

UNIVERSIDAD NACIONAL DE EDUCACIÓN A DISTANCIA (UNED)

E.T.S. DE INGENIERÍA INFORMÁTICA

Máster universitario de Investigación en Ingeniería de Software y Sistemas Informáticos Itinerario: Ingeniería de Sistemas Informáticos

TRABAJO FIN DE MASTER

(Código 31105151)

Segmentación Automática de Prótesis de Rodilla en Radiografías: Estudio Comparativo y Propuesta Metodológica

> Autor: Directores:

Carlos Otero López Pedro Javier Herrera Caro Pablo Mesejo Santiago

Septiembre de 2017

Máster universitario de Investigación en Ingeniería de Software y Sistemas Informáticos Itinerario: Ingeniería de Sistemas Informáticos

> TRABAJO FIN DE MASTER (Código 31105151)

Título del Trabajo Fin de Máster:

SEGMENTACIÓN AUTOMÁTICA DE PRÓTESIS DE RODILLA EN RADIOGRAFÍAS: ESTUDIO COMPARATIVO Y PROPUESTA METODOLÓGICA

Nombre del Alumno: Nombre de los directores: Carlos Otero López Pedro Javier Herrera Caro Pablo Mesejo Santiago

Miembros del	I ribunal
--------------	------------------

Fecha de Lectura y Defensa

Calificación

DECLARACIÓN JURADA DE AUTORÍA DEL TRABAJO CIENTÍFICO, PARA LA DEFENSA DEL TRABAJO FIN DE MASTER

Fecha: 06/09/2017

Quién suscribe:

Autor(a):Carlos Otero López D.N.I/N.I.E/Pasaporte.: 44814659X

Hace constar que es la autor(a) del trabajo:

Segmentación	Automática	de	Prótesis	de	Rodilla	en
Radiografías:	Estudio	Comparativo		У	Propuesta	
Metodológica						

En tal sentido, manifiesto la originalidad de la conceptualización del trabajo, interpretación de datos y la elaboración de las conclusiones, dejando establecido que aquellos aportes intelectuales de otros autores, se han referenciado debidamente en el texto de dicho trabajo.

DECLARACIÓN:

- ✓ Garantizo que el trabajo que remito es un documento original y no ha sido publicado, total ni parcialmente por otros autores, en soporte papel ni en formato digital.
- ✓ Certifico que he contribuido directamente al contenido intelectual de este manuscrito, a la génesis y análisis de sus datos, por lo cual estoy en condiciones de hacerme públicamente responsable de él.
- ✓ No he incurrido en fraude científico, plagio o vicios de autoría; en caso contrario, aceptaré las medidas disciplinarias sancionadoras que correspondan.

Fdo.

1 en 4



IMPRESO TFDM05_AUTOR AUTORIZACIÓN DE PUBLICACIÓN CON FINES ACADÉMICOS



Impreso TFdM05_Autor. Autorización de publicación

y difusión del TFdM para fines académicos

Autorización

Autorizo/amos a la Universidad Nacional de Educación a Distancia a difundir y utilizar, con fines académicos, no comerciales y mencionando expresamente a sus autores, tanto la memoria de este Trabajo Fin de Máster, como el código, la documentación y/o el prototipo desarrollado.

Firma del/los Autor/es

Juan del Rosal, 16 28040, Madrid

Tel: 91 398 89 10 Fax: 91 398 89 09

www.issi.uned.es

Resumen

El objetivo general de este trabajo fin de máster es el desarrollo de un algoritmo de segmentación de prótesis de rodilla en radiografías que sea sencillo, rápido, preciso, robusto y automático. Este ambicioso objetivo general, se descompone en dos más específicos: en primer lugar, estudiar en profundidad la problemática y la literatura existente; en segundo, realizar el diseño, implementación y experimentación de un algoritmo de segmentación que resuelva el problema propuesto atendiendo a los requisitos mencionados.

El conjunto de datos utilizados en este trabajo consta de 167 imágenes reales (es decir, no se trata de imágenes sintéticas o generadas ad hoc para este trabajo), que incluyen a su vez 30 modelos protésicos diferentes. Este conjunto de imágenes es menos homogéneo de lo que en un principio se podría pensar. La variabilidad en el contraste y calidad de la imagen, en el tamaño y orientación de la prótesis, y en los distintos componentes protésicos, sólo por mencionar algunos aspectos, complican la tarea de forma significativa.

Una revisión atenta de la literatura relacionada ha mostrado que no existe ningún artículo o informe que aborde exactamente la misma problemática, por lo que el trabajo actual debe ser considerado como novedoso. Por otro lado, el estudio comparativo de diversos métodos de segmentación ha revelado que el algoritmo más adecuado para la resolución del problema en cuestión es el de Crecimiento de Regiones. Otros métodos probados han sido: Umbralización, Otsu, K-Medias, Watershed, Chan and Vese y Contornos Activos Geodésicos.

La solución propuesta, basada en el algoritmo de Crecimiento de Regiones, es totalmente automática y sencilla de transferir e implementar. Incluye un algoritmo de localización automática de las semillas iniciales, basado en las propiedades geométricas de las radiografías del *dataset* (bajo la hipótesis de que éste es representativo de la casuística real), así como una función de ajuste que rechaza automáticamente las segmentaciones resultantes erróneas (con una tasa de acierto en torno al 90%). El algoritmo diseñado e implementado es capaz de segmentar correctamente de modo completamente automático 105 de las 167 imágenes, esto es el 62,9% del *dataset*, con un Coeficiente de Dice, al menos, de 0,9 en todos los casos. En 62 imágenes, la función de ajuste decidió rechazar la segmentación por considerarla insuficientemente buena. Conviene recordar que se trata de un método completamente automático y que, tras

incluir ciertas mejoras (especificadas en los trabajos futuros), podría llegar a ser utilizado en la práctica clínica, en donde aquellas radiografías cuyas segmentaciones fuesen consideradas erróneas podrían ser resueltas mediante un proceso de segmentación semi-automático, en el que el traumatólogo debería introducir una semilla manualmente en cada componente protésico. Incluyendo segmentación semi-automática, otras 40 imágenes podrían ser segmentadas correctamente (con un Coeficiente de Dice medio de 0,894), de modo que el 87% del *dataset* podría ser resuelto con esta combinación de segmentación automática (105 imágenes) y semi-automática (40 imágenes).

Palabras clave

Visión por Computador, Segmentación de Imágenes, Análisis de Imágenes Biomédicas, Algoritmo de Crecimiento de Regiones, Radiografías, Prótesis de Rodilla.

ÍNDICE

1.	INTR	ODUCCIÓN	13
	1.1.	Μοτιναςιόν	13
	1.2.	OBJETIVOS	16
	1.3.	ANTECEDENTES	17
	1.4.	ORGANIZACIÓN DEL DOCUMENTO	22
2.	FUN	DAMENTOS TEÓRICOS	23
	2.1.	Segmentación de Imágenes	23
	2.1.1.	MÉTODOS ESPECÍFICOS UTILIZADOS	26
	2.1.1.1.	Método de umbral de Otsu	26
	2.1.1.2.	K-Medias	27
	2.1.1.3.	WATERSHED	27
	2.1.1.4.	Algoritmo de Chan and Vese	27
	2.1.1.5.	Contornos Activos Geodésicos	27
	2.1.1.6.	CRECIMIENTO DE REGIONES	28
	2.2.	Imágenes Médicas	30
	2.2.1.	Radiografías	31
	2.3.	Prótesis	32
3.	DATO	DS Y MÉTRICAS	35
	3.1.	DATASET	35
	3.2.	MÉTRICAS PARA EVALUAR LA CALIDAD DE LA SEGMENTACIÓN	40
4.	EXPE	RIMENTACIÓN PRELIMINAR Y SOLUCIÓN PROPUESTA	42
	4.1.	Scripts y Entorno de Ejecución	42
	4.2.	EXPERIMENTOS PRELIMINARES	44
	4.2.1.	COMPARATIVA INICIAL GLOBAL	44
	4.2.2.	ROBUSTEZ AL PARÁMETRO DE SENSIBILIDAD DEL ALGORITMO DE CRECIMIENTO DE REGIONES	45
	4.2.3.	ROBUSTEZ A LA LOCALIZACIÓN INICIAL DE LAS SEMILLAS DEL ALGORITMO DE CRECIMIENTO DE REGIONES	46
	4.2.4.	ESTRATEGIAS ÓPTIMAS PARA SEGMENTAR TODO EL CONJUNTO DE DATOS	47
	4.3.	Solución propuesta: Crecimiento de Regiones usando inicialización automática de semillas y	
	EVALUACI	ÓN DE LA CALIDAD DE LA SEGMENTACIÓN	49
5.	EXPE	RIMENTACIÓN	55
	5.1.	Evaluación de la inicialización automática de semillas	55
	5.2.	Evaluación de la función de ajuste a partir de la segmentación proporcionada por el algoritm	10
		MIENTO DE REGIONES.	. 55

	5.3.	EVALUACIÓN DE LA SOLUCIÓN PROPUESTA EN SU CONJUNTO	.56
6.	CON	CLUSIONES	.62
7.	TRAE	BAJOS FUTUROS	.64
BII	BLIOGRA	\FÍA	.67

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1 Ejemplo de funcionamiento del algoritmo Crecimiento de Regiones. En la
figura (a) vemos la imagen original con la semilla inicial en rojo. De la (b) a la (e)
podemos seguir el proceso de segmentación del algoritmo. La imagen (e) muestra la
prótesis completamente segmentada
Figura 2 Segmentación a nivel de píxel. En (a) podemos observar marcado en rojo el
píxel que se está analizando. En (b) el vecindario del píxel analizado, con los valores de
gris de los mismos así como del valor medio de la región segmentada
Figura 3 (a) Prótesis de rodilla monocompartimental o unicompartimental. (b) Prótesis
de rodilla tricompartimental o total
Figura 4. Componentes de una Prótesis de Rodilla
Figura 5 Radiografías características donde podemos ver: (a) una imagen con un
contraste alto; (b) una con un contraste muy bajo; (c) un ejemplo de prótesis con un solo
componente; y (d) una prótesis con dos componentes
Figure 6 Radiografías características donde podemos ver: (a) una radiografía de las dos
piernas; (b) una de perfil; (c) un ejemplo de imagen en sentido inverso; y (d) una
imagen con ruido de sal y pimienta
imagen con ruido de sal y pimienta
 imagen con ruido de sal y pimienta
imagen con ruido de sal y pimienta
imagen con ruido de sal y pimienta
imagen con ruido de sal y pimienta
imagen con ruido de sal y pimienta
imagen con ruido de sal y pimienta
imagen con ruido de sal y pimienta
imagen con ruido de sal y pimienta
imagen con ruido de sal y pimienta
imagen con ruido de sal y pimienta
imagen con ruido de sal y pimienta
imagen con ruido de sal y pimienta

segmentación. (a) imagen original a segmentar; (b) y (c) resultado de la segmentación

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1 Modalidades de imagen médica. Esta tabla fue originalmente desarrollada por Miguel Ángel Peinado Montes (Servicio de Física Médica y Protección Radiológica, Hospital Universitario Central de Asturias). De izquierda a derecha: RayosX (RX), Fluoroscopia (Fluoro), Imagen Molecular (MI), Ultrasonidos (US), Tomografía Axial Tabla 2 Resultados DSC y HD de las segmentaciones usando diferentes algoritmos. CV, GAC y CR se corresponden con los algoritmos de Chand and Vese, Contornos Activos Geodésicos y Crecimiento de Regiones. En negrita está el mejor resultado para cada columna. Téngase en cuenta que los mejores resultados van asociados a un mayor DSC Tabla 3 Resultados obtenidos al ejecutar el algoritmo de Crecimiento de Regiones sobre todo el dataset con diferentes parámetros de control: 10, 30, 50, 70 y 90. En negrita está el mejor resultado para cada columna. Téngase en cuenta que los mejores resultados van Tabla 4 Resumen de las principales estrategias utilizadas junto con el número de imágenes resueltas por cada una. Esta tabla pretende resumir de modo sintético las principales "familias" de estrategias utilizadas para resolver el dataset. Es importante destacar que algunas de estas cuatro estrategias se subdividirían en otras más específicas, pero hemos decidido aglutinar estrategias similares dentro del mismo grupo Tabla 5 Resultados obtenidos con la solución propuesta, una solución semiautomática y una manual. Los resultados de la solución automática propuesta corresponden a las 105 imágenes del dataset que nuestro método ha sido capaz de segmentar bien y clasificar correctamente a través de la función de ajuste. Los resultados de la solución semiautomática engloban los resultados de las 105 imágenes resueltas mediante nuestro método automatico mas las 62 restantes procesadas con una localizacion de semillas manual. Los resultados de la solución manual muestran los valores obtenidos mediante

1. INTRODUCCIÓN

1.1. Motivación

El presente Trabajo Fin de Máster se ubica dentro del campo de investigación en visión por computador, y más concretamente, en segmentación de imágenes biomédicas. La segmentación de imágenes puede ser definida como la delimitación de los bordes de un objeto dentro de una imagen o, en otras palabras, la partición de una imagen en regiones disjuntas siguiendo algún criterio (como homogeneidad de niveles de gris, color, o textura) (Pajares & Cruz, 2007). Por otro lado, se puede decir que las imágenes biomédicas son todas aquellas representaciones visuales de células, tejidos y órganos tanto de seres humanos como de otros animales (muy habitualmente ratones), para el diagnóstico clínico (procedimientos médicos dirigidos a diagnosticar enfermedades) o la ciencia biomédica (incluyendo el estudio de la anatomía, la patología y la fisiología).

Las técnicas de análisis de imagen biomédica son un elemento central de muchas de las tecnologías diagnósticas y terapéuticas de hoy en día, en las que las soluciones computacionales ofrecen la oportunidad de obtener mediciones cuantitativas, que pueden contribuir a asistir al profesional médico de cara a ofrecer un más rápido y, posiblemente, más preciso diagnóstico (Paragios y col., 2015). Es importante destacar el papel crítico que desempeñan los algoritmos de segmentación en las tareas de análisis de la imagen médica, ya que permiten identificar automáticamente estructuras anatómicas y otras regiones de interés, así como reducir significativamente la carga de trabajo de los operadores humanos (McInerney & Terzopoulos, 1996). Tales algoritmos son hoy en día el núcleo de múltiples tareas, como la cuantificación y la medición de volúmenes anatómicos (Heimann & Meinzer, 2009), la detección y localización de patologías (Mesejo y col., 2013) o la cirugía asistida por ordenador (computer-assisted surgery) (Collins y col., 2015). Además, otro motivo para el desarrollo de algoritmos de segmentación más rápidos, precisos y automáticos, puede encontrarse en el hecho de que la segmentación manual no sólo es tediosa y requiere mucho tiempo sino que también puede ser imprecisa (nos referimos, por ejemplo, a los errores cometidos por operadores humanos debido a la fatiga al anotar miles de imágenes manualmente).

Más específicamente, el objeto de este trabajo fin de Máster es la segmentación de prótesis de rodilla a partir de radiografías. Una prótesis es un

implante que se coloca en la articulación dañada y que una vez en su sitio permite la movilidad de la articulación eliminando el dolor. Existen básicamente dos tipos de prótesis: las totales, en las que se sustituye completamente la articulación enferma, incluyendo la rótula, y las prótesis unicompartimentales (Borus & Thornhill, 2008), que se aplican en lesiones circunscritas y bien delimitadas de la rodilla. La artroplastia¹ de rodilla ayuda de forma considerable a mejorar la función, eliminar el dolor y a proporcionar una mejor calidad de vida a los pacientes afectados de alteraciones degenerativas en dicha articulación (Van Manen y col., 2012). Por todo ello, el número de prótesis de rodilla implantadas ha aumentado de forma notable, y si la prótesis es inestable o está implantada en mala posición habrá que proceder a su revisión y, probablemente, a la consiguiente implantación de un nuevo modelo (Ortega y col., 2002). Debido a ello, un algoritmo preciso y rápido que caracterizase los distintos modelos de prótesis existentes sería más que bienvenido por la comunidad médica.

