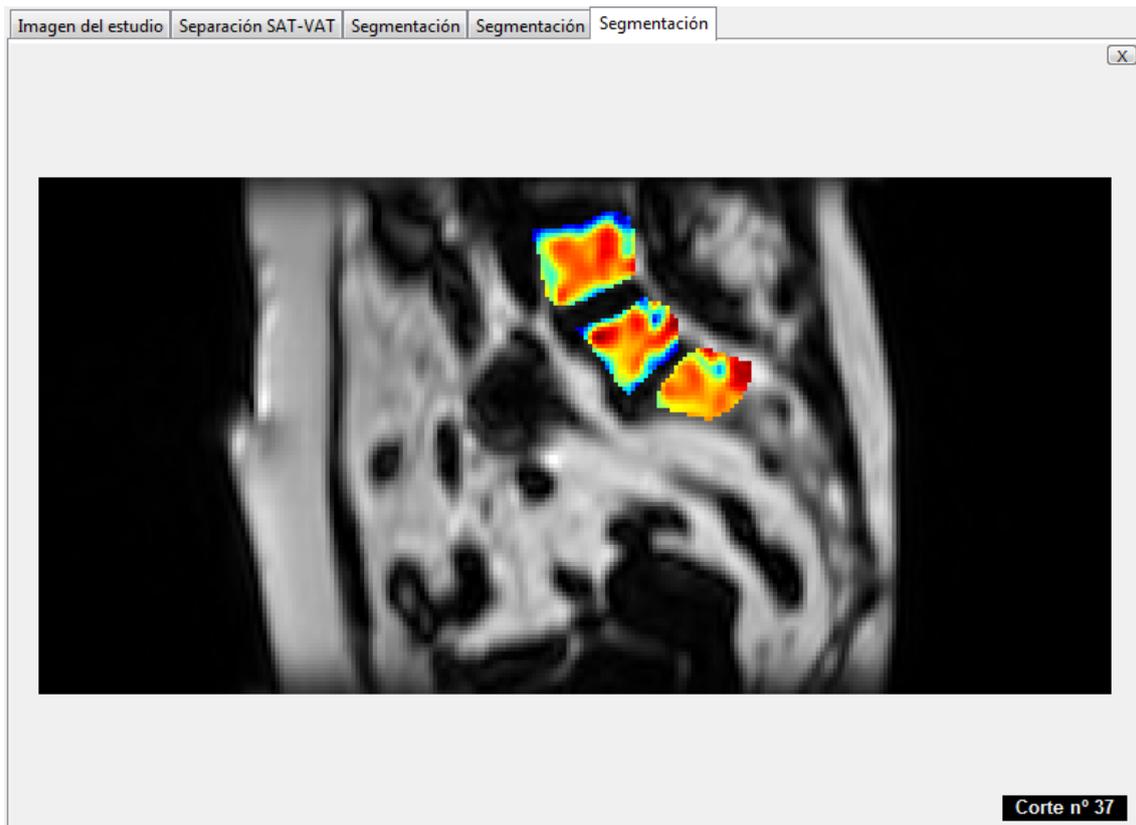


Figura 4.23 Segmentación tipo 'óseas'

Y la siguiente imagen (Figura 4.24), siguiendo en la línea del ejemplo anterior, es la resultante de una segmentación de dos músculos, el glúteo izquierdo y el derecho. Esta segmentación se engloba dentro del cálculo de variables de CSA y FFM en músculos.

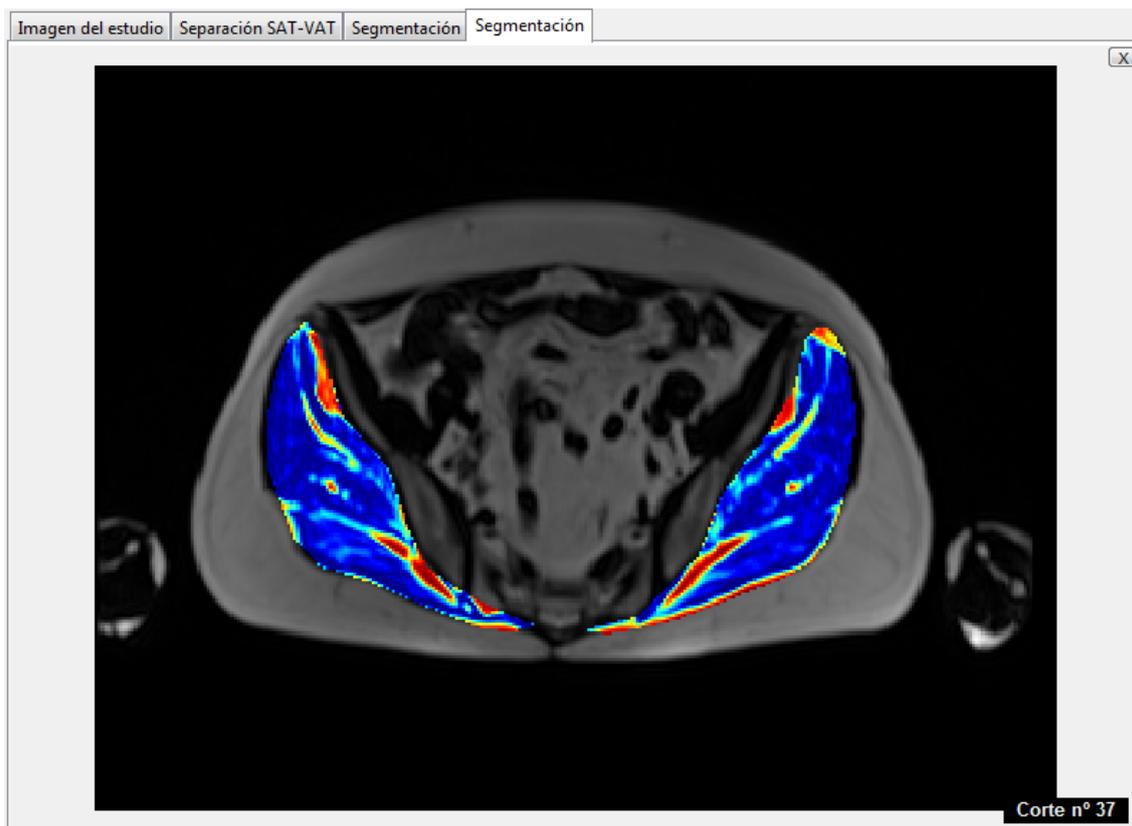


Figura 4.24 Segmentación tipo 'ROIs definidas'

4.4 Exportación de la segmentación

Cuando la segmentación ha sido calculada con éxito, ciertos parámetros están disponibles para poder ser exportados a un Excel desde el que se analizarán los resultados y donde podrán ser comparados con otros. Por tanto, el botón asociado a la exportación es el encargado de introducir los datos que estén disponibles, los valores que se hayan calculado, en el Excel asociado al estudio con el que se esté trabajando. Si no existe ese Excel, se crea uno siguiendo las especificaciones del equipo de Radiología, y si ya hay un archivo, se añaden los valores donde proceda y sin alterar los que ya se hubieran exportado en otro momento, siempre y cuando los datos calculados no sean justamente esos para los que ya había valores (en caso de que se quieran sustituir).

A continuación se muestra una plantilla del formato que tiene que tener el Excel de medidas en función de todo lo hasta ahora explicado en este punto de la segmentación (Tabla 4). Se pueden ver diferenciados los tres tipos de variables que se calculan en cada segmentación. Con un aspa se indican los parámetros que en algún momento se van a calcular.

Tabla 4 Excel de parámetros que deben extraerse del estudio

VARIABLES		niveles									
		L1	L2	L3	L4	L5	CABEZA FEMORAL D	CABEZA FEMORAL I	CUELLO FEMORAL D	CUELLO FEMORAL I	MIDTHIGH
óseas	FFM		+	+	+	+	+	+	+	+	+
	Área cortical										+
	Área global										+
	Área medular										+
GRASA/MÚSCULO	VAT		+	+	+	+					
	SAT		+	+	+	+	+	+			+
	MT		+	+	+	+	+	+			+
	IMAT		+	+	+	+	+	+			+
	TOTAL		+	+	+	+	+	+			+
	VAT/SAT		+	+	+	+	+	+			+
	VAT/TOTAL		+	+	+	+	+	+			+
	VAT/MT		+	+	+	+	+	+			+
	SAT/MT		+	+	+	+	+	+			+
	MT/TOTAL		+	+	+	+	+	+			+
	MT/ÁREA MEDULAR										+
	MI/ÁREA CORTICAL										+
	VARIABLES		niveles								
L1			L2	L3	L4	L5	CABEZA FEMORAL D	CABEZA FEMORAL I	CUELLO FEMORAL D	CUELLO FEMORAL I	MIDTHIGH
DE ESTOS NIVELES MEDIR CSA Y FFM	PSOAS DERECHO	+	+	+	+	+	+	+			
	PSOAS IZQUIERDO	+	+	+	+	+	+	+			
	PARAVERTEBRAL D	+	+	+	+	+					
	PARAVERTEBRAL I	+	+	+	+	+					
	PARA ABDOMINAL	+	+	+	+	+					
	GLÚTEO MAYOR D						+	+			
	GLÚTEO MAYOR I						+	+			
	CUÁDRICEPS						+	+	+	+	+
	FLEXORES						+	+	+	+	+
	ADUCTORES										+
MT GLOBAL		+	+	+	+					+	

Teniendo en cuenta esta plantilla, cabe esperar valores en las zonas sombreadas de amarillo, por tanto habrá que exportar apropiadamente en cada segmentación los valores que se han calculado, añadiéndose a los que pudieran estar antes y, como ya se ha dicho, sin alterarlos ni eliminarlos.

Los valores obtenidos en la segmentación de variables óseas (color azul en Tabla 5) y en la segmentación de muslo (color rojo en Tabla 5) solo tienen cabida en una zona, mientras que para los que se han sacado de las otras dos segmentaciones existen varias posibilidades, en función del nivel que se haya seleccionado al realizar el proceso. En el caso de la segmentación de abdomen (color amarillo en Tabla 5), los cortes escogidos correspondían a los niveles de la vértebra L3 (Figura 4.15) y de cabeza femoral (Figura 4.16), mientras que cuando se ha calculado la segmentación de los dos músculos (los glúteos, en color verde en Tabla 5), el nivel era el de las cabezas femorales (Figura 4.24). Como apunte, en los dos casos en los que el nivel está asociado a la cabeza femoral, se ha escogido el nivel derecho pero podría haberse seleccionado indistintamente el izquierdo, ya que en este caso ambas cabezas están en el mismo nivel.

Tabla 5 Excel con los parámetros exportados

VARIABLES	VARIABLES	Niveles	Niveles	Niveles	Niveles	Niveles	Niveles	Niveles	Niveles	Niveles	Niveles
		L1	L2	L3	L4	L5	CABEZA FEM	CABEZA FEM	CUELLO FEM	CUELLO FEM	MIDTHIGH
ÓSEAS	FFM		69,0393255	83,695112	91,215239	+	+	+	+	+	+
	Área cortical										+
	Área global										+
	Área medular										+
GRASA/MÚS	VAT		+	123,071289	+						
	SAT		+	245,654297	+	+	191,772461				76,8310547
	MT		+	103,125	+	+	67,3583984				71,8994141
	IMAT		+	5,652939	+	+	3,158896				11,7675781
	TOTAL		+	745,947266	+	+	724,682617				144,946289
	VAT/SAT		+	50,0993838	+	+	138,586887				15,3161741
	VAT/TOTAL		+	16,4986581	+	+	36,6741906				8,11857841
	VAT/MT		+	119,341856	+	+	394,563248				16,3667233
	SAT/MT		+	238,210227	+	+	284,704603				106,859083
	MT/TOTAL		+	13,8247038	+	+	9,29488259				49,6041772
	MT/ÁREA MEDULAR										2103,57143
	MT/ÁREA CORTICAL										815,789474
VARIABLES	VARIABLES	Niveles	Niveles	Niveles	Niveles	Niveles	Niveles	Niveles	Niveles	Niveles	Niveles
		L1	L2	L3	L4	L5	CABEZA FEM	CABEZA FEM	CUELLO FEM	CUELLO FEM	MIDTHIGH
	PSOAS DERECHO		+	+	+		+	+			
	PSOAS IZQUIERDO		+	+	+		+	+			
	PARAVERTEBRAL D		+	+	+						
	PARAVERTEBRAL I		+	+	+						
	PARED ABDOMINAL		+	+	+						
	GLÚTEO MAYOR D						19.34 / 72.51	+			
	GLÚTEO MAYOR I						19.04 / 72.66	+			
	CUÁDRICEPS						+	+	+	+	+
	FLEXORES						+	+	+	+	+
	ADUCTORES										+
	MT GLOBAL		+	+	+	+					+

5 Conclusiones y líneas futuras

5.1 Conclusiones

En líneas generales, se ha alcanzado el objetivo principal del trabajo y el resultado obtenido ha sido muy satisfactorio, habiendo conseguido implementar la aplicación buscada siguiendo los requerimientos de los especialistas médicos.

Además, el hecho de haber generado todo el código en una única función principal ha facilitado tanto el diseño del mismo como las modificaciones que se han ido dando a lo largo de su implementación.

