

**REPRESENTACIÓN DE MOVIMIENTO REGIONAL PARA LA
CARACTERIZACIÓN DE PATOLOGÍAS CARDIACAS EN SECUENCIAS-MRI**

ALEJANDRA MORENO TARAZONA

**UNIVERSIDAD INDUSTRIAL DE SANTANDER
FACULTAD DE INGENIERÍAS FÍSICOMECÁNICAS
ESCUELA DE INGENIERÍA DE SISTEMAS E INFORMÁTICA
BUCARAMANGA**

2020

**REPRESENTACIÓN DE MOVIMIENTO REGIONAL PARA LA
CARACTERIZACIÓN DE PATOLOGÍAS CARDIACAS EN SECUENCIAS-MRI**

ALEJANDRA MORENO TARAZONA

**Una tesis presentada en cumplimiento de los requisitos para el grado de:
Ingeniera de Sistemas e Informática**

Director:

Fabio Martínez Carrillo

Doctor en Ingeniería de Sistemas y Computación

**UNIVERSIDAD INDUSTRIAL DE SANTANDER
FACULTAD DE INGENIERÍAS FÍSICOMECÁNICAS
ESCUELA DE INGENIERÍA DE SISTEMAS E INFORMÁTICA
BUCARAMANGA**

2020

AGRADECIMIENTOS

El autor expresa su agradecimiento:

Principalmente a Dios, y a mi padre Claudio Moreno, quien me ha apoyado incondicionalmente para alcanzar todas mis metas, quien no deja que me rinda, quien quiere que cumpla todos mis sueños, quien siempre me dice que con esfuerzo se logran todas las cosas y siempre intenta hacer todo lo posible, por mi bienestar, salud y felicidad.

A mi madre Myriam Tarazona, quien a pesar de no tenerla todos los días a mi lado, siempre ha confiado en mí y sé que está orgullosa por este logro que voy a cumplir.

A mi hermana Kelly, quien realmente ha sido un ejemplo a seguir, de hecho, es la primera razón por la cuál pensé en entrar a Ingeniería de Sistemas. Me ha enseñado que no importa lo difíciles que sean las cosas, siempre se debe luchar, seguir adelante y al final de todo, se verán las recompensas.

A mi familia, por siempre brindarme su apoyo.

A mi director de proyecto, Fabio Martinez quien ha sido un excelente profesor, por la gran paciencia que ha tenido a lo largo de los años, por guiarme y formarme en el camino de investigación. Así mismo, por creer en mí y ayudarme a sacar mi mayor potencial, para cumplir mis metas profesionales.

Al Ingeniero Jefferson Rodriguez, quién ha estado presente desde el comienzo del proyecto, apoyándome y ayudándome con las dudas generadas a través de este.

Ha sido una excelente persona y me ha ayudado a crecer en la investigación.

A mis amigos, Karol, Adriana, Yessica y Hector quienes desde hace mucho tiempo han estado presente en mi vida, a pesar de las adversidades.

A mis amigos de la universidad, especialmente a Lina y Brayan, quienes me han acompañado durante toda la carrera universitaria, con quienes empecé este gran sueño y así mismo, pasé tanto alegrías como tristezas al pasar de los años. Me siento grata de haberlos conocido y de poder cumplir este sueño juntos.

A mis amigos y compañeros del grupo de investigación *BIVL²ab*, Gustavo, Luis Carlos, Isail, Yesid, Oscar, Franklin, Edgar y demás miembros, quienes me han brindado su conocimiento, para poder crecer de manera profesional y personal.

CONTENIDO

	pág.
INTRODUCCIÓN	11
1. PLANTEAMIENTO Y JUSTIFICACIÓN DEL PROBLEMA	14
2. OBJETIVOS	15
3. MARCO TEÓRICO Y TRABAJOS PREVIOS	16
3.1. MODELADO BASADO EN SEGMENTACIÓN	16
3.2. MODELADO BASADO EN MOVIMIENTO	18
3.3. RECONOCIMIENTO DE ENFERMEDADES CARDIOVASCULARES	19
4. CARACTERIZACIÓN DE PATOLOGÍAS CARDIACAS EN CINE-MRI	20
4.1. CUANTIFICACIÓN DE MOVIMIENTO BASADO EN CINEMÁTICAS	20
4.1.1. Campos densos de movimiento	21
4.1.2. Mapas cinemáticos cardiovasculares	23
4.2. ANÁLISIS MULTI-ESCALA REGIONAL	26
4.2.1. División Regional Multi-escala	27
4.2.2. Histogramas Cinemáticos Regionales	30
4.2.3. Random forest para la predicción de enfermedades	31
4.3. APRENDIZAJE PROFUNDO DE PATRONES ESPACIO TEMPORALES	33
4.3.1. Redes convolucionales sobre volúmenes	33
4.3.2. Arquitectura profunda convolucional 3D	35
4.3.3. Mapas visuales de características salientes	37
5. DISEÑO EXPERIMENTAL	40

5.1. CONJUNTOS DE DATOS	40
5.1.1. Sunnybrook Cardiac Data	40
5.1.2. Automated Cardiac Diagnosis Challenge	41
5.2. CONFIGURACIÓN DE LAS ESTRATEGIAS	43
5.2.1. Configuración estrategia multi-escala	43
5.2.2. Configuración estrategia profunda convolucional 3D	44
6. EVALUACIÓN Y RESULTADOS	46
6.1. CLASIFICACIÓN USANDO EL ANÁLISIS MULTI-ESCALA	46
6.2. CLASIFICACIÓN A PARTIR DEL APRENDIZAJE ESPACIO-TEMPORAL USANDO UNA RED CONVOLUCIONAL 3D	55
6.3. MÉTODO MULTI-ESCALA VS MÉTODO DE APRENDIZAJE PROFUNDO	57
7. CONCLUSIONES Y PERSPECTIVAS	59
BIBLIOGRAFÍA	63
APÉNDICES	66

LISTA DE FIGURAS

	pág.
Figura 1. Representación del método propuesto	21
Figura 2. Representación de diferentes características cinemáticas a través de múltiples patologías.	25
Figura 3. Representación del método análisis multi-escala propuesto.	27
Figura 4. Representación del análisis multi-escala desde lo global hasta lo regional.	28
Figura 5. Representación de las convoluciones 3D	35
Figura 6. Representación de la arquitectura convolucional 3D	36
Figura 7. Representación de los mapas de características en las capas con- volucionales.	39
Figura 8. Representación de las diferentes patologías en el conjunto de datos SCD.	41
Figura 9. Representación de las diferentes patologías en el conjunto de datos ACDC.	42
Figura 10. Representación de los porcentajes de exactitud para cada una de las escalas computadas	47
Figura 11. Representación de los porcentajes de exactitud usando diferentes métodos de clasificación.	51

LISTA DE TABLAS

	pág.
Tabla 1. Parámetros de la Arquitectura profunda convolucional 3D	37
Tabla 2. Exactitud obtenida en la metodología multi-escala para cada una de las cinemáticas propuestas con su desviación estandar correspondiente. * FO: Flujo óptico, VN: Velocidad normal, VT: Velocidad tangencial, AN: Aceleración normal, AT: Aceleración tangencial, MBH: Límite de movimiento (<i>Motion Boundary Histogram</i>)	49
Tabla 3. Porcentaje obtenido de la métrica <i>F1-score</i> para cada una de las cinemáticas propuestas.	50
Tabla 4. Exactitud obtenida a partir de concatenar las mejores características cinemáticas	52
Tabla 5. Exactitud obtenida para cada una de las cinemáticas propuestas en el conjunto de datos ACDC	53
Tabla 6. Exactitud obtenida a partir de la integración de las cinemáticas más relevantes en el conjunto de datos ACDC.	54
Tabla 7. Exactitud obtenida usando el conjunto de datos SCD en la estrategia de aprendizaje profundo	56
Tabla 8. Exactitud obtenida usando el conjunto de datos ACDC en la estrategia de aprendizaje profundo	57
Tabla 9. Comparación entre las dos estrategias calculadas en el método propuesto	58

RESUMEN

TÍTULO: REPRESENTACIÓN DE MOVIMIENTO REGIONAL PARA LA CARACTERIZACIÓN DE PATOLOGÍAS CARDIACAS EN SECUENCIAS-MRI *

AUTOR: ALEJANDRA MORENO TARAZONA **

PALABRAS CLAVE: CLASIFICACIÓN DE ENFERMEDADES CARDIOVASCULARES, PATRONES DE MOVIMIENTO, CARACTERÍSTICAS CINEMÁTICAS

DESCRIPCIÓN: Las secuencias-MRI proveen información detallada sobre la anatomía y el movimiento del corazón durante el ciclo cardíaco, siendo fundamentales para apoyar el diagnóstico y llevar un seguimiento de los tratamientos personalizados. A partir de estas secuencias, un cardiólogo puede estimar el índice cardíaco, delinear manualmente la forma de las cavidades y evaluar los cambios geométricos de los ventrículos durante el ciclo. No obstante, estos patrones están sujetos a delineaciones manuales de los ventrículos, restringiendo de esta manera el análisis a índices dinámicos estándar, y perdiendo de vista las relaciones dinámicas ocultas que podrían estar relacionadas con ciertas patologías cardíacas. Este trabajo introduce un descriptor de movimiento cardíaco que describe los patrones cinemáticos a partir de los campos de velocidad local, calculados a lo largo del ciclo cardíaco. En primer lugar, los campos de velocidad son calculados a través de cortes basales consecutivos, los cuales se caracterizan a partir de diversas cinemáticas, como velocidad, aceleración, entre otras. A partir de este espacio de cinemáticas dos metodologías fueron propuestas para describir la dinámica del corazón en secuencias. La primera estrategia está basada en un análisis multi-escala que codifica patrones de ocurrencias cinemáticas en diferentes regiones del corazón. El segundo enfoque utiliza una arquitectura convolucional volumétrica profunda, con capacidad de aprender patrones espacio temporales relacionados con el corazón. El trabajo propuesto fue evaluado en dos conjuntos de datos diferentes: *Sunnybrook* y ACDC. Para la primera estrategia se obtuvo en promedio una exactitud de 82,26 % y 75,23 % para *Sunnybrook* y ACDC, respectivamente. Para la segunda estrategia se obtuvieron exactitudes de 69,99 % para *Sunnybrook* y 75,83 % para ACDC.

* Trabajo de investigación

** Facultad de Ingenierías Físico-Mecánicas. Escuela de Ingeniería de Sistemas e Informática. Director: Fabio Martínez Carrillo, Ph.D.

ABSTRACT

TITLE: REGIONAL MOTION REPRESENTATION FOR CHARACTERIZATION OF CARDIAC PATHOLOGIES IN MRI SEQUENCES. *

AUTHOR: ALEJANDRA MORENO TARAZONA **

KEYWORDS: CARDIAC DISEASE CLASSIFICATION, MOTION PATTERNS, KINEMATICS FEATURES.

DESCRIPTION: MRI sequences provide detailed information about anatomical and movement of heart, covering one full periodic cycle, which result is essential to support diagnosis and follow personalized treatments. From such sequences the expert cardiologist can estimate the cardiac performance index, manually delineating shapes, and evaluating temporal geometrical changes during the cardiac cycle. This patterns nevertheless are subject to proper manual delineations of ventricles, and restrict the analysis to standard dynamic index, losing sight hidden dynamic relationships that could be related with certain cardiac diseases. This work introduces a motion cardiac descriptor that fully describes kinematic heart patterns computed from local velocity fields along the cycle. Firstly, the velocity field is calculated among consecutive basal slices, which thereafter are characterized with differential kinematics, such as velocity, acceleration, among others. From this kinematic space, two different methodologies were proposed to describe the heart dynamics in cine-MRI sequences. The first strategy is based on a multi-scale analysis that mainly codes patterns of kinematic occurrences in different regions of the heart. The second strategy uses a deep volumetric convolutional architecture, with the ability to learn spatial-temporal patterns related to the heart. The proposed work was evaluated in two different datasets: *Sunnybrook* and ACDC. For the first strategy, an average accuracy of 82,26 and 75,23 was obtained for Sunnybrook and ACDC, respectively. For the second strategy, accuracies of 69,99 for Sunnybrook and 75,83 for ACDC were achieved.

* Research work

** Faculty of Physical-Mechanical Engineering. School of Systems and Computer Engineering. Advisor: Fabio Martínez Carrillo

INTRODUCCIÓN

Las enfermedades cardiovasculares son la principal causa de muerte a nivel mundial con más de 17,9 millones de muertes al año, aproximadamente el 31 % de todas las muertes en todo el mundo¹. Generalmente, el movimiento del corazón está directamente relacionado con las condiciones cardíacas, por tanto, su estudio resulta fundamental para el diagnóstico y el seguimiento de la efectividad de los tratamientos clínicos particulares para las enfermedades. En la rutina clínica, las secuencias de resonancia magnética (*cine-MRI*) son una herramienta de observación que permite analizar, explorar y cuantificar los patrones morfológicos y fisiológicos cardíacos. Un ejemplo de esto es, la fracción de eyección (*EF* por sus siglas en inglés), una medida que permite caracterizar una amplia gama de enfermedades cardiovasculares, las cuales están atadas a la capacidad de bombeo del corazón durante el ciclo cardíaco (si la EF está por debajo del 50 % en este índice, se considera un paciente con condición cardíaca anormal). Sin embargo, el cálculo de tales medidas implica la delimitación manual por parte del experto, lo que resulta tedioso y podría estar sujeto a errores. Además, tales medidas podrían ser insuficientes para caracterizar y diferenciar comportamientos cardíacos complejos entre las enfermedades cardíacas.

En consecuencia, ha surgido el sistema de diagnóstico asistido por computadora (*CADS - Computer-Aided Detection System*) para apoyar la cuantificación automática de los patrones cardíacos permitiendo medir y apoyar las decisiones clínicas. Sin embargo, el modelado cardíaco a partir de las secuencias de Cine-MRI, sigue siendo un problema abierto debido a la forma compleja del corazón y a las constantes

¹ ORGANIZATION, World Health, *et al.* "World health statistics 2018: monitoring health for the SDGs, sustainable development goals". En: (2018).

deformaciones de los ventrículos a lo largo del ciclo cardíaco. Además, el modelado cinemático tiende a ser una labor complicada debido a los típicos movimientos bruscos del corazón y a la baja resolución temporal de las secuencias magnéticas.