Algunos datos pueden ayudar a ilustrar la importancia de la tarea en cuestión.

- En España la progresión en el número de prótesis pasó de 12.500 en el año 1995 a 25.000 en el año 2000 (Ortega y col., 2002). Según los datos elaborados por el Atlas de Variaciones en la Práctica Médica, en España, en el período 2002-2012 el número de intervenciones aumentó en un 30%, practicándose un total de 42.451 operaciones de prótesis de rodilla en el año 2012. En 2014 la cifra alcanzó las 45.000 (Waldemar, 2017).
- Según los datos ofrecidos en el XXXIV Congreso de la Asociación Española de Artroscopia y XXXV Congreso de la Sociedad Española de Rodilla, el 90% de prótesis de rodillas anuales que se implantan en España se programan para corregir los efectos de la artrosis, enfermedad degenerativa cuya prevalencia en España en los mayores de 20 años es de un 10,2% en la rodilla, alcanzando hasta 30% en mayores de 60 años (EuropaPress, 2016). Teniendo en cuenta el progresivo envejecimiento de la población, parece lógico estimar un crecimiento de las mismas en los próximos años.

¹ La artroplastia es la operación quirúrgica que tiene por objeto la reconstrucción de una articulación destruida o anquilosada, mediante la resección de las superficies articulares y la interposición de una prótesis para recuperar la función y suprimir el dolor. Las intervenciones más habituales que se realizan en las extremidades superiores son las de hombro y codo, y en las inferiores, las de cadera y rodilla.

Se preveía que el número de cirugías de revisión de artroplastia total de rodilla se duplicase en EE.UU. en la década 2005-2015, con un aumento del 600% en el año 2030 (Kurtz y col., 2007). Numerosos artículos e informes redundan en la idea, sea asumiéndolo como premisa o aseverándolo a partir de proyecciones basadas en los datos existentes, de que las intervenciones de prótesis de rodilla no pararán de aumentar en las próximas décadas (Kurtz y col., 2011; Pabinger y col., 2013; Culliford y col., 2015). En comparación con la artroplastia total de rodilla primaria, las intervenciones de revisión son más exigentes técnicamente y presentan mayor riesgo de complicaciones. Por eso, es necesario que los cirujanos efectúen una buena valoración, comprendan las causas del fracaso, conozcan la técnica de la reconstrucción quirúrgica y los resultados que se pueden esperar con una artroplastia total de rodilla de revisión (Meneghini, 2012). En Alemania, por ejemplo, más de 100.000 pacientes al año son intervenidos quirúrgicamente para el implante de una prótesis de rodilla. Y, desde 1994-1995 y durante 10 años, el número de reemplazos de cadera y rodilla ha experimentado un aumento del 94% en Australia, del 87% en Canadá, e incrementos similares se han observado en otros países como Nueva Zelanda o Suecia. En estos países, la tasa de reemplazos de rodilla es de unos 100 por cada 100.000 individuos (AOA, 2006; CIHI, 2006).

Un algoritmo de segmentación suficientemente preciso y robusto representaría un primer paso de cara a desarrollar un sistema de reconocimiento automático de modelos de prótesis de rodilla a partir de una (o más) radiografía(s). La situación ideal sería la siguiente: hacer una fotografía con un dispositivo móvil a una radiografía y que el sistema devolviese el modelo protésico con información detallada del mismo. Desde un punto de vista práctico, no resulta difícil imaginar situaciones en donde un sistema como el descrito fuese útil o necesario. Piénsese, por ejemplo, en grandes ciudades con un alto porcentaje de población inmigrante con prótesis no implantadas por los mismos médicos que realizan el seguimiento, o en ciertos sistemas sanitarios donde no haya un registro de pacientes adecuado. En estos casos, el conocer rápidamente el tipo de prótesis que tiene un paciente ahorraría tiempo y dinero.

1.2. Objetivos

El objetivo general de este trabajo de investigación es, como se ha mencionado con anterioridad, el desarrollo de un algoritmo de segmentación de prótesis de rodilla en radiografías. Dicho algoritmo de segmentación debe presentar las siguientes características:

- ser sencillo, en aras de que sea al menos relativamente fácil de transferir (esto es, que sea comprensible y, por tanto, fácilmente implementable por otros). Por otro lado, tal y como establece el principio de parsimonia (también conocido como navaja de Ockham o principio de economía): la complejidad no se debe postular sin necesidad;
- ser rápido, dado que teniendo en cuenta la tendencia a emplear dispositivos móviles, no parece disparatado el plantearse la posibilidad de que en un futuro una aplicación de esta naturaleza se pueda llegar a ejecutar algún día en el móvil o *tablet* de un médico traumatólogo;
- y tan preciso, robusto y automático como sea posible, dado que, de no ser preciso y robusto, su verdadera utilidad se vería claramente reducida, y de no ser automático su uso se volvería más tedioso para los médicos traumatólogos u ortopedas que vayan a utilizarlo.

Este objetivo general, el desarrollo de un algoritmo de segmentación de prótesis de rodilla a partir de radiografías, se descompone en los siguientes objetivos específicos:

- Estudiar la problemática en profundidad, así como la literatura existente al respecto, analizando pros y contras de existentes métodos de segmentación en el problema en cuestión (ver secciones 1.3, 3.1 y 4.2).
- Proponer una metodología que permita segmentar prótesis de rodilla en radiografías cumpliendo con los requisitos mencionados (ver sección 4.3). Es decir, realizar el diseño, implementación y experimentación de un algoritmo de segmentación (automático o semiautomático) que resuelva el problema propuesto (con unos márgenes de error, al menos, acotados y bien definidos).

1.3. Antecedentes

En relación a los trabajos científicos relacionados con el propósito de este trabajo fin de Máster, es importante remarcar de entrada que **no se ha encontrado ningún artículo o informe existente que aborde exactamente la misma problemática**. Desde este punto de vista, el trabajo actual debe ser considerado como novedoso. Ni en IEEE Xplore², Scopus³, ScienceDirect⁴, o Google Scholar⁵ se encontró ningún capítulo de libro o artículo científico (sea de conferencia o revista) que hiciese referencia explícita al desarrollo de un algoritmo de segmentación de prótesis de rodilla en radiografías (y mucho menos usando un *dataset* lo suficientemente extenso como para que los resultados pudiesen ser considerados representativos). Sin embargo, sí se encontraron algunos artículos, citados y resumidos a continuación, que realizan tareas relativamente próximas a la nuestra, y que han servido como orientación y guía. Estos artículos están relacionados con la segmentación de implantes protésicos (no necesariamente de rodilla) y de radiografías (en algunos casos de tomografía axial computarizada⁶, conocido como TAC, o CT en sus siglas en inglés).

En un artículo publicado en el *Journal of Biomechanics* en 2005 (Mahfouz y col., 2005), se utilizan distintos algoritmos de segmentación (umbral, contornos activos - también llamados *Snakes*-, y el detector de bordes de Canny), aplicados bajo algún tipo de supervisión o edición humana, con el objetivo de identificar la silueta de una prótesis en una imagen de rayos X (más específicamente, fluoroscopia⁷). El propósito final es el de realizar el registrado 3D-2D de un objeto rígido metálico (la prótesis) y su proyección bidimensional (la radiografía de la misma). Los autores ya remarcan las dificultades encontradas durante la segmentación, especialmente aquellas relacionadas con los tejidos adyacentes a la prótesis, las oclusiones producidas por otros implantes

² <u>https://ieeexplore.ieee.org/Xplore/guesthome.jsp</u>

³ https://www.scopus.com/

⁴ <u>https://www.sciencedirect.com/</u>

⁵ <u>https://scholar.google.com/</u>

⁶ La tomografía axial computarizada (TAC) es una prueba diagnóstica que, a través del uso de rayos X, permite obtener imágenes del interior del organismo en forma de cortes trasversales o de imágenes tridimensionales. De forma resumida, y en términos un tanto prosaicos, se podría afirmar que un TAC incluye la realización de muchas radiografías a la vez y desde diferentes ángulos.

⁷ "La radioscopia o fluoroscopia se basa en la propiedad de los rayos X de producir luminiscencia al actuar sobre diversas sustancias. En la pantalla radioscópica las zonas de elevado número atómico se ven oscuras o negras en la imagen, mientras que las de bajo número atómico aparecen claras o blancas. Así el hueso aparece negro y el parénquima pulmonar blanco. La función principal de la radioscopia es la realización de estudios que muestren el movimiento de las estructuras internas del cuerpo humano." (Cabrero, 2006)

protésicos, y lo difuso de los bordes de la prótesis, en donde objeto y fondo están separados de forma difusa y no perfectamente nítida; y concluyen que, por un lado, los abundantes errores en la localización del contorno 2D tienen un impacto decisivo en el registrado 3D final y que, por otro, distintos algoritmos de segmentación proporcionan resultados que varían dramáticamente.

En Oprea & Vertan (2007), los autores pretenden segmentar las radiografías en tres regiones diferentes: prótesis (de cadera en este caso), hueso (fémur) y tejido blando. Para ello utilizan cuatro métodos de umbral adaptativos y *Fuzzy C-Means*, y concluyen que este último método proporciona mejores resultados que los algoritmos basados en umbralización. No obstante, el protocolo experimental llevado a cabo es claramente insuficiente, dado que, aparentemente, los experimentos se realizan con una única radiografía, con lo que la solidez del estudio y la validez de sus conclusiones se ven claramente mermadas.

Un trabajo mucho más serio es el de Klinder y col. (2009), donde se introduce un algoritmo para segmentar las vértebras en imágenes de TAC, en donde desde el primer momento se remarca la dificultad de la tarea a pesar de que las estructuras óseas muestren un alto contraste. Los autores, por tanto, presentan una solución completa y automática al problema de detectar, identificar y segmentar vértebras en imágenes de TAC por medio de modelos deformables en donde información de forma, intensidad y apariencia son tenidas en cuenta. Su algoritmo es testeado en 64 imágenes, resolviendo correctamente 56 de ellas, esto es el 87,5%. Es importante mencionar que el método propuesto, si bien eficaz, es computacionalmente costoso. De hecho, los propios autores reconocen como una mejora necesaria la aceleración de la ejecución del algoritmo en la fase de identificación, dado que las condiciones descritas no se podrían introducir en la práctica clínica.

En otro trabajo publicado el mismo año (Varshney y col., 2009), los autores obtienen prometedores resultados en la reconstrucción 3D de prótesis de rodilla a partir de múltiples imágenes 2D de rayos X. Con esta tarea en mente, presentan un método variacional basado en modelos deformables (más específicamente, regiones activas geodésicas). Entre las características que citan los autores para remarcar la dificultad de la tarea, explícitamente indican que las prótesis carecen de textura, los huesos no son homogéneos, y el fondo de las imágenes contiene numerosos objetos y artefactos. Estos

comentarios, nuevamente, redundan en la idea de que la segmentación de prótesis a partir de radiografías dista de ser trivial.

En Zhang y col. (2010) se propone un método automático de umbrales adaptativos para realizar una segmentación rápida del hueso en imágenes de TAC. Inicialmente se realiza una segmentación por umbrales para separar la imagen entre dos clases (hueso y no hueso), seguido de un proceso iterativo basado en la correlación entre *slices* del TAC para refinar la clasificación de cada vóxel⁸. Este proceso iterativo se detiene cuando ya no haya ninguna actualización en el volumen en su conjunto. Después del procesado, se ejecuta un algoritmo de Crecimiento de Regiones en 3D para extraer la región del hueso requerida.

En un trabajo publicado en el International Journal of Neural Systems en el año 2012, los autores examinan diferentes algoritmos para encontrar el contorno de la mano en imágenes 2D de rayos X, con el objetivo de ser capaces de segmentar cada hueso de la mano individualmente y minimizar la intervención humana (Davis y col., 2012). Primero se estudia cómo extraer el contorno de la mano (utilizando el método de umbralización de Otsu, el algoritmo de detección de bordes de Canny, así como modelos activos de apariencia -Active Appearance Models- y un algoritmo denominado *contouring*⁹), y luego se evalúa cómo determinar si el contorno extraído es correcto o no. Se concluye que ninguno de los cuatro métodos evaluados proporciona un resultado suficientemente aceptable. Y, debido a ello, los autores desarrollan un ensemble approach, es decir, un método que combina los contornos resultantes de aplicar distintos métodos o un mismo método aplicado sobre distintas transformaciones de las imágenes iniciales. Concluyen que añadir el paso de dynamic time warping (DTW)¹⁰ mejora los resultados significativamente y que el mejor de ellos es el contouring algorithm usado conjuntamente con DTW. También explican que el clasificador de contornos de mano más efectivo es random forest aplicado a contornos transformados en componentes principales. Los resultados son evaluados en un conjunto de 1370 imágenes (1000 de ellas usadas como entrenamiento y las restantes como test).

⁸ El vóxel (del inglés volumetric pixel) es la unidad cúbica que compone un objeto tridimensional. Constituye la unidad mínima procesable de una matriz tridimensional y es, por tanto, el equivalente del píxel en un objeto 2D.

⁹ Siendo *contouring* un método sencillo para delinear los contornos de un objeto, que produce múltiples curvas de nivel a partir de simples cálculos realizados sobre los niveles de gris. En este artículo concreto, los autores consideran que el contorno más extenso es el que representa la forma de la mano.

¹⁰ DTW (siglas para *deformación temporal dinámica* en inglés) es un algoritmo que permite medir la similitud entre dos secuencias que pueden variar en el curso del tiempo.

El mismo año, Tarroni y col., (2012) propone un método rápido para segmentar prótesis en imágenes fluoroscópicas en 3D con compensación borrosa. Los autores trabajan sobre un enfoque híbrido que combina filtrado anisotrópico (para reducir el efecto del ruido e iluminación propios de las imágenes de fluoroscopia), crecimiento de regiones y modelos deformables geométricos (como level sets, en oposición a modelos deformables paramétricos, como los Snakes) sin tener en cuenta ningún conocimiento previo de la geometría analizada. El método es evaluado en 270 imágenes sintéticas de prótesis de rodilla y cadera (aparentemente, también se realizan experimentos con imágenes reales, pero el número y características de dicho dataset no es especificado en el artículo). Los resultados obtenidos muestran que el método es preciso e independiente del operador, así como de las características geométricas de los componentes de la prótesis, y capaz de compensar diferentes intensidades de iluminación y borrosidad. No conviene olvidar, en cualquier caso, que las prótesis utilizadas para evaluar el método propuesto poseen un aspecto bastante similar entre ellas, la relación del tamaño de la prótesis con respecto al tamaño de la imagen presenta poca variabilidad, y el ruido tiene unas características homogéneas y perfectamente conocidas. Importante subrayar que se trata de un algoritmo pensado para volúmenes (imágenes en 3D), con una solución bastante más compleja de la que se busca en este trabajo, dado que implica un tiempo medio de cómputo en torno a los 25 segundos por imagen, demasiado elevada para nuestros propósitos. Por otro lado, no parece muy claro que dicho método vaya a funcionar con un rango de modelos protésicos tan extremadamente heterogéneo como el que representa el conjunto de datos utilizado en la parte experimental de este trabajo fin de Máster.

En Cheng y col. (2013) los autores proponen una solución precisa, rápida y automática para segmentar imágenes en 3D de la cabeza femoral y del acetábulo¹¹. Primero se enfatizan los valles y se realiza una segmentación por umbrales para dividir la imagen entre lo que es hueso (la cabeza femoral y el acetábulo) y lo que no. Después, en un proceso iterativo, se segmentan las regiones con hueso teniendo en cuenta la estrecha separación entre la cabeza del fémur y el acetábulo, la información del vecindario y el efecto de volumen parcial. Finalmente, los límites del hueso segmentado son corregidos considerando la dirección normal de vértices de la superficie de hueso en

¹¹ Conviene recordar que la articulación de la cadera está formada por una superficie cóncava (el acetábulo) y otra convexa (la cabeza femoral), gracias a las cuales la articulación tiene una gran movilidad.