Cabe destacar que al evitar las variables locales siempre que ha sido posible y trabajar directamente con los datos contenidos en los 'UserData' de los componentes, se ha ganado considerablemente en eficiencia y en rapidez, especialmente en los procesos más lentos. El mejor ejemplo de esta mejora es la barra de desplazamiento de las imágenes. El hecho de trabajar directamente con todo el volumen e ir indexando, mostrando la imagen que indiquen los índices, ha hecho que este proceso sea mucho más dinámico que tomar continuamente la imagen indicada, almacenarla en una variable y mostrarla, que era mucho más lento.

Los resultados obtenidos con la Reconstrucción Multiplanar han sido satisfactorios. Además, el hecho de trabajar con dos volúmenes separados durante toda la ejecución de la aplicación también ha mejorado el rendimiento de la misma, en vez de hacerlo con un único volumen más grande, ya que se trabaja con menos imágenes cada vez que dichos volúmenes entran en juego. Hay que tener en cuenta que, por ejemplo, con la barra de desplazamiento se recorre todo el volumen para ir obteniendo los distintos cortes, y esa visualización debe ser lo más inmediata posible.

Finalmente, en lo referente a la segmentación, lo más interesante es la precisión de los resultados obtenidos en cortes de diferentes niveles del volumen, a pesar de que anatómicamente sean muy distintos, por lo que se concluye que el algoritmo es bastante robusto. Además, las imágenes segmentadas resultantes son muy similares a las propuestas por la mayoría de las publicaciones tenidas en cuenta.

5.2 Líneas futuras

Ya se ha comentado que el diseño de una aplicación puede ser lo complejo que se quiera, por tanto se podrían seguir añadiendo acciones y optimizando su funcionamiento.

Entre otras posibles mejoras, me parece interesante destacar dos:

- Optimizar la parte de pegar las regiones de interés hechas en un plano distinto del que se está visualizando (Figura 5.1). Ahora mismo, se muestra la

proyección máxima que haría la ROI, es decir, la distancia máxima entre sus puntos, sea cual sea el corte en el que esté el usuario. Sería más exacto si no se visualizara la proyección de la ROI como tal sino la propia ROI, calculando en cada corte si esta región se encuentra o no, y cuál es la distancia de los puntos por donde se produce la intersección entre esta y el corte que se visualiza. Esto requeriría más recursos de cómputo ya que habría que realizar continuos cálculos cada vez que se cambiara de corte y antes de mostrarlo (utilizando la barra de desplazamiento).

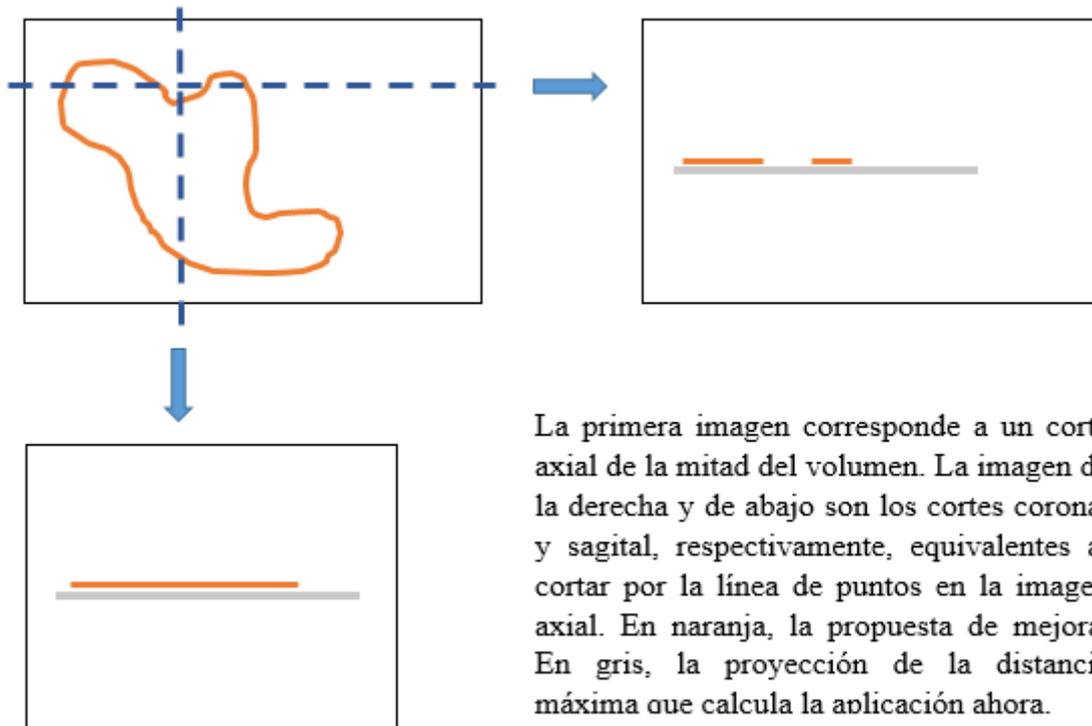


Figura 5.1 Esquema de la mejora en 'Pegar ROI'

- También sería interesante seguir desarrollando la parte de segmentación para que fuera más robusta aún y que siguiera dando buenos resultados ante una mayor variabilidad de estudios, incluyendo imágenes de peor calidad o anatómicamente hablando más complejas de analizar. Sería aconsejable trabajar en el pre-procesado para que en la imagen se segmentara correctamente más de tres clusters y se pudieran clasificar más tipos de tejidos, especialmente los distintos tipos de grasa, diferenciándolos correctamente a pesar de sus similitudes anatómicas. Además, una buena opción sería incluir algún botón adicional que permitiera al radiólogo modificar de una manera más precisa el resultado obtenido por la segmentación. Habría que seguir desarrollando la opción de 'Limpiar / Corregir' para que estuviera disponible en más casos y no solo para trabajar sobre zonas de grasa visceral mal segmentada. También se podría realizar una limpieza de pequeñas zonas diferenciadas que no son más que errores sistemáticos y que no deberían segmentarse de manera diferente a los píxeles de alrededor.

6 Bibliografía

- [1] Matlab (The MathWorks Inc.), «GUI de Matlab,» [En línea]. Available: <https://es.mathworks.com/discovery/matlab-gui.html>.
- [2] D. O. B. Guerrero, «Manual de Interfaz Gráfica de Usuario en Matlab,» [En línea]. Available: https://www.dspace.espol.edu.ec/bitstream/123456789/10740/11/MATLAB_GUIDE.pdf.
- [3] Matlab Documentation (The MathWorks Inc.), «Guidata,» [En línea]. Available: <https://es.mathworks.com/help/matlab/ref/guidata.html>.
- [4] Matlab Documentation (The MathWorks Inc.), «Share Data Among Callbacks,» [En línea]. Available: https://es.mathworks.com/help/matlab/creating_guis/share-data-among-callbacks.html.
- [5] Matlab Documentation (The MathWorks Inc.), «ROI-based Processing,» [En línea]. Available: <https://es.mathworks.com/help/images/roi-based-processing.html>.
- [6] Wikipedia, «CT Scan - Multiplanar Reconstruction,» [En línea]. Available: https://en.wikipedia.org/wiki/CT_scan#Multiplanar_reconstruction.
- [7] R. Goldenberg, «Research Gate,» [En línea]. Available: https://www.researchgate.net/post/Multiplanar_Reconstruction_with_MATLAB.
- [8] Matlab Documentation (The MathWorks Inc.), «Exploring Slices from a 3-Dimensional MRI Data Set,» [En línea]. Available: <https://es.mathworks.com/help/images/examples/exploring-slices-from-a-3-dimensional-mri-data-set.html>.
- [9] Vincenzo Positano, Amalia Gastaldelli, Anna maria Sironi, Maria Filomena Santarelli, Massimo Lombardi y Luigi Landini, «An Accurate and Robust Method for Unsupervised Assessment of Abdominal Fat by MRI,» *J. Magn. Reson. Imaging*, Vols. %1 de %2Wiley-Liss, Inc., nº 20, p. 684– 68, 2004.
- [10] Christian Cordes, Michael Dieckmeyer, Beate Ott, Jun Shen, Stefan Ruschke, Marcus Settles, Claudia Eichhorn, Jan S. Bauer, Hendrik Kooijman, Ernst J. Rummeny, Thomas Skurk, Thomas Baum, Hans Hauner y Dimitrios C. Karampinos, «MR-Detected Changes in Liver Fat, Abdominal Fat, and Vertebral Bone Marrow Fat After a Four-Week Calorie Restriction in Obese Women,» *J. MAGN. RESON. IMAGING*, nº 42, p. 1272–1280, 2015.
- [11] Suresh Anand Sadananthan, Bhanu Prakash, Melvin Khee-Shing Leow, Chin Meng Khoo, Hong Chou, Kavita Venkataraman, Eric Y.H. Khoo, Yung Seng Lee, Peter D. Gluckman, E. Shyong Tai y S. Sendhil Velan, «Automated Segmentation of Visceral and Subcutaneous (Deep and Superficial) Adipose Tissues in Normal and Overweight Men,» *J. Magn. Reson. Imaging*, Vols. %1 de %2Wiley Periodicals, Inc., 2014.
- [12] Diane Armao, Jean-Philippe Guyon, Zeynep Firat, Mark A. Brown y Richard C. Semelka, «Accurate Quantification of Visceral Adipose Tissue (VAT) Using Water-Saturation MRI

- and Computer Segmentation: Preliminary Results,» *J. Magn. Reson. Imaging*, Vols. %1 de %2Wiley-Liss, Inc., nº 23, p. 736–741, 2006.
- [13] Sara Orgiu, Claudio L. Lafortuna, Fabio Rastelli, Marcello Cadioli, Andrea Falini y Giovanna Rizzo, «Automatic Muscle and Fat Segmentation in the Thigh from T1-Weighted MRI,» *J. MAGN. RESON. IMAGING*, 2015.
- [14] G.W. Li, Z.Xu, Q.W. Chen, Y.N. Tian, X.Y. Wang, L. Zhou y S.X. Chang, «Quantitative evaluation of vertebral marrow adipose tissue in postmenopausal female using MRI chemical shift-based water-fat separation,» *The Royal College of Radiologists*, 2013.
- [15] Anqi Zhou, Horacio Murillo y Qi Peng, «Novel Segmentation Method for Abdominal Fat Quantification by MRI,» *J. Magn. Reson. Imaging*, Vols. %1 de %2Wiley-Liss, Inc., nº 34, p. 852–860, 2011.
- [16] Jean-Yves Hogrel, Yoann Barnouin, Noura Azzabou, Gillian Butler-Browne, Thomas Voit, Amélie Moraux, Gaëlle Leroux, Anthony Behin, Jamie S. McPhee y Pierre G. Carlier, «NMR imaging estimates of muscle volume and intramuscular fat infiltration in the thigh: variations with muscle, gender, and age,» *American Aging Association*, 2015.
- [17] Michael. A. Fischer, Christian W. A. Pfirrmann, Norman Espinosa, Dimitri A. Raptis y Florian M. Buck, «Dixon-based MRI for assessment of muscle-fat content in phantoms, healthy volunteers and patients with achillodynia: comparison to visual assessment of calf muscle quality,» *European Society of Radiology*, 2014.
- [18] Salam A Al-Attar, Rebecca L Pollex, John F Robinson, Brooke A Miskie, Rhonda Walcarius, Brian K Rutt y Robert A Hegele, «Semi-automated segmentation and quantification of adipose tissue in calf and thigh by MRI: a preliminary study in patients with monogenic metabolic syndrome,» *BioMed Central Ltd.*, 2006.
- [19] T. M. Maden-Wilkinson, J. S. McPhee, J. Rittweger, D. A. Jones y H. Degens, «Thigh muscle volume in relation to age, sex and femur volume,» *American Aging Association*, 2013.

Anexo 1. Manual de Usuario

- Descripción del funcionamiento

La aplicación cuenta con una gran variedad de elementos, los cuales se pueden dividir en cuatro visores de imágenes (con opciones que los cambian de posición y los hacen más grandes o más pequeños en función de las necesidades) y un conjunto de botones (para poder trabajar sobre esas imágenes).

Por defecto, las imágenes se van a representar en la parte derecha de la interfaz, priorizando el tamaño de una, en la que se va a trabajar, sobre las otras tres. No obstante, esa imagen sobre la que se trabaja y que es más grande que el resto puede ir cambiándose por cualquiera de las otras, según las necesidades que pueda tener el usuario. Además, y como se va a explicar a continuación con más detenimiento, se puede modificar el tamaño de los visores en detrimento del de los botones.

Y en cuanto al conjunto de botones, la mayoría están en el lateral izquierdo de la interfaz, como ya se ha comentado antes, si bien es cierto que hay otros dispersos por el resto de la interfaz, más relacionados directamente con lo que se representa en los 'axes', como las barras de desplazamiento (representadas alrededor de la imagen de mayor tamaño) y varias cajas de texto, que identifican a la imagen que acompañan y que además tienen una función determinada al pulsar sobre ellas.