En el estado del arte, una gran parte de trabajos se han dedicado a desarrollar métodos de segmentación ventricular, que permiten calcular diversas medidas cardíacas^{2,3}. Además, se optimizan las reglas deterministas o los clasificadores clásicos para utilizar las formas finales de las fases diástole (expansión del corazón) y sístole (contracción del corazón) (*end-diastole*, *end-systole*) en la caracterización de las patologías^{4,5}. En estas estrategias, basadas en la estimación de la forma del corazón, se tiende a perder las relaciones de movimiento, las cuales podrían ser fundamentales para entender los comportamientos particulares del corazón. Así mismo, los modelos actuales carecen de suficiente capacidad de interpretación, un tema esencial en los escenarios clínicos. En este caso, los componentes cinemáticos primitivos podrían ser relevantes como herramientas observacionales para brindar soporte al análisis de los cardiólogos. Por ejemplo, para diferenciar entre patrones anormales producidos por el grosor del miocardio o la disfunción de las arterias.

-
- ² CETIN, Irem, *et al.* "A Radiomics Approach to Computer-Aided Diagnosis with Cardiac Cine-MRI". En: *International Workshop on Statistical Atlases and Computational Models of the Heart*. Springer. 2017, págs. 82-90.
- ³ ISENSEE, Fabian, *et al.* "Automatic cardiac disease assessment on cine-mri via time-series segmentation and domain specific features". En: *International Workshop on Statistical Atlases and Computational Models of the Heart*. Springer. 2017, págs. 120-129.
- ⁴ WOLTERINK, Jelmer M, *et al.* "Automatic segmentation and disease classification using cardiac cine MR images". En: *International Workshop on Statistical Atlases and Computational Models of the Heart*. Springer. 2017, págs. 101-110.
- ⁵ KHENED, Mahendra; KOLLERATHU, Varghese Alex y KRISHNAMURTHI, Ganapathy. "Fully convolutional multi-scale residual DenseNets for cardiac segmentation and automated cardiac diagnosis using ensemble of classifiers". En: *Medical image analysis* 51 (2019), págs. 21-45.

Este trabajo introduce un análisis y caracterización del movimiento del corazón, en secuencias de cine-MRI, para la predicción y reconocimiento de patologías cardíacas. La cuantificación de movimiento utiliza campos de velocidad aparente, que incluye largos desplazamientos, los cuales se calculan sobre secuencias basales del corazón. Estos desplazamientos representan la velocidad relativa local del corazón a través del ciclo cardíaco. A partir del campo de velocidad calculado entre pares de cuadros consecutivos, se cuantificaron diversas cinemáticas que permiten una representación de las paredes ventriculares durante el ciclo cardíaco. Utilizando esta representación de movimiento (conjunto de cinemáticas) dos diferentes estrategias fueron propuestas para la codificación de un descriptor de movimiento que tuviera la capacidad de distinguir entre pares de condiciones cardíacas. La primera estrategia está basada en un análisis regional multi-escala, donde cada segmento ventricular es caracterizado por descriptores de ocurrencia cinemática que codifica el comportamiento cardíaco. En la segunda estrategia se propone una arquitectura convolucional profunda que permite cuantificar y representar patrones volumétricos de secuencias cinemáticas. Las estrategias propuestas fueron evaluadas en dos conjuntos de datos públicos: el conjunto *Sunnybrook* que contiene 45 secuencias y 4 diferentes condiciones y el conjunto *ADCD* que registra un total de 100 casos y cinco condiciones cardíacas.

1. PLANTEAMIENTO Y JUSTIFICACIÓN DEL PROBLEMA

Las secuencias Cine-MRI proveen una visualización morfológica y dinámica del corazón a través del ciclo cardíaco. Estas permiten al cardiólogo analizar eventos particulares, los cuales pueden representar alguna patología cardíaca dependiendo de su movimiento. Sin embargo, el diagnóstico de enfermedades cardiovasculares es un gran reto, debido a la morfología que presentan los ventrículos tanto derecho como izquierdo. Cuando se realiza un ciclo cardíaco, se presenta una continua deformación de los ventrículos pasando a través de las etapas de diástole y sístole. Además de esto, la adquisición de estas imágenes Cine-MRI son capturadas con una resolución baja, lo cual representa grandes desplazamientos entre *frames*, y, por tanto, grandes cambios de posición con respecto al ciclo cardíaco. Este tipo de razones hace del análisis de movimiento un desafío en la clasificación de patologías cardíacas que usualmente se ha enfocado en metodologías basadas en la segmentación del corazón en los estados de diástole y sístole. No obstante, estas metodologías dependen de la apropiada adquisición de las paredes cardíacas y no tienen en cuenta patrones de movimiento, que puede ser determinantes para diferenciar entre patologías.

2. OBJETIVOS

Objetivo general

- Desarrollar un descriptor de movimiento aparente para predecir un conjunto de patologías cardíacas en secuencias cine-MRI.

Objetivos específicos

- Cuantificar, con respecto a diferencias locales y finitas entre cuadros, mapas espacio-temporales que describan cinemáticas del ciclo cardíaco a través del tiempo.
- Desarrollar un método computacional para cuantificar patrones cardíacos regionales relacionados con el movimiento
- Implementar un algoritmo de clasificación que permita diferenciar entre un conjunto de patologías cardíacas usando los patrones cardíacos codificados.
- Validar la propuesta de representación cardíaca espacio temporal en el marco de la tarea de clasificación.

3. MARCO TEÓRICO Y TRABAJOS PREVIOS

En la literatura existen diferentes enfoques que brindan una cuantificación, modelado y, así mismo, soporte a la caracterización cardíaca mediante secuencias cine-MRI. Estas metodologías abarcan diversos enfoques tales como los dedicados a segmentar los ventrículos permitiendo calcular diversas medidas cardíacas, las estrategias que intentan modelar los patrones de movimiento, y las dedicadas a la predicción y clasificación de las enfermedades cardiovasculares. En las siguientes subsecciones se presentará un resumen de estas.

3.1. MODELADO CARDIACO A PARTIR DE SEGMENTACIONES VENTRICULARES

El modelado del corazón en secuencias cine-MRI resulta ser una tarea compleja que principalmente se basa en la segmentación automática de los ventrículos, con el propósito de calcular diversos patrones dinámicos del corazón usando medidas convencionales cardiovasculares. Esta tarea ha sido ampliamente explorada en ambos ventrículos, incluyendo un gran conjunto de imágenes y diferentes técnicas de aprendizaje profundo. Una muestra de ello son los atlas cardíacos, los cuales han sido modelados estadísticamente con el fin de aprender plantillas del ventrículo derecho, el ventrículo izquierdo y el miocardio para propagarlas a nuevos casos de secuencias cine-MRI, como es el caso de Cetin *et al.*². Seguidamente, diversas características radiómicas fueron calculadas, tales como el volumen, el área, el diámetro, la entropía, la auto-correlación y el contraste en el nivel de gris entre las cavidades cardiovasculares, permitiendo obtener una caracterización de los comportamientos de ciertas patologías en particular. De la misma manera, Insensee *et al.*³ propuso una arquitectura *U-net* que calcula la segmentación de los dos ventrículos en un

enfoque de extremo a extremo (*end-to-end*) a través del ciclo cardíaco. Por lo tanto, diversas características geométricas de los ventrículos fueron calculadas mediante las segmentaciones previas, permitiendo mapearlas en un *Random Forest* y un *Multilayer Perceptron* (MLP), para así, realizar la clasificación entre las enfermedades cardíacas. Así mismo, Wolterink *et al.* ⁴ propuso una arquitectura convolucional con el fin de aprender a segmentar la geometría de los ventrículos y del miocardio. Teniendo en cuenta las segmentaciones calculadas de manera *apriori* al final de las fases del ciclo cardíaco (diástole y sístole), diversas características fueron fusionadas con meta-datos del paciente tales como el peso (KG) y la altura (CM), a fin de calcular diversas medidas cardíacas. De igual forma, Khened *et al.* ⁵ propuso una arquitectura convolucional residual (*DenseNet*) para obtener la forma y geometría de las cavidades ventriculares del corazón, con el propósito de usar un conjunto de clasificadores clásicos para realizar la predicción a nivel de afección. Las investigaciones actuales en esta línea han logrado resultados prometedores en cuanto a la segmentación del miocardio y los ventrículos cardíacos brindando apoyo a las delineaciones de las cavidades de manera automática y ayudando a la estimación del índice cardíaco. No obstante, este enfoque emula un análisis estándar a través de las secuencias cine-MRI, centrándose principalmente en la caracterización espacio temporal de la forma global del corazón durante el ciclo cardíaco. De la misma manera, este enfoque pierde estimaciones cinemáticas adicionales que brindan las secuencias, lo cual podría resultar entre la correlación local y temporal de los *voxels* que pertenecen al corazón. Estos análisis locales podrían contribuir a encontrar nuevas relaciones que pudiesen ser determinantes para realizar una clasificación entre las enfermedades cuando los índices clásicos no son evidentes.

3.2. MODELADO BASADO EN MOVIMIENTO

Con respecto al modelamiento del movimiento cardíaco, las imágenes etiquetadas (“*tagged*”) son secuencias cine-MRI especiales que permiten el cálculo de las características dinámicas durante el ciclo cardíaco. En estas secuencias, un campo magnético en forma de cuadrícula es proyectado en las paredes cardíacas, posibilitando la representación del movimiento como una deformación local del tejido con respecto a la cuadrícula. Debido a esto, algunos trabajos como Goksel *et al.*⁶ destacan los patrones dinámicos del ventrículo izquierdo a partir del cálculo de las características curvas del movimiento a través del tiempo. Estas curvas son firmas de las secuencias particulares, permitiendo de esta manera diferenciar diversas condiciones cardíacas. Así mismo, en un trabajo posterior, implementaron un análisis de frecuencia sobre estas secuencias para determinar y analizar el rango principal del movimiento cardíaco, con el fin de realizar un seguimiento local de las cavidades ventriculares⁷. Sin embargo, estas secuencias, en algunos casos, pierden la información de apariencia y geometría del corazón dificultando el análisis observacional. Además, las secuencias *tagged* son especializadas y requieren protocolos específicos los cuales dificultan su implementación en las rutinas clínicas.

⁶ GOKSEL, D; OZKAN, M y OZTURK, C. “Towards rapid screening of tagged MR images of the heart”. En: *2001 Conference Proceedings of the 23rd Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*. Vol. 1. IEEE. 2001, págs. 156-159.

⁷ GOKSEL, D; OZKAN, M y OZTURK, C. “Cardiac motion analysis in MRI for classification”. En: *Biomedical Imaging, 2002. Proceedings. 2002 IEEE International Symposium on*. IEEE. 2002, págs. 935-938.

3.3. RECONOCIMIENTO DE ENFERMEDADES CARDIOVASCULARES

En la literatura, otros enfoques se han dedicado recientemente a clasificar las enfermedades cardíacas mediante una amplia gama de características extraídas de las secuencias Cine-MRI. Por ejemplo, Punithakumar *et al.*⁸ propuso un registro no-rígido del corazón, permitiendo determinar los cambios principales del miocardio a lo largo de la secuencia presentados a través de las deformaciones cardíacas. Esta información obtenida, fue complementada con una segmentación previa, a fin de calcular características como la distancia normal radial, la velocidad radial y la longitud de arco de los ventrículos, con el propósito de clasificar los infartos, enfermedades cardíacas dilatadas y otras enfermedades cardiovasculares. De forma similar, Zuluaga *et al.* realizó un método de síntesis multi-atlas para proyectar imágenes computarizadas dentro de un diccionario de plantillas de patologías, y así mismo, realizar una clasificación de una enfermedad concreta. En este enfoque, la proyección del atlas es meramente basada en diferencias morfológicas de los ventrículos. De la misma manera, Zhen *et al.*⁹ propuso un enfoque de aprendizaje semi-supervisado para clasificar enfermedades cardíacas usando secuencias de flujo y morfología. Para ello, es realizada una segmentación previa usando la arquitectura *U-net*, permitiendo obtener la forma geométrica de los ventrículos, con el propósito de conseguir los índices cardiacos tales como el grosor del tejido del miocardio, el volumen miocárdico y la fracción de eyección.

⁸ PUNITHAKUMAR, Kumaradevan, *et al.* "Regional heart motion abnormality detection: An information theoretic approach". En: *Medical image analysis* 17.3 (2013), págs. 311-324.

⁹ ZHENG, Qiao; DELINGETTE, Hervé y AYACHE, Nicholas. "Explainable cardiac pathology classification on cine MRI with motion characterization by semi-supervised learning of apparent flow". En: *Medical image analysis* (2019).

4. CARACTERIZACIÓN DE PATOLOGÍAS CARDIACAS EN CINE-MRI

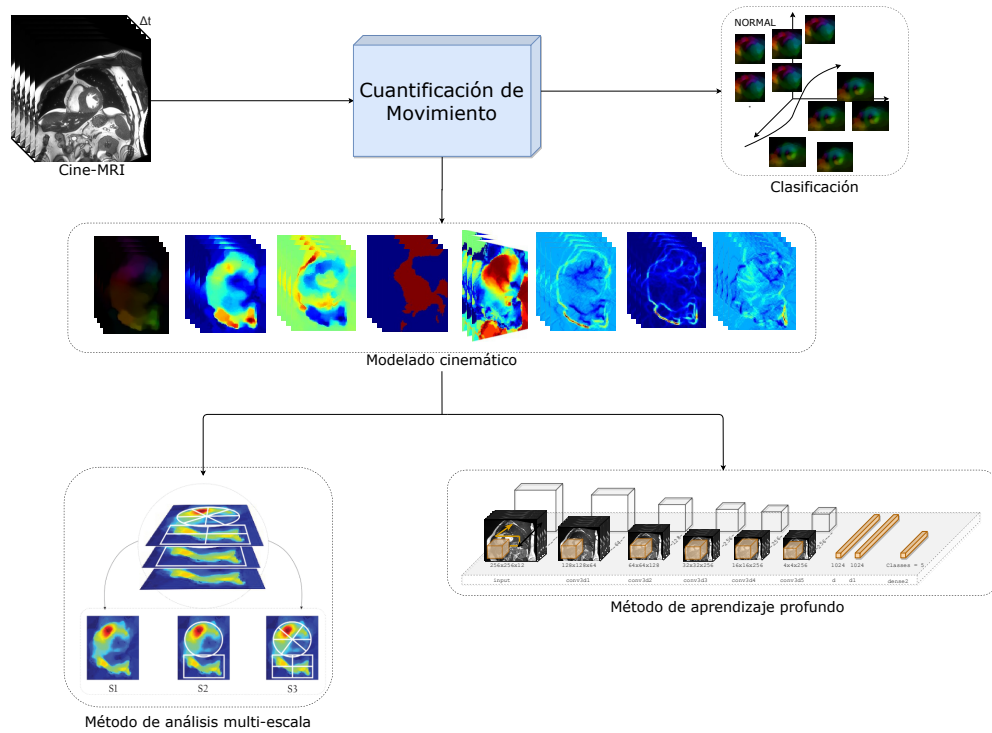
Este trabajo presenta la cuantificación y predicción automática de condiciones cardíacas utilizando representaciones locales de movimiento aparente en secuencias de cine-MRI. Para ello se calcularon un conjunto de cinemáticas a partir de un campo de velocidad aparente que incluye la cuantificación de largos desplazamientos, fenómeno típico durante el movimiento cardíaco. La base de información cinemática fue codificada siguiendo dos esquemas de representación. Primero se analizaron descriptores basados en la ocurrencia de cinemáticas y una estrategia regional multi-escala. Segundo, se utilizó un esquema de aprendizaje profundo, incluyendo representaciones convolucionales 3D, que permiten cuantificar patrones espacio temporales de forma jerárquica. La figura 1 resume el esquema general del trabajo, los detalles son consignados en las siguientes subsecciones.