3D. Los resultados experimentales indican que el método obtiene resultados precisos de manera rápida pudiendo ser integrados como herramienta en la práctica clínica. Finalmente, en Liu y col. (2016) se describe un método automático de segmentación de tejido del acetábulo a partir de imágenes de TAC. Primero se obtiene el contorno genérico y aproximado de la cabeza femoral. Luego se refina mediante una detección de límites ortogonales consiguiendo el contorno que se empleará como inicialización del modelo deformable. A continuación, se ejecuta dicho *Snake tira a tira* en las imágenes que contienen cabeza femoral para generar los contornos adyacentes. Por último, se obtienen los contornos secuenciales precisos del acetábulo eliminando la cabeza femoral así como las regiones femorales, para que el modelo 3D pueda ser reconstruido. Los puntos fuertes de este método son la alta automatización y la calidad de los resultados obtenidos.

En conclusión, en la bibliografía revisada no existe ningún trabajo que verse unívocamente sobre la segmentación de prótesis de rodilla en radiografías convencionales. Debido a ello, no hay ningún método que podamos utilizar como punto de partida para esta investigación, así como no existen métodos competidores con los que comparar directamente los resultados obtenidos con la solución propuesta. Si bien es cierto que hay algunos estudios que trabajan con prótesis de rodilla, estos son específicamente diseñados para otras problemáticas, como la reconstrucción 3D de prótesis de rodilla (Varshney y col., 2009) o la segmentación de prótesis en imágenes fluoroscópicas tridimensionales (Tarroni y col., 2012). Además, en términos generales, la experimentación llevada a cabo en la literatura consultada no es lo suficientemente representativa (Oprea & Vertan, 2007), lo que conlleva una clara disminución de la fiabilidad de los resultados obtenidos. Incluso, en algunos casos, hemos detectado problemas de reproducibilidad relacionados con la falta de código disponible o la ausencia de suficiente nivel de detalle como para poder reproducir los resultados del artículo en cuestión. Por último, algunos de los trabajos citados son, de acuerdo a los propios autores, computacionalmente costosos (Klinder y col., 2009), algo que no cumple nuestra premisa de desarrollar un algoritmo rápido y ejecutable fácilmente en entornos móviles. Todas estas cuestiones redundan en la idea de que resulta oportuno profundizar en esta línea de investigación que, por lo que se ha visto, dista de estar madura.

1.4. Organización del Documento

Esta memoria se articula en seis capítulos que se estructuran de la forma siguiente:

- El presente capítulo, *Introducción*, representa una introducción a la problemática y al estado del arte, y consta de la motivación del trabajo, la exposición de los objetivos a alcanzar y una presentación de los antecedentes.
- El segundo capítulo, *Fundamentos Teóricos*, trata toda la fundamentación teórica y conceptual que subyace en este estudio, incluyendo descripciones relativas a conceptos como segmentación de imágenes, prótesis e imágenes médicas.
- El tercer capítulo, *Datos y Métricas*, se describe el conjunto de datos del que se dispone, así como las métricas utilizadas para evaluar la calidad de la experimentación realizada.
- En el cuarto capítulo, *Experimentación Preliminar y Solución Propuesta*, se presenta una experimentación preliminar que ilustra el porqué de las decisiones tomadas de cara a la propuesta científica de este trabajo fin de Máster para resolver el problema definido previamente.
- En el quinto capítulo, *Experimentación*, se expone pormenorizadamente la parte experimental realizada con la solución propuesta junto con los resultados obtenidos y la discusión de los mismos.
- En el sexto capítulo se presentan las *Conclusiones* del proyecto realizado.
- El séptimo contiene los *Trabajos Futuros* a desarrollar en la línea de investigación abordada.
- Al término de esta memoria se encuentra la Bibliografía referenciada.

2. FUNDAMENTOS TEÓRICOS

2.1. Segmentación de Imágenes

Tradicionalmente, la segmentación de imágenes se define como la partición de una imagen en regiones (conjuntos de píxeles) no superpuestas y homogéneas con respecto a alguna característica visual, como la intensidad o la textura (Pham y col., 2000). Con el fin de localizar el proceso de segmentación dentro del espectro más amplio de los algoritmos de visión por computador¹², es importante establecer una jerarquía de tareas de nivel bajo, medio y alto. La etapa de bajo nivel se relaciona con la aplicación de operaciones primitivas, como suavizado, mejora y transformaciones de histograma. La tarea de nivel medio se centraría, pues, en el análisis de imágenes, como la clasificación, el registro y la segmentación. Finalmente, las tareas de alto nivel tienen por objetivo dar sentido a los objetos reconocidos en las etapas anteriores y desarrollar funciones cognitivas relacionadas con el sistema de visión humano.

Los algoritmos de segmentación desempeñan un papel crucial en muchas aplicaciones de imagen médica, como la cuantificación y medición de volúmenes anatómicos, el diagnóstico, la localización de patologías y el estudio de estructuras anatómicas, automatizando o facilitando la delineación de tales estructuras y otras regiones de interés. Esta tarea es generalmente compleja debido al pobre contraste de la imagen y a los artefactos que frecuentemente aparecen y que resultan en la falta de nitidez de los límites de distintos órganos y tejidos. En consecuencia, una buena manera de proceder es incorporar tanta información previa como sea posible sobre el problema a resolver, la modalidad de adquisición de imágenes o la anatomía, considerando modelos de la apariencia de la estructura de interés, basados en características tales como textura, forma, ubicación espacial de los órganos, etc. Sin embargo, como puede parecer obvio, cuanta más información se introduzca mayor será la complejidad del método desarrollado y, muy probablemente, su tiempo de ejecución y la cantidad de memoria requerida. Al mismo tiempo, es importante darse cuenta de que la segmentación manual no sólo es una tarea tediosa y que consume mucho tiempo, sino que, a veces, también puede ser imprecisa (debido, por ejemplo, a la fatiga sufrida por operadores humanos al anotar cientos o miles de imágenes), lo que demuestra la

¹² Visión por computador (*computer vision*) es la ciencia que se ocupa de la interpretación de imágenes a través de medios computacionales.

importancia de desarrollar métodos automatizados (en la medida de lo posible) para realizar con precisión dicha tarea.

Utilizando como criterio taxonómico el principio general en el cual se basa la segmentación (intensidad de píxeles, localización de bordes, detección de regiones o conocimiento previo sobre la forma), podríamos establecer las siguientes categorías, que pueden ser utilizadas, evidentemente, de modo combinado (Fu & Mui, 1981; Haralick & Shapiro, 1985; Pal & Pal, 1993):

- Técnicas de umbralización (*thresholding techniques*). Un procedimiento de umbral intenta determinar un valor de intensidad, llamado umbral o *threshold*, que separa la imagen en las regiones deseadas. La segmentación se logra agrupando todos los píxeles con mayor intensidad que el umbral en una clase y todos los otros píxeles en otra. Estos métodos globales son efectivos cuando los niveles de intensidad de los objetos de interés caen directamente fuera del rango de niveles en el fondo. Sin embargo, dado que la información espacial (así como la de color y textura) es ignorada, los límites difusos de las regiones pueden provocar un resultado desastroso. Las técnicas de umbral son bien conocidas, y algunos de los métodos más utilizados datan de los años 70, como el método de Otsu (Otsu, 1979), que itera sobre todos los posibles valores de umbral hasta que encuentra uno que maximice la varianza entre segmentos diferentes, pero el problema aún no está resuelto y siguen apareciendo nuevos enfoques para gestionar eficazmente diferentes modalidades de imagen (Aja-Fernandez y col., 2010).
- Los métodos basados en bordes (*edge-based methods*) centran su algoritmia en la detección de contornos (Canny, 1986; Ziou & Tabbone, 1998). Estos métodos hacen uso de varios operadores de borde para calcular el gradiente de la intensidad de la imagen en cada punto. Dicho gradiente proporciona información sobre la dirección del mayor incremento posible en términos de intensidades y su valor. El resultado muestra cómo de abrupta o suavemente cambia la intensidad de la imagen en ese punto y, por tanto, la probabilidad de que tal parte de la imagen represente un borde, así como la orientación probable de dicho borde. Las dificultades con los métodos basados en límites se producen

cuando los objetos se superponen, hay ruido o artefactos en la imagen, o el objeto tiene límites difusos.

- Los métodos basados en regiones (*region-based methods*) (Gambotto, 1986; Chang & Li, 1994; Ng y col., 2006) comúnmente proceden dividiendo la imagen en regiones conectadas agrupando píxeles vecinos con características similares. Las regiones adyacentes se fusionan de acuerdo con un criterio, posiblemente basado en la homogeneidad o nitidez de los límites entre regiones. Los criterios excesivamente estrictos crean fragmentación; los excesivamente laxos pasan por alto los límites borrosos y unen regiones que deberían permanecer separadas. Sin embargo, los enfoques basados en regiones son generalmente menos sensibles al ruido que los métodos basados en bordes. Muchas técnicas de segmentación basadas en regiones se han presentado en la literatura, incluyendo *Crecimiento de Regiones* (que dada la especial importancia que tienen en este trabajo se explican en más detalle en la sección 2.1.1.6), métodos de agrupamiento (*clustering*) o segmentación jerárquica.
- Los modelos deformables (deformable models) (Terzopoulos & Fleischer, 1988; Terzopoulos y col., 1988; Jain y col., 1996; Xu y col., 2000) generalmente comienzan con un contorno inicial, usando información previa sobre la forma del objeto a buscar, y lo modifican iterativamente aplicando varias operaciones de contracción/expansión de acuerdo con alguna función de energía. Es importante hacer notar que la mayoría de los problemas de segmentación de imágenes pueden plantearse como problemas de optimización donde la segmentación deseada minimiza alguna función de energía o coste definida por la aplicación particular, en donde teóricamente el valor sería mínimo cuando el contorno deformable se ajustase perfectamente al borde del objeto a segmentar. Estos modelos combinan un enfoque de minimización de energía con la preservación de una forma "elástica", y los principales riesgos que uno corre al aplicarlos son dos: quedar atrapados en un mínimo local (y, por lo tanto, encontrar un contorno final sub-óptimo) y su sensibilidad a la ubicación inicial del contorno, lo que hace difícil y crítica tanto la elección de una inicialización apropiada del modelo como la utilización de una técnica de optimización adecuada.

En cualquier caso conviene recordar que, en términos generales, las técnicas de segmentación se pueden dividir entre aquellas que presentan una aproximación basada en regiones y aquellas que dan preponderancia a los bordes (existiendo, por supuesto, estrategias híbridas). Dicho de otro modo, las técnicas basadas en regiones se basarían en encontrar patrones comunes agrupando píxeles basados en similitud, mientras que las técnicas basadas en bordes se basarían en discontinuidades entre regiones distintas y, por consiguiente, el objetivo final del algoritmo de segmentación sería localizar con precisión el límite que separa cada segmento.

Por otro lado, es importante tener en cuenta que aunque el rendimiento de muchas técnicas de segmentación es generalmente bueno cuando la relación de contraste-a-ruido es alta, disminuye rápidamente cuando las estructuras son insuficientemente delineadas y tienen bajo contraste, como ciertas estructuras neuroanatómicas (tales como el tálamo o el putamen), o las radiografías de implantes protésicos (en donde la diferencia entre hueso y prótesis, en muchas ocasiones, es extremadamente difusa). Por lo tanto, resulta clave actualizar los métodos existentes con el fin de mejorar su precisión, robustez o tiempo de ejecución.

A continuación se darán más detalles en relación a los métodos de segmentación utilizados y comparados en este trabajo fin de Máster.

2.1.1. Métodos específicos utilizados

2.1.1.1. Método de umbral de Otsu

Este método, presentado en Otsu (1979), selecciona automáticamente un umbral óptimo. El método de umbral de Otsu implica la iteración a través de todos los posibles valores de umbral y el cálculo de márgenes para los niveles de píxeles a cada lado del umbral. El objetivo es encontrar el valor de umbral que minimice la suma de los márgenes entre el objeto y el fondo. En otras palabras, intenta minimizar la varianza dentro de la clase maximizando la varianza entre clases. El algoritmo asume que la imagen contiene dos clases de píxeles, y que su histograma es bimodal (de modo que unos píxeles claramente pertenecen al primer plano, el objeto de interés, mientras que otros corresponden al fondo), y calcula el umbral óptimo separando las dos clases para que sus márgenes combinados (varianza intra-clase) sean mínimos. Una de las principales desventajas de este método es que a medida que el número de clases en la

imagen aumenta, el método necesita mucho más tiempo para seleccionar un umbral multinivel adecuado.

2.1.1.2. K-Medias

El método de K-Medias (*K-Means*) (MacQueen, 2008; Chen y col., 1998) pertenece al grupo de algoritmos de *clustering*. Agrupa los datos calculando iterativamente una intensidad media para cada clase (centroides) y segmenta la imagen al clasificar cada píxel en la clase con la media más cercana. Este método suele basarse solamente en la intensidad de los píxeles y, por lo tanto, no incorpora información espacial. Por otro lado, se trata de un método cuyo resultado depende enormemente de la posición inicial de los centroides.

2.1.1.3. Watershed

El algoritmo de Watershed (Vincent & Soille, 1991; Beucher & Meyer, 1993) usa conceptos de detección de límites y morfología matemática para lograr una partición de imágenes en regiones homogéneas. El método puede tener problemas de sobresegmentación al dividirse la imagen en un número innecesariamente grande de regiones.

2.1.1.4. Algoritmo de Chan and Vese

El algoritmo de Chan and Vese (CV) (Chan & Vese, 2001), también conocido como el método de *Active Contours Without Edges*, está diseñado para detectar objetos cuyos bordes no están necesariamente bien definidos sino que la idea es separar la imagen en dos regiones con valores de intensidad homogéneos. Esto hace que este método sea considerado como un método de modelos deformables basado en regiones.

2.1.1.5. Contornos Activos Geodésicos

El método de *Contornos Activos Geodésicos* (GAC debido a su nombre en inglés) (Caselles y col., 1997) está basado en la relación entre los contornos activos y la computación de geodésicas o curvas de distancia mínima, conectando los clásicos contornos activos (o *Snakes*) basados en la minimización de energía y los modelos deformables geométricos basados en la teoría de la evolución de la curva. Esta técnica está basada en la evolución en el tiempo de los contornos activos de acuerdo a las medidas geométricas intrínsecas de la imagen. Los contornos van evolucionando y, sucesivamente, se va dividiendo y fusionando de manera natural, permitiendo la detección simultanea de varios objetos así como de los bordes interiores y exteriores.

2.1.1.6. Crecimiento de Regiones

Crecimiento de Regiones (CR) (Haralick & Shapiro, 1985; Chang & Li, 1994; Adams & Bischof, 1994) es un método basado en regiones, que consiste en dividir la imagen en regiones conectadas agrupando los píxeles vecinos que presentan características similares. Las regiones adyacentes son fusionadas de acuerdo a algún criterio, como puede ser la homogeneidad de los niveles de gris. El método más utilizado parte de un conjunto de semillas a partir de las cuales se hacen crecer las regiones añadiéndoles aquellos puntos vecinos con propiedades parecidas. Esta técnica tiene como principales problemas la selección de las semillas iniciales, que deben representar las regiones de interés, la selección de propiedades adecuadas para asignar los píxeles a las diversas regiones durante el proceso de crecimiento y el criterio para detener el algoritmo (Pajares & Cruz, 2007).