- Manual de Usuario

Cuando se abre la aplicación (Figura A. 1), la primera vista que se va a tener de la misma, es decir, la pantalla de inicio, es la siguiente:

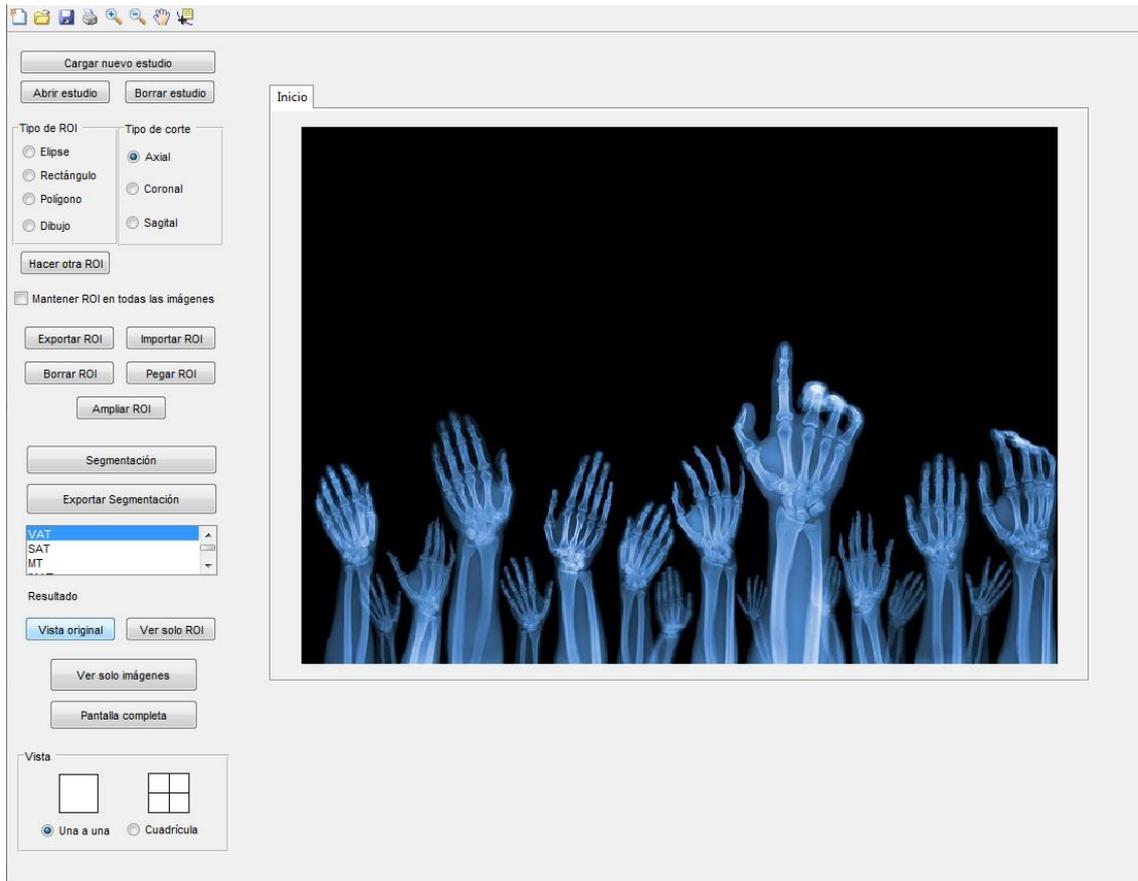


Figura A. 1 Pantalla de inicio

El primer paso cuando se está en la pantalla principal es seleccionar el botón ‘Cargar nuevo estudio’ (y), y una vez escogido el estudio con el que se va a trabajar, se pone en marcha la aplicación. Dado que cada estudio va a disponer de varios niveles, antes de visualizar las imágenes se hace una previsualización () de una imagen tomada por defecto de cada nivel (que va a ser de tipo ‘grasa’ o ‘supresión de agua’). De esta manera, el usuario, pulsando sobre una de las imágenes mostradas, elige el nivel que quiere visualizar (relacionado con la altura del corte anatómico).

Diseño e implementación de una aplicación para análisis y segmentación de imágenes de estudios médicos de resonancia magnética

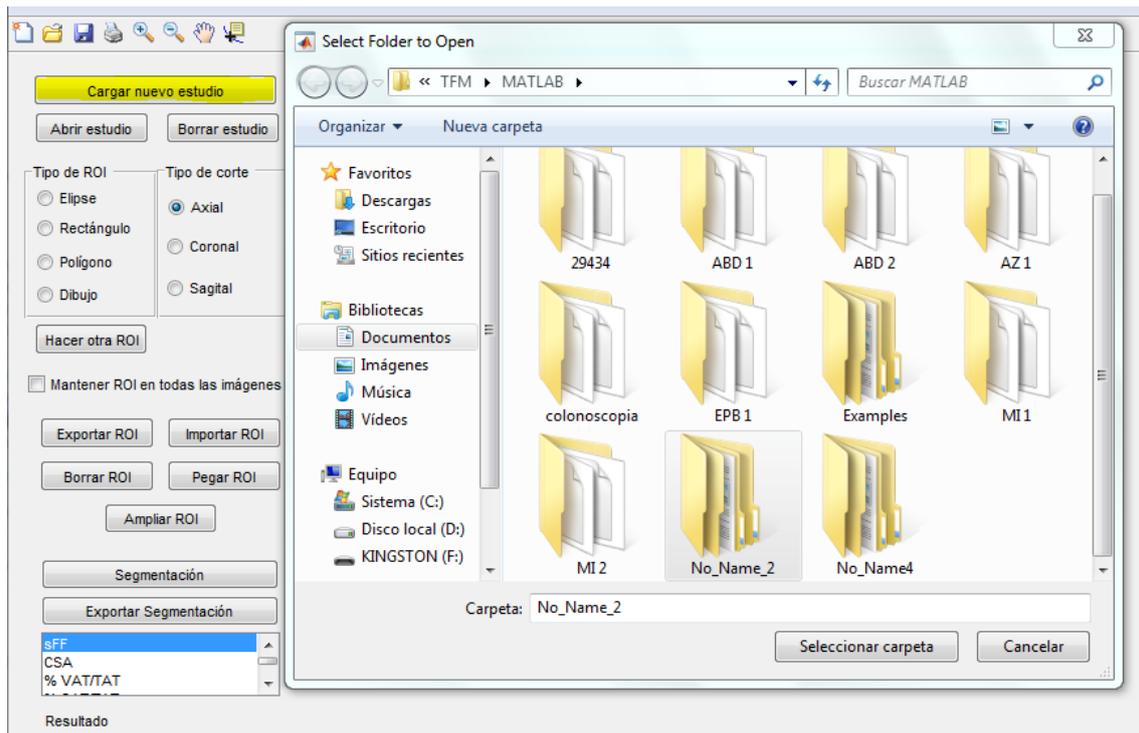


Figura A. 2 Selección de carpeta

Cuando se abre el selector de carpeta, no hay que seleccionar la primera que aparece (en el caso que se muestra, llamada 'No_Name2'), sino que hay que entrar en esta carpeta y seleccionar la que contiene, la cual ya sí contendrá las imágenes (y).

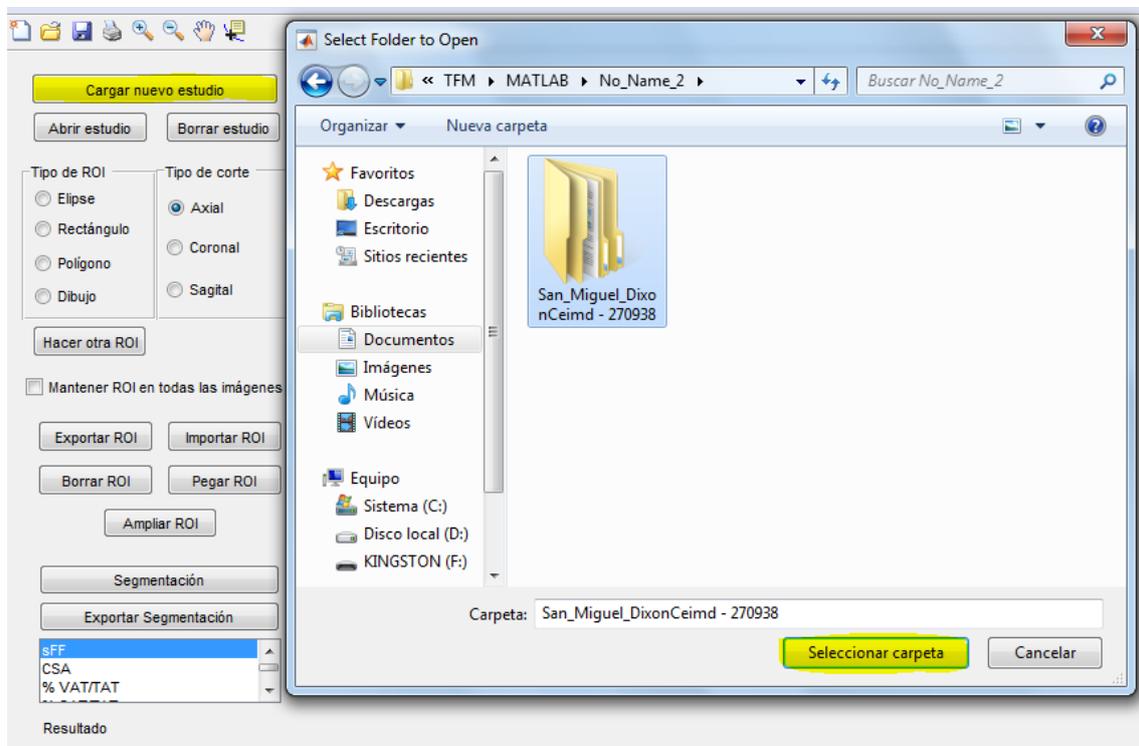


Figura A. 3 Selección de carpeta final

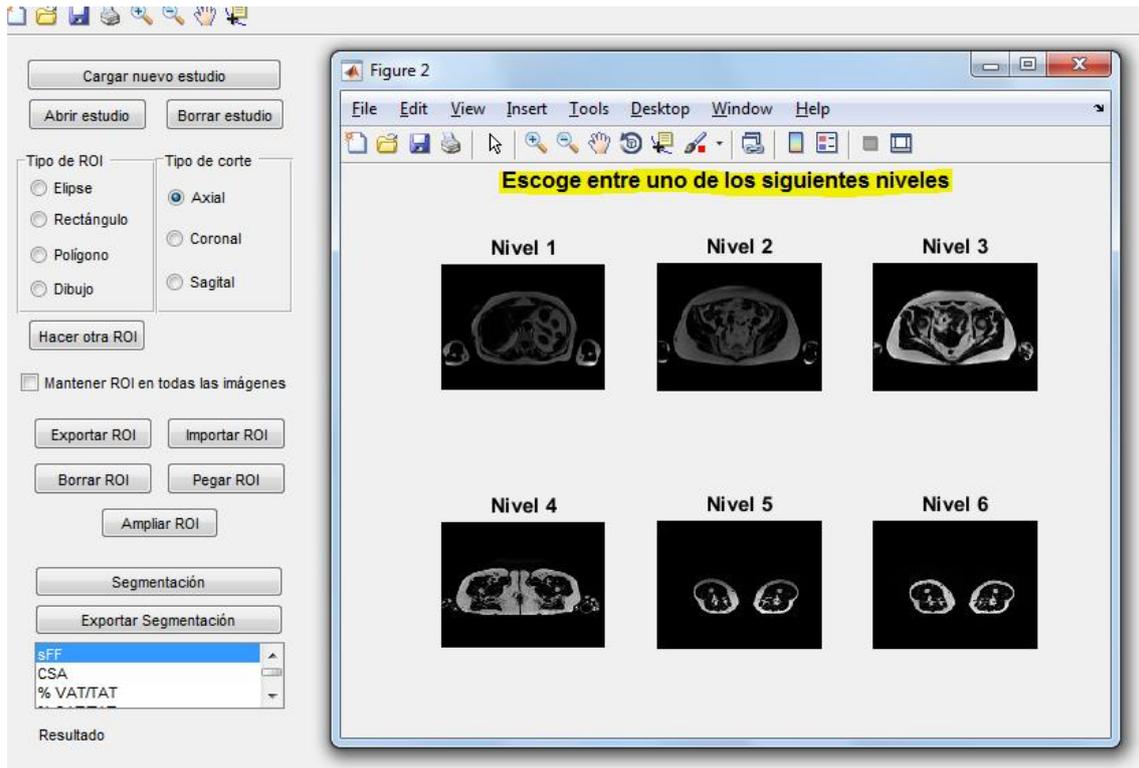


Figura A. 4 Previsualización de niveles

Acto seguido, y después de la previsualización y de escoger el nivel, aparece una barra de carga que indica el transcurso del proceso que se lleva a cabo con las imágenes del estudio, para que el usuario no piense que algo va mal y que la aplicación se ha colgado mientras se realizan los cálculos iniciales. Una vez que el estudio está cargado y el proceso completado, aparece un cuadro emergente (pop-up) avisando de que ya está todo listo para empezar ().

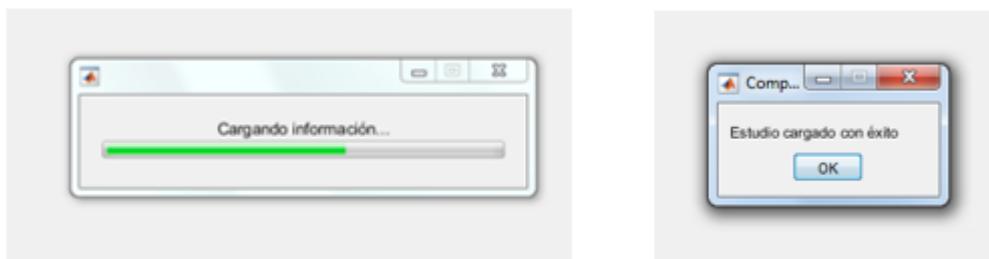


Figura A. 5 Mensajes informativos para el usuario

Por defecto, la primera vez que se carga el estudio, este se abre y se empiezan a mostrar las imágenes (). No obstante, si en cualquier momento se borra el estudio (que no es más que inicializarlo), para que se vuelvan a mostrar las imágenes habrá que seleccionar 'Abrir estudio' y se mostrará la vista que por defecto corresponde al comienzo del estudio (primera imagen de cada tipo y plano axial).