A continuación se detallan las estrategias utilizadas en la caracterización de los movimientos cardíacos.

4.1. PRIMITIVAS CINEMÁTICAS PARA LA CUANTIFICACIÓN DE MOVIMIENTO

Con el fin de obtener una caracterización de movimiento a través del ciclo cardíaco, partimos de una representación de flujo denso, para calcular un conjunto de mapas cinemáticos los cuales serán utilizados en ambos enfoques. A continuación, la cuantificación del flujo y de las diferentes cinemáticas sobre los cortes basales son descritas.

Figura 1. Representación del método propuesto



4.1.1. Campos densos de movimiento: Uno de los principales desafíos en el análisis del corazón consiste en modelar el movimiento de las cámaras y cavidades cardíacas, debido a los patrones no-lineales e implícitos, que definen las fases y deformaciones de los ventrículos en el ciclo cardíaco. Por consiguiente, en este trabajo se calculó un flujo óptico denso con la capacidad de capturar largos desplazamientos de movimiento, a escala de píxel, posibilitando de esta manera la detección de movimientos salientes asociados a fuertes desplazamientos entre cortes consecutivos¹⁰. De esta forma, el enfoque propuesto describe adecuadamente los patrones de velocidad locales relacionados con las cavidades cardíacas, además de tratar las deformaciones como eventos no-lineales a lo largo de las secuencias cine-MRI. Por

¹⁰ BROX, Thomas; BREGLER, Christoph y MALIK, Jitendra. "Large displacement optical flow". En: *2009 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*. IEEE. 2009, págs. 41-48.

tanto, el campo de movimiento resultante $\mathbf{v} = (u, v)^T$, el cual cuenta con un vector de desplazamiento $(u, v)^T$ para cada pixel $\mathbf{x} = (x, y)^T$, se obtiene a partir de un par de cortes temporales consecutivos $I(\mathbf{x})_t, I(\mathbf{x})_{t+1}$. Para realizar esto, se aborda un problema de optimización con el propósito de encontrar el desplazamiento más probable entre dos cortes consecutivos, siguiendo una restricción típica de color, en donde se asocian los objetos de acuerdo a la intensidad, esto se puede expresar como $E_c(\mathbf{v}) = |I_t(\mathbf{x} + \mathbf{v}(\mathbf{x})) - I_{t+1}(\mathbf{x})|^2$. En este caso, la restricción asocia las respuestas electromagnéticas generadas en los cine-MRI, las cuales representan cada pixel en la secuencia cardíaca. Para obtener una correspondencia más robusta en el problema de minimización, se considera una restricción de gradiente, expresada como $E_g(\mathbf{v}) = |\nabla I_t(\mathbf{x} + \mathbf{v}(\mathbf{x})) - \nabla I_{t+1}(\mathbf{x})|^2$, la cual es invariante a los cambios del brillo aditivo. La restricción del gradiente también se extiende a la estimación del flujo parcial, definido como $E_s(\mathbf{v}) = |\nabla u(\mathbf{x})|^2 + |\nabla v(\mathbf{x})|^2$, logrando mantener coherencia de los vectores de desplazamiento con respecto al campo resultante.

Para tratar el movimiento no lineal (desplazamientos relativamente largos a nivel de píxel) fue introducida adicionalmente una restricción, de modo que considera patrones de campo de velocidad similares entre dos cortes. En este sentido, un par de puntos, comparados a partir de los descriptores *SIFT* (*Scale-Invariant Feature Transform*), son emparejados con respecto al campo de movimiento local. Esta restricción no local es formalizada como: $E_d(\mathbf{v}_1) = |f_{t+1}(\mathbf{x} + \mathbf{v}_1(\mathbf{x})) - f_t(\mathbf{x})|^2$ donde d representa el vector descriptor y (f_t, f_{t+1}) son los patrones de velocidad presentes en las regiones no locales. El campo de movimiento cardíaco resultante se basa en la siguiente regla de optimización:

$$E(\mathbf{v}) = E_c(\mathbf{v}) + \gamma E_g(\mathbf{v}) + \alpha E_s(\mathbf{v}) + \beta E_m(\mathbf{v}, \mathbf{v}_1) + E_d(\mathbf{v}_1) \quad (1)$$

Donde α, β y γ representan pesos que establecen la contribución de cada una de las restricciones. Por tanto, el campo denso resultante, resalta los patrones de movimiento cardíaco, teniendo en cuenta los largos desplazamientos relativos a escala de píxel, lo que podría resultar de gran utilidad a la hora de modelar los patrones cardíacos asociados a las fases diástole y sístole.

4.1.2. Mapas cinemáticos cardiovasculares: El movimiento del corazón es el principal biomarcador de las enfermedades cardíacas que define, entre otras cosas, la capacidad de bombeo y la sincronización entre los ventrículos. En este trabajo, se logra un análisis completamente cinemático al procesar mapas espacio temporales que expresan el movimiento en diferentes órdenes. Por lo tanto, reconocer la forma en que los vectores pueden cambiar respecto al tiempo, representa un patrón de movimiento que proporciona suficiente información para detectar ciertas características de las patologías cardíacas.

En este sentido, se calculó un conjunto de mapas cinemáticos a partir del flujo óptico, permitiendo una descripción de movimiento densa para cada píxel en una región de interés del corazón. Estos mapas cinemáticos son basados en la diferencia finita del campo de flujo óptico y calculados en diferentes órdenes obteniendo una representación de diversas características del campo. El conjunto de cinemáticas y medidas sobre el campo, aquí consideradas, se describen de la siguiente manera:

- **Velocidad Tangencial:** Proporciona una relación de la velocidad perpendicular, midiendo la rapidez con que el vector velocidad se mueve. La velocidad tangencial es definida como: $\nu_T(t) = \frac{\mathbf{v}(t)}{\|\mathbf{v}(t)\|}$.
- **Velocidad Normal:** Captura la dirección de primer orden de la velocidad del flujo, y permite capturar el movimiento sincrónico local relativo, siendo fundamental para describir el corazón. Esta cinemática se define como: $\nu_N(t) = \frac{\nu'_T(t)}{\|\nu'_T(t)\|}$ en el flujo óptico $\mathbf{v} := (u, v)$.

- **Aceleración Normal:** Los mapas de aceleración representan el cambio de dirección de la velocidad tomando como referencia el centro de rotación local en ese punto analizado. Este mapa fue calculado a partir de la expresión $a_N(t) = \frac{\|\mathbf{v}(t)\|}{\|\mathbf{v}'(t)\|}$.

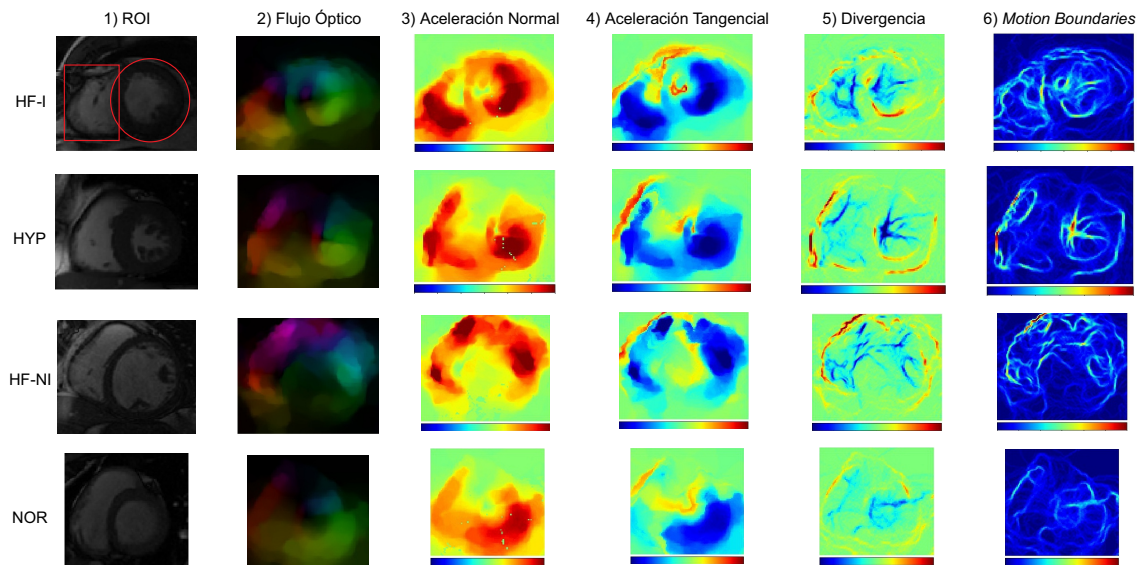
- **Aceleración Tangencial:** Representa el cambio de los vectores de velocidad tangenciales, aproximándose a una medida sobre la deformación del corazón durante el ciclo cardíaco. Este mapa se calcula a partir de: $a_T(t) = \frac{d}{dt} \|\mathbf{v}(t)\|$.

Complementariamente a las cinemáticas tradicionales, en este trabajo también se consideraron algunas medidas sobre el campo de flujo para apoyar el análisis del movimiento del corazón. Estas medidas se describen como:

- **Divergencia:** En este dominio, representa la densidad de movimiento de la entrada con respecto a la salida en cada punto del campo denso de movimiento, definiendo así, zonas diferenciales importantes relacionadas con el movimiento de los ventrículos a través del tiempo. Es definida como: $div(t) = \frac{\partial u(t)}{\partial x} + \frac{\partial v(t)}{\partial y}$.
- **Vorticidad:** Mide el movimiento rotacional cardíaco durante las fases de contracción y relajación. Sobre el flujo calculado, esta medida puede ser definida formalmente como: $vor(t) = \frac{\partial v(t)}{\partial x} - \frac{\partial u(t)}{\partial y}$
- **Límite de movimiento:** Calcula los límites de aceleración espacial del campo vectorial con respecto a las coordenadas espaciales (x,y) de la secuencia cine-MRI $\frac{\partial u(t)}{\partial x}$, $\frac{\partial u(t)}{\partial y}$, $\frac{\partial v(t)}{\partial x}$ y $\frac{\partial v(t)}{\partial y}$. Esta medida tiene en cuenta los cambios máximos del vector de movimiento en los ventrículos en función de la variación representada en el campo de flujo, excluyendo el movimiento constante que puede considerarse como ruido.

La figura 2 ilustra los mapas cinemáticos del corazón obtenidos a partir de cuatro patologías diferentes y utilizando distintos mapas cinemáticos. Como se observa en la figura, la imagen que representa la región de interés del cine-MRI original para la condición Insuficiencia Cardíaca con Infarto (*HF-I - Heart Failure with Infarction*). Los recuadros rojos señalan los ventrículos, en donde aquel que está redondeado en una circunferencia roja, representa el ventrículo izquierdo, y aquel delineado con un rectángulo rojo, representa el ventrículo derecho. Asimismo, se pueden apreciar los patrones de aceleración normal y tangencial de la condición HF-I son más fuertes que las presentadas en las secuencias Hipertrofia (*HYP - Hypertrophy*) o condición normal (NOR).

Figura 2. Representación de diferentes características cinemáticas a través de múltiples patologías. Cada fila es un ejemplo de patologías como HF-I, HYP, HF-NI y condición Normal. De la misma manera, las delineaciones rojas representan los ventrículos en donde la circunferencia hace alusión al ventrículo izquierdo y el rectángulo al ventrículo izquierdo.



Del mismo modo, en los mapas gradientes de los límites de movimiento y de divergencia, el paciente con HYP presenta movimientos más fuertes en el ventrículo

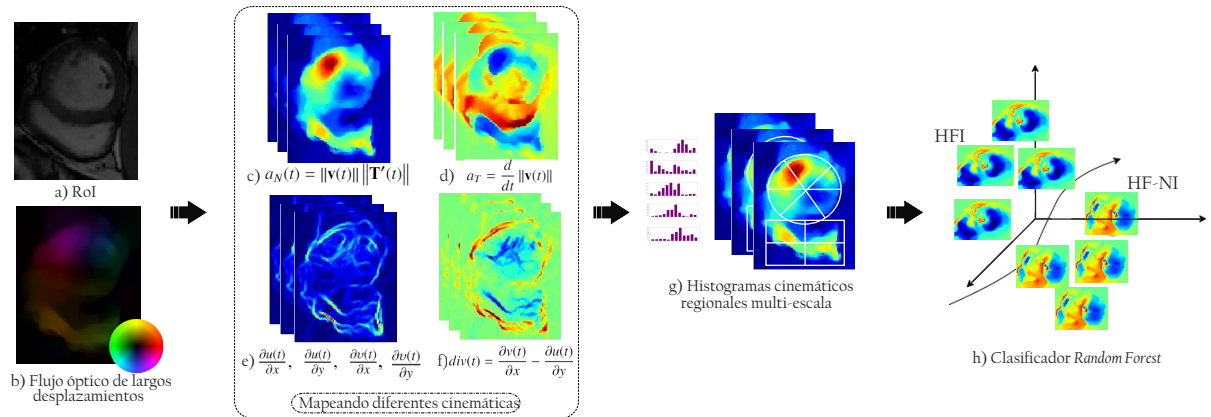
izquierdo a comparación de otras patologías. Además se puede observar que mientras la patología Insuficiencia Cardíaca sin Infarto (*HF-NI - Heart Failure without Infarction*) se enfoca en el centro del corazón, el HF-NI se enfoca en el borde, por lo que este movimiento podría ser una forma de establecer una distinción entre estas patologías.