Dada la importancia de este tipo de algoritmo en este trabajo vamos a pararnos con un poco más de detenimiento en el funcionamiento de la versión concreta de Crecimiento de Regiones usada en este trabajo. Veamos, por ejemplo, cómo funcionaría el algoritmo aplicándolo a la Figura 1(a). Primero colocaríamos una semilla en la región que queremos segmentar (en la figura el píxel está marcado con una aspa roja). A partir de esta semilla, el algoritmo va analizando los píxeles de alrededor (en nuestro caso un vecindario que incluye 4 píxeles: norte, sur, este y oeste) comprobando que su intensidad no sea mayor a un umbral seleccionado (en nuestro ejemplo este valor es 30) con respecto a la media de intensidad de la región ya segmentada. En la Figura 1(de (b) a (e)) podemos ver como iría creciendo la región en las primeras iteraciones, marcando en blanco la imagen segmentada. En la Figura 1(b) podemos observar cómo se segmenta la prótesis y cómo se detiene en los bordes de la misma, debido a la diferencia en la intensidad entre los píxeles que forman parte de la prótesis y aquellos de las zonas que no deben ser segmentadas. En (d) podemos ver cómo crecería la región y en (e) cómo se detendría el algoritmo con toda la prótesis segmentada.



Figura 1 Ejemplo de funcionamiento del algoritmo Crecimiento de Regiones. En la figura (a) vemos la imagen original con la semilla inicial en rojo. De la (b) a la (e) podemos seguir el proceso de segmentación del algoritmo. La imagen (e) muestra la prótesis completamente segmentada.

Veamos ahora cómo funciona el algoritmo a más bajo nivel, a nivel de píxeles individuales. Partiendo de Figura 2(a), en donde el punto en rojo nos indica qué **píxel** estamos analizando (es decir, acaba de ser seleccionado como píxel a segmentar y vamos a estudiar sus 4 vecinos) y las dos líneas blancas separan la parte segmentada (por encima de las líneas) de la parte no segmentada aún (por debajo de las líneas). En

la Figura 2(b) podemos ver en rojo y azul los 4 píxeles que forman el vecindario del píxel que acabamos de incorporar a la región segmentada: los dos píxeles en azul ya forman parte de la región segmentada y, por tanto, no se analizarán en este paso, mientras que los dos píxeles en rojo serán objeto del análisis para determinar si deben ser segmentados o no. Considerando que la intensidad media de la región segmentada sea de 180 (siendo el rango [0, 255]) y que el parámetro de sensibilidad tenga el valor 30 necesitamos que la intensidad de los píxeles a analizar no sea inferior a 150 ni superior a 210 (pues 180-30=150 y 180+30=210) para que puedan segmentarse, de lo contrario se excluirán de la región segmentada. De acuerdo a la intensidad de los píxeles mostrada en la figura, podemos detectar que el píxel en rojo que se encuentra más alto en la imagen tiene una intensidad en ese rango, por lo que será incluido en la segmentación, mientras el píxel que se encuentra más abajo tiene una intensidad inferior a 150, por lo que no se segmentará.



Figura 2 Segmentación a nivel de píxel. En (a) podemos observar marcado en rojo el píxel que se está analizando. En (b) el vecindario del píxel analizado, con los valores de gris de los mismos así como del valor medio de la región segmentada.

2.2. Imágenes Médicas

Imágenes médicas (*medical imaging*) son todas aquellas representaciones visuales de entidades biológicas microscópicas y partes del cuerpo, tejidos u órganos, para su uso en el diagnóstico clínico (procedimientos médicos que buscan revelar, diagnosticar o examinar enfermedades) o ciencia médica/biológica (estudio de anatomía y fisiología normales). Abarca la tomografía computarizada (TAC), la resonancia magnética (RM),

la tomografía por emisión de positrones (PET), la emisión de un solo fotón (SPECT), la microscopía y la ecografía (US), entre otras. De acuerdo con el *New England Journal of Medicine*, la imagen médica es uno de los principales desarrollos que "*cambió el rostro de la medicina clínica*" durante el último milenio. En la Tabla 1, se puede ver una visión general de las modalidades de imagen médica, donde se muestra una comparativa con las características de cada modalidad: mayores números están relacionados con peores indicadores (es decir, 1 es mejor que 4). A continuación, nos centramos en hablar con un poco más de detenimiento de los rayos X, dado que esta es la modalidad de imagen médica utilizada en nuestros experimentos.

Tabla 1 Modalidades de imagen médica. Esta tabla fue originalmente desarrollada por Miguel Ángel Peinado Montes (Servicio de Física Médica y Protección Radiológica, Hospital Universitario Central de Asturias). De izquierda a derecha: RayosX (RX), Fluoroscopia (Fluoro), Imagen Molecular (MI), Ultrasonidos (US), Tomografía Axial Computarizada (CT) e imagen por Resonancia Magnética (MRI).

(*) 3D vs proyección: Habilidad para adquirir regiones de interés volumétricas

(†) Funcional vs Anatómico: Habilidad para representar características metabólicas (donde la patología no está asociada a cambios anatómicos)

(◊) Información anatómica es adquirida combinando dos dispositivos en una única máquina (SPEC - CT, PET-CT, PET-MR)

(**) Dinámico vs Estático: Habilidad para mostrar imágenes en tiempo real

(‡) Dosis de radiación suministrada al paciente (potencialmente dañina)

	RX	Fluoro	МІ	US	СТ	MRI
Resolución	1	2	4	3	2	2
Contraste	2	2	1	3	1	1
Ruido	2	3	4	3	1	2
3D*	No	No	Si	Si	Si	Si
Anatómico†◊	Si	Si	No	Si	Si	Si
Funcional†	No	No	Si	No	No	Si
Dinámico**	No	Si	No	Si	No	Si
Dosis‡	2	4	3	1	5	1

2.2.1. Radiografías

El descubrimiento de los rayos X por Wilhelm Conrad Röntgen en 1895 marca el nacimiento de la radiología (Cabrero, 2006; Ferreirós, 2009). El radiodiagnóstico convencional se basa en la obtención de imágenes de las estructuras orgánicas atravesadas por un haz de rayos X. El haz de radiación sufre una mayor o menor atenuación en función de las diferentes estructuras que componen la zona examinada,

siendo la intensidad del haz de salida diversa en los fotones que lo forman (absorción diferencial de energía). La información que porta puede hacerse visible sobre una película fotográfica (radiografía) o sobre una pantalla fluorescente que se ilumina por efecto de la radiación (radioscopia).

Los rayos X no son más que una parte del espectro de radiación electromagnética en el cual estamos inmersos cotidianamente. La radiación electromagnética se propaga en forma de fotones de distintas energías, que viajan a la velocidad de la luz. En orden de menor a mayor energía, abarca desde las ondas de radio a los rayos X, pasando por las microondas, la radiación infrarroja, la luz visible, y la radiación ultravioleta. Los rayos X se sitúan, por tanto, en el rango más energético del espectro electromagnético, con longitudes de onda menores de 10 nanómetros.

2.3. Prótesis

En medicina, una prótesis se utiliza para que una persona compense la pérdida de una parte de su cuerpo debida a un accidente, enfermedad o condición congénita. En este trabajo fin de Máster, las prótesis en las que nos centramos son prótesis que nos permiten sustituir una articulación enferma por un dispositivo ortopédico interno. En cualquier caso, dependiendo del área del cuerpo humano implicada, existen diferentes clases de prótesis: prótesis dental, mamarias, ocular, auditivas, valvular cardíaca, facial y ortopédicas (Operarme, 2017).

Entre los distintos tipos de prótesis ortopédicas, podemos destacar los siguientes:

- Miembro Superior: Son aquellas que afectan a los miembros superiores del cuerpo humano, tales como de hombro, codo, muñeca, o mano.
- Miembro Inferior: Pertenecen aquellas que afectan a los miembros inferiores del cuerpo humano, tales como cadera, pie, o tobillo.

Dentro de las prótesis de miembro inferior, se encuentran las prótesis de rodilla, de las cuales trata el presente trabajo.

Una prótesis de rodilla es una articulación artificial que sustituye a la articulación original. Existen varios tipos de prótesis de rodilla dependiendo del uso de cemento óseo (prótesis de rodilla cementada o no cementada), y de si todos los elementos que forman la articulación son sustituidos o no, diferenciándose así en prótesis de rodilla parciales (prótesis monocompartimental) o prótesis de rodilla totales (prótesis tricompartimental). El tipo de prótesis de rodilla más común es el tricompartimental

cementado con componentes metálicos y plásticos. A continuación explicamos las principales características de las parciales o unicompartimentales y de las totales o tricompartimentales:

- Prótesis de rodilla parciales, unicompartimentales o monocompartimentales (ver Figura 3(a)). Se utilizan para sustituir tan solo una parte de la articulación y pueden ser una buena opción en las personas que tengan afectada sólo una parte de la articulación.
- Prótesis de rodilla totales o tricompartimentales (ver Figura 3(b)). Empleadas cuando se lleva a cabo una artroplastia. Estas prótesis de rodilla se utilizan para sustituir toda la articulación y están pensadas para aliviar el dolor y mantener la funcionalidad de la rodilla.





Los cuatro componentes principales de una prótesis total de rodilla son los siguientes (ver Figura 4):

- Componente Femoral: Es la parte protésica que se ancla en el fémur. Mantiene la misma forma que el hueso original, incluyendo también dos lóbulos que se posan sobre la pieza de polietileno que hay entre los dos huesos de la articulación.
- Componente Tibial: Se ancla a la parte superior de la tibia. Tiene forma plana y dos huecos en los que se sitúa el componente femoral. Además, en él se ancla

una pieza circular de polietileno de alta densidad (plástico) para que realice la función del menisco.

- Inserto: El inserto es la pieza circular de polietileno de alta densidad que mencionamos en el punto anterior. Se encuentra entre las estructuras del fémur y la tibia y su función es impedir la fricción del componente femoral y el tibial, minimizando el desgaste y favoreciendo el deslizamiento de la articulación. Es importante remarcar que los polietilenos son radiotransparentes, es decir, no son visibles en las radiografías a no ser que lleven algún marcador.
- Componente Rotuliano: Para los casos en los que la rótula deba ser sustituida. Consiste en una pieza adherida a la rótula que permanecerá en contacto con el componente femoral y que favorecerá el deslizamiento de la rodilla durante el movimiento. No obstante, al ser polietileno volvemos a lo mismo que se mencionaba en el caso del inserto: no se aprecia como el metal en la radiografía.



Figura 4. Componentes de una Prótesis de Rodilla.

3. DATOS Y MÉTRICAS

3.1. Dataset

El conjunto de datos utilizados en este trabajo consta de 167 imágenes reales (es decir, no se trata de imágenes sintéticas o generadas *ad hoc* para este trabajo), que incluyen a su vez 30 modelos protésicos diferentes. Nuestro conjunto de datos no está especialmente bien balanceado: hay modelos con un solo ejemplo mientras que otras tienen catorce. Evidentemente, para desarrollar y validar un sistema que pudiese ser utilizado en un entorno real necesitaríamos muchas más imágenes de ejemplo. A mayor número de ejemplos, y más representativos sean estos, más preciso será el sistema y con más precisión también podrá ser evaluado. Sólo como referencia: hay una popular base de datos en inteligencia artificial llamada ImageNet (Russakovsky y col., 2015) y que sirve para que una máquina (en la actualidad dicha máquina suele ser una red de neuronas profunda) aprenda, por sí misma, a clasificar 1000 tipos de objetos diferentes. Dicha base de datos contiene más de 1,2 millones de imágenes anotadas.

A cada imagen del *dataset* se le ha creado una *ground truth* (es decir, una segmentación que se considera ideal o correcta, y que se usa como referencia para comparar el rendimiento de los algoritmos de segmentación), a partir de un programa desarrollado en Matlab. Para ello, se ha seleccionado el contorno de la prótesis usando el puntero del ratón con todos los puntos que hemos considerado necesarios, para posteriormente interpolarlos mediante una curva *spline*. Posteriormente, se ha refinado la segmentación de la imagen para asegurar que no haya grises, asignando a los píxeles cuyo valor estuviese por encima del 125 al 255 (blanco), y a los que estuviesen por debajo del 125 al 0 (negro). Es decir, se pretendía tener una imagen de *ground truth* en donde el objeto fuese completamente blanco y el fondo completamente negro. Por último, se ha aplicado la función de Matlab *bwareaopen* a toda la imagen para eliminar píxeles blancos que hubiesen quedado, por el motivo que fuere, diseminados por el fondo de la imagen).

Este conjunto de imágenes es menos homogéneo de lo que en un principio se podría pensar. La variabilidad en el contraste, en el tamaño de la prótesis, en los elementos que componen la prótesis, en las partes del cuerpo incluidos en la radiografía (una pierna o las dos), y en la orientación de la prótesis, sólo por mencionar unos pocos aspectos, complica la tarea de forma significativa. Hay imágenes en donde las prótesis presentan un contraste lo suficientemente alto (en relación al hueso) como para poder hacer una segmentación correcta con relativa facilidad. Sirva como ejemplo la Figura 5(a). Sin embargo, hay otras imágenes, como en la Figura 5(b), con un contraste tan bajo que dificulta mucho la labor. Vale la pena observar también, dentro de la misma figura, la presencia de objetos finos y redondeados que se presentan en hilera: se trata de grapas de cierre de la herida postquirúrgica (los puntos de sutura no se ven, pero las grapas sí por ser metálicas). Es una pequeña muestra del tipo de artefactos que uno se puede encontrar al segmentar este tipo de imágenes. Otro aspecto a tener en cuenta es el número de componentes de la prótesis; que puede ser uno (ver Figura 5(c)) o dos (ver Figura 5(d)).



Figura 5 Radiografías características donde podemos ver: (a) una imagen con un contraste alto; (b) una con un contraste muy bajo; (c) un ejemplo de prótesis con un solo componente; y (d) una prótesis con dos componentes.

La mayoría de radiografías son de una sola pierna, pero también las hay de dos piernas, como por ejemplo la que se muestra en la Figure 6(a). Del mismo modo que existen radiografías en las que la prótesis está de perfil, como por ejemplo se muestra en la
Figure 6(b), y en otros la radiografía está en sentido opuesto al habitual, como en la Figure 6(c).



Figure 6 Radiografías características donde podemos ver: (a) una radiografía de las dos piernas; (b) una de perfil; (c) un ejemplo de imagen en sentido inverso; y (d) una imagen con ruido de sal y pimienta.

En algunos casos, las imágenes presentan mucho ruido de tipo "sal y pimienta", lo que puede llegar a dificultar la tarea de segmentación e incluso puede provocar que el algoritmo de Crecimiento de Regiones tenga una gran dependencia de la inicialización de la semilla. Por ejemplo, en la Figure 6(d). En la Figura 7(a) la mitad de la misma está en blanco.



Figura 7 Radiografías características donde podemos ver: (a) una imagen con la mitad en blanco; (b) una con objetos alrededor de la prótesis; (c) un ejemplo de radiografía con objetos que no deben ser segmentados; y (d) una prótesis con un tamaño relativo muy grande.

En otros, existen objetos alrededor de la prótesis que interfieren en el proceso, como por ejemplo en la imagen Figura 7(b). También hay casos en los que existen objetos en una de las rodillas pero que no se deben segmentar, como podemos ver en Figura 7(c).

En cuanto al tamaño relativo y a la posición de la prótesis en la imagen, también hay muchas variaciones. En Figura 7(d) el tamaño relativo de la prótesis es muy grande, mientras que en la Figura 8(a)**Error! Reference source not found.** es muy pequeño. En la imagen Figura 8(b) la prótesis ocupa casi toda la vertical de la imagen, y en la Figura 8(c) incluso se corta en el borde superior.



Figura 8 Radiografías características donde podemos ver: (a) una prótesis con un tamaño relativo muy pequeño; (b) una que ocupa casi toda la vertical de la imagen; y (c) un ejemplo de imagen donde la prótesis se corta en el borde superior.