Muchas de las imágenes, especialmente las de los extremos del volumen, no se ven apropiadamente. Generalmente viene causado por problemas en la adquisición de las imágenes. La manera con la que se intenta corregir esa peor calidad que se observa en

algunas ocasiones es incluyendo controles de brillo y contraste, pudiéndose duplicar ambos valores de manera individual para cada imagen.

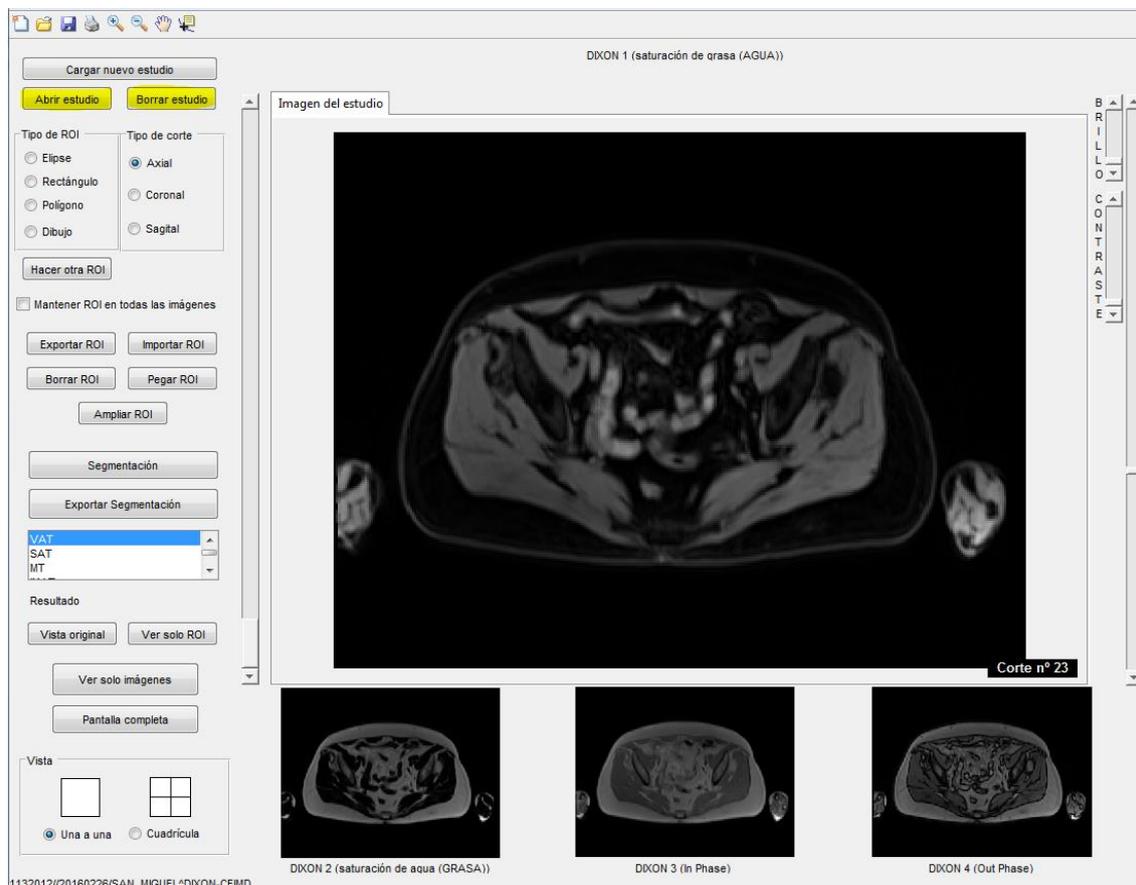


Figura A. 6 Vista inicial al abrir el estudio

A partir de este momento, lo siguiente sería seleccionar las regiones de interés. En el cuadro ‘Tipo de ROI’ están los cuatro diseños que se pueden utilizar (‘Elipse’, ‘Rectángulo’, ‘Polígono’ y ‘Dibujo’). Antes de pasar a la siguiente habrá que nombrarla para identificarla en todo momento (). Al acabar una ROI se muestra un cuadro para indicar si se quiere continuar con otra (). No obstante, si se decide que no (para navegar por los cortes o realizar cualquier otra función) se podrá añadir otra siempre que se quiera con el botón ‘Hacer otra ROI’, una cada vez ().

Al cambiar de plano de visualización, la opción que esté seleccionada de tipo de ROI se deseleccionará y se podrá escoger de nuevo entre las cuatro, para poder volver a dibujar regiones de interés una detrás de otra, si hiciera falta más de una, y sin necesidad de pulsar sobre el botón ‘Hacer otra ROI’ cada vez que se desee definir una.

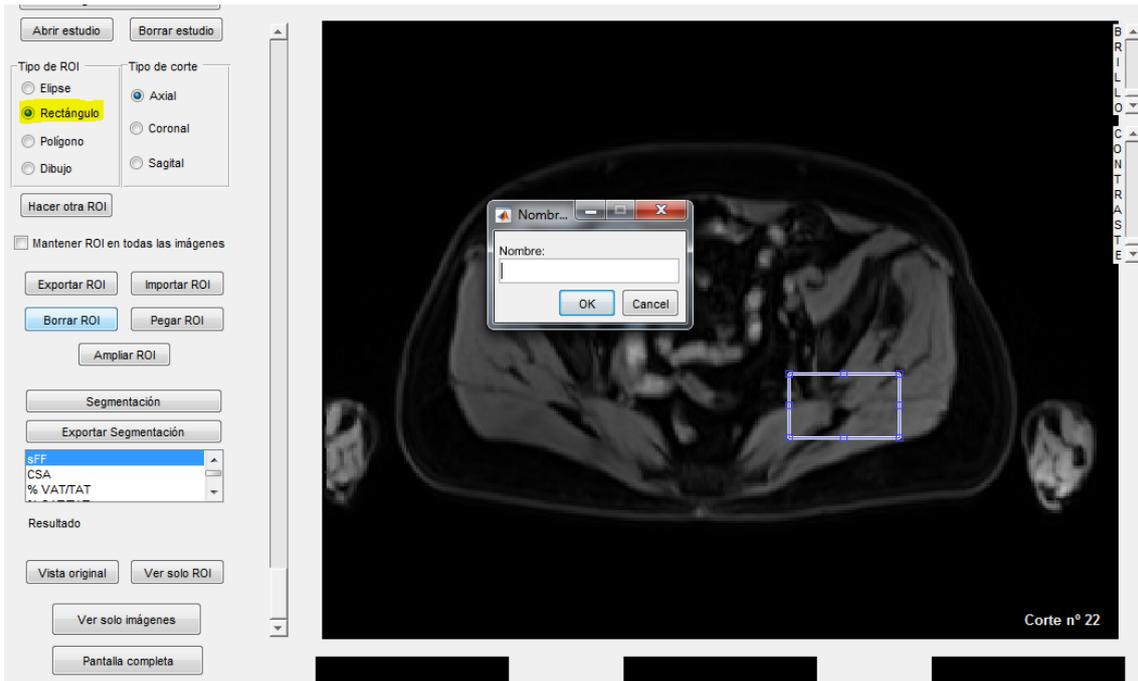


Figura A. 7 Definición de ROI (forma y nombre)

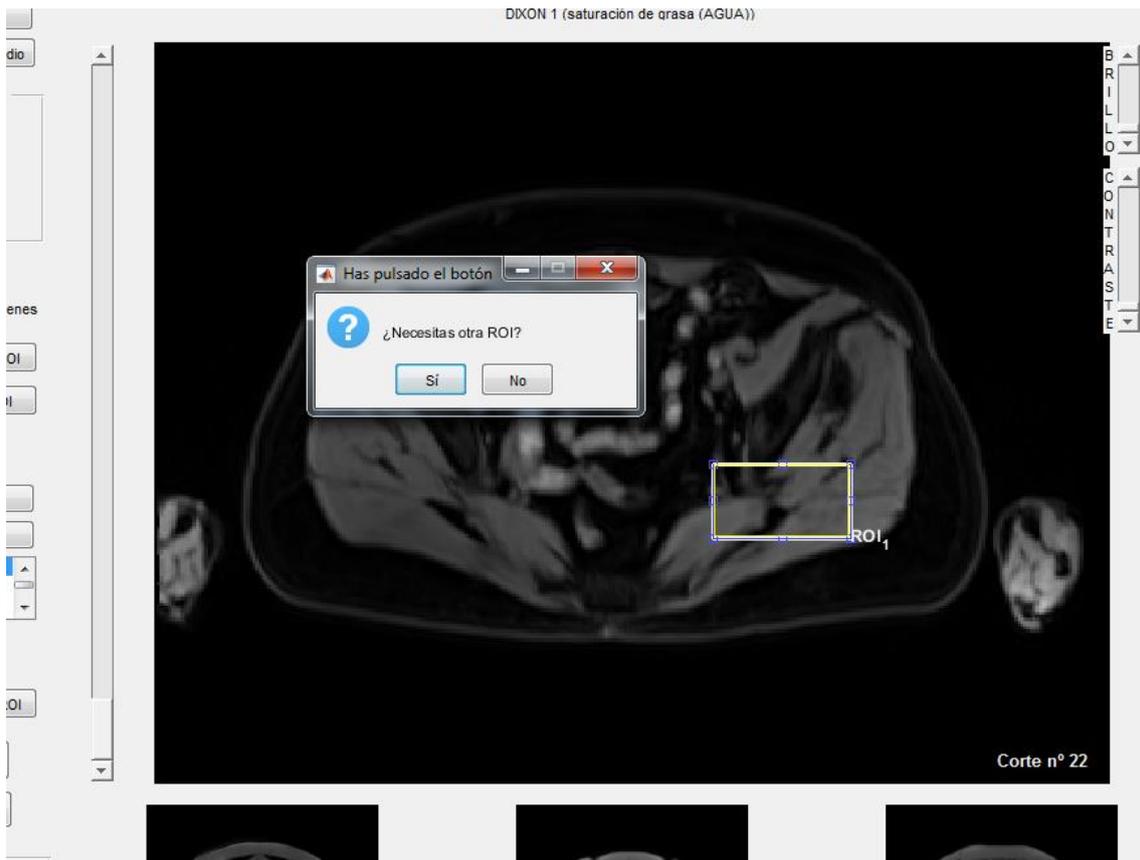


Figura A. 8 Decisión sobre hacer otra ROI

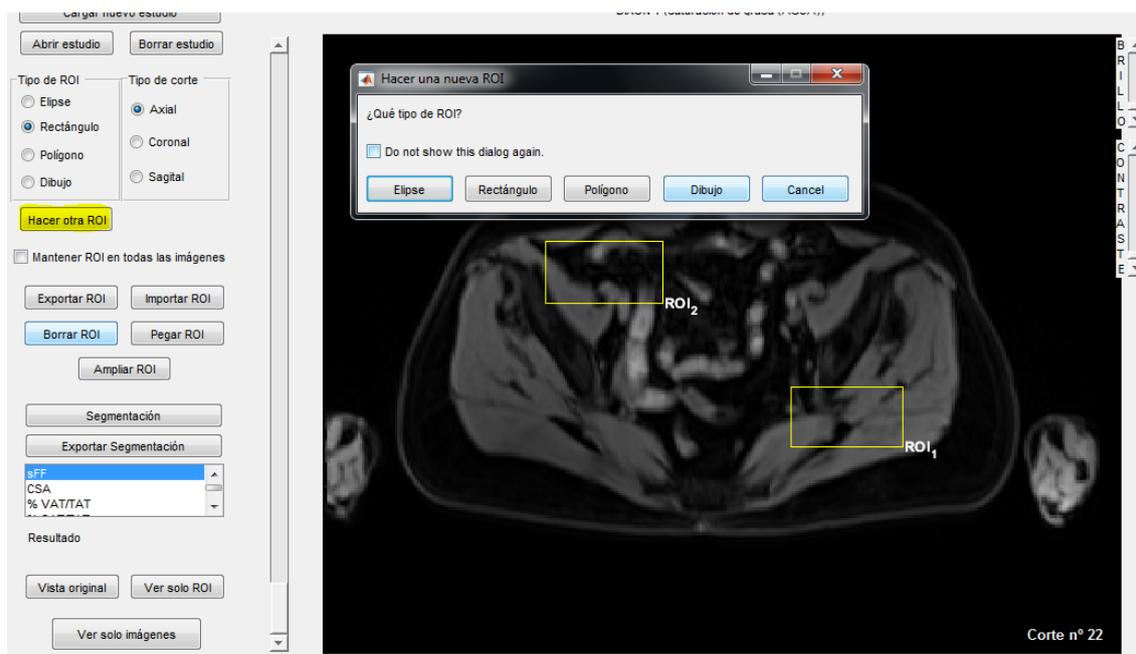


Figura A. 9 Opción 'Hacer otra ROI'

Al desplazarse por el resto de cortes, se perderán de vista las regiones de interés que hasta ese momento se habían dibujado. No obstante, siempre están disponibles para poder visualizarse con el botón 'Pegar ROI', sin necesidad de copiarlas antes (). Aunque, en caso de que el usuario no quiera perderlas de vista mientras navega por el volumen, está la opción de mantenerlas y fijarlas a la imagen, para lo cual habrá que hacer uso del botón 'Mantener ROI en todas las imágenes' (). Al seleccionar esta opción, la aplicación muestra una ventana emergente para confirmarlo, por si se ha seleccionado sin querer.