4.2. ANÁLISIS MULTI-ESCALA REGIONAL

Entender el movimiento producido por el corazón es un problema fundamental en la cardiología para establecer y caracterizar las enfermedades. En la rutina clínica, por ejemplo, la capacidad de bombeo del corazón, observado a través de las secuencias Cine-MRI, puede dar una explicación a patologías tales como la hipertrofia (HYP), la insuficiencia cardíaca sin infarto (HF-NI), la insuficiencia cardíaca con infarto (HF-I) y demás. Este trabajo, como primer análisis, introduce una novedosa estrategia que permite caracterizar los patrones de movimiento cardíaco, a partir de primitivas cinemáticas computadas sobre secuencias de resonancia magnética, con el propósito de clasificar las enfermedades cardiovasculares.

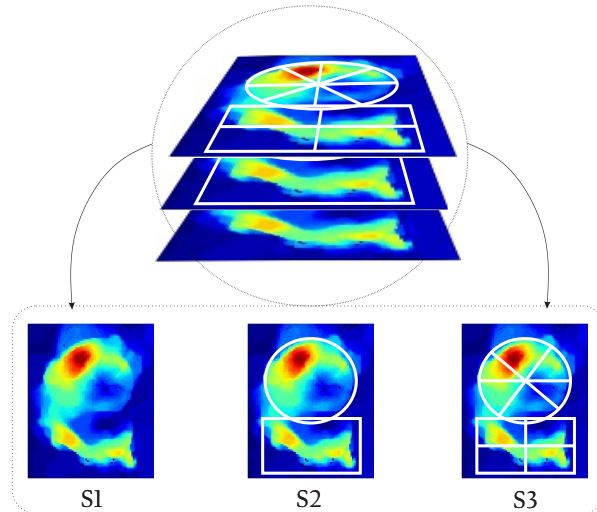
En primer lugar, el flujo óptico denso es obtenido para todos los cortes de la secuencia de resonancia magnética. A partir de este flujo denso, se calcularon las cinemáticas anteriormente descritas. Posteriormente, un enfoque regional multi-escala es llevado a cabo, siguiendo una estrategia iterativa desde las regiones globales hasta las regiones locales del corazón, resaltando patrones de movimiento significativos a lo largo del ciclo cardíaco. Cada una de estas subregiones se resumen a través del cálculo de histogramas cinemáticos, los cuales son mapeados en un clasificador *Random Forest*, a fin de realizar predicciones de enfermedades cardíacas. Una descripción completa de esta estrategia propuesta se presenta en la figura 3.

Figura 3. Representación del método análisis multi-escala propuesto. A) Región de interés, B) Flujo óptico de largos desplazamientos que permite cuantificar el movimiento a través del ciclo cardíaco, C) Aceleración normal, D) Aceleración tangencial, E) Límite de movimiento, F) Divergencia, G) Representación de cada una de las escalas y así mismo, los histogramas de movimiento para cada una de ellas, H) Clasificación binaria de un *random forest*.



4.2.1. División Regional Multi-escala: Los patrones de movimiento pueden describirse a nivel regional, obteniendo una representación robusta que es consistente con respecto a las estructuras ventriculares durante el ciclo cardíaco. En ese sentido, en el presente trabajo se introduce un análisis de movimiento cinemático regional multi-escala, el cual se puede visualizar en la figura 4. Dicho enfoque consiste en múltiples divisiones espaciales de las regiones ventriculares, recorriendo desde las escalas globales hasta las escalas regionales para todas las características cinemáticas calculadas previamente. Estas cuadrículas espaciales de diferentes resoluciones, son utilizadas como plantillas con la finalidad de calcular patrones cinemáticos regionales a lo largo del ciclo cardíaco. En este caso, la redundancia del desplazamiento entre las regiones espaciales a través de diferentes escalas permite obtener movimientos relevantes del corazón posibilitando realizar una predicción adecuada.

Figura 4. Representación del análisis multi-escala desde lo global hasta lo regional visualizando cada una de las diferentes escalas (S_i) realizadas. Las particiones geométricas a través de las escalas, están relacionadas directamente a la anatomía de cada uno de los ventrículos.



Específicamente, un total de tres escalas espacio temporales fueron calculadas en cada *slice* seleccionado a través de las secuencias cardíacas. Inicialmente, se define una escala global s_g^0 que abarca la estructura completa del corazón e indica la región global de interés. Esta escala global, permite analizar el comportamiento cinemático general del corazón y, además de eso, tener en cuenta estadísticas globales calculadas desde el campo de flujo. No obstante, las medidas globales del corazón de este tipo pueden perder información fundamental sobre el comportamiento de cada ventrículo. Teniendo en cuenta lo anteriormente mencionado, una segunda escala (s_l^1, s_r^1) es definida como una división vertical en la región del corazón, permitiendo agrupar patrones que en su mayoría están asociados a cada ventrículo por separado. Como bien se sabe, el ventrículo izquierdo tiene una característica dinámica radial, a diferencia del ventrículo derecho, el cual tiene fuertes deformaciones morfológicas a lo largo del ciclo. En consecuencia, la región del ventrículo derecho s_r^1 es definida en forma de rectángulo debido a su forma no paramétrica.

Por el contrario, la región del ventrículo izquierdo s_l^1 está delimitado por un círculo que posteriormente se dividirá radialmente. Finalmente, se define una escala regional, con el propósito de describir patrones de movimiento localizados de una manera más descriptiva en cada ventrículo, expresados como $(s_{l_1}^2, \dots, s_{l_k}^2), (s_{r_1}^2, \dots, s_{r_j}^2)$. Detalladamente, una partición específica fue definida para cada uno de los ventrículos, teniendo en cuenta sus características dinámicas. Por un lado, el ventrículo izquierdo es dividido radialmente $s_{l_i}^2$ siguiendo el protocolo de la Asociación Americana del Corazón (*AHA - American Heart Association*)¹¹ el cual cuenta con 6 particiones espaciales cada una de 60 grados, construidos a través de la experiencia clínica con el fin de asociar diversas enfermedades dependiendo del movimiento. Por otro lado, el ventrículo derecho se dividió en 4 particiones espaciales cada una de 90 grados, debido a las fuertes deformaciones locales. En conjunto, cada una de las diferentes escalas fueron calculadas mediante los cortes basales del corazón usando secuencias cine-MRI de eje corto (*short axis*) durante el ciclo cardíaco completo. Todas las características cinemáticas fueron calculadas a través del campo de movimiento $[\mathbf{u}_t(\mathbf{x}), \mathbf{v}_t(\mathbf{x})]$ y divididas individualmente en tres escalas según una referencia espacial $I(u, v)$.

La cuantificación del método multi-escala brinda una mejora en el análisis de las cinemáticas del corazón, lo que permite capturar información redundante a través de las escalas, las cuales, pueden ser asociadas a enfermedades cardiovasculares. Por ejemplo, las cinemáticas globales de la condición hipertrófica son suficientes para cuantificar la disminución de la velocidad y aceleración, por lo que la escala global podría ser suficiente. Por el contrario, las enfermedades relacionadas con fallas cardíacas están, la mayoría de las veces, localizadas en regiones determinadas,

¹¹ LIANG, Xi, *et al.* "Automatic segmentation of the left ventricle into 17 anatomical regions in cardiac MR imaging". En: *Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC), 2015 37th Annual International Conference of the IEEE*. IEEE. 2015, págs. 6531-6535.

las cuales, se observan con ligeros movimientos distintivos debido a la obstrucción de las arterias. En tales enfermedades, las escalas regionales permiten destacar estos aspectos particulares de movimiento.

4.2.2. Histogramas Cinemáticos Regionales: La representación de ocurrencias cinemáticas fue adoptada con el propósito de brindar una codificación de movimiento en cada región s_i de cada partición multi-escala. Cada una de las cinemáticas k_t^i (teniendo en cuenta que i representa la velocidad, aceleración, vorticidad, entre otras consideradas en este trabajo) devuelven mapas que representan localmente los patrones de movimiento en los cortes basales cardíacos. Posteriormente, estos patrones de movimiento calculados previamente en cada una de las escalas son resumidos como histogramas cinemáticos de movimiento $h(k_t^i)$. Estas ocurrencias dependen del tipo de cinemática, por ejemplo, las que son representadas de manera vectorial, el histograma respectivo cuenta los *bins* de orientación ponderados por su norma respectiva. A diferencia de las cinemáticas escalares, donde los histogramas representan la distribución de cada medida respectiva en diferentes intervalos (*bins*) dependiendo del rango de los datos. Una expresión generalizada de los histogramas de movimiento cinemáticos calculados en cada región, puede ser descrito como:

$$h(k_t^i) = \sum_{i \in k_t^i(x)} R_\beta(x) \|k_t^i\|, \beta = \left\{ 1, 2, \dots, \frac{2\pi}{\Delta\theta} \right\} \quad (2)$$

$$R_\beta(x) = \begin{cases} 1 & \text{if } (\beta - 1)\Delta\theta \leq \theta(x) < \beta(\Delta\theta) \\ 0 & \text{elsewhere} \end{cases}$$

Donde $\|k_t^i\|$ es la magnitud de las medidas vectoriales y $\|k_t^i\| = n$ para cinemáticas escalares, donde n es un valor escalar. Así mismo, $R_\beta(x)$ es una función de activación de acuerdo a cada *bin* β , el cual varía en un total de $\Delta\theta$ *bins*. Es importante tener en cuenta, que para las medidas vectoriales, los intervalos de los histogramas están definidos en una partición polar, como $\{1, 2, \dots, \frac{2\pi}{\Delta\theta}\}$, mientras que para las cinemáticas escalares, los intervalos se definen como: $[1, \frac{min}{2}, \frac{max}{2}, max]$. En nuestro caso particular, las cinemáticas vectoriales corresponden a la Velocidad Normal, la velocidad tangencial, límite de movimiento y el flujo óptico. Con respecto a las medidas escalares, las cinemáticas consideradas son: aceleración normal, aceleración tangencial, divergencia y vorticidad. Para el caso de la divergencia, la ponderación se realiza teniendo en cuenta el flujo saliente y entrante con respecto a la velocidad angular. Así mismo, la vorticidad es ponderada respecto al movimiento giratorio local alrededor de los ventrículos. Finalmente, cada región es resumida mediante el conjunto de histogramas cinemáticos, definidos como $\mathbf{H}_c = [h(k_t^1), h(k_t^2), \dots, h(k_t^i)]$. Teniendo en cuenta este conjunto de histogramas, el descriptor de movimiento cardíaco \mathbf{H}_c es calculado a través del ciclo cardíaco, representando de esta manera, el desempeño del movimiento del corazón, el cual, podría estar correlacionado con respecto a las condiciones cardíacas particulares.

4.2.3. Predicción de enfermedades cardíacas usando *Random Forest*: Con el fin de clasificar y predecir la enfermedad correspondiente a partir del descriptor de ocurrencias cinemáticas calculado previamente, se implementó un algoritmo *Random Forest* (RF) supervisado. Este algoritmo logra un rendimiento robusto debido a la naturaleza con la que separa las patologías a través de la partición discreta que realiza en el espacio de las características. En nuestro caso, los histogramas cinemáticos representan comportamientos complejos en los que se requieren funciones no lineales para hacer tales divisiones.

Para el entrenamiento del RF, un conjunto de muestras de secuencias Cine-MRI

son representadas por su respectivo descriptor de movimiento \mathbf{H}_c^i , con la etiqueta correspondiente a la enfermedad y^i . En este caso, el descriptor de movimiento \mathbf{H}_c , está compuesto por k histogramas de cinemáticas individuales, calculados previamente en un método multi-escala para cada momento del ciclo cardíaco. El conjunto de muestras para entrenamiento es utilizado con el fin de formar un bosque de árboles de decisión, definido como: (H_c^i, Θ_j) , para $k = 1, 2, \dots, n$, dónde Θ_j representa cada árbol de decisión de variables aleatorias independientes e idénticamente distribuidas. Cada árbol Θ_j está formado por una selección aleatoria uniforme de características. Para cada característica k_t^i con respecto al *bin* seleccionado, un umbral τ_i en particular es aprendido, el cual forma un nodo en el árbol $\varrho(k_t, \tau_i)$ y produce una nueva partición en el espacio de características. El proceso completo de aprendizaje, es decir, la división de cada característica a fin de formar determinadas estructuras de datos, se lleva a cabo mediante un esquema de minimización utilizando una ganancia de información basada en la entropía. De acuerdo a la selección aleatoria de características, diferentes estructuras del árbol provienen del mismo conjunto de datos de entrenamiento. El grupo de árboles da un voto independiente para predecir la patología. Debido a que la estimación de los árboles de decisión se realiza bajo un proceso aleatorio uniforme, la votación sigue la ley de los grandes números, es decir, los votos de los árboles convergerán en el resultado esperado¹². En nuestro trabajo particular, cada árbol está codificado en una clasificación binaria según el subconjunto de formación.

¹² BREIMAN, Leo. "Random forests". En: *Machine learning* 45.1 (2001), págs. 5-32.

4.3. APRENDIZAJE DE PATRONES ESPACIO TEMPORALES PARA PREDICCIÓN DE PATOLOGÍAS

Existen diferentes maneras de entender el movimiento producido por el corazón teniendo en cuenta la capacidad de bombeo y la sincronización de los ventrículos a través del ciclo cardíaco. Por lo tanto, modelar el cambio espacial y temporal al mismo tiempo es fundamental para capturar correlaciones espacio temporales que pueden llegar a presentarse en patologías específicas. A pesar del procesamiento temporal de las cinemáticas extraídas se hace insuficiente identificar patrones temporales fuertemente relacionados, pero espacialmente y temporalmente separados. Por lo cual, es natural intentar extraer características que incluyan estos comportamientos. En este caso, se introduce una metodología de aprendizaje profundo basada en la aplicación de convoluciones sucesivas utilizando diversos *kernels* de 3 dimensiones. Dichos *kernels* volumétricos permitirían el procesamiento y la cuantificación de deformaciones en los ventrículos durante el ciclo. Siendo estos, los parámetros que la arquitectura necesita ajustar para realizar un adecuado proceso de extracción de características. Las cinemáticas previamente calculadas son utilizadas como entrada a la red convolucional para determinar su efecto en la clasificación final de la enfermedad.