El tamaño medio de la imagen es de 1039 x 816, con una desviación típica de 702 x 525. De media, el 4,1% de la radiografía corresponde a píxeles en blanco, es decir, a prótesis.

El histograma medio del dataset es el correspondiente a la Figura 9



Figura 9 Histograma medio del dataset.

3.2. Métricas para evaluar la calidad de la segmentación

Para evaluar la calidad de la segmentación producida por los diferentes algoritmos empleados se han utilizado dos métricas: *Dice Similarity Coefficient* (DSC) y *Haussdorf Distance* (HD):

- El primero es un coeficiente que mide el solapamiento entre dos conjuntos. En nuestro caso concreto, nos indica cuántos píxeles de la imagen segmentada son iguales a los píxeles de la imagen considerada correcta (la *ground truth* o GT). El rango del DSC va de 0 a 1, en donde 0 significa que no hay solapamiento (es decir, el resultado de la segmentación no tiene nada que ver con la segmentación considera como ideal o GT) y en donde 1 implica que la imagen se ha segmentado perfectamente.
- La distancia de Haussdorf, por otro lado, se basa en la distancia entre contornos. Para cada contorno de la imagen segmentada mide la distancia de cada píxel en relación a los píxeles del contorno de la GT y, de todos esos valores, selecciona el mínimo. Una vez procesados todos los contornos, de todos los valores mínimos se queda con el máximo. Después, hace lo mismo desde la GT a la imagen segmentada y, de los dos resultados obtenidos, devuelve el valor máximo. En otras palabras, HD mide cómo de buena es la segmentación a nivel de contornos, sin tener en cuenta el área segmentada. El valor mínimo de HD es cero, y se dará cuando los contornos de las imágenes se solapen entre sí. El valor máximo es la diagonal de la imagen. Es importante tener claro aquí que dos imágenes que sólo tengan en común el borde, a pesar de que hayan segmentado áreas disjuntas, presentarán una HD óptima.

Ambas métricas son complementarias y prestan atención a distintos aspectos de la segmentación, motivo por el cual han sido tenidas en cuenta en este trabajo fin de Máster. En aras de la claridad, podemos afirmar que el resultado ideal es aquel que tiene un DSC alto, 1 o muy cercano a 1, y una HD muy baja, lo más cercana a 0 posible. Sin embargo, se puede dar la situación en que resultados con una DSC buena tengan una HD peor, o viceversa. Por ejemplo, supongamos que deseamos segmentar la imagen de la Figura 10(a):



Figura 10 Imágenes sintéticas creadas para explicar el funcionamiento de las métricas DSC y HD. (a) es la imagen original y también la imagen resultante en caso de una segmentación perfecta. En la esquina superior derecha de cada imagen se muestra el valor de DSC y de HD que tienen las segmentaciones con respecto a la imagen original (a).

En el caso en el que nuestra segmentación diera como resultado la imagen idéntica, entonces tanto DSC como HD considerarían perfecta la segmentación y devolverían un coeficiente DSC de 1 y una HD de 0. Sin embargo, en el caso de que devolviera la imagen de la **Error! Reference source not found.**(b), encontraría que la segmentación no es perfecta y devolvería un DSC de 0,64 y una HD de 164. En el siguiente caso, si el objeto en negro segmentado no se solapase en absoluto con la esfera de la GT (ver Figura 10(c)), el DSC sería de 0 (el peor posible) y la HD de 303. Por último, en el caso de la segmentación mostrada en la Figura 10(d), donde los colores están completamente invertidos, el DSC resultante sería 0 diciéndonos que no se ha segmentado nada, mientras que la HD daría un resultado de 0, es decir, una segmentación perfecta (dado que ambos contornos coinciden).

4. EXPERIMENTACIÓN PRELIMINAR Y SOLUCIÓN PROPUESTA

Tal como se ha dicho en el capítulo de *Introducción*, entre los objetivos del presente trabajo se encuentra "estudiar la problemática en profundidad, (...), analizando pros y contras de existentes métodos de segmentación en el problema en cuestión". Por consiguiente, en este apartado se analizarán los métodos de segmentación existentes con el fin de obtener la mejor solución para poder adaptarla a nuestro problema.

4.1. Scripts y Entorno de Ejecución

Para la realización del proyecto se ha elegido como lenguaje de programación Matlab, tras haber valorado positivamente el gran número de funciones que incorpora, la facilidad con que permite depurar el código, así como el hecho de que no requiera la instalación y configuración de librerías externas. La máquina en la que se han corrido las pruebas es un Intel Core i7 a 2.8 GHz y con 16 GB de memoria DDR3 a 1600 MHz. Para llevar a cabo todas las pruebas ha sido necesario desarrollar varios scripts, para dar cabida a las diferentes técnicas de segmentación abordadas y, en algunos casos, a diferentes configuraciones de dichas técnicas. Estos son los programas más relevantes:

• Segmentation1.m : En este fichero se ejecutaron los métodos de umbralización con diferentes valores de umbral y Otsu. Concretamente se probaron los umbrales 0.4, 0.5, 0.6, 0.7 y 0.8 (correspondientes al rango [0, 1]). Conviene advertir que un valor de, por ejemplo, 0.4 significa que el umbral se establece en el valor de intensidad del píxel de 102, mientras que un valor de 0.5 lo establece en el 128. Es decir, el valor de intensidad del píxel que marca el umbral se calcula multiplicándolo por 255 (el máximo valor dentro del rango de intensidad que puede tener un píxel).

• Segmentation2.m: Aquí se ejecutó el algoritmo de Crecimiento de Regiones implementado para Matlab por Christian Wuerslin¹³, con un parámetro de sensibilidad (α) de 0.30. Este parámetro es utilizado como criterio de finalización, ya que si no hay píxeles en la región de 4-vecindario con una diferencia de intensidad menor a dicho parámetro con respecto a la media de intensidad de la región se detiene el algoritmo (para más detalles ver sección 2.1.1.6 de este documento).

¹³ <u>https://github.com/MResC3SLProject/project1/blob/master/RegionGrowing_mex.cpp</u>

• SegmentationKMeans.m: Fichero donde se ha desarrollado el método de K-Medias. Hemos utilizado la función kmeans.m de Jose Vicente Manjón Herrera descargada de Mathworks File Exchange¹⁴ que contiene una versión del método, pasándole como parámetros de entrada la imagen a segmentar y el número de clases (en nuestro caso, dos clases).

• Watershed.m: Usado para la ejecución del algoritmo de Watershed. Se aplicaron técnicas de pre-procesado de las imágenes para optimizar los resultados obtenidos, tales como un filtrado de mediana de 5x5 en toda la imagen, y un filtrado gaussiano de la región en la que se encuentra la prótesis (dicha región es seleccionada manualmente a partir de 4 puntos introducidos con el ratón). Nos hemos basado en la función watershed¹⁵ de Matlab con la imagen a segmentar y una conectividad de 8 vecinos bidimensionales como parámetros de entrada.

• SegmentationChanVese.m: Usado para la ejecución del algoritmo de Chan and Vese. Como técnica de pre-procesado se ha aplicado un filtro de mediana de 5x5 sobre toda la imagen. Se ha utilizado la función chenvese.m¹⁶ que contiene una versión del método que permite probar diferentes configuraciones, tales como el número máximo de iteraciones, la máscara que sirve como región inicial desde la que comenzar la ejecución y el peso del parámetro de sensibilidad. Los parámetros que mejor se ajustaron a nuestro problema son 500 iteraciones, una máscara creada manualmente alrededor de la prótesis a partir de 4 puntos seleccionados con el ratón y un peso de 0.1. El peso es el parámetro que indica el término de longitud del algoritmo: si el valor es pequeño solo se detectaran los objetos pequeños, mientras que si el valor es grande solo se detectaran objetos grandes u objetos formados por agrupamiento.

• SegmentationGeodesic.m: En este fichero se ha utilizado el algoritmo de Contornos Activos Geodésicos. Como técnica de pre-procesado se ha aplicado un filtrado de mediana de 30x30 sobre toda la imagen buscando suavizar los contornos en gran medida y que el contorno activo pudiese atravesar la pierna sin por ello atravesar la prótesis. Se ha utilizado la librería AOSLevelsetSegmentationToolboxM¹⁷ que distribuye una función con la aplicación del método llamada ac_GAC_model.m.

¹⁴ https://fr.mathworks.com/matlabcentral/fileexchange/8379-kmeans-image-segmentation

¹⁵ https://fr.mathworks.com/help/images/ref/watershed.html

¹⁶ <u>https://fr.mathworks.com/matlabcentral/fileexchange/23445-chan-vese-active-contours-without-edges</u>

¹⁷ <u>https://fr.mathworks.com/matlabcentral/fileexchange/24998-2d-3d-image-segmentation-toolbox</u>

4.2. Experimentos preliminares

Con el fin de determinar el algoritmo que mejor se ajusta a la naturaleza de nuestro problema, hemos procedido a experimentar con diferentes métodos ejecutados sobre nuestro *dataset*. Los resultados obtenidos, tal y como se verá a continuación, hicieron que nos decantásemos por Crecimiento de Regiones como la mejor solución posible.

4.2.1. Comparativa inicial global

En la Tabla 2 podemos observar los diferentes valores de DSC y HD, incluyendo mejores y peores resultados, así como la media, mediana y desviación típica obtenidos tras la ejecución de los algoritmos de Otsu, de umbralización con los valores 0,4, 0,5, 0,6, 0,7 y 0,8, K-Medias, Watershed, Chan and Vese (CV), Contornos Activos Geodésicos (GAC) y cinco ejecuciones de Crecimiento de Regiones (CR) con cinco semillas manuales diferentes y un parámetro de sensibilidad α de 30. Para más detalles sobre los algoritmos empleados véase el capítulo 2.1 y para detalles de implementación el 4.1.

Tabla 2 Resultados DSC y HD de las segmentaciones usando diferentes algoritmos. CV, GAC y CR se corresponden con los algoritmos de Chand and Vese, Contornos Activos Geodésicos y Crecimiento de Regiones. En negrita está el mejor resultado para cada columna. Téngase en cuenta que los mejores resultados van asociados a un mayor DSC y a un menor HD.

	Mejor	Peor	Media	Mediana	Desviación
	(DSC / HD)	(DSC / HD)	(DSC / HD)	(DSC / HD)	Típica (DSC
					/ HD)
Otsu	0,74/115,48	0,03/2174,10	0,19/543,07	0,17/433,09	0,11/392,43
Umbral 0,4	0,77/115,48	0,03/2174,10	0,27/544,47	0,25/434,19	0,14/391,68
Umbral 0,5	0,81/115,48	0,03/2174,10	0,37/544,47	0,37/434,19	0,18/391,68
Umbral 0,6	0,93/115,48	0,01/2174,10	0,51/544,47	0,53/434,19	0,22/391,68
Umbral 0,7	0,94/115,48	0,00/2174,10	0,58/544,47	0,67/434,19	0,27/391,68
Umbral 0,8	0,94/115,48	0,00/2174,10	0,49/544,47	0,58/434,19	0,32/391,68
K-Medias	0,75/115,49	0,03/2174,11	0,19/542,63	0,17/433,09	0,11/392,47
Watershed	0,28/96,05	0,01/2173,29	0,07/670,86	0,07/643,88	0,05 /468,44
CV	0,69/33,53	0,15 /583,34	0,41/173,12	0,39/124,06	0,13/126,27

GAC	0,88/25,50	0,00/ 519,88	0,23/155,67	0,00/134,47	0,33/ 98,65
CR 1	0,99/1,00	0,05/1301,11	0,81/139,85	0,95/ 8,06	0,29/262,06
CR 2	0,99/1,00	0,05/1301,11	0,81/140,31	0,95/8,06	0,29/262.91
CR 3	0,99/1,00	0,05/1301,11	0,81/139,85	0,95/ 8,06	0,29/262,86
CR 4	0,99/1,00	0,05/1301,11	0,81/139,82	0,95/ 8,06	0,29/263,06
CR 5	0,99/1,00	0,05/1301,11	0,81/138,99	0,95/ 8,06	0,29/262,58

Atendiendo a los mejores resultados de DSC y de HD, el algoritmo de Crecimiento de Regiones es el que mejor se comporta con nuestro *dataset*, observándose un valor medio de 0,81 y una mediana de 0,95. Además se observa que no hay una gran variación con respecto a la localización de las semillas.

4.2.2. Robustez al parámetro de sensibilidad del algoritmo de Crecimiento de Regiones

Tal y como hemos visto en las secciones 2.1.1.6 y 4.1, el parámetro de sensibilidad α en Crecimiento de Regiones se utiliza como criterio de finalización del algoritmo, por lo que de su valor depende en gran medida el buen funcionamiento del método. En la Tabla 3 podemos observar los resultados obtenidos de las ejecuciones sobre el *dataset* con las mismas semillas pero diferentes valores para el parámetro α : 10, 30, 50, 70 y 90.

Tabla 3 Resultados obtenidos al ejecutar el algoritmo de Crecimiento de Regiones sobre todo el dataset con diferentes parámetros de control: 10, 30, 50, 70 y 90. En negrita está el mejor resultado para cada columna. Téngase en cuenta que los mejores resultados van asociados a un mayor DSC y a un menor HD.

Parámetro	Mejor	Peor	Media	Mediana	Desviación
sensibilidad	(DSC / HD)	(DSC/HD)	(DSC / HD)	(DSC/HD)	Típica (DSC
α					/ HD)
10	0,99/3,61	0,00/ 783,25	0,67/ 110,90	0,73/43,93	0,27/ 157,44
30	0,99/1,00	0,05 /1301,11	0,81 /139,85	0,95/8,06	0,29/262,86
50	0,99/1,00	0,05 /1378,20	0,64/263,05	0,93/82,20	0,37/357,10
70	0,99/ 1,00	0,01/2174,92	0,38/417,09	0,19/282,96	0,36/425,23
90	0,99/ 1,00	0,01/2448,80	0,16/667,13	0,10/532,73	0,21 /501,37

Vemos que los resultados difieren mucho dependiendo del valor que adquiera dicho parámetro, lo que ilustra la importancia de ajustarlo para mejorar nuestra solución. Además, el parámetro que mejor se ajusta es el 30.

4.2.3. Robustez a la localización inicial de las semillas del algoritmo de Crecimiento de Regiones

Cabe destacar que para algunas imágenes la inicialización de la semilla juega un papel muy importante, por ejemplo en aquellos casos en los que la imagen presenta mucho ruido de sal y pimienta (ver sección 3.1). Es por ello que hemos ejecutado cinco veces el algoritmo con diferentes inicializaciones de semilla (ver Tabla 2). Si bien los valores mejor, peor, media, mediana y desviación típica no sufren variaciones significativas, para cuatro imágenes supone pasar de un DSC inferior a 0,9 a uno superior. Por consiguiente, a pesar de que para la mayoría de las imágenes la inicialización de las semillas no afecta a los resultados de la segmentación (siempre y cuando estas se localicen en puntos pertenecientes a la prótesis), es conveniente tener en cuenta que en algunos casos puede suponer alcanzar un resultado mejor, pudiendo incluso ser suficiente para pasar de un resultado malo a uno bueno.

Por ejemplo, para la Figura 11(a), el valor máximo obtenido con una inicialización es de 0,94 (ver Figura 11(c)), mientras que el mínimo es de 0,76 (ver Figura 11(b)). La media obtenida para dicha imagen en los cinco test es de 0,80. Para la Figura 11(d), el valor máximo obtenido con una inicialización es de 0,94 (ver Figura 11(f)) mientras que el mínimo es de 0,87 (ver Figura 11(e)). La media obtenida para dicha imagen en los cinco test es de 0,89.