Además, se muestran todas las ROI que se hayan hecho, en cualquiera de los tres planos, proyectándose en el plano en el que se esté visualizando y pegando (ROI₁ y ROI₂ dibujadas en plano 'Axial', ROI₃ en plano 'Coronal' y ROI₄ en plano 'Sagital').

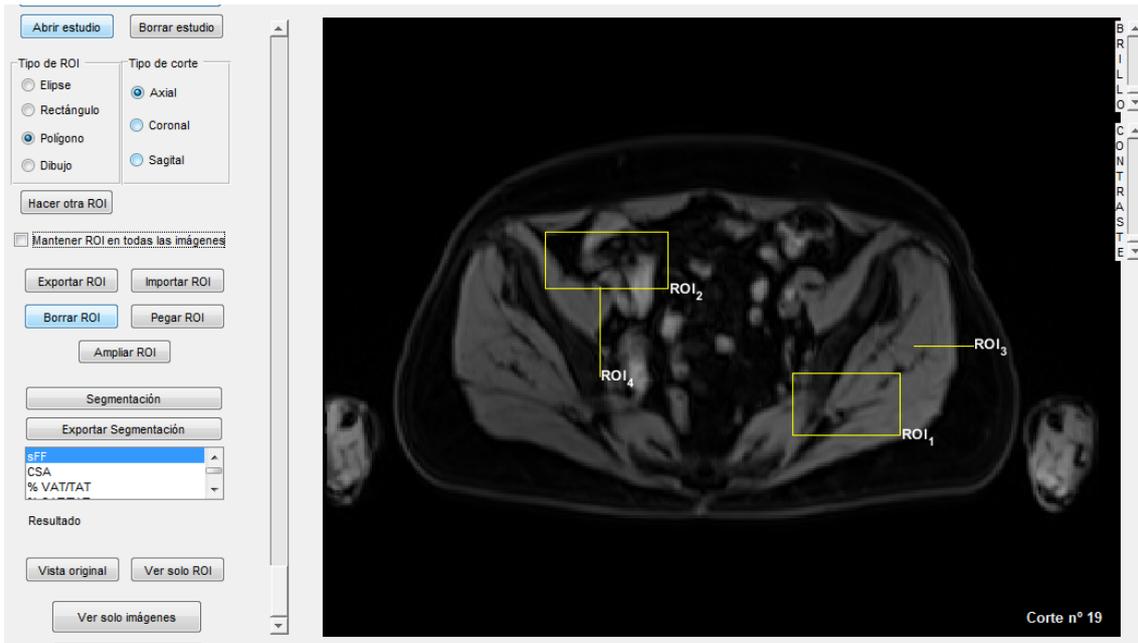


Figura A. 10 Vista en plano axial

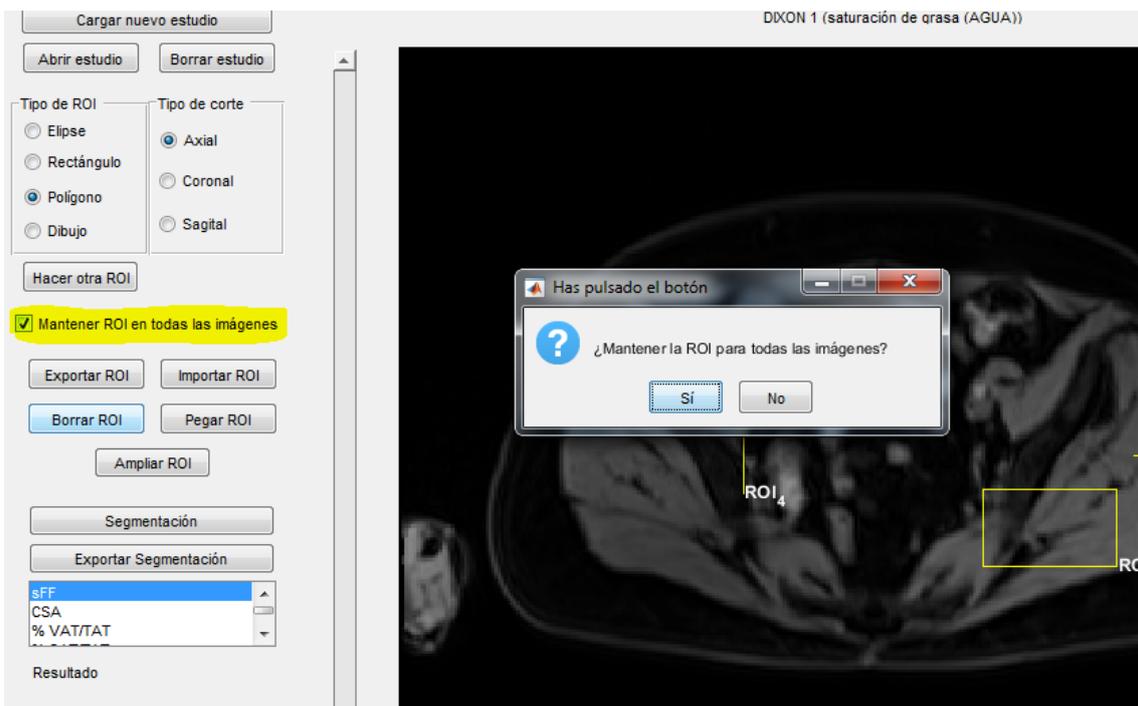


Figura A. 11 Opción 'Mantener ROI'

También está la opción de borrar las regiones que ya no hagan falta o que se hayan diseñado mal, o incluso todas de golpe, seleccionando el botón 'Borrar ROI' (). Si no se borran todas, aparece un segundo cuadro para introducir los nombres de la o las que se quiera borrar, separados con un espacio en caso de que sea más de una (y).

Diseño e implementación de una aplicación para análisis y segmentación de imágenes de estudios médicos de resonancia magnética

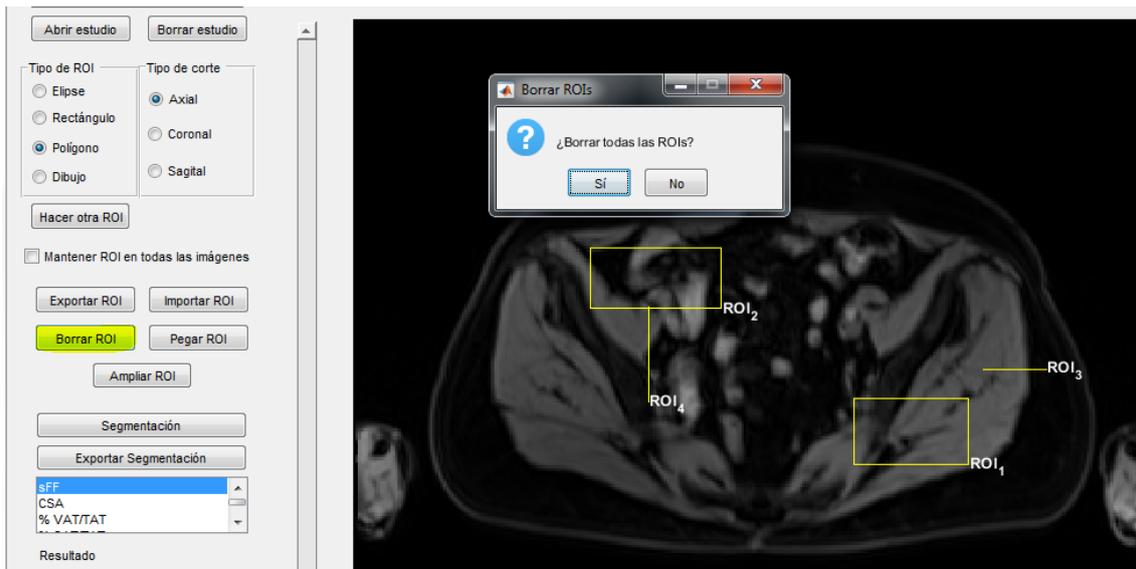


Figura A. 12 Opción 'Borrar ROI'

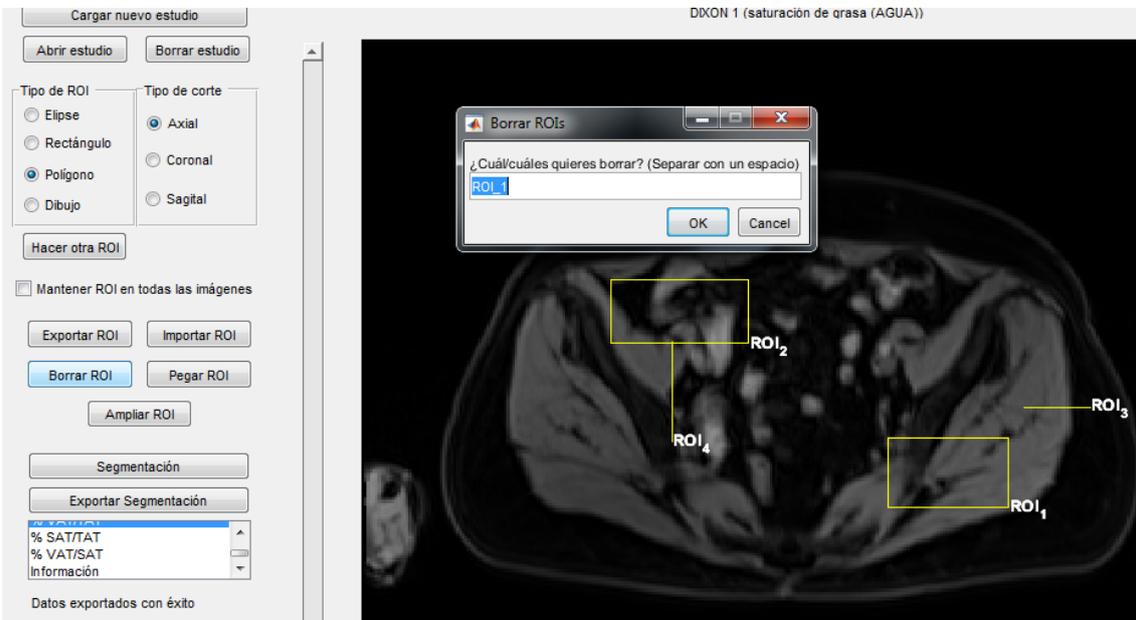


Figura A. 13 Decisión de las ROIs a borrar por separado

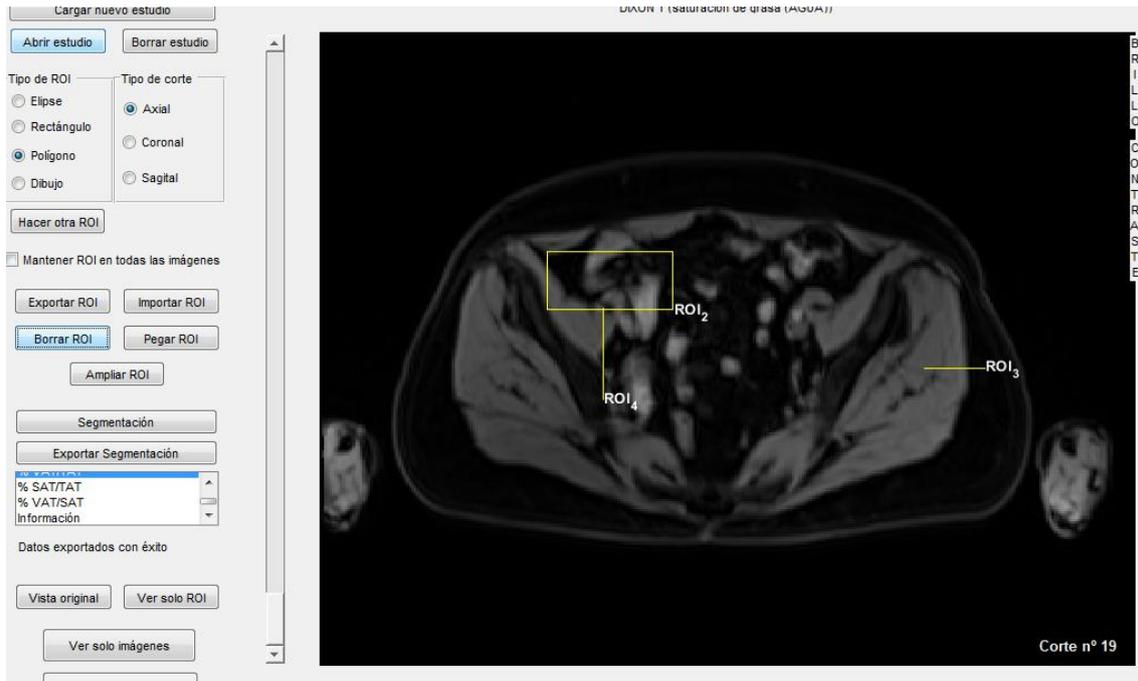


Figura A. 14 Representación de las ROIs sin la ROI borrada

La aplicación cuenta con dos botones que ayudan a decidir si el diseño de las regiones de interés que se han hecho es el deseado.