4.3.1. Redes convolucionales 3D Las redes convolucionales son arquitecturas neuronales que representan la información a través de convoluciones sucesivas, sobre todo el espectro de información usando *kernels* de dimensión fija. En la literatura se ha propuesto el aprendizaje de *kernels* de dimensión 1, 2 y 3 para la extracción y codificación de características según la naturaleza de la representación. Teniendo en cuenta la manera en la que se deforman los ventrículos a través del tiempo por medio de las fases del ciclo cardíaco: diástole y sístole, es notable la necesidad de preservar no solo la cuantificación espacial, sino también la extracción de patrones

temporales que soporten el modelado volumétrico de las patologías. En este trabajo es de gran interés el estudio y codificación de *kernels* 3D para el procesamiento de secuencias cine-MRI. Sea el volumen de imágenes ϕ de dimensión $L \times H \times W$ que representa alguna cinemática extraída previamente donde L indica el número de cuadros temporales pertenecientes a un ciclo cardíaco y H, W las dimensiones espaciales de los cuadros. Además, sea κ el *kernel* de convolución de dimensión (z, v, w) , donde la dimensión z convoluciona sobre el eje temporal y las dimensiones v, w sobre los ejes espaciales. Con las restricciones $z \leq L, v \leq H$ y $w \leq W$, la salida al aplicar la operación de convolución de κ sobre ϕ es $L' \times H' \times W' \times D'$, donde L', H' y W' representan las dimensiones reducidas del volumen original y D' el número de *kernels* usados. Es decir D' mapas de características espacio temporales diferentes, logrando capturar una mayor caracterización de movimiento a través del ciclo.

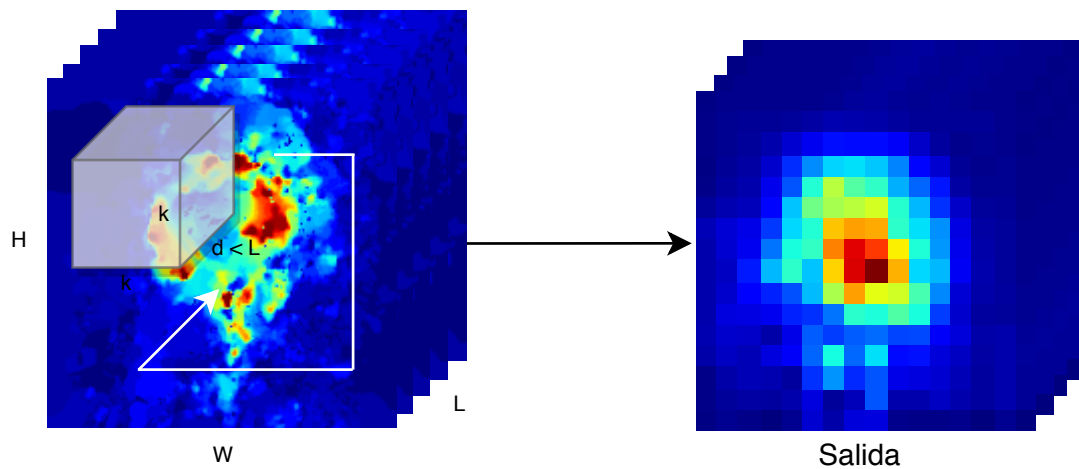
Lo anteriormente mencionado se puede apreciar en la figura 5, en donde se visualiza la representación de una convolución 3D. El *kernel* recorre el volumen de entrada en las tres direcciones teniendo en cuenta, que de cada posición volumétrica se obtendrá por una multiplicación y suma de los elementos generando una salida tridimensional rica en información espacio temporal. El mapa de salida de características b con valores en cada posición (t, y, x) para el j -ésimo *kernel*, se calcula cómo:

$$b_{t,y,x}^j = (\phi * \kappa^j) = \sum_{d=0}^{L-1} \sum_{r=0}^{H-1} \sum_{c=0}^{W-1} \phi_{(t+d,y+r,x+c)} * \kappa^j \quad (3)$$

El volumen total de características es la unión de cada mapa b para el numero D' de *kernels* especificados. Esta operación es el núcleo en una capa de red, su generalización permite el uso de sucesivas capas de aprendizaje con el ajuste de más *kernels* de manera independiente. En este trabajo se propone una estrategia basada en una red convolucional 3D profunda (*LTC - Long-term Temporal Convolutions*) que permite extraer el movimiento en tres dimensiones, es decir, tanto a nivel espacial

como temporal. Estas convoluciones tridimensionales, logran obtener en cada capa de convolución un volumen de mapas de características rico en cuanto a patrones de movimiento temporales brindando una firma para cada enfermedad cardiovascular y así mismo, permitiendo obtener una predicción en la última capa.

Figura 5. Representación de las convoluciones 3D. Una imagen de entrada de tamaño $L \times W \times H$ realizando una convolución con un *Kernel* $t \times y \times x$

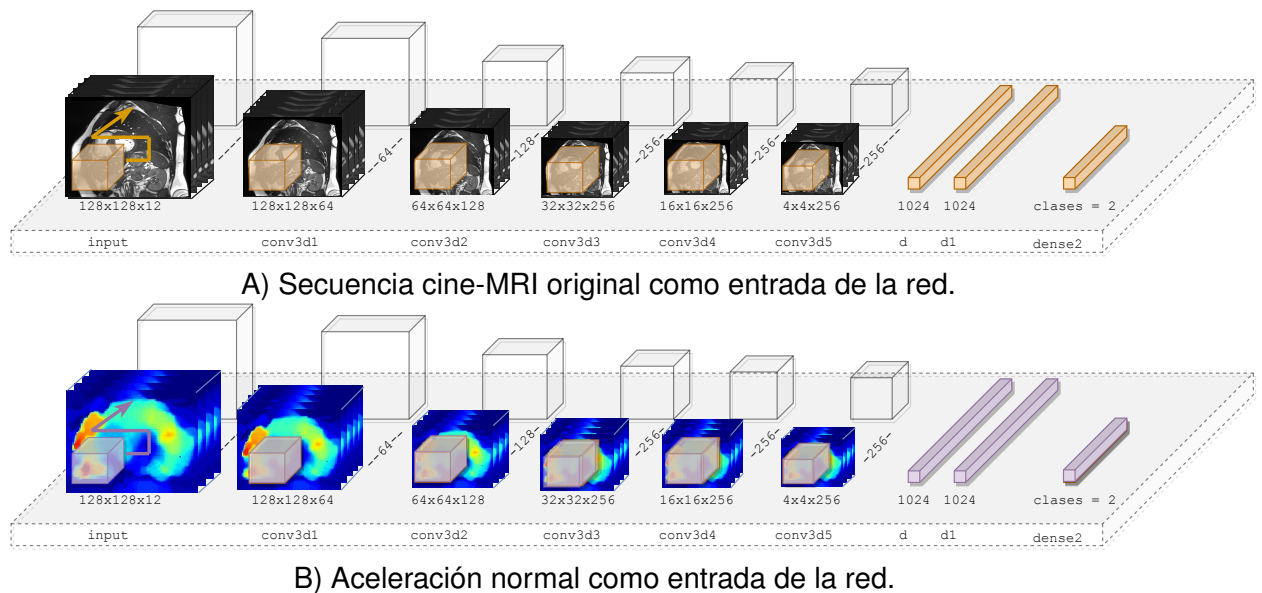


4.3.2. Arquitectura profunda convolucional 3D En este trabajo se propone una arquitectura convolucional basada en la red LTC¹³, que de manera jerárquica implementa capas volumétricas convolucionales, con la capacidad de cuantificar información de movimiento preservando la representación espacial y temporal en diferentes escalas. La entrada de esta red convolucional son secuencias cinemáticas, las cuales en capas sucesivas son densamente correlacionadas, permitiendo un modelamiento robusto de los patrones cardíacos. En la figura 6 se ilustra el esquema convolucional propuesto para el modelamiento volumétrico de patrones espacio

¹³ VAROL, Gül; LAPTEV, Ivan y SCHMID, Cordelia. "Long-term temporal convolutions for action recognition". En: *IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence* 40.6 (2017), págs. 1510-1517.

temporales con respecto a la capacidad de clasificar entre pares de condiciones cardíacas.

Figura 6. Representación de la arquitectura convolucional 3D. Cada fila representa diferentes entradas en la red convolucional, A) Secuencia cine-MRI original, B) Aceleración normal



Como se puede ver en la tabla 1, esta red contiene 5 convoluciones espacio temporales, el número de los filtros para cada convolución son de 64, 128, 256, 256 y 256 respectivamente, seguido de dos capas totalmente conectadas de dimensión 1024 y finalmente una *softmax* que permite obtener la predicción de las etiquetas cardíacas representando por el número de clases, en este caso, binario. El tamaño del *kernel* espacio temporal es de $3 \times 3 \times 3$ con pasos de $1 \times 1 \times 1$ para cada una de las convoluciones, a diferencia de la última, la cual tiene pasos de $1 \times 2 \times 2$. Cada una de estas convoluciones está acompañada por una activación reLU y un *Max pooling 3D*, donde el tamaño de la primera convolución es $1 \times 2 \times 2$ y para las demás es de $2 \times 2 \times 2$ teniendo en cuenta pasos del mismo valor, respectivamente. Así mismo, el tamaño de la salida de cada capa convolucional es el mismo para cada una de ellas. Por otro lado, dos de las capas totalmente conectadas tienen una activación reLU, y la última, que representa el número de clases (en este caso 2, debido a que

es una clasificación binaria) tiene una activación *softmax*. Para evitar sobre entrenamiento se implementó la estrategia de *dropout* en las capas densas. Para realizar la clasificación binaria, se realizó el método *leave-one-out* con 20 *epochs* para cada clasificación.

Tabla 1. Parámetros de la Arquitectura profunda convolucional 3D

Capas	Salida
Entrada	(12, 128, 128, 1)
Conv3d	(12, 128, 128, 64)
Conv3d_1	(6, 64, 64, 128)
Conv3d_2	(3, 32, 32, 256)
Conv3d_3	(2, 16, 16, 256)
Conv3d_4	(1, 4, 4, 256)
Dense	1024
Dense_1	1024
Dense_2	2

4.3.3. Mapas visuales de características salientes Una de las principales ventajas de las arquitecturas convolucionales es la representación densa de la información, siguiendo una arquitectura jerárquica, basada en un conjunto de pesos aprendidos en cada nivel del procesamiento. Estos pesos han demostrado que, al operar como convoluciones sobre los datos de entrada, codifican características relevantes (activaciones) para desarrollar la tarea específica que ha sido diseñada. En este sentido, estas activaciones pueden ser relevantes en el análisis de comportamientos cardíacos, como una herramienta observacional, que proporciona los principales segmentos espacio temporales que se activan para cada una de las cinemáticas. En este caso, la estrategia podría ser utilizada como soporte en el diagnóstico, visualizando diferentes mapas de activación, frente a diversas cinemáticas de entrada, y en diferentes niveles de representación.

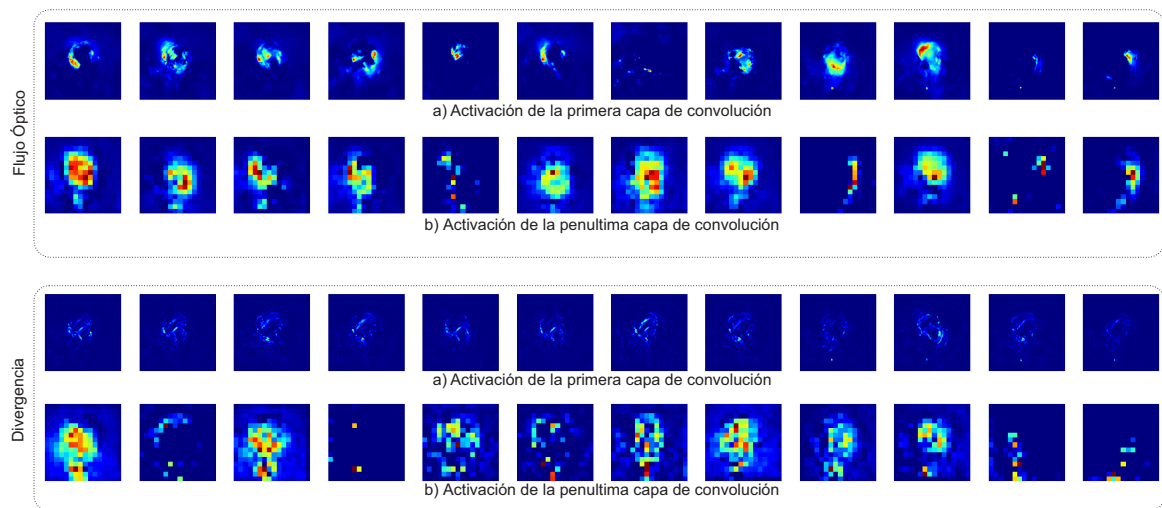
De manera ilustrativa y con el propósito de extraer patrones asociados al movimiento

que permitan obtener una cuantificación y/o correlación de manera espacio temporal, diferentes cinemáticas se pasaron como entrada a la red convolucional. Estas cinemáticas son: las aceleraciones (normal y tangencial), la divergencia y la vortici-
dad. Además de esto, también fueron considerados el flujo óptico y las secuencias cine-MRI originales sin ningún procesamiento previo, a fin de demostrar la importancia del movimiento al momento de clasificar diferentes patologías cardiovasculares a través del ciclo cardíaco. Teniendo en cuenta el aprendizaje temporal de las redes convolucionales, y así mismo la caracterización del movimiento, se utilizan las activaciones convolucionales ajustadas de la red previamente entrenada, con la finalidad de conocer qué neuronas se están activando y así mismo obtener una representación visual de la información. Como se puede ver en la imagen 7 se visualizan los mapas de respuesta de la primera y penúltima capa convolucional, con respecto a un paciente que presenta una condición de Infarto de Miocardio (*MINF - Myocardial Infarction*) para el caso de las dos mejores representaciones de movimiento cinemático en este enfoque, es decir, la divergencia y el flujo óptico.

Como primera instancia, se realizó la visualización para el flujo óptico en la primera capa convolucional. En esta capa, se logra visualizar la manera en la que las activaciones centran su atención particularmente en aquellas zonas propias del corazón, mostrando en qué lugar hay una mayor correlación local de velocidad aparente. De la misma manera, se puede visualizar la activación de la penúltima capa convolucional en donde nuevamente de manera interesante, las zonas de interés son aquellas correspondientes a la ubicación del corazón. Como es de esperarse, en las activaciones primarias se resaltan patrones localmente mayores correlacionados y se puede obtener una visualización consistente de las patologías. Por otra parte, las activaciones en las últimas capas permiten enfocarse en patrones que abarcan una caracterización regional y pueden ser usados para asociar valoraciones regionales de los ventrículos y su transición durante las fases de diástole y sístole. Además,

cabe resaltar que estas correlaciones involucran el eje temporal permitiendo una mejor caracterización de la complejidad del corazón durante el ciclo cardíaco.