Figura 11 Ejemplos del impacto de la localización de las semillas en una buena segmentación. (a) imagen original a segmentar; (b) y (c) resultado de la segmentación de (a) con sus semillas en rojo, su DSC y su HD; (d) imagen original a segmentar; (e) y (f) resultado de la segmentación de (d) con sus semillas en rojo, su DSC y su HD

4.2.4. Estrategias óptimas para segmentar todo el conjunto de datos

Para segmentar satisfactoriamente las 167 imágenes, considerando como bien segmentadas aquellas cuyo DSC alcanza el valor de 0.9, hemos aplicado el algoritmo de Crecimiento de Regiones en diferentes fases. Primero, ejecutamos el algoritmo con un parámetro de sensibilidad α de 30, obteniendo un buen resultado para 124 imágenes, es decir, un 74% del *dataset*. Para las 43 imágenes restantes, se ejecuta el mismo algoritmo con diferentes valores del parámetro de sensibilidad: 10, 20, 40, 50, 60 y 70,

consiguiendo un buen resultado para 25 segmentaciones más, quedando únicamente 18 imágenes por segmentar. En estas 18 imágenes hemos aplicado un filtro de mediana de 5x5 o una ecualización del histograma (función *histeq* de Matlab), ejecutando el algoritmo de Crecimiento de regiones con un α de 10, 20, 30, 40 y 50. De esta manera se ha logrado un buen resultado para 5 imágenes más, dejando únicamente 13 por segmentar.

Por último, para estas 13 imágenes hemos aplicado un filtro de mediana de 7x7 o 5x5, una ecualización del histograma (función *histeq* de Matlab) y/o un filtro gaussiano de 7x7 sobre la región en la que se encuentra la prótesis (dicha región se ha seleccionado manualmente a partir de cuatro puntos indicados con el ratón). Junto a una selección más afinada del parámetro de sensibilidad, hemos logrado alcanzar el DSC de 0,9 para todo el *dataset*.

Tabla 4 Resumen de las principales estrategias utilizadas junto con el número de imágenes resueltas por cada una. Esta tabla pretende resumir de modo sintético las principales "familias" de estrategias utilizadas para resolver el dataset. Es importante destacar que algunas de estas cuatro estrategias se subdividirían en otras más específicas, pero hemos decidido aglutinar estrategias similares dentro del mismo grupo en aras de la sencillez y de facilitar la comprensión

Estrategia	Imágenes Resueltas
Crecimiento de regiones	
con parámetro 30	124
Crecimiento de regiones	
con parámetro 10, 20, 40,	25
50, 60 y 70	
Filtro de mediana 5x5,	
ecualización del histograma	5
con parámetro 10, 20, 30,	
40 y 50	
Filtro de mediana 7x7,	
ecualización del	13
histograma, y filtro	
gaussiano de 7x7	

4.3. Solución propuesta: Crecimiento de Regiones usando inicialización automática de semillas y evaluación de la calidad de la segmentación

Una vez que se ha comprobado que Crecimiento de Regiones es el procedimiento que mejor rendimiento ofrece, la solución propuesta en esta sección se centra en presentar la algoritmia necesaria para hacer de Crecimiento de Regiones un método completamente automático para resolver el problema que nos atañe. De este modo, la solución propuesta consta de 3 algoritmos: el primero el algoritmo de Crecimiento de Regiones propiamente dicho (véase la sección 2.1.1.6), el segundo un algoritmo de inicialización automática de las semillas necesarias para el buen funcionamiento del método de Crecimiento de Regiones (como se ha visto en 4.2.3 la localización inicial de las semillas es un elemento clave para la obtención de buenos resultados) y, tercero, una función de ajuste (o *Fitness Function*) que determine si la segmentación resultante ha sido buena o no (para omitir cualquier tipo de intervención humana en la evaluación de la calidad de la segmentación). La idea global es automatizar en su totalidad la segmentación de prótesis de rodilla en radiografías usando Crecimiento de Regiones. No debe obviarse que esto es una primera aproximación al problema en cuestión, dejando para el futuro implementaciones más sofisticadas.

A continuación mostramos el pseudocódigo del algoritmo implementado en primer lugar para ejecutar mediante Crecimiento de Regiones el conjunto de imágenes del *dataset*, con las semillas seleccionadas automáticamente y un parámetro de sensibilidad de 30.

Algoritmo 1: Crecimiento de Regiones aplicado en ejecución. Por tanto, se desconoce la Ground Truth, con lo que no se puede calcular ni el DSC ni la HD. Input: Lista de radiografías RX

Output: Imagen I resultante de nuestra segmentación mediante el algoritmo de Crecimiento de Regiones expuesto en la sección 2.1.1.6.

Inicialización: $\alpha = 30$;

FOR Lista_imagenes_RX DO

Seleccionamos RX

Seeds = Localización automática de semillas(RX);

I = Crecimiento de Regiones(RX, Seeds, α);

```
I = imfill^{18}(I);
        SegmentacionEsBuena = FitnessFunction(I);
        IF SegmentacionEsBuena == TRUE
               Output(I);
        ELSE
               FOR \alpha = 10 TO 70 DO
                       I = Crecimiento de Regiones(RX, Seeds, \alpha);
                       I = imfill(I);
                       SegmentacionEsBuena = FitnessFunction(I);
                       IF SegmentacionEsBuena == TRUE;
                              Output(I);
                              BREAK:
                       ELSE
                              \alpha = \alpha + 10;
                       END IF:
               END FOR
        END IF
END FOR
```

El algoritmo 1 recorre la lista de imágenes del *dataset* y selecciona una secuencialmente, localiza automáticamente las semillas (ver algoritmo 2), ejecuta el algoritmo de Crecimiento de Regiones con un parámetro de sensibilidad α de 30 y aplica una función de post procesado para rellenar los posibles agujeros negros que pudiesen quedar dentro del contorno de la prótesis. Posteriormente, aplica la función de ajuste a la imagen obtenida (ver algoritmo 3) y, si dicha función determina el resultado como válido, se devuelve la imagen como resultado. Si no, se procesa de nuevo la imagen inicial con el algoritmo de Crecimiento de Regiones con los valores de α 10, 20, 40, 50, 60 y 70. A las segmentaciones obtenidas se les aplica la función de ajuste y, si determina el resultado como válido, se devuelve la imagen.

En el siguiente paso veremos el algoritmo empleado para seleccionar automáticamente las semillas:

¹⁸ imfill es una función de Matlab que se utiliza para rellenar agujeros, en nuestro caso negros, en la imagen de la prótesis ya segmentada. De esta manera, se consigue homogeneizar en blanco toda la superficie de la prótesis segmentada.

Algoritmo 2: Localización automática de semillas. A partir de una radiografía RX de entrada, devuelve dos puntos de la misma que serán las semillas utilizadas como parámetro de entrada del algoritmo de Crecimiento de regiones.

```
Input: Radiografía RX
```

```
Output: Dos puntos de la Radiografía RX que servirán como semillas para el algoritmo de Crecimiento de Regiones expuesto en la sección 2.1.1.6.
```

```
Inicialización: Seed = []; NumSeed = 0; IntensidadPixel = 200;
```

```
NumeroFilasI = Size(I, Filas);
```

NumeroColumnasI = Size(I,Columnas);

PASO 1

FOR b=NumeroFilasI/2 TO NumeroFilasI*4/5

FOR c=NumeroColumnasI/5 TO NumeroColumnasI*4/5

```
IF I(b,c) > 200
```

IF I(b+10,c+10)> IntensidadPixel

```
b = b + 10;
```

```
c = c + 10;
```

```
Seed = [b;c];
```

```
NumSeed = 1;
```

BREAK;

```
END IF
```

END IF

```
END FOR
```

```
IF IsNotEmpty(Seed) == TRUE
```

BREAK

END IF

END FOR

```
FOR b=NumeroFilasI/3 TO NumeroFilasI*2/3
```

```
FOR c=NumeroColumnasI/5 TO NumeroColumnasI*4/5
```

IF I(NumeroFilasI - b,NumeroColumnasI - c) > IntensidadPixel

```
IF I(NumeroFilasI - b -10,NumeroColumnasI - c - 10) > IntensidadPixel
```

```
b = NumeroFilasI - b - 10;
```

c = NumeroColumnasI - c - 10;

```
Seed = [Seed;b;c];
```

NumSeed = NumSeed + 1;

BREAK;

END IF

END IF

```
END FOR

IF IsNotEmpty(Seed) == TRUE

BREAK

END IF

END FOR

IF NumSeed == 0

IF IntensidadPixel == 200

IntensidadPixel = 165;

GOTO PASO1;

ELSE IF IntensidadPixel = 165

IntensidadPixel = 200

GOTO PASO1;

END IF
```

END IF;

Este algoritmo 2 se basa en la intensidad y la posición relativa de la prótesis en las diferentes imágenes. Principalmente, se busca un píxel con una intensidad superior a 200 a partir del centro de la imagen iterando de izquierda a derecha y de arriba abajo. Una vez encontrado, se busca otro píxel de dicha intensidad a partir de la parte baja de la imagen, de derecha a izquierda y de abajo a arriba, con el objetivo de poner una semilla en cada componente de la prótesis. En caso de que no hubiera un píxel de intensidad superior a 200, se buscaría uno a partir de 185 y, en caso de que tampoco lo hubiera, lo haríamos por encima de 165. Con esto se puede cubrir las diferencias de intensidad de las prótesis entre las distintas imágenes del *dataset*. Así mismo, al empezar a buscar en el centro de la imagen, evitamos que la semilla caiga en un punto de intensidad similar a la buscada pero que no pertenezca a la prótesis, como por ejemplo en hueso.

Por último, mostramos el pseudocódigo del algoritmo utilizado para desarrollar la función de ajuste (*Fitness Function*), es decir, la función que, a partir de la imagen resultante de nuestro proceso de segmentación, nos devuelve si dicha segmentación es buena o mala.

Algoritmo 3: Fitness Function. Partiendo como entrada de la segmentación de una radiografía, devuelve Verdadero si la segmentación es buena (DSC mayor de 0.9) o Falso si no lo es.

Input: Imagen_Resultado_Segmentacion Img

```
Output: TRUE si la imagen segmentada es buena o FALSE si es mala.
Inicialización:
PorcentajeBlancoMax = 16;
PorcentajeBlancoMin = 0.6;
MaxFilaAbajo = 2341;
MinFilaAbajo = 157;
MaxFilaArriba = 1082;
MinFilaArriba = 1;
MaxColIzda = 628;
MinColIzda = 109;
MaxColDcha = 1105;
MinColDcha = 180;
PixBlan = Sum(Img(blancos);
PorcentajeBlanco = PixBlan/ N°TotalPixeles;
FilaAbajo = Max_Fila(Img(blancos);
FilaArriba = Min_Fila(Img(blancos);
ColIzda = Min_Col(Img(blancos));
ColDcha = Max_Col(Img(blancos));
IF PorcentajeBlanco > PorcentajeBlancoMax OR
  PorcentajeBlanco < PorcentajeBlancoMin
       Output = FALSE;
ELSE
       IF FilaAbajo < MaxFilaAbajo OR FilaAbajo > MaxFilaAbajo
              Output = FALSE;
       ELSEIF FilaArriba < MaxFilaArriba OR FilaArriba > MaxFilaArriba
              Output = FALSE;
       ELSEIF ColIzda > MaxColIzda OR ColIzda < MinColIzda
              Output = FALSE;
       ELSEIF ColDcha > MaxColDcha OR ColDcha < MinColDcha
              Output = FALSE;
       ELSE
              Output = TRUE;
END IF
```

El algoritmo 3 implementa la función de ajuste basándose en las características geométricas y en resultados estadísticos de las imágenes que conforman el *dataset*. Hemos tenido en cuenta la posición más alta y baja que ocupa la prótesis en el total de

las imágenes, así como el punto más a la izquierda y el más a la derecha. Por último, también hemos calculado el rango en el que se mueve el porcentaje de la imagen que corresponde a la prótesis. A partir de estos datos, hemos construido un rectángulo según el cual, si la superficie segmentada obtenida por nuestro algoritmo de Crecimiento de Regiones no está completamente en dicho rectángulo, se dará por mala la segmentación. Como la fila más alta en la que puede encontrarse una prótesis en el *dataset* es la primera, calculamos el ancho de la imagen segmentada que ocupa la primera fila. Si dicho ancho es inferior a 30, daremos la segmentación como mala. Por último, si el porcentaje de la imagen segmentada como prótesis está por encima del porcentaje máximo o por debajo del mínimo, también se dará la segmentación como mala. En todos los demás casos la segmentación se clasifique siempre como buena, aunque esto pueda provocar que en algún caso una mala segmentación se dé como buena.

5. EXPERIMENTACIÓN

La solución propuesta en este trabajo (ver Algoritmo 1) consiste en aplicar el algoritmo de Crecimiento de Regiones con una selección automática de semillas (Algoritmo 2) y una función de ajuste (Algoritmo 3) que permita una evaluación automática de la calidad de la segmentación. Para más detalles sobre la solución propuesta en su conjunto, así como sobre cada uno de sus componentes, remitimos al lector a la sección 4.3. A continuación, se intentarán cuantificar las tasas de acierto de cada uno de los algoritmos empleados (Algoritmos 1, 2 y 3). El Algoritmo 1, al tratarse del sistema al completo, será analizado en último lugar.

5.1. Evaluación de la inicialización automática de semillas

El primer paso de nuestra solución consiste en localizar automáticamente las semillas para el algoritmo de Crecimiento de Regiones. Los resultados obtenidos indican que en 148 imágenes localizamos las semillas en puntos que pertenecen a prótesis. Esto corresponde al 89% de las imágenes del *dataset*. De estas, en 123 imágenes se han colocado todas las semillas necesarias para la segmentación, es decir, una semilla por cada componente de la prótesis que existe en la imagen, lo que se corresponde a un 74% del *dataset*. Cabe mencionar que el algoritmo busca siempre dos semillas, por lo que en caso de haber dos prótesis en la imagen, una por cada rodilla (lo cual ocurre en 6 radiografías del *dataset*, es decir, en un 4% del total), esta solución no permitirá encontrar todas las semillas.

5.2. Evaluación de la función de ajuste a partir de la segmentación proporcionada por el algoritmo de Crecimiento de Regiones

Tras la localización de las semillas, el segundo paso consiste en ejecutar el algoritmo de Crecimiento de Regiones con un parámetro α de 30 y aplicar una función de ajuste que nos permita evaluar la calidad de nuestra segmentación. Dicha función, como se indicó en la sección 4.3, nos permite saber si nuestro resultado es lo suficientemente bueno, considerando como tal aquellas imágenes con un DSC superior al 0,90.

A la hora de evaluar el rendimiento de la función de ajuste desarrollada, en un primer momento, se utilizaron las segmentaciones obtenidas con Crecimiento de Regiones con un parámetro α de 30 y semillas localizadas manualmente. Los resultados obtenidos mostraron que el algoritmo de ajuste clasifica correctamente 162 segmentaciones, un 97% del total, lo que no implica que las 162 imágenes hayan sido segmentadas correctamente (en concreto, de esas 162 se segmentaron bien 123 radiografías). Es decir, para esas 162 imágenes, la función de ajuste nos dice acertadamente si una imagen ha sido bien segmentada o no, de acuerdo a nuestro criterio de dar por buena una segmentación si tiene un DSC superior al 0,9. Las 5 imágenes que no clasifica bien son falsos positivos, es decir, imágenes dadas por buenas por la función de ajuste pero cuya segmentación no fue buena (DSC < 0,9). No hay ningún falso negativo (no se da como mala ninguna imagen buena).