Con ‘Ver solo ROI’ cualquier parte de la imagen que no esté dentro de ellas se verá negro (). Esto puede ser útil para poder comparar mejor sobre fondo negro y ver si hay algo que se quería incluir en la ROI y que no está, o por si la información que da no es relevante. De este modo el usuario puede decidir si finalmente se queda con esa ROI o no. El texto de botón cambia y al volver a pulsarlo vuelve a mostrar la imagen entera.

Y con ‘Ampliar ROI’ () se pretende conseguir lo mismo, pero ampliando la ROI indicada (si hay más de una). Si la resolución de la imagen no es muy buena, esta opción no será de gran utilidad, especialmente para regiones que sean pequeñas, ya que la imagen ampliada se verá pixelada y difusa (). El botón quedará pulsado mientras se mantenga esta vista, lo que imposibilitará la mayor parte del resto de acciones hasta que se vuelva a pulsar y vuelva a mostrarse de nuevo la imagen entera.

Diseño e implementación de una aplicación para análisis y segmentación de imágenes de estudios médicos de resonancia magnética

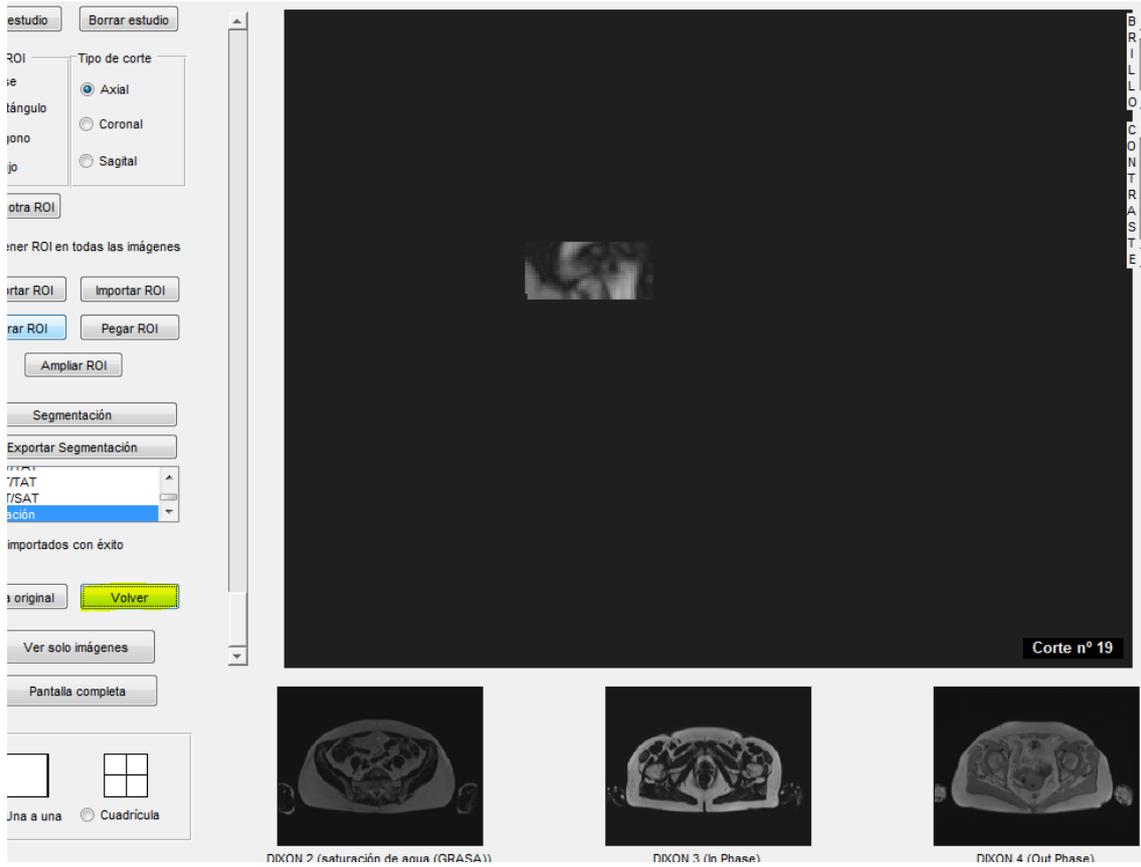


Figura A. 15 Opción 'Ver solo ROI'

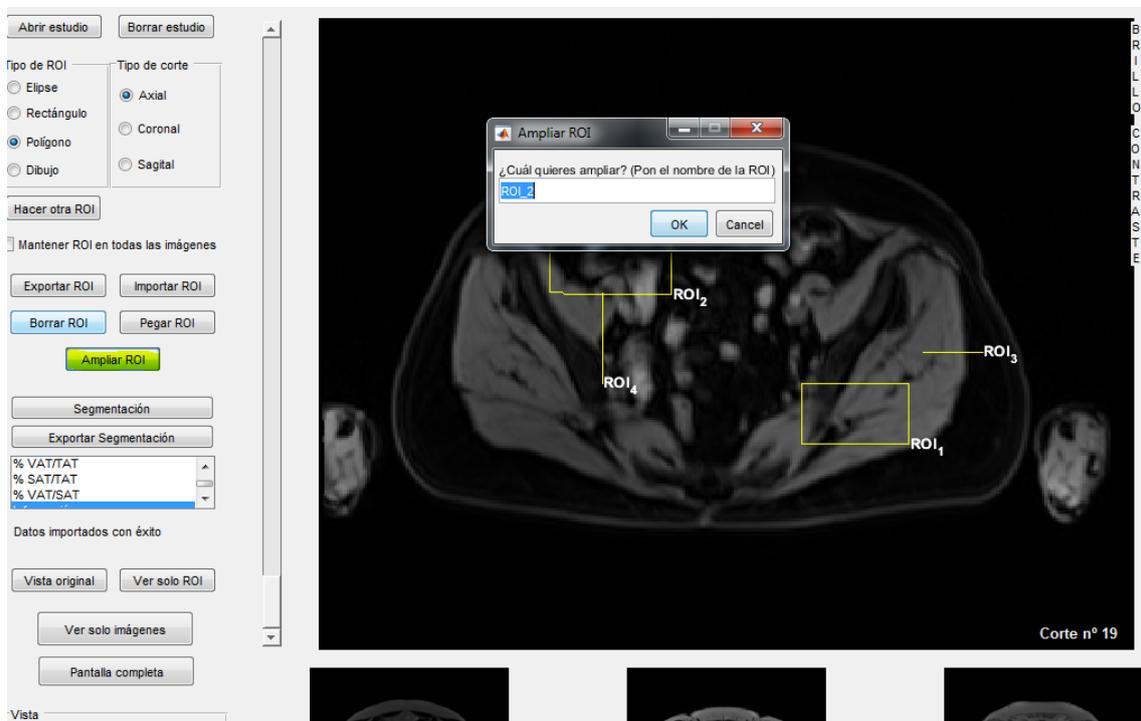


Figura A. 16 Opción 'Ampliar ROI'

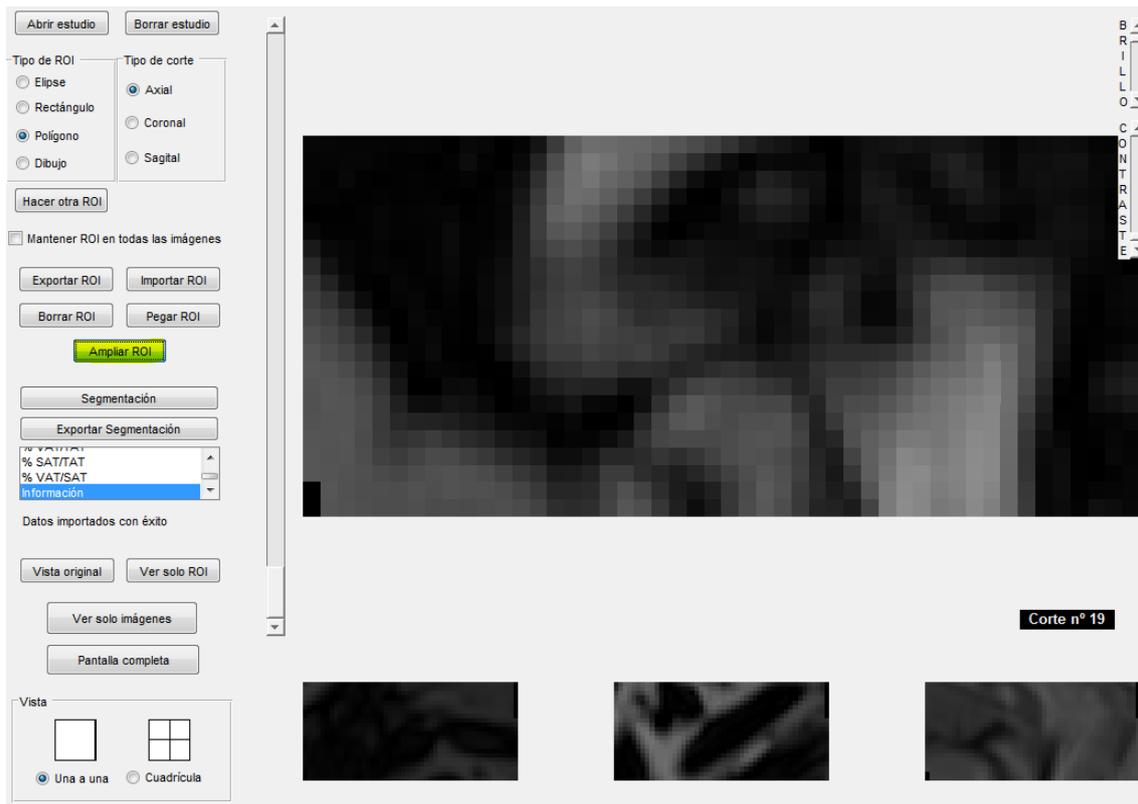


Figura A. 17 ROI ampliada

Los botones de ‘Exportar ROI’ () e ‘Importar ROI’ () son muy útiles para tener disponibles para futuros estudios las regiones de interés, como por ejemplo, cuando se quieran estudiar ciertas características en las mismas zonas de distintos pacientes y poder comparar los resultados, o para seguir el desarrollo de una enfermedad en un mismo paciente y ver cómo le afecta a lo largo del tiempo. Los nombres se crean por defecto en función de la carpeta que contenga el estudio y el plano en el que se esté en el momento de exportar, aunque pueden modificarse.

Diseño e implementación de una aplicación para análisis y segmentación de imágenes de estudios médicos de resonancia magnética

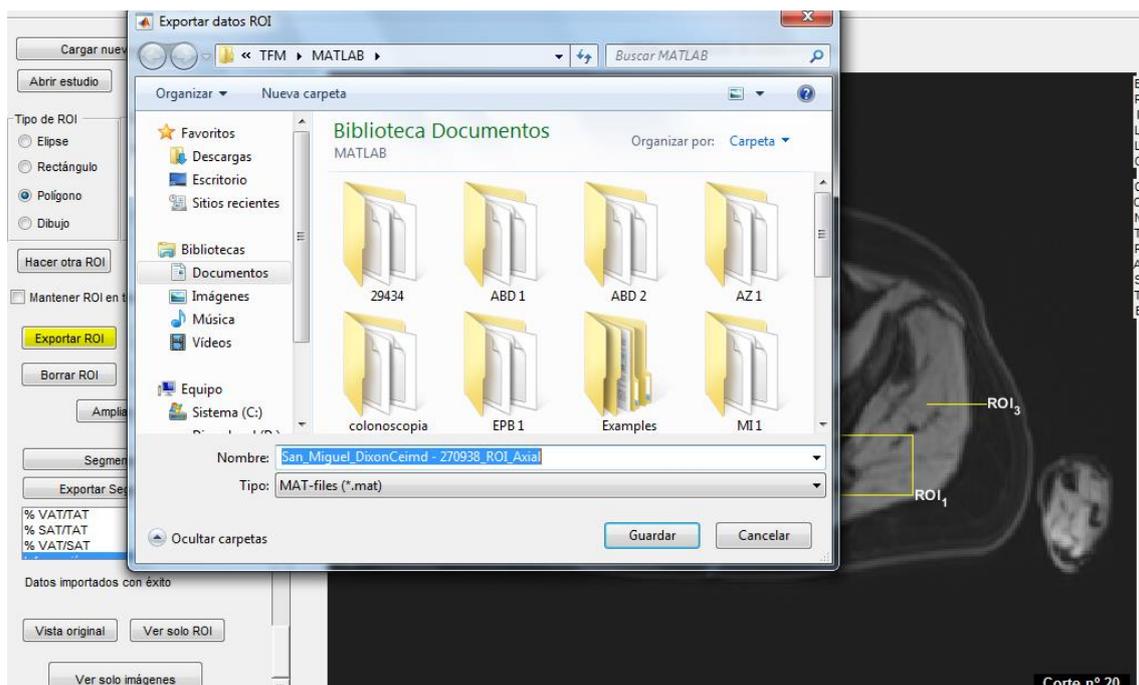


Figura A. 18 Opción 'Exportar ROI'