Figura 7. Representación de los mapas de características en las capas convolucionales obtenidos tanto de la primera como la penúltima capa para las cinemáticas que obtuvieron mejores resultados, siendo estas, el flujo óptico y la divergencia.



De la misma forma, se puede observar que la primera capa convolucional de la divergencia muestra valores tanto salientes como entrantes en cada una de las activaciones. Estos valores de divergencia, están centrados en el corazón, logrando obtener una delimitación de los ventrículos de una forma muy bien definida. Así mismo, en la penúltima capa de convolución se puede apreciar la atención de las activaciones, las cuales se centran en zonas donde el corazón está presente, permitiendo obtener una representación de patrones espacio temporales densos, brindando una firma para cada enfermedad cardiovascular y así lograr una clasificación confiable entre ellas.

5. DISEÑO EXPERIMENTAL

5.1. CONJUNTOS DE DATOS

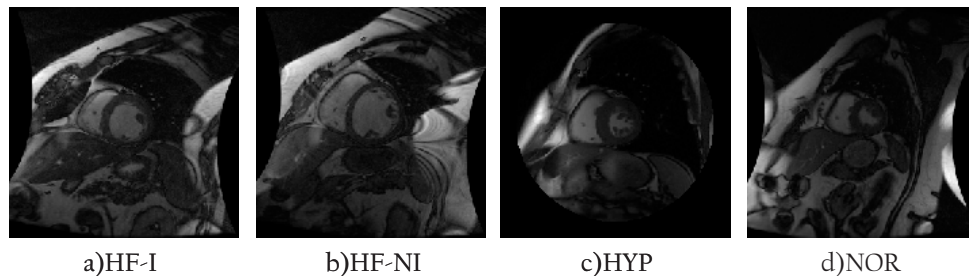
Los métodos propuestos fueron evaluados en dos conjuntos de datos públicos que agrupan diferentes enfermedades cardiovasculares siguiendo una validación exhaustiva por paciente. Los conjuntos de datos varían en número de muestras y la resolución espacial de las secuencias Cine-MRI es diferente entre ellos. Ambos conjuntos de datos proporcionan volúmenes del corazón por *slices*, desde la sección basal hasta la apical permitiendo obtener una extracción anatómica y dinámica de los ventrículos a través del ciclo cardíaco. Estos conjuntos de datos fueron evaluados de manera independiente tomando el *slice* basal a través del ciclo completo para posteriormente desplegar las estrategias propuestas. En las siguientes subsecciones se describirán los dos *datasets*.

5.1.1. Sunnybrook Cardiac Data (SCD): Este conjunto de datos está constituido por un total de 45 muestras de Cine-MRI ¹⁴. Estas secuencias tienen una variación espacial entre [10-20] *slices* durante el ciclo cardíaco, brindando un muestreo temporal de 20 fotogramas para representar la fase cardíaca. Cada *slice* tiene una dimensión espacial de 255×255 , además, presentan una vista de adquisición de eje corto (*short-axis*) y son clasificadas según la Fracción de Eyección (*EF - Ejection Fraction*). De esta manera, el conjunto de datos se divide en secuencias de control (pacientes normales (NOR) con $EF > 55\%$) y tres enfermedades cardíacas como se puede apreciar en la figura 8, etiquetadas como: Insuficiencia cardíaca con infarto

¹⁴ RADAU, P, *et al.* "Evaluation framework for algorithms segmenting short axis cardiac MRI". En: *The MIDAS Journal-Cardiac MR Left Ventricle Segmentation Challenge* 49 (2009).

(HF-I) con una EF < 40 %, Insuficiencia cardiaca sin infarto (HF-NI) con una EF < 40 %, Hipertrofia (HYP) con una EF normal > 55 % y además de esto, la masa del ventrículo izquierdo es mayor a 83 g/m^2 . Cada una de las condiciones anteriormente mencionadas tienen una cantidad de 9, 12, 12 y 12 pacientes respectivamente. Con respecto a la distribución de la población, el conjunto de datos cuenta con 32 casos de hombres y 13 de mujeres en promedio de 61 años. Con el propósito de evaluar las estrategias propuestas, se utilizaron los meta-datos de cada patología para realizar la clasificación supervisada. Así mismo, en este trabajo se consideró el corte basal cardíaco para cada uno de los experimentos realizados a través del tiempo, ya que presenta una elevada y óptima representación de la estructura cardíaca.

Figura 8. Representación de las diferentes patologías en el conjunto de datos SCD. A) Falla cardiaca con infarto, B) Falla cardiaca sin infarto, C) Hipertrofia, D) Condición normal

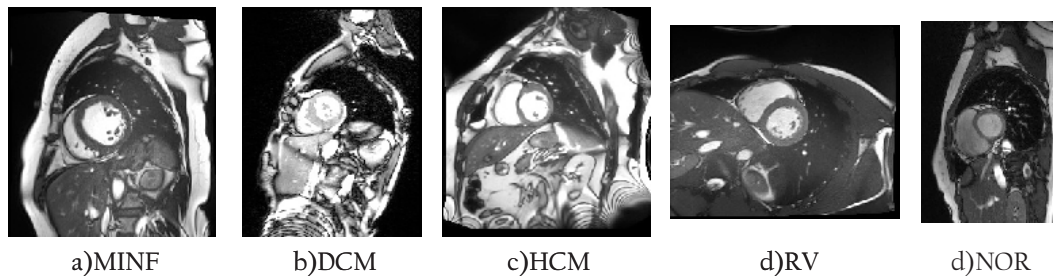


5.1.2. Automated Cardiac Diagnosis Challenge (ACDC): Un segundo conjunto de datos fue usado para la evaluación. Este *dataset* agrupa un total de 150 pacientes (100 para entrenamiento, 50 para pruebas) diagnosticados en cinco condiciones cardíacas diferentes¹⁵. Cada paciente es evaluado de acuerdo a las condiciones del volumen de los ventrículos y patrones dinámicos como la EF. Por ejemplo, los

¹⁵ BERNARD, Olivier, *et al.* "Deep learning techniques for automatic MRI cardiac multi-structures segmentation and diagnosis: is the problem solved?" En: *IEEE transactions on medical imaging* 37.11 (2018), págs. 2514-2525.

pacientes diagnosticados con Infarto Miocardial (MINF) presenta una EF en el ventrículo izquierdo inferior al 40% y varios segmentos miocárdicos con contracción anormal. Adicionalmente, los pacientes diagnosticados con Miocardiopatía Dilatada (*DCM - Dilated Cardiomyopathy*) tienen una EF < 40% y un volumen ventricular izquierdo > 100mL/m². El tercer grupo corresponde a los pacientes diagnosticados con Miocardiopatía Hipertrófica (*HCM - Hypertrophic Cardiomyopathy*) que reporta un índice de EF normal (> 55%), adicionalmente la masa cardiaca es mayor que 110 g/m² y contiene diversos segmentos miocárdicos con un grosor superior a 15 mm en la diástole. El cuarto grupo presenta los pacientes con Ventrículo Anormal Derecho (*RV - Abnormal Right Ventricle*) representando un volumen de la cavidad ventricular derecha superior a 110 mL/m², con una EF del ventrículo derecho inferior al 40%. Finalmente, el quinto grupo, considera la población control, con pacientes que reportan condiciones cardíacas normales (NOR). Cada uno de los pacientes tiene aproximadamente 9 *slices* con una variación entre [12 - 35] cuadros en el ciclo cardíaco. De la misma manera, cada *slice* tiene una dimensión espacial variable y diferentes números de conjuntos de *frames* a través del ciclo cardíaco por paciente. Asimismo, cada una de las condiciones anteriormente mencionadas tienen una cantidad de 20 pacientes.

Figura 9. Representación de las diferentes patologías en el conjunto de datos ACDC. A) Infarto de miocardio, B) Cardiomiopatía dilatada, C) Cardiomiopatía hipertrófica, D) Ventrículo anormal derecho E) Condición normal



Este conjunto de datos el cual se puede visualizar en la figura 9 fue creado con la finalidad de realizar tanto segmentaciones como clasificaciones cardíacas. Sin embargo, mayormente es usado para evaluar el rendimiento de las segmentaciones. Finalmente, las estrategias supervisadas fueron ajustadas y evaluadas sobre el conjunto de “entrenamiento”, ya que el conjunto de pruebas no contiene las respectivas etiquetas.

5.2. CONFIGURACIÓN DE LAS ESTRATEGIAS

5.2.1. Configuración estrategia multi-escala: La estrategia multi-escala realiza particiones progresivas a través de tres escalas espaciales. Cada una de las particiones regionales son caracterizadas mediante histogramas cinemáticos, calculados a lo largo del ciclo cardíaco (un total de 19 fotogramas para el conjunto de datos SCD y 12 fotogramas para el conjunto de datos ACDC). Cada uno de los histogramas calculados para cada región tiene una dimensión de seis bins. De este modo, la primera escala, que corresponde a una región que limita el corazón, está representada por 144 bins para el SCD y 72 para el ACDC. Por otra parte, en la segunda escala se consideran un total de 2 particiones espaciales (ventrículo derecho e izquierdo) codificadas por histogramas cinemáticos a lo largo del ciclo cardíaco, para un total de 228 valores escalares para el SCD y 114 para el ACDC. Por último, en la tercera escala, la región correspondiente al ventrículo izquierdo ha sido dividido, según la estrategia AHA, de forma radial cada 60 grados, siguiendo una segmentación vascular miocárdica. Por otra parte, la región del ventrículo izquierdo se dividió en 4 regiones, cada 90 grados. Luego, esta tercera escala es representada localmente por 10 regiones con un total de 1,140 valores escalares para el SCD y 720 para el ACDC por cinemática.

Por consiguiente, se forma finalmente un descriptor de movimiento con un total de 1,482 valores escalares para el SCD y 906 para el ACDC los cuales permiten repre-

sentar los patrones cardíacos. Este análisis se obtiene del *slice* basal computado en cada secuencia de Cine-MRI. En esta estrategia se evaluaron diversos descriptores de movimiento a partir de las diferentes cinemáticas calculadas de manera independiente y así mismo, fueron evaluados aquellos que obtuvieron una mejor predicción realizando una concatenación entre ellos. El descriptor de movimiento resultante, en cada experimento, se utilizó para ajustar la estrategia de clasificación *Random Forest*. Esta representación se fijó con 50 árboles en donde cada uno de estos presenta una profundidad de 2.

5.2.2. Configuración estrategia profunda convolucional 3D: De la misma manera, el enfoque propuesto obtiene una representación espacio temporal a partir de convoluciones 3D las cuales permiten obtener una mejor caracterización del movimiento a través del ciclo cardíaco. Teniendo en cuenta la diferencia en las muestras de los dos conjuntos de datos, se consideraron entradas temporales distintas para cada uno de ellos. Para el SCD se seleccionaron los 19 cuadros existentes por cada paciente y para el conjunto de datos ACDC, se seleccionaron 12 cuadros por paciente debido a que la resolución temporal de cada estudio es variable. Por lo tanto, 12 es el número mínimo de cuadros entre todos los estudios. Es decir, para cada uno de los experimentos realizados, la entrada de la red usando SCD son videos de $128 \times 128 \times 20$ mientras que para el ACDC la entrada es de dimensión $128 \times 128 \times 12$. Así mismo, se usaron diversas modalidades de movimiento como entrada a la red, tal como la aceleración normal, aceleración tangencial, divergencia, vorticidad, flujo óptico y de igual forma se realizaron experimentos con las secuencias cine-MRI sin ningún preprocesamiento, con el fin de demostrar la importancia del movimiento a través del ciclo cardíaco al clasificar las enfermedades cardiovasculares. Con el propósito de combatir el sobre aprendizaje teniendo en cuenta el gran número de parámetros (6 millones aproximadamente) y los pocos conjuntos de datos, se agregó un *dropout* para cada capa completamente conectada de 0.5. Así mismo,

las mejores configuraciones experimentalmente fueron un *batch* de 5 y una tasa de aprendizaje (*learning rate*) de 0,0001 permitiendo controlar qué tanto se ajustan los pesos en la red con respecto a la pérdida del gradiente. De igual manera, se utilizó el optimizador de descenso de gradiente estocástico (*SGD - Stochastic Gradient Descent*), el cual actualiza los parámetros para cada ejemplo de entrenamiento, lo que genera que la función objetivo fluctúe mucho permitiendo saltar entre mínimos locales potenciales.

6. EVALUACIÓN Y RESULTADOS

La evaluación de las estrategias aquí desarrolladas, se llevaron a cabo siguiendo un enfoque “*leave-one-patient-out*”. En este caso, se realizaron 45 experimentos para el conjunto de datos SCD y 100 experimentos para el conjunto de datos ACDC, dejando en cada iteración un paciente para evaluación y el resto para entrenar el algoritmo de clasificación elegido en cada estrategia. Para cada experimento, se consideró adicionalmente una clasificación binaria entre las patologías anteriormente mencionadas para cada uno de los conjuntos de datos, lo cual permite un mejor análisis del movimiento entre las enfermedades cardíacas. A continuación, se presentarán los resultados de las dos estrategias realizadas en la metodología propuesta.