En total, de las 167 radiografías, 123 fueron segmentadas correctamente y 44 erróneamente. De las 44 imágenes del *dataset* no segmentadas correctamente, por medio de Crecimiento de Regiones con un parámetro α de 30 y semillas localizadas manualmente, se les aplicaría el algoritmo de Crecimiento de Regiones con valores de α de 10, 20, 30, 40, 50, 60 y 70. A continuación se ejecutaría la función de ajuste para comprobar si, en este caso, se habría podido segmentar la radiografía con éxito. El número resultante de segmentaciones en este paso fue de 308 (las 44 imágenes dadas por malas por la función de ajuste anteriormente multiplicadas por los 7 valores de α probados: 10, 20, 30, 40, 50, 60 y 70). Para las segmentaciones obtenidas en esta parte del proceso, el algoritmo de función de ajuste clasifica bien 267 del total de 308 imágenes, es decir, un 87%. De las 41 imágenes que no se clasifican bien, de un total de 308, hay 39 falsos positivos y 2 falsos negativos.

Teniendo en cuenta toda la experimentación realizada, se puede concluir que la tasa de acierto de la función de ajuste ronda el 90%. Este dato proviene de las segmentaciones correctamente clasificadas: 162, de un total de 167, y 267, de un total de 308. Es decir, 429 de 475.

5.3. Evaluación de la solución propuesta en su conjunto

Los resultados obtenidos incluyendo la localización automática de las semillas se pueden observar en la Tabla 5. El valor máximo del DSC es de 0,99 y el mínimo de HD es de 1, lo cual quiere decir una segmentación prácticamente perfecta. La mediana alcanza un valor de 0,94 superando así el valor de 0,9 que se puede considerar como umbral para una segmentación correcta. Si lo comparamos con una ejecución del algoritmo de Crecimiento de Regiones con un α de 30 y una localización manual de semillas, podemos observar cómo nuestra solución obtiene unos resultados ligeramente inferiores.

En total, 106 imágenes han obtenido un DSC superior a 0,9. Tan solo una de esas imágenes se da como mala en la función de ajuste. Es decir, 105 imágenes han sido segmentadas bien y dadas como buenas por la función de ajuste, lo que equivale al 63% del total del *dataset*. Utilizando la solución semi-automática, otras 40 imágenes podrían ser segmentadas correctamente (con un Coeficiente de Dice medio de 0,89), de modo que el 87% del *dataset* podría ser resuelto con esta combinación de segmentación automática (105 imágenes) y semi-automática (40 imágenes)

Tabla 5 Resultados obtenidos con la solución propuesta, una solución semiautomática y una manual. Los resultados de la solución automática propuesta corresponden a las 105 imágenes del dataset que nuestro método ha sido capaz de segmentar bien y clasificar correctamente a través de la función de ajuste. Los resultados de la solución semi-automática engloban los resultados de las 105 imágenes resueltas mediante nuestro método automatico mas las 62 restantes procesadas con una localizacion de semillas manual. Los resultados de la solución manual muestran los valores obtenidos mediante un enfoque totalmente manual, como el visto en la Tabla 2

	Mejor	Peor	Media	Mediana	Desviación
	(DSC / HD)	(DSC /	(DSC / HD)	(DSC / HD)	Típica (DSC
		HD)			/ HD)
Solución					
Automática	0,99/1,00	0,89/470,06	0,96/35,54	0,96/7,07	0,03/74,60
Propuesta					
Solución					
Semi-	0,99/8,15	0,07/925,51	0,89/74,89	0,96/8,15	0,20/161,21
Automática					
Solución					
Manual	0,99/1,00	0,05/1301,1	0,81/140,31	0,95/8,06	0,29/262,91
(CR con α=30)					

En la Figura 12 podemos ver dos ejemplos de imágenes segmentadas con valores de DSC del 0,99. En concreto, en la Figura 12(a) y (b) vemos la radiografía original así como la segmentación obtenida mediante nuestro proceso con un DSC de 0,99 y una HD de 5,66. Mientras que en la Figura 12(c) y (d) vemos otra radiografía original y su segmentación con un DSC de 0,99 y una HD de 7.



Figura 12 Resultados de la solución propuesta con un DSC de 0,9. En las figuras (a) y (c) vemos las imágenes originales y en la (b) y (d) las segmentaciones obtenidas con nuestro proceso.

En la Figura 13 podemos ver dos imágenes con un valor de DSC entre 0,8 y 0,9. En concreto, en las imágenes de la Figura 13(a) y (b) vemos una imagen original y su segmentación asociada con un valor de DSC de 0,88 y una HD de 213,21, mientras que en la Figura 13(c) y (d) vemos otra radiografía y su segmentación con un valor de DSC de 0,86 y una HD de 16,64.



Figura 13 Resultados de la solución propuesta con un DSC entre 0,8 y 0,9. En las figuras (a) y (c) vemos las imágenes originales y en la (b) y (d) las segmentaciones obtenidas con nuestro proceso. Ambos ejemplos han sido rechazados por nuestro sistema por la función de ajuste, descartados y no tenidos en cuenta para los resultados de la tabla 5.

En la Figura 14 tenemos dos imágenes con un DSC entre 0,4 y 0,7. Concretamente, en la Figura 14(a) y (b) vemos una radiografía y su segmentación con un DSC de 0,61 y una HD de 205,04, mientras que en la Figura 14(c) y (d) vemos una imagen original y la segmentada con un DSC de 0,46 y una HD de 52,39.



Figura 14 Resultados de la solución propuesta con un DSC entre 0,4 y 0,7. En las figuras (a) y (c) vemos las imágenes originales y en la (b) y (d) las segmentaciones obtenidas con nuestro proceso. Ambos ejemplos han sido rechazados por nuestro sistema por la función de ajuste, descartados y no tenidos en cuenta para los resultados de la tabla 5.

Cabe destacar que para 5 imágenes el DSC alcanza el 0,9 a pesar de que las dos semillas no están bien puestas. Esto se debe a que una de las dos si está bien colocada mientras que la otra, si bien no estaría en un píxel perteneciente a la prótesis, está muy cercana a ella. Como ejemplo de esto, podemos observar como para localizar semillas en la radiografía mostrada en la Figura 15(a) se han detectado automáticamente los puntos mostrados en la Figura 15(b), en el que el punto superior marcado con una aspa roja no pertenece a la prótesis, aunque sí que está muy cercana a ella (es casi imperceptible a simple vista). En la Figura 15(c) se muestra el resultado de la segmentación obtenido con nuestro algoritmo, con un DSC de 0,96 y una HD de 5,39.



Figura 15 (a) Radiografía original a segmentar (b) GT de la radiografía original con las aspas en rojo indicando los puntos en los que se han localizado automáticamente las semillas (c) Resultado final de la segmentación con un DSC de 0,96 y una HD de 5,39.

6. CONCLUSIONES

A continuación, se presentan las conclusiones a las que se ha llegado en el presente trabajo de investigación y desarrollo que, como se ha mostrado, relaciona estrechamente las áreas de análisis de imagen médica y visión por computador.

Tal y como hemos visto en la sección 1.2, el objetivo general de este trabajo es el desarrollo de un algoritmo de segmentación de prótesis de rodilla en radiografías que sea sencillo, rápido, preciso, robusto y automático. Este objetivo general, se descompone en dos más específicos: estudiar la problemática y la literatura existente en profundidad, así como realizar el diseño, implementación y experimentación de un algoritmo de segmentación automático que resuelva el problema propuesto.

En las secciones 2.1.1 y 4.2.1 hemos hecho un estudio comparativo de diferentes métodos de segmentación para resolver nuestro problema. Si bien no hemos encontrado ningún artículo o informe existente que aborde exactamente la misma problemática y, desde este punto de vista, el trabajo actual debe ser considerado como novedoso, el análisis ha sido productivo ya que hemos conseguido encontrar un algoritmo de segmentación, el de Crecimiento de Regiones, que se ajusta bien a las características de nuestro *dataset*, tal y como hemos demostrado empíricamente. De hecho, el DSC ha alcanzado un valor de 0,81 de media y de 0,95 de mediana, para un test realizado sobre todo el *dataset* con una localización manual de semillas. Otros métodos probados han sido Otsu, K-Medias, Watershed, Chan and Vese y Contornos Activos Geodésicos, y los resultados obtenidos han sido mucho peores.

De acuerdo con la experimentación realizada y con los resultados obtenidos, podemos concluir que los objetivos de realización, diseño, implementación y experimentación de un algoritmo de segmentación automático se han cumplido de un modo satisfactorio. La solución propuesta es totalmente automática y sencilla de transferir e implementar (como se puede ver en el capítulo 4.3). El algoritmo diseñado e implementado es capaz de segmentar correctamente 105 de las 167 imágenes con un DSC de 0,9 en todos los casos. Las 62 imágenes restantes se corresponden con aquellas en que la función de ajuste decidió rechazar la segmentación por considerarla insuficientemente buena. Conviene recordar que este método es completamente automático y, de ser utilizado algún día en la práctica clínica, devuelve sólo aquellas segmentaciones realmente aprovechables. A continuación, aquellas segmentaciones

consideradas erróneas podrían ser resueltas muy fácilmente. El traumatólogo podría introducir una semilla en cada componente protésico para que la segmentación fuese semi-automática.

También hemos podido constatar que para algunas imágenes la solución no funciona correctamente. Las razones por las que esta situación se produce se pueden agrupar en los siguientes puntos:

- Porque las radiografías no presentan el suficiente contraste para que el algoritmo de crecimiento de regiones funcione apropiadamente. Como se puede ver en el capítulo 4.2.4, para algunos casos la única manera de obtener una buena segmentación es aplicando técnicas de preprocesado y ajustando el parámetro de sensibilidad α lo máximo posible. Sin embargo, en una solución automática es muy difícil contemplar estos casos, sobre todo para inicializar acertadamente las semillas.
- Porque en la imagen haya dos prótesis, una en cada rodilla, ya que nuestra implementación trata de poner dos semillas automáticamente, lo que implica que solo se segmente una prótesis como máximo. La solución en estos casos pasaría por poner más de dos semillas, pero eso haría que para otras radiografías se pusieran semillas en píxeles no pertenecientes a la prótesis.
- Porque una de las dos semillas no se localice en la prótesis. Esto se puede dar porque la imagen presente poco contraste, tal y como hemos visto en el primer punto, o porque haya una región en la imagen que sea muy blanca, de tal manera que el algoritmo la confunda con la prótesis.

7. TRABAJOS FUTUROS

Seguidamente se indican los trabajos con los que se continuará a corto y medio plazo y que derivan de los resultados de este proyecto.

- A corto plazo el principal objetivo consiste en aumentar el *dataset* de prótesis con otras 150-200 imágenes. Para ello, el primer paso consistiría en segmentar a mano cada imagen para obtener la *ground truth*. Como es bien sabido, las técnicas de aprendizaje máquina (*machine learning*) dependen enormemente de los datos a partir de los cuales aprenden. De ese modo, cuanto mayor, más representativo y variado sea el conjunto de datos usado para el entrenamiento, mayor será la capacidad de generalización del modelo entrenado.
- A continuación, se trabajará en que el sistema de localización automática de las semillas iniciales sea más robusto y eficaz, aumentando el porcentaje de imágenes que son satisfactoriamente segmentadas. Se deberá mejorar la localización para aquellas radiografías en las que hay dos prótesis, una en cada rodilla. Se compararán también en mayor detalle los distintos algoritmos de segmentación, ajustando con mayor precisión sus parámetros internos para sacar de todos ellos el mayor partido posible, posiblemente por medio del uso de herramientas de configuración automática de parámetros como IRACE (López-Ibáñez y col., 2016). Otro objetivo inmediato será mejorar la técnica de evaluación del ajuste de la segmentación (es decir, un método que, dadas varias segmentaciones, nos diga cuál es la menos mala), de modo que podamos evaluar con más precisión cómo de buena es la segmentación, haciendo que no sea un clasificador binario sino que pueda decidir entre dos segmentaciones buenas cuál es la mejor. No se descarta, para esa tarea, el uso de redes de neuronas artificiales que tomen como entrada una imagen segmentada (o características extraídas de la imagen segmentada) y proporcione en la salida un valor que indique cómo de buena es la segmentación. No obstante, para entrenar dicho sistema sospechamos que deberíamos tener muchos más datos. También se deberá trabajar en mejorar el porcentaje de imágenes segmentadas, para tratar de

segmentar correctamente el 100% del *dataset*, superando así el actual 63% de la solución automática y el 87% de la solución semiautomática.

El campo de la Inteligencia Artificial, en general, y del aprendizaje automático, en particular, está viviendo en estos últimos años una extraordinaria revolución y popularización. Dicha revolución sigue la denominación de aprendizaje profundo (deep learning) (LeCun y col., 2015; Schmidhuber, 2015). Esto es, modelos computacionales compuestos por numerosas capas de procesado y empleados para aprender representaciones con múltiples niveles de abstracción a partir de los datos de entrada. Se trata de métodos que, durante el último lustro, han mejorado dramáticamente los resultados proporcionados por las técnicas existentes en tareas como reconocimiento del habla (Hinton y col., 2012), traducción automática (Sutskever y col., 2014) y clasificación de imágenes (Krizhevsky y col., 2012), o que directamente han superado la capacidad humana en actividades complejas (Silver y col., 2016). Considerado por el MIT Technology Review (Hof, 2013) como uno de los adelantos tecnológicos más deslumbrantes de 2013, y con compañías como Facebook o Google invirtiendo grandes cantidades de dinero en este campo de investigación, el aprendizaje profundo ha alcanzado estas cotas de éxito gracias tanto a la irrupción de la computación basada en GPU (que permite un alto paralelismo y, por lo tanto, la realización de tareas computacionalmente costosas con mucha mayor rapidez), como a nuevos avances teóricos y a la actual posibilidad de disponer de grandes conjuntos de datos de entrenamiento. De entre todas las aplicaciones del aprendizaje profundo, hay una que llama particularmente la atención por la gran cantidad de trabajos existentes y los asombrosos resultados obtenidos: la visión artificial y el procesado de imagen. De hecho, una de las formas más efectivas de aprendizaje profundo (las redes de neuronas convolucionales) ha superado ampliamente a técnicas preexistentes en detección de objetos (Girshick y col., 2014) y reconocimiento de caras (Taigman y col., 2014), por ejemplo. Este rendimiento tan extraordinario hace pensar que el ámbito de la traumatología y la ortopedia no serán una excepción. De hecho, los trabajos basados en deep *learning* aplicados a problemas de imagen médica han aumentado enormemente

en los últimos años¹⁹. Como consecuencia, un trabajo futuro a corto plazo será experimentar con redes neuronales profundas (sea para realizar la segmentación, la evaluación de la segmentación, o la clasificación directamente).

- En relación directa con el punto anterior, un posible trabajo futuro consistiría en ignorar la segmentación como una fase esencial en el proceso de clasificar radiografías de prótesis de rodilla. De ese modo, si el objetivo final es realizar la clasificación de prótesis, dicha clasificación se podría realizar directamente por medio de técnicas de *deep learning*, sin necesidad de realizar la segmentación o extraer características manualmente. Es decir, se podría entrenar una red neuronal profunda con pares de imágenes y modelos protésicos para, directamente desde los datos crudos (raw data), realizar la clasificación de los modelos protésicos. Por otro lado, si de lo que se tratase es solamente de hacer la segmentación de estas imágenes, otra alternativa sería utilizar estas potentes técnicas de aprendizaje profundo realizar la segmentación para automáticamente. Si bien, al menos en lo que respecta al conocimiento que poseemos sobre este tema, creemos que las redes neuronales profundas han proporcionado mejores resultados, y presentan un mayor grado de madurez científica, en el campo de la clasificación que en el de segmentación.
- El objetivo a medio plazo sería la elaboración de un artículo científico que pudiese ser enviado a alguna conferencia en el ámbito del procesado y análisis de imagen médica, como pudiera ser ISBI (*International Symposium on Biomedical Imaging*) o MICCAI (*Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention*), empleando para ello el material contenido en este trabajo así como las extensiones mencionadas anteriormente dentro de este mismo capítulo.