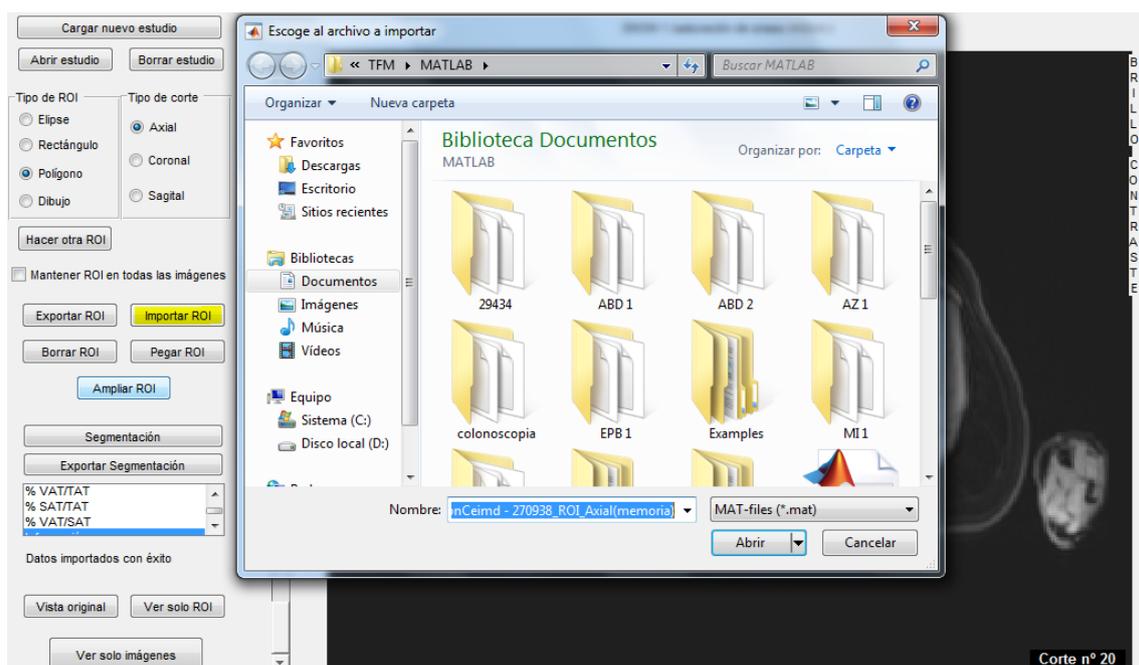


Figura A. 19 Opción 'Exportar ROI'

Y finalmente, el resto de botones son sobre todo para navegar y facilitar la vista de las imágenes en la interfaz, siempre en función de las preferencias del usuario. Además de los dos tipos de vista (las imágenes variarán su posición y tamaño pero siempre respetando el resto de dimensiones de la interfaz) también se pueden visualizar solo las imágenes, haciendo que los botones desaparezcan (“Ver solo imágenes”) o se puede maximizar a pantalla completa la ventana que contiene la interfaz (“Pantalla completa”). Pulsando sobre los títulos que identifican a cada imagen, se intercambiará dicha imagen con la principal, sobre la que se dibujan las regiones de interés y en la que se trabaja ().

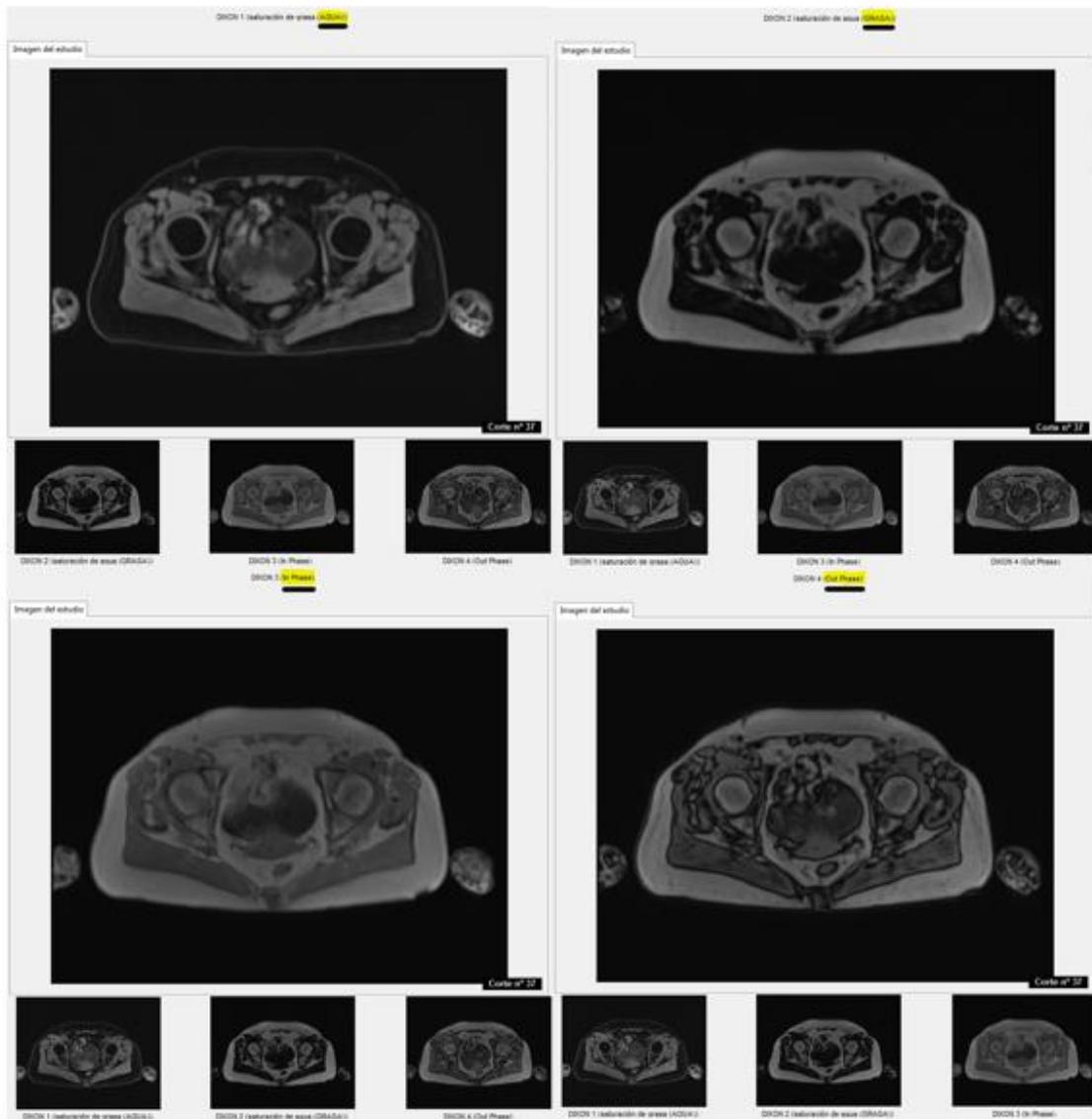


Figura A. 20 Intercambios de las imágenes entre los distintos visores

Además, hay cuatro barras de desplazamiento con las que cuales se ajusta el zoom (en un rango permitido entre el tamaño original y el doble), el contraste y la intensidad (como ya se ha explicado al comienzo de este manual), y se van viendo los distintos cortes que conforman el volumen, correspondiéndose la posición de más abajo con el primer corte y la de arriba con el último.

Y en cuanto a las posibilidades que ofrece la aplicación para poder visualizar la interfaz de diferentes maneras, hay tres opciones ():

- Vista original. Es útil cuando se ha navegado por los cortes del volumen, se han intercambiado las posiciones de las imágenes, etc., y se quiere volver a la vista del comienzo, justo después de abrirse el estudio. Es una manera de inicializar, igual que cuando se borra estudio y se vuelve abrir, pero manteniendo las regiones de interés y los valores calculados.

- Ver solo imágenes. Es como la vista en forma de cuadrícula pero ocupando toda la interfaz. La mayor parte de los botones desaparecen a excepción del texto que muestra el número de corte, los títulos de las imágenes, las barras de brillo, contraste y navegación, y el botón para volver a la vista previa.
- Pantalla completa. Maximiza el tamaño de la interfaz.

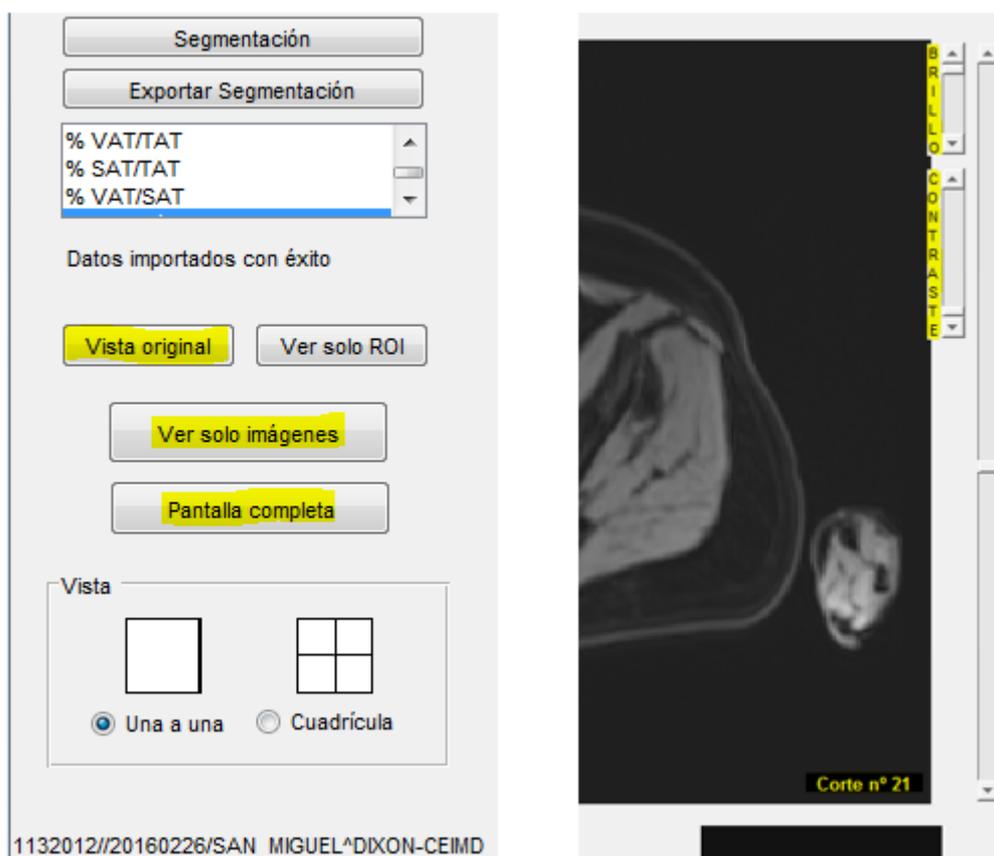


Figura A. 21 Localización de vistas y otros controles

Además, la interfaz cuenta con una pequeña barra de herramientas () con ciertas funciones como poder guardar o imprimir lo que se está visualizando en la imagen principal de la interfaz, incluyendo si tiene alguna ROI dibujada y tal y como se esté mostrando en ese momento.

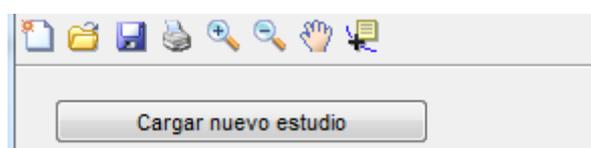


Figura A. 22 Barra de herramientas

En cuanto a la segmentación, una vez que se tienen controlados el resto de botones, su uso es muy sencillo. Hay que tener claro el tipo de segmentación que se quiere hacer, para saber si hay que calcular regiones de interés previamente o no. En el caso de querer calcular parámetros de estructuras óseas o musculares, es necesario definir las regiones de las zonas que interese estudiar, mientras que si lo que se quiere obtener son variables de las relaciones de grasa y músculo a nivel global en toda la estructura corporal,

calculando la segmentación de toda la imagen, no hay que tener ninguna ROI disponible de antemano.

Al pulsar sobre el botón de ‘Segmentación’ aparece una ventana emergente para seleccionar el tipo de segmentación que se quiere calcular ().



Figura A. 23 Primera ventana emergente de la segmentación

A continuación, habrá que dejar claro el nivel en el que se está realizando la segmentación (en el caso de las variables óseas, ya se ha dicho que se refiere a los huesos en los que se está calculando y no al nivel en sí). Una vez que se ha escogido el tipo de segmentación, aparecerá otra ventana para escoger el nivel, antes de visualizar ni obtener ningún resultado (). Aquí se exponen, de izquierda a derecha y siguiendo el orden de la ventana del tipo de segmentación, los distintos niveles que hay disponibles.