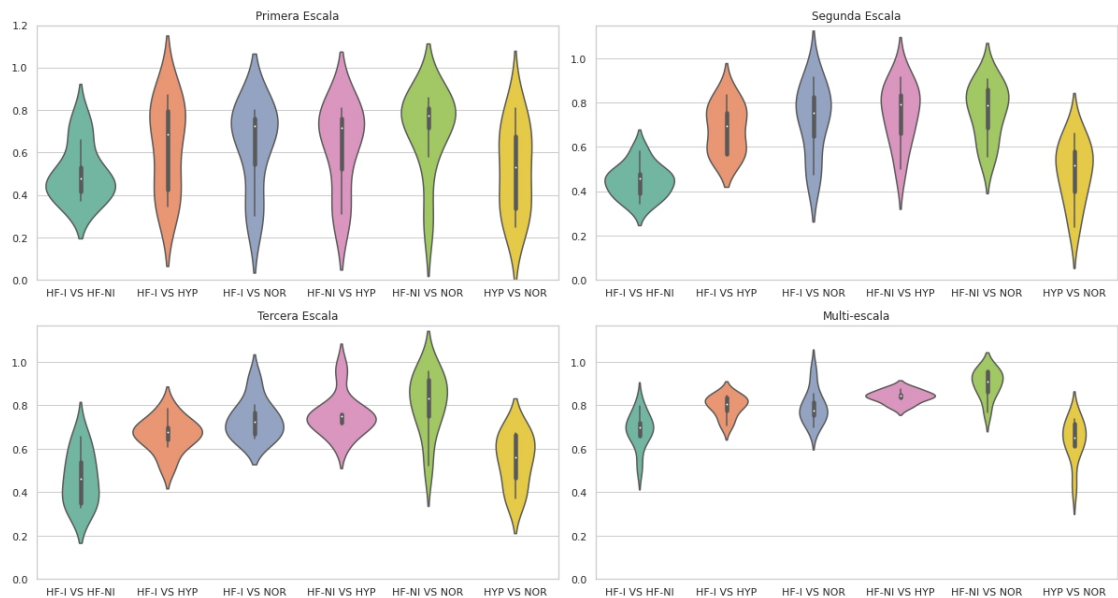
6.1. CLASIFICACIÓN USANDO EL ANÁLISIS MULTI-ESCALA

Teniendo en cuenta las diferentes cinemáticas calculadas previamente, es posible realizar inicialmente una evaluación cualitativa. Como se ilustra en la figura 2, los patrones cinemáticos permiten establecer diferencias entre las enfermedades y las secuencias control. Por ejemplo, las secuencias control (NOR) exponen una transición suave de las cinemáticas a lo largo de toda la estructura cardíaca. Por el contrario, en el caso de la HYP se observa una expansión notable de la aceleración. Así mismo, la insuficiencia cardíaca muestra patrones cinemáticos marcados que podrían corresponder al estrés producido por un rendimiento cardíaco anormal.

Una primera evaluación cuantitativa se llevó a cabo con el fin de evaluar la contribución de la metodología multi-escala con respecto a los patrones de movimiento producidos a través de cada escala. Como se puede observar, la figura 10 presenta una síntesis de los resultados obtenidos en la clasificación binaria, ilustrados en diagramas de violín (*Violin plots* en inglés), en donde se representa el desempeño

promedio obtenido de los descriptores de movimiento cinemáticos a través de cada una de las escalas y de igual manera, en el método multi-escala.

Figura 10. Representación de los porcentajes de exactitud para cada una de las escalas computadas



Como se puede observar en la figura, la representación multi-escala presenta en promedio los mejores resultados, obteniendo una varianza mínima, lo que muestra una mayor confiabilidad en el método. De forma particular, los resultados obtenidos en la primera escala registran una amplia dispersión respecto a la exactitud media de todas las clasificaciones binarias, comprendiéndose estos valores en un rango de exactitud entre [45,09% - 75,19%]. En esta primera escala, el mejor resultado se obtiene en la clasificación entre las condiciones HF-I vs HYP usando la aceleración normal, obteniendo una exactitud media de $87,20 \pm 0,33$. La elevada varianza y la densidad del cuartil pueden estar asociados a los patrones de movimiento globales capturados en la región completa del corazón, teniendo una reducida discriminación

entre los ventrículos. Con el fin de obtener patrones persistentes y disminuir la varianza de la escala global, se calcula la segunda y tercera escala donde se logra una representación más detallada al procesar los histogramas de movimiento cinemático en las regiones de los ventrículos. Tales representaciones reportan resultados mucho más compactos, aproximadamente la exactitud promedio se establece un rango intercuartílico con valores entre [53,84 % - 72,51 %].

A través de esta descripción regional (segunda y tercera escala) se evidencia específicamente que entre las patologías HF-NI vs HYP usando la velocidad tangencial se obtiene una exactitud promedio de $91,67 \pm 0,27$ y de manera similar usando la aceleración tangencial los resultados alcanzan un porcentaje de $96,15 \pm 0,19$. Finalmente, la representación regional multi-escala, la cual tiene en cuenta las particiones globales y regionales, logra obtener resultados de mayor exactitud y a su vez con una mayor confianza. En tal caso el rango intercuartil se define entre [73.08 % - 80.57 %], para todos los experimentos binarios. Cabe destacar, en este sentido, que el experimento de las condiciones patológicas HF-NI vs HYP logra un resultado compacto, alcanzando en promedio $84,11 \pm 0,36$. Este hecho debe atribuirse a los patrones de velocidad y aceleración que cambian fuertemente entre estas patologías, pero que permanecen localizados en los ventrículos. Adicionalmente, la clasificación entre HF-NI vs NOR logra la mejor configuración (con una exactitud de $89,75 \pm 0,21$), por lo que debe estar asociado a una adecuada discriminación de los patrones cardíacos cinemáticos. Una segunda evaluación se llevó a cabo con el objetivo de analizar la capacidad de cada cinemática codificada para describir los patrones de movimiento a través del ciclo cardíaco en el enfoque multi-escala logrando así una mejor comprensión de la clasificación de las enfermedades cardíacas. De esta manera, se obtuvo la exactitud promedio global, para cada cinemática individual. La tabla 2 muestra los resultados obtenidos en cada una de las cinemáticas y así mismo, indica la exactitud lograda con respecto a cada una de las

clasificaciones binarias realizadas. Notablemente, la velocidad tangencial alcanza una exactitud de $95,60 \pm 0,21$ permitiendo diferenciar entre los casos normales y las secuencias diagnosticadas con HF-NI. Por lo tanto, la velocidad del movimiento del corazón es capturada y codificada correctamente logrando obtener características de movimiento significativas que permiten realizar una diferenciación para cada enfermedad. Además de esto, los patrones cinemáticos de la velocidad tangencial resultan relevantes para casi todas las patologías, evidenciándose en la exactitud media obtenida de $80,58 \pm 0,38$. Del mismo modo, la aceleración muestra importantes contribuciones a los patrones de movimiento del modelo Cine-MRI a fin de apoyar el diagnóstico de la enfermedad. De hecho, la clasificación entre la insuficiencia cardíaca sin infarto y la condición normal (HF-NI vs NOR) consiguió obtener una codificación adecuada de los patrones de aceleración local, en donde la velocidad tangencial, la aceleración normal y la aceleración tangencial alcanzaron una exactitud de $95,60 \pm 0,21$, $91,84 \pm 0,29$ y $95,71 \pm 0,21$, respectivamente. Los principales inconvenientes para obtener una clasificación correcta se reportan entre las patologías HF-I vs HF-NI, a causa de los patrones similares de movimiento entre ellas. En este caso, la característica cinemática que obtiene el resultado más óptimo fue la velocidad tangencial, con una exactitud media de $80,58 \pm 0,38$.

Tabla 2. Exactitud obtenida en la metodología multi-escala para cada una de las cinemáticas propuestas con su desviación estandar correspondiente.

* FO: Flujo óptico, VN: Velocidad normal, VT: Velocidad tangencial, AN: Aceleración normal, AT: Aceleración tangencial, MBH: Límite de movimiento (*Motion Boundary Histogram*)

Enfermedades Cardiovasculares	FO	VN	VT	AN	AT	Divergencia	Vorticidad	MBH
HF-I vs HF-NI	71,33±0,46	52,01 ±0,49	69,89±0,46	79,90±0,47	65,95±0,47	74,61±0,46	65,95±0,47	69,83±0,46
HF-I vs HYP	74,50±0,44	78,56 ±0,41	80,11±0,41	83,51±0,37	83,51±0,37	84,65±0,41	81,40±0,46	70,65±0,46
HF-I vs N	85,21±0,35	95,42 ±0,21	80,00±0,40	75,50±0,43	75,00±0,43	80,00±0,40	70,00±0,45	75,50±0,43
HF-NI vs HYP	84,29±0,37	84,29 ±0,37	84,29±0,37	87,80±0,33	87,46±0,33	81,11±0,40	79,37±0,40	84,29 ±0,37
HF-NI vs N	95,60 ±0,21	86,23 ±0,34	95,60 ±0,21	91,84 ±0,29	95,71 ±0,21	90,48 ±0,29	85,85 ±0,34	76,75±0,42
HYP vs N	71,43±0,45	66,35 ±0,47	73,57±0,45	61,22±0,48	71,43±0,45	42,86 ±0,49	63,49±0,48	61,43±0,48
PROMEDIO	80,39 ±0,38	77,14±0,39	80,58 ±0,38	79,96±0,40	79,84±0,38	75,62±0,41	74,34±0,44	73,08±0,44

Adicionalmente, se utilizó el *F1-score* como una medida de evaluación más repre-

sentativa ya que mide el equilibrio entre la precisión y la exhaustividad. En consecuencia, la tabla 3 presenta los resultados obtenidos para cada cinemática con respecto a cada clasificación binaria. De forma general, los descriptores de movimiento contruidos a partir de patrones cinemáticos independientes, logran representar de forma coherente las enfermedades cardíacas, apoyando de esta manera, en muchos de los casos, la diferenciación automática entre un par de enfermedades cardiovasculares.

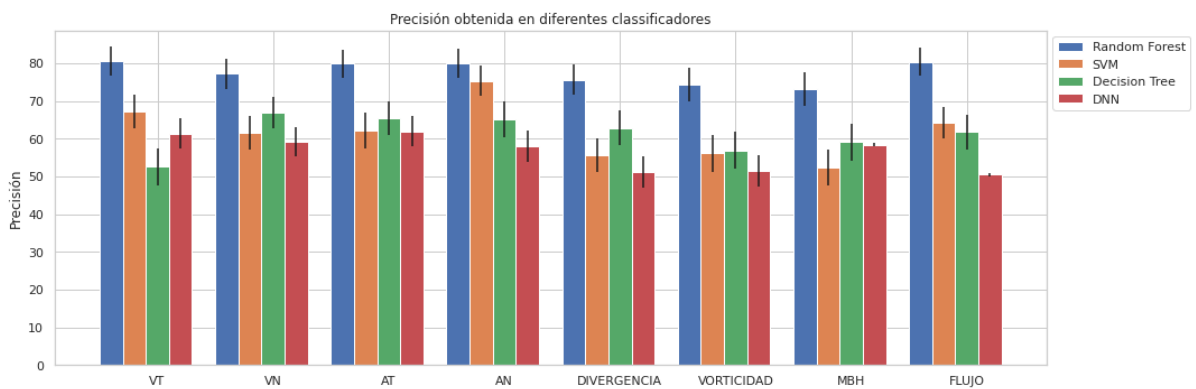
Tabla 3. Porcentaje obtenido de la métrica *F1-score* para cada una de las cinemáticas propuestas.

Enfermedades Cardiovasculares	FO	VN	VT	AN	AT	Divergencia	Vorticidad	MBH
HF-I vs HF-NI	69,57	52,17	69,57	65,22	65,22	69,57	65,22	69,57
HF-I vs HYP	73,91	78,26	78,26	82,61	82,61	78,26	69,57	69,57
HF-I vs N	85,00	95,00	80,00	75,00	75,00	80,00	70,00	75,00
HF-NI vs HYP	83,33	83,33	83,33	87,50	83,50	79,17	79,17	83,33
HF-NI vs N	95,24	85,71	95,24	90,48	95,24	90,48	85,71	76,19
HYP vs N	71,43	66,67	71,43	61,90	71,43	42,86	61,90	61,90
PROMEDIO	79,75	76,86	79,64	77,12	78,83	73,39	71,93	72,59

Un tercer experimento fue llevado a cabo con el propósito de comparar el rendimiento de los descriptores cinemáticos de movimiento propuestos empleando diferentes clasificadores. Cada uno de los clasificadores evaluados fueron optimizados encontrando valores adecuados para sus parámetros. En este experimento se incluyeron los siguientes clasificadores: un árbol de decisión con una profundidad de 2, un *Random Forest* utilizando 50 árboles, una máquina de soporte vectorial empleando un *kernel* lineal y una red neuronal profunda (*DNN - Dense Neuronal Network*) con cuatro capas. Para todos los descriptores cinemáticos, el *Random Forest* logra obtener el mejor resultado con respecto a la exactitud media de la clasificación binaria para cada enfermedad cardiovascular. Como se puede observar en la figura 11 la partición discreta de las características resultó ser la representación más óptima para todas las características cinemáticas. De forma interesante, la arquitectura densa

que procesa jerárquicamente la representación de movimiento, presenta resultados insignificantes en el enfoque propuesto. Este enfoque fue construido con cuatro capas ocultas de 1024, 512 y 256 neuronas lo cual sugiere ser limitado para crear fronteras óptimas de decisión, también se puede atribuir a la cantidad relativamente pequeña de datos, lo que podría ser común en los escenarios clínicos.

Figura 11. Representación de los porcentajes de exactitud usando diferentes métodos de clasificación.



Se realizó un cuarto experimento, con el fin de evaluar el desempeño de los descriptores de movimiento integrando diversas cinemáticas. Por consiguiente, las tres características cinemáticas que reportaron mejores resultados de exactitud por sí mismas (aceleración normal, aceleración tangencial y velocidad tangencial), se integraron en parejas, formando un descriptor de tamaño 2,964. De igual manera, una integración completa de las tres cinemáticas se llevó a cabo, formando un descriptor de movimiento de tamaño 4,446. En la tabla 4 se puede observar el resumen de los resultados obtenidos en dicha integración respecto a todas las clasificaciones binarias entre las enfermedades cardiovasculares. Es importante destacar que se obtuvo una mejora en el promedio de la clasificación, al integrar la velocidad tangencial y la aceleración normal, con un promedio de 82,26 %, 80,77 %, para la exactitud y el *F1-score* respectivamente. A pesar de que, en general, el rendimien-

to sigue siendo similar, cabe destacar que se obtuvo una notable codificación que permitió diferenciar entre la insuficiencia cardíaca sin infarto y la hipertrofia (HF-NI vs HYP), obteniendo puntuaciones de hasta el 90,00 % para todas las configuraciones. Por consiguiente, la hipertrofia puede entonces explicarse a partir de diferentes componentes de movimiento los cuales describen de mejor manera los patrones cardíacos anormales a través del ciclo cardíaco.