¹⁹ Tómese como ejemplo la edición especial que la prestigiosa revista *IEEE Transactions on Medical Imaging* dedicó al aprendizaje profundo en Mayo de 2016: <u>https://ieeexplore.ieee.org/xpl/tocresult.jsp?isnumber=7463083</u>

BIBLIOGRAFÍA

- (Adams & Bischof, 1994) Adams, R., Bischof, L., Seeded Region Growing. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, volumen 16, número 6, páginas 641-647, 1994.
- (Aja-Fernandez y col., 2010) Aja-Fernandez, S., Vegas-Sanchez-Ferrero, G. & Martin Fernandez, M.A. Soft thresholding for medical image segmentation. In Procs. of the International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC'10), páginas 4752-4755, 2010.
- (AOA, 2006) Australian Orthopaedic Association National Joint Replacement Registry Australian Orthopaedic Assoc., Adelaide, Australia, Annu. Rep., 2006.
- (Beucher & Meyer, 1993) Beucher, S., Meyer F. *The morphological approach to segmentation: the watershed transformation*. Mathematical Morphology in Image Processing, páginas 433-481, 1993.
- (CIHI, 2006) Canadian Joint Replacement Registry Canadian Institute for Health Information, Toronto, ON, Canada, Annu. Rep. Hip Knee Replacements, 2006.
- (Borus & Thornhill, 2008) Borus, T. & Thornhill, T. Unicompartmental knee arthroplasty. J. Am. Acad. Orthop. Surg., volumen 16, páginas 9-18, 2008.
- (Canny, 1986) Canny, J. A Computational Approach to Edge Detection. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, volumen 8, número 6, páginas 679-698, 1986.
- (Cabrero, 2006) Cabrero Fraile, F.J. Imagen Radiológica. Principios Físicos e Instrumentación. Elsevier, página 80, reimpresión 2006.

- (Caselles y col., 1997) Caselles, V., Kimmel, R., Sapiro, G. Geodesic Active Contours. International Journal of Computer Vision, páginas 61-79, 1997.
- (Chang & Li, 1994) Chang, Y.L. & Li, X. Adaptive image region-growing. IEEE Trans. on Image Processing, volumen 3, número 6, páginas 868–872, 1994.
- (Chan & Vese, 2001) Chan, T.F. & Vese, L.A., Active Contours Without Edges. IEEE Trans. on Image Processing, volumen 10, número 2, páginas 266–277, 2001.
- (Cheng y col., 2013) Cheng, Y., Zhou, S., Wang, Y., Guo, C., Bai, J, Tamura, S. Automatic Segmentation Technique for Acetabulum and Femoral Head in CT Images. Pattern Recognition, volumen 46, número 11, páginas 2969-2984, 2013.
- (Chen y col., 1998) Chen, C.W., Luo, J., Parker, K.J. Image segmentation via adaptive K-mean clustering and knowledge-based morphological operations with biomedical applications. IEEE Transactions on image processing, volumen 7, número 12, páginas 1673–1683, 1998.
- (Collins y col., 2015) Collins, T., Bartoli, A., Bourdel, N. & Canis, M. Segmenting the Uterus in Monocular Laparoscopic Images without Manual Input. LNCS, volumen 9351, páginas 181–189. Springer, Heidelberg, 2015
- (Culliford y col., 2015) Culliford, D., Maskell, J., Judge, A., Cooper, C., Prieto-Alhambra, D. & Arden, N.K. Future projections of total hip and knee arthroplasty in the UK: results from the UK Clinical Practice Research Datalink. Osteoarthritis and Cartilage, volumen 23, número 4, páginas 594-600, 2015.

- (Davis y col., 2012) Davis, L. M., Theobald, B.-J., Lines, J. On the Segmentation and Classification of Hand Radiographs. International Journal of Neural Systems, volumen 22, número 5, 2012.
- (Europapress, 2016) <u>http://www.europapress.es/euskadi/noticia-90-protesis-rodillas-anuales-implantan-espana-programan-corregir-efectos-artrosis-20161109191958.html</u> Enlace consultado el 19/02/2017.
- (Ferreirós, 2009) Ferreirós Domínguez, J. Imagen por Rayos X. Radiología Esencial Tomo 2. Seram: Sociedad Española de Radiología Médica. Directores: del Cura, J.L., Pedraza, S. & Gayete, A. Páginas 3-15. 2009.
- (Fu & Mui, 1981) Fu, K.S. & Mui, J.K. A survey on image segmentation. Pattern Recognition, volumen 13, número 1, páginas 3-16, 1981.
- (Gambotto, 1986) Gambotto, J.P. *A hierarchical segmentation algorithm*. In Procs. of the IEEE Conference on Pattern Recognition, páginas 951–953, 1986.
- (Girshick y col., 2014) Girshick, R., Donahue, J., Darrell, T. & Malik, J. Rich feature hierarchies for accurate object detection and semantic segmentation, Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition (CVPR), páginas 580-587, 2014.
- (Haralick & Shapiro, 1985) Haralick, R.M. & Shapiro, L.G. Image segmentation techniques. Computer Vision, Graphics, and Image Processing, volumen 29, número 1, páginas 100-132, 1985.
- (Heimann & Meinzer, 2009) Heimann, T., Meinzer, H-P. Statistical shape models for 3D medical image segmentation: A review. Medical Image Analysis, volumen 13, número 4, páginas 543-563, 2009.
- (Hinton y col., 2012) Hinton, G., Deng, L., Yu, D., Dahl, G., Mohamed, A.-R., Jaitly, N., Senior, A., Vanhoucke, V., Nguyen, P., Sainath, T. & Kingsbury, B.

Deep Neural Networks for Acoustic Modeling in Speech Recognition, IEEE Signal Processing Magazine, volumen 29, número 6, páginas 82-97, 2012.

- (Hof, 2013) Hof, R.D. Deep Learning. With massive amounts of computational power, machines can now recognize objects and translate speech in real time. Artificial intelligence is finally getting smart. MIT Technology Review, 2013.
- (Jain y col., 1996) Jain, A.K., Zhong, Y. & Lakshmanan, S. Object matching using deformable templates. IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence, volumen 18, páginas 267-278, 1996.
- (Klinder y col., 2009) Klinder, T., Ostermann, J., Ehm, M., Franz, A., Kneser, R. & Lorenz, C. Automated model-based vertebra detection, identification, and segmentation in CT images. Medical Image Analysis, volumen 13, páginas 471-482, 2009.
- (Krizhevsky y col., 2012) Krizhevsky, A., Sutskever, I. & Hinton, G. ImageNet classification with deep convolutional neural networks. Advances in neural information processing systems, páginas 1097-1105, 2012
- (Kurtz y col., 2007) Kurtz, S., Ong, K., Lau, E., Mowat, F., & Halpern, M. Projections of primary and revision hip and knee arthroplasty in the United States from 2005 to 2030. The Journal of bone and joint surgery. American volume, volumen 89, número 4, páginas 780-785, 2007.
- (Kurtz y col., 2011) Kurtz, S.M., Ong, K.L., Lau, E., Widmer, M., Maravic, M., Gómez-Barrena, E., de Pina, M.de.F., Manno, V., Torre, M., Walter, W.L., de Steiger, R., Geesink, R.G.T., Peltola, M. & Röder, C. *International survey of primary and revision total knee replacement*. International Orthopaedics, volumen 35, número 12, páginas 1783-1789, 2011.

- (LeCun y col., 2015) LeCun, Y. Bengio, Y. & Hinton, G. *Deep Learning*. Nature 521 (7553), páginas 436-444, 2015.
- (Liu y col., 2016) Liu, B., Zhang, H., Hua, S., Jiang, Q., Huang, R, Wenpeng, L., Zhang, S., Zhang, B. & Yue, Z. An Automatic Segmentation System of Acetabulum in Sequential CT Images for the Personalized Artificial Femoral Head Design. Computer Methods and Programs in Biomedicine 127, páginas 318-335, 2016.
- (López-Ibáñez y col., 2016) López-Ibáñez, M., Dubois-Lacoste, J., Cáceres, L.P., Stützle, T. & Birattari, M. *The irace package: Iterated Racing for Automatic Algorithm Configuration*. Operations Research Perspectives, 2016.
- (MacQueen, 2008) MacQueen, J. Some methods for classification and analysis of multivariate observations. Proceedings of the Fifth Berkeley Symposium on Mathematical Statistics and Probability, volumen 1: Statistics, páginas 281-297, 2008.
- (Mahfouz y col., 2005) Mahfouz, M.R, Hoff, W.A., Komistek, R.D. & Dennis, D.A. Effect of segmentation errors on 3D-to-2D registration of implant models in X-ray images. Journal of Biomechanics, volumen 38, páginas 229-239, 2005.
- (McInerney & Terzopoulos, 1996) McInerney, T. & Terzopoulos, D. Deformable models in medical image analysis: a survey. Medical Image Analysis, volumen 1, número 2, páginas 91-108, 1996.
- (Meneghini, 2012) Meneghini, R.M., Cirugía de revisión de artroplastia total de rodilla. Capítulo XXX en Alec Bini, S. & Maculé Beneyto, F. Complicaciones de la Prótesis Total de Rodilla. Monografías AAOS-

SECOT. Sociedad Española de Cirugía Ortopédica y Traumatología, número 1, páginas 59-69, 2012.

- (Mesejo y col., 2013) Mesejo, P., Ugolotti, R., Di Cunto, F., Giacobini, M. & Cagnoni,
 S. Automatic hippocampus localization in histological images using Differential Evolution-based deformable models. Pattern Recognition Letters, volumen 34, número 3, páginas 299-307, 2013.
- (Ng y col., 2006) Ng, H.P., Ong, S.H., Foong, K.W.C., Goh, P.S. & Nowinski,
 W.L. *Medical image segmentation using k-means clustering and improved watershed algorithm*. In Procs. of the IEEE Southwest Symposium on Image Analysis and Interpretation, páginas 61–65, 2006.

(Operarme, 2017) Operarme Link: <u>https://www.operarme.es/tratamiento/9/protesis-total-de-rodilla-</u> <u>artroplastia/</u> Enlace consultado el 16/04/2017.

- (Oprea & Vertan, 2007) Oprea, A. & Vertan, C. A Quantitative Evaluation of the Hip Prosthesis Segmentation Quality in X-Ray Images. In Procs. of the International Symposium on Signals, Circuits and Systems (ISSCS), páginas 1-4, 2007.
- (Ortega y col., 2002) Ortega Andreu, M., Barco Laakso, R., & Rodríguez Merchan, E.C. Artroplastia total de rodilla. Revista Española de Cirugía Ortopédica y Traumatología, volumen 46, número 5, páginas 476-484, 2002.
- (Otsu, 1979) Otsu, N. A threshold selection method from gray-level histograms. IEEE Trans. on Systems, Man and Cybernetics, volumen 9, número 1, páginas 62–66, 1979.
- (Pabinger y col., 2013) Pabinger, C., Berghold, A., Boehler, N., & Labek, G. Revision rates after knee replacement. Cumulative results from worldwide clinical
studies versus joint registers. Osteoarthritis and Cartilage, Volumen 21, páginas 263-268, 2013.

- (Pajares & Cruz, 2007) Pajares, G., de la Cruz, J. M. Visión por Computador. Imágenes digitales y aplicaciones. Ra-Ma 2° edición, páginas 180-181, 2007.
- (Pal & Pal, 1993) Pal, N.R. & Pal, S.K. A review on image segmentation techniques.Pattern Recognition, volumen 26, número 9, páginas 1277–1294, 1993.
- (Paragios y col., 2015) Paragios, N., Duncan, J. & Ayache, N. *Handbook of Biomedical Imaging*. Springer US 1° edición, páginas 169-182, 2015.
- (Pham y col., 2000) Pham, D.L., Xu, C. & Prince. J.L. Current Methods in Medical Image Segmentation. Annual Review of Biomedical Engineering, volumen 2, páginas 315–337, 2000.
- (Russakovsky y col., 2015) Russakovsky, O., Deng, J., Su, H., Krause, J., Satheesh, S., Ma, S., Huang, Z., Karpathy, A., Khosla, A., Bernstein, M., Berg, A.C. & Fei-Fei, L. *ImageNet Large Scale Visual Recognition Challenge*. International Journal of Computer Vision, volumen 115, número 3, páginas 211-252, 2015.
- (Schmidhuber, 2015) Schmidhuber, J. Deep Learning in Neural Networks: An Overview. Neural Networks, volumen 61, páginas 85-117, 2015.
- (Silver y col., 2016) Silver, D., Huang, A., Maddison, C.J., Guez, A., Sifre, L., van den Driessche, G., Schrittwieser, J., Antonoglou, I., Panneershelvam, V., Lanctot, M., Dieleman, S., Grewe, D., Nham, J., Kalchbrenner, N., Sutskever, I., Lillicrap, T., Leach, M., Kavukcuoglu, K., Graepel, T. & Hassabis, D. *Mastering the game of Go with deep neural networks and tree search*. Nature 529, páginas 484–489, 2016.

- (Sutskever y col., 2014) Sutskever, I., Vinyals, O. & Le, Q.V. Sequence to sequence *learning with neural networks*. Advances in neural information processing systems, páginas 3104-3112, 2014.
- (Taigman y col., 2014) Taigman, Y., Yang, M., Ranzato, M.A. & Wolf, L. DeepFace: Closing the Gap to Human-Level Performance in Face Verification, Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), páginas 1701-1708, 2014
- (Tarroni y col., 2012) Tarroni, G., Tersi, L., Corsi, C. & Stagni, R. Prosthetic Component Segmentation with Blur Compensation: a Fast Method for 3D Fluoroscopy. Medical and biological engineering and computing volumen 50, número 6, páginas 631-640, 2012.
- (Terzopoulos & Fleischer, 1988) Terzopoulos, D. & Fleischer, K. *Deformable models*. The Visual Computer, volumen 4, páginas 306–331, 1988.
- (Terzopoulos y col., 1988) Terzopoulos, D., Witkin, A. & Kass, M. Constraints on deformable models: Recovering 3D shape and nonrigid motion. Artificial Intelligence, volumen 36, páginas 91–123, 1988.
- (Van Manen y col., 2012) Van Manen, M., Nace, J. & Mont, M. Management of Primary Knee Osteoarthritis and Indications for Total Knee Arthroplasty for General Practitioners. The Journal of the American Osteopathic Association, volumen 112, páginas 709-715, 2012.
- (Varshney y col., 2009) Varshney, K.R., Paragios, N., Deux, J.-F., Kulski, A., Raymond, R., Hernigou, P. & Rahmouni, A. *Postarthroplasty Examination Using X-Ray Images*. IEEE Trans. on Medical Imaging, volumen 28, número 3, páginas 469-474, 2009.
- (Vincent & Soille, 1991) Vincent, L., Soille, P. Watersheds in Digital Spaces: An Efficient Algorithm Based on Immersion Simulations. IEEE Transactions

on pattern analysis and machine intelligence, volumen 13, número 6, 1991.

- (Waldemar,2017) Waldemar Link: <u>http://www.waldemarlink.es/pacientes_rod_3.htm</u> Enlace consultado el 19/02/2017.
- (Xu y col., 2000) Xu, C., Pham, D.L. & Prince, J.L. Image segmentation using deformable models. In Handbook of Medical Imaging. Medical Image Processing and Analysis, Springer Verlag, volumen 2, páginas 175–272, 2000.
- (Zhang y col., 2010) Zhang, J., Yan, C.-H., Chui, C.-K., Ong, S.-H. Fast Segmentation of Bone in CT Images Using 3D Adaptive Thresholding. Computers in Biology and Medicine 40, páginas 231-236, 2010.
- (Ziou & Tabbone, 1998) Ziou, D. & Tabbone, S. Edge Detection Techniques An Overview. International Journal of Pattern Recognition and Image Analysis, volumen 8, páginas 537–559, 1998.