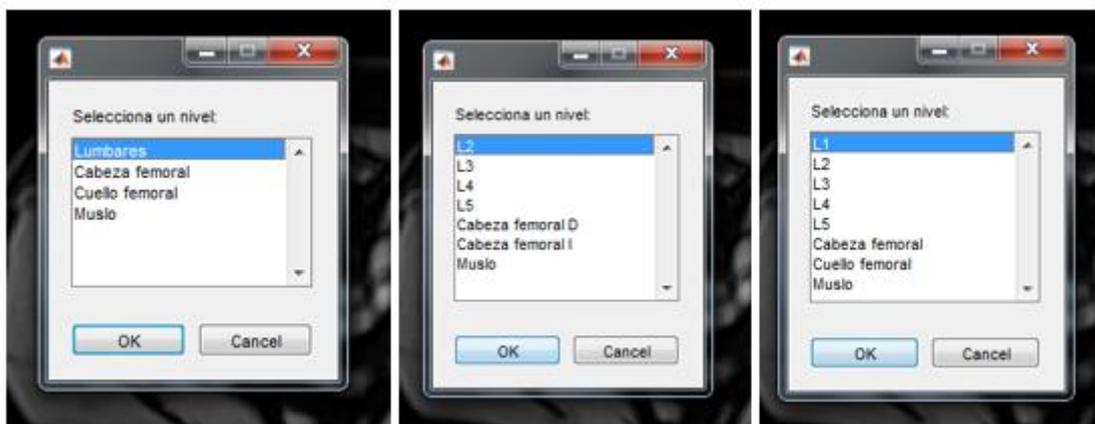


Figura A. 24 Segunda ventana emergente de la segmentación

En los casos primero y tercero, se obtendrían directamente los resultados, mientras que en el segundo caso se debe dibujar una ROI para que se pueda completar la segmentación.

Como se indica en la siguiente imagen a modo de ejemplo, la ROI dibujada tiene que ser, a grandes rasgos, el contorno definido por la mayor diferencia de niveles de gris dentro de la imagen, que se corresponde con el borde interno de la grasa subcutánea (sin

tener en cuenta los límites entre el volumen del abdomen y el fondo). Para continuar con el proceso, basta con hacer doble 'click' sobre la ROI.

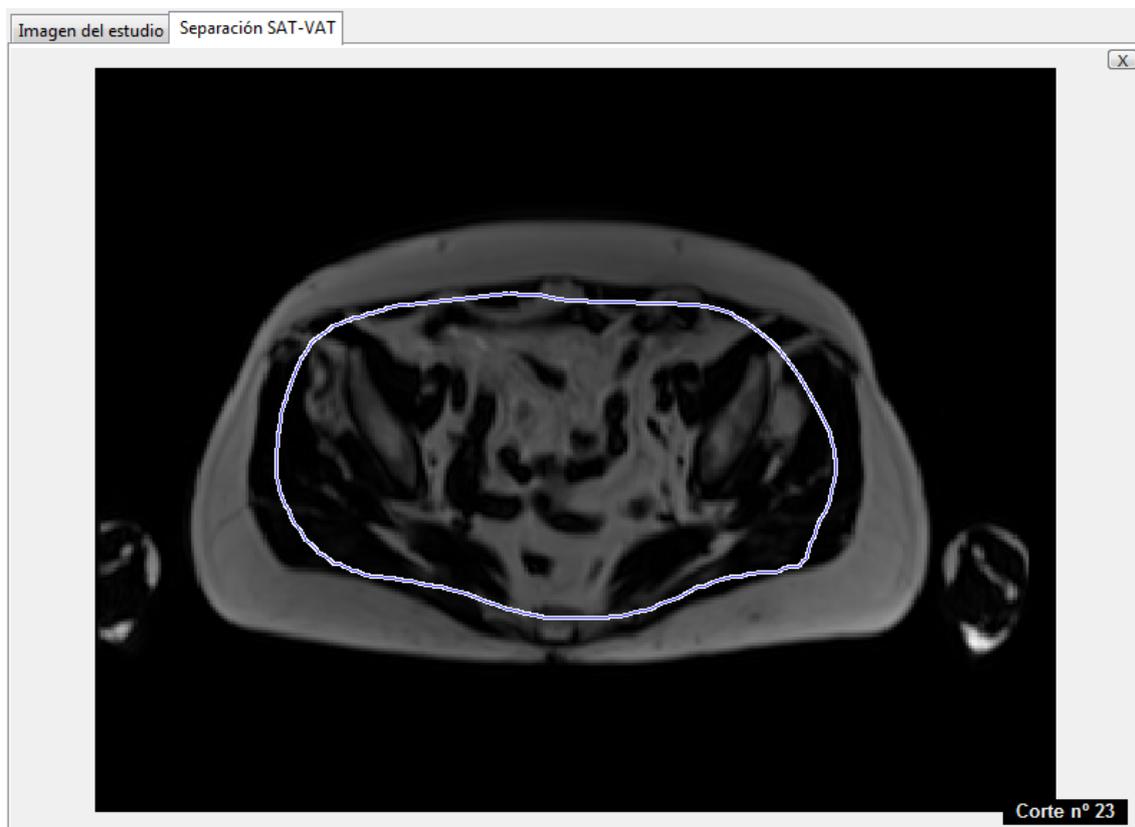


Figura A. 25 Paso intermedio de la segmentación de tipo grasa - músculo

Es posible que el usuario no esté conforme con el resultado de la segmentación. En este caso, se ofrece una herramienta para que se puedan hacer ligeras modificaciones manuales, eliminando pequeñas porciones segmentadas como grasa visceral sin serlo. Cuando se ha obtenido la imagen segmentada, basta con pulsar sobre el botón 'Limpiar / Corregir' e indicar qué grupo de píxeles modificar. A continuación, aparecerá la siguiente ventana (Figura A. 26) para decidir qué hacer con esos píxeles. Los datos obtenidos de la segmentación se modificarán también en función de esta decisión, quitándose de la parte de la grasa visceral y añadiéndose al grupo correspondiente.

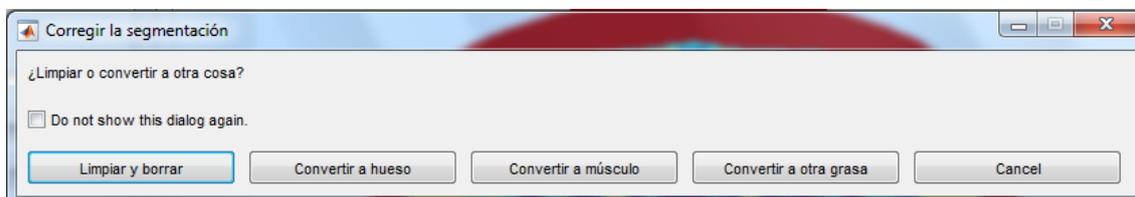


Figura A. 26 Opciones de 'Limpiar - Corregir'

Finalmente, cuando los resultados han sido calculados y modificados (sin tener en cuenta los gráficos), estos están preparados para ser exportados. Para ello habrá que utilizar el botón 'Exportar Segmentación'. Simplemente pulsando y confirmando que se quieren extraer los datos obtenidos (Figura A. 27) ya se habrán exportado al Excel

asociado al estudio con el que se esté trabajando (o se habrá creado uno nuevo en caso de que no hubiera ninguno creado para ese estudio).

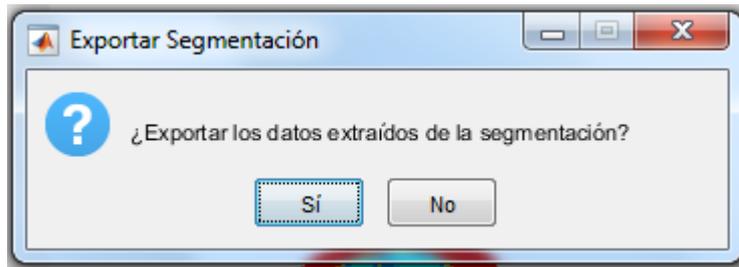


Figura A. 27 Ventana para confirmar exportación de datos de la segmentación

Se ofrece una previsualización de los datos obtenidos en la lista de “fórmulas” (Figura A. 28). De esta forma, si hay algún valor que no conviene al usuario o no tiene sentido, se puede volver a repetir el proceso sin necesidad de exportar los resultados para verlos.



Figura A. 28 Lista de fórmulas

Además, una manera útil de saber que los datos han sido exportados con éxito es utilizando la última opción de esa lista de fórmulas, ‘Información’ (Figura A. 29). Cuando el proceso ha sido completado con éxito, esta opción lo indica mostrando un escueto mensaje en la caja de texto que se encuentra justo debajo. Esta información no solo indica que no ha habido ningún problema con la exportación, sino que también muestra un mensaje cuando todo ha ido en orden durante el proceso de la segmentación, y cuando se exportan o se importan datos referentes a las regiones de interés.

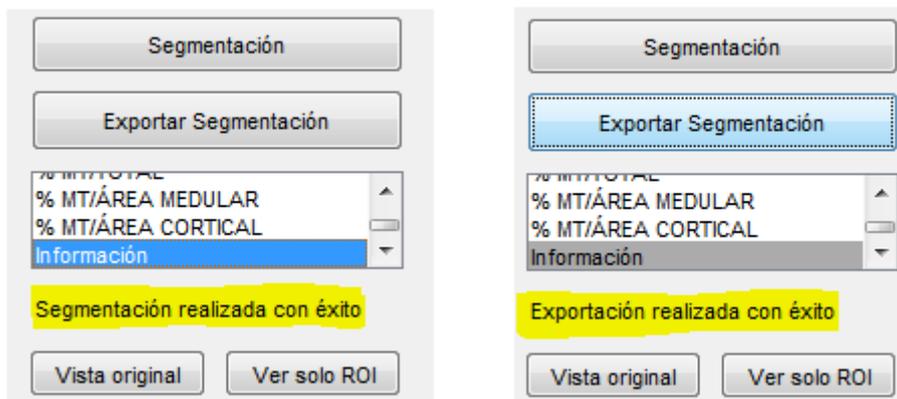


Figura A. 29 Información de las principales acciones

Anexo 2. Diagrama de flujo

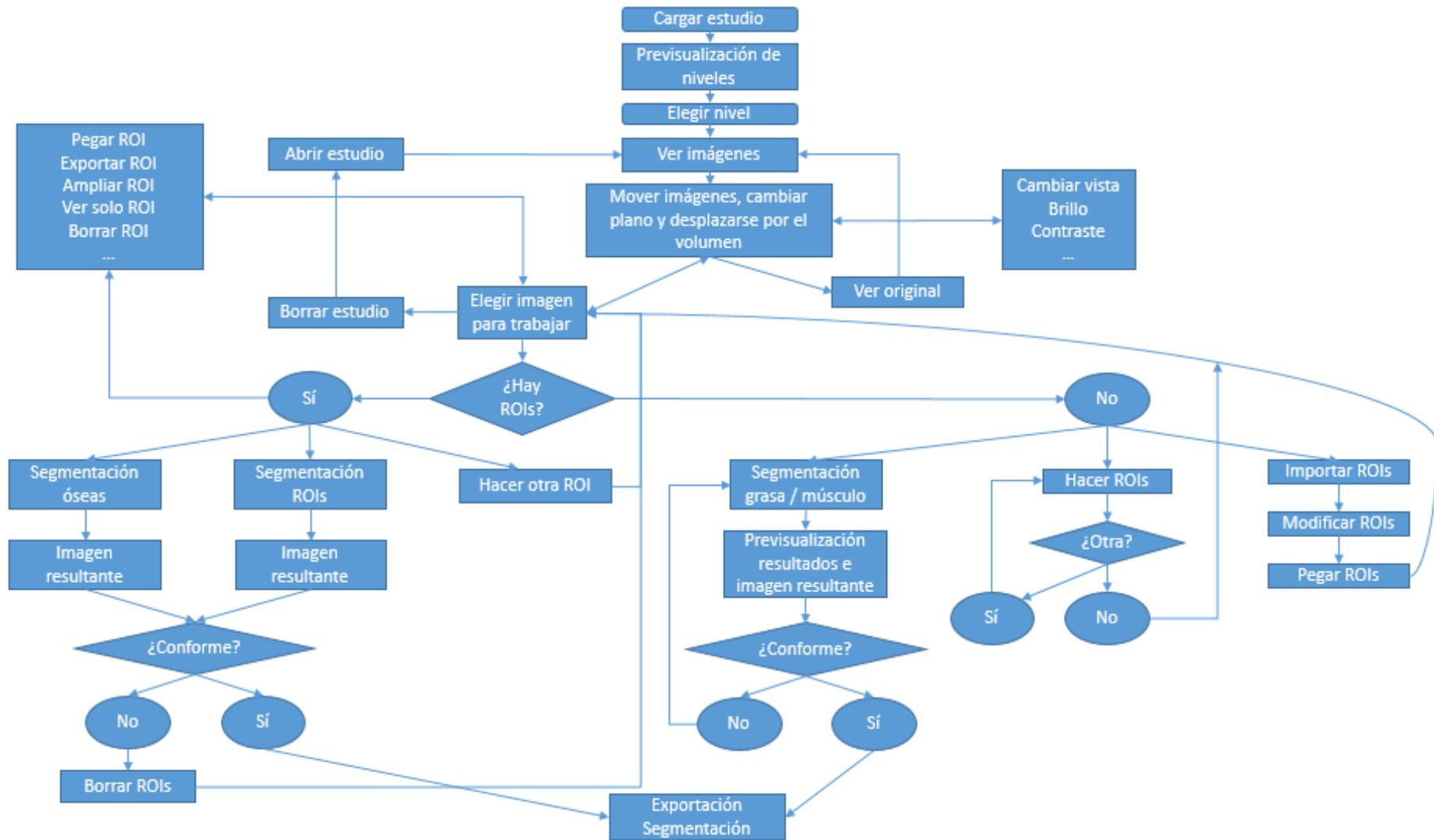


Figura A. 30 Diagrama de flujo de la aplicación