Tabla 4. Exactitud obtenida a partir de concatenar las mejores características cinemáticas

Enfermedades Cardíacas	VT + AN		VT + AT		AN + AT		AN + AT + VT	
	EXAC	F1	EXAC	F1	EXAC	F1	EXAC	F1
HF-I vs HF-NI	73,61	69,57	56,38	56,52	51,37	52,17	62,11	60,87
HF-I vs HYP	89,57	86,96	80,11	78,26	76,86	73,91	83,12	73,91
HF-I vs N	81,62	80,00	88,75	85,00	85,21	85,00	81,62	80,00
HF-NI vs HYP	96,15	95,83	92,86	91,67	92,86	91,67	90,00	87,50
HF-NI vs N	86,23	85,61	86,23	85,71	90,48	90,48	82,60	80,95
HYP vs N	66,35	66,67	57,79	57,14	51,02	52,38	66,67	66,67
PROMEDIO	82,26	80,77	77,02	75,72	74,63	74,27	77,69	74,98

Finalmente, el descriptor de movimiento propuesto fue evaluado de la misma manera sobre el conjunto de datos ACDC, el cual cuenta con un mayor conjunto de muestras y considera otras patologías cardíacas. Para este caso se usó la misma configuración de parámetros para el clasificador, el número de bins y la metodología multi-escala usada en el conjunto de datos SCD. El descriptor resultante de movimiento tiene una dimensión de 906 valores escalares, con el fin de representar cada cinemática. La tabla 5 sintetizan los resultados obtenidos en la clasificación binaria de las condiciones cardíacas utilizando las cinemáticas consideradas en este trabajo. De forma esperada, la velocidad tangencial y la velocidad normal son las cinemáticas que mejor discriminan las condiciones cardíacas, como se observó en los resultados anteriores sobre el conjunto de datos SCD.

A pesar de la existencia de nuevas enfermedades cardiovasculares, las cinemáticas

previamente calculadas permanecen de manera sobresaliente e invariante obteniendo resultados destacables en la tarea de clasificación binaria. Es necesario enfatizar el mejor desempeño obtenido en la tarea de clasificación, como es el caso entre pacientes normales y secuencias diagnosticadas con Infarto Miocardial (MINF), donde se obtiene una exactitud para casi todas las cinemáticas superior al 80%. De la misma manera, la velocidad normal y la velocidad tangencial lograron un mejor desempeño con resultados de exactitud de 90,00% y 90,40% respectivamente. Este caso resulta relevante, a fin de comprender el rendimiento del descriptor propuesto, y así mismo, las limitaciones que puede presentar para implementarlas de manera práctica en los escenarios clínicos. Una de las principales limitaciones del descriptor de movimiento propuesto fue en la tarea de clasificación entre RV vs NOR donde la exactitud estuvo entre un rango de [52,51% – 70,20%]. Este escenario puede ocurrir debido a la composición dinámica del ventrículo anormal derecho, que en efecto diversas medidas clínicas son reportadas como normales.

Tabla 5. Exactitud obtenida para cada una de las cinemáticas propuestas en el conjunto de datos ACDC

Enfermedades Cardiovasculares	FO	VN	VT	AN	AT	Divergencia	Vorticidad	MBH
MINF vs DCM	70,83	67,54	82,58	70,20	72,56	81,25	68,67	77,57
MINF vs HCM	72,56	70,20	75,25	70,83	78,13	67,90	55,05	65,15
MINF vs RV	60,99	83,25	70,00	77,57	83,25	65,15	68,67	70,20
MINF vs NOR	60,99	90,00	90,40	87,59	78,13	85,00	82,58	68,67
DCM vs HCM	60,10	67,90	60,10	60,42	44,79	67,90	60,42	62,53
DCM vs RV	65,62	62,53	67,54	70,83	55,21	55,49	73,81	62,53
DCM vs NOR	80,30	82,58	80,30	60,99	60,10	80,00	62,53	52,85
HCM vs RV	55,05	55,95	60,10	60,10	63,33	62,79	55,95	63,33
HCM vs NOR	60,10	82,58	90,00	60,42	66,48	67,54	65,00	61,90
RV vs NOR	60,42	65,15	70,20	58,55	58,00	70,20	52,51	53,13
PROMEDIO	64,70	72,77	74,65	67,75	66,00	70,32	64,52	63,79

A partir del conjunto de datos ACDC, también se realizó la evaluación de la integración de diversos descriptores cinemáticos con el fin de identificar patrones cardíacos más complejos. En la tabla 6 diferentes combinaciones entre los descriptores de la

velocidad normal, velocidad tangencial, aceleración normal y aceleración tangencial fueron reportados. Teniendo en cuenta que el nuevo descriptor de movimiento está compuesto por dos cinemáticas, el tamaño resultante del vector que codifica la información es de 1,812 siendo insignificante en términos computacionales. En este experimento, se logró una mejora en la tarea de la clasificación con un promedio de 75,23 % entre la velocidad normal y la aceleración normal. Así mismo, se puede observar una mejora cuantitativa de aproximadamente 5 % entre las aceleraciones. Notablemente, estas aceleraciones proporcionan una representación robusta del corazón durante el ciclo cardíaco, permitiendo obtener una firma diferenciadora de las diversas patologías logrando una mayor exactitud en el método multi-escala.

Tabla 6. Exactitud obtenida a partir de la integración de las cinemáticas más relevantes en el conjunto de datos ACDC.

Enfermedades Cardiacas	VT-VN	VT-AT	VT-AN	VN-AT	VN-AN	AT-AN
MINF vs DCM	65,15	70,83	70,83	70,00	70,83	77,57
MINF vs HCM	70,20	78,13	70,83	83,25	70,20	77,57
MINF vs RV	80,30	78,13	80,30	77,57	80,30	85,00
MINF vs N	87,59	90,00	87,59	87,59	87,59	87,59
DCM vs HCM	62,79	67,90	62,53	52,67	59,40	73,81
DCM vs RV	68,67	73,02	72,56	62,53	72,56	67,54
DCM vs N	82,58	80,30	78,13	80,30	80,30	60,99
HCM vs RV	72,56	76,04	63,33	76,04	84,67	74,00
HCM vs N	90,00	67,90	67,90	76,04	81,25	64,25
RV vs N	62,79	55,05	70,00	70,20	65,15	55,05
PROMEDIO	74,26	73,73	72,40	73,62	75,23	72,34

6.2. CLASIFICACIÓN A PARTIR DEL APRENDIZAJE ESPACIO-TEMPORAL USANDO UNA RED CONVOLUCIONAL 3D

Resaltando como objetivo principal la caracterización de movimiento cinemática asociada a cada enfermedad cardiovascular, se realizó una segunda estrategia, la cual permite lograr un aprendizaje de distintos patrones espacio temporales de movimiento considerando las diversas cinemáticas calculadas. En este caso, no se profundizó en la evaluación de las cinemáticas de velocidad normal y velocidad tangencial, debido a que en las convoluciones espacio temporales no se obtienen patrones de movimientos que permitan realizar una predicción confiable. Además, experimentalmente se obtuvieron resultados por debajo del 35 %.

Un primer experimento fue llevado a cabo con el fin de evaluar el comportamiento de una red de aprendizaje convolucional en un conjunto de datos limitados, tal y como lo es el SCD. La tabla 7 presenta una síntesis de los resultados obtenidos en la clasificación binaria. Generalmente, se obtiene una exactitud y *F1-Score* promedio para cada una de las cinemáticas en un rango de [56,59 % – 69,99 %] y [52,14 % – 69,25 %] respectivamente. Así mismo, es necesario destacar el rendimiento de la clasificación binaria entre las secuencias que presentan falla cardíaca y las condiciones hipertróficas, en donde se obtienen porcentajes hasta de un 79 %. Estos resultados se pueden presentar debido al limitado conjunto de datos disponibles para desarrollar el entrenamiento y ajuste de la arquitectura, lo cual puede ser común en el ámbito clínico.

Por otra parte, un segundo experimento fue llevado a cabo con el propósito de evaluar el aprendizaje que logra obtener la red convolucional temporal a través del ciclo cardíaco en un conjunto de datos mayor, como lo es el ACDC. Como se puede observar en la tabla 8 se sintetizan los resultados obtenidos en la clasificación binaria de cada una de las condiciones cardíacas. Considerablemente, se obtiene un rango de exactitud y *F1-score* promedio a través de cada cinemática entre [64.81 %

Tabla 7. Exactitud obtenida usando el conjunto de datos SCD en la estrategia de aprendizaje profundo

Enfermedades Cardíacas	AT		AN		Divergencia		Vorticidad		FO		Cine-MRI Original	
	EXAC	F1	EXAC	F1	EXAC	F1	EXAC	F1	EXAC	F1	EXAC	F1
HF-I vs HF-NI	52,17	55,99	65,21	66,67	43,47	43,47	52,17	56,00	56,52	58,33	52,17	52,17
HF-I vs HYP	78,26	78,26	65,22	66,66	68,87	60,86	73,91	75,00	73,91	72,73	69,56	69,56
HF-I vs N	75,00	70,58	60,00	55,56	75,00	66,67	75,00	66,67	80,00	80,00	50,00	44,44
HF-NI vs HYP	75,00	75,00	79,17	80,00	62,50	60,86	75,00	76,92	76,17	80,00	58,33	54,54
HF-NI vs N	71,42	70,00	66,66	58,82	71,42	70,00	61,90	50,00	80,95	80,00	66,66	58,82
HYP vs N	28,57	28,57	42,85	14,28	42,85	33,33	23,81	30,17	52,38	44,44	42,85	33,33
PROMEDIO	63,40	63,07	63,19	57,00	60,69	55,87	60,30	59,13	69,99	69,25	56,59	52,14

- 75.83 %] y [57.95 % - 72.34 %], respectivamente. A demás de eso, es necesario destacar que, en este caso, las cinemáticas que obtuvieron una mejor representación son el flujo óptico y la divergencia con porcentajes de exactitud de 75,83 % y 75,23 %, respectivamente. En este caso, la diferencia entre el flujo saliente y entrante del campo denso es el que obtiene mejores representaciones espacio temporales de las diversas enfermedades cardíacas. En su mayoría las clasificaciones binarias logran una exactitud por encima del 70 %, siendo el mayor resultado de exactitud es entre las secuencias cardiacas pertenecientes a la condición MINF y la condición DCM, obteniendo un 89,20 % de exactitud y un 85,00 % de *F1-score*. Así mismo, las clasificaciones entre DCM vs N y MINF vs DCM son las que presentan una mejor clasificación entre las enfermedades cardiovasculares.

La arquitectura propuesta logró una apropiada caracterización del movimiento usando secuencias cinemáticas, logrando correlaciones en diferentes escalas espaciales y temporales. Las secuencias cinemáticas logran una primera fase local de caracterización de movimiento, lo cual hace que la arquitectura jerárquica tenga una mejor caracterización de patrones cardiacos de mayor nivel regional. En este sentido, las secuencias cinemáticas obtuvieron una mejor clasificación que las secuencias crudas y originales de cine-MRI las cuales obtuvieron 56,59 % para el SCD y 64,81 % para el ACDC.

Tabla 8. Exactitud obtenida usando el conjunto de datos ACDC en la estrategia de aprendizaje profundo

Enfermedades Cardiacas	AT		AN		Divergencia		Vorticidad		FO		Cine-MRI Original	
	EXAC	F1	EXAC	F1	EXAC	F1	EXAC	F1	EXAC	F1	EXAC	F1
MINF vs DCM	82,50	83,72	80,00	80,00	70,83	77,57	85,00	84,21	89,20	85,00	81,20	72,50
MINF vs HCM	62,50	61,53	70,00	70,00	70,20	77,57	62,50	61,53	73,09	65,00	59,09	57,50
MINF vs RV	80,00	77,77	80,00	78,94	80,30	85,00	80,00	78,94	81,33	77,50	70,53	70,00
MINF vs N	72,50	70,27	72,50	71,72	87,59	87,59	77,50	74,28	72,05	70,00	76,71	7,00
DCM vs HCM	55,00	52,63	62,50	59,45	59,40	73,81	55,00	50,00	80,71	72,50	60,38	65,00
DCM vs RV	67,50	64,86	60,00	61,90	72,56	67,54	65,00	65,00	72,78	62,50	51,43	55,00
DCM vs N	85,00	84,21	85,00	85,00	80,30	60,99	85,00	85,00	73,38	72,50	83,38	80,00
HCM vs RV	62,50	63,41	70,00	68,42	84,67	74,00	62,50	61,53	78,38	75,00	31,95	50,00
HCM vs N	75,00	73,68	72,50	73,17	81,25	64,25	65,00	61,11	70,00	67,50	75,76	67,50
RV vs N	75,00	73,68	72,50	70,27	65,15	55,05	67,50	66,66	67,40	67,50	57,65	55,00
PROMEDIO	71,75	70,58	72,50	71,89	75,23	72,34	70,50	68,83	75,83	71,50	64,81	57,95

6.3. MÉTODO MULTI-ESCALA VS MÉTODO DE APRENDIZAJE PROFUNDO

En este trabajo se introdujeron dos estrategias (análisis multi-escala y aprendizaje profundo convolucional) para el análisis y caracterización de patrones de movimiento del corazón en cuanto a su correlación con condiciones cardiacas. La tabla 9 sintetiza las cinemáticas que obtuvieron los mejores resultados para cada una de las estrategias mencionadas. Como se puede apreciar, generalmente las cinemáticas que brindan una mejor caracterización de las enfermedades cardiovasculares son las velocidades y las aceleraciones. En el caso del análisis multi-escala la velocidad tangencial genera una mejor representación de movimiento en comparación de las demás cinemáticas. Por el contrario, en el aprendizaje espacio temporal convolucional profundo, se puede observar que la divergencia permite obtener una mejor representación temporal de las patologías. Así mismo, se puede visualizar que el flujo óptico cuantifica de manera óptima los dos conjuntos de datos. Teniendo en cuenta esto, se puede afirmar la importancia que presenta el movimiento a través del ciclo cardíaco, permitiendo obtener una marca diferenciadora entre patologías, realizando una clasificación confiable entre ellas. Por otra parte, se puede apreciar que las metodologías planteadas en este trabajo, tienen una relación directa con respecto a los conjuntos de datos utilizados. Por ejemplo, como primer caso, se tiene el SCD,

en donde se destaca la exactitud obtenida para el método multi-escala, obteniendo porcentajes superiores al 71 %, asimismo, las mejores representaciones cinemáticas sobrepasan un 77 %, a diferencia del comportamiento logrado por el método de aprendizaje profundo, en donde se tiene como limitación el pequeño conjunto de datos obteniendo resultados hasta de un 69,99 %. Por el contrario, el conjunto de datos ACDC le permite al modelo de aprendizaje profundo un mejor desempeño debido a la mayor cantidad de datos que ofrece por patología, obteniendo porcentajes de exactitud por encima del 70 % para cada una de las cinemáticas planteadas. A diferencia del método multi-escala, en donde se obtienen porcentajes variables por encima del 63 %.

Tabla 9. Comparación entre las dos estrategias calculadas en el método propuesto

	SCD	ACDC
Multi-escala	Velocidad Tangencial - 79.64 % Aceleración Normal - 77.12 %	Velocidad Tangencial - 74.65 % Velocidad Normal - 72.77 %
LTC	Flujo Óptico - 69.99 % Divergencia - 60.30 %	Flujo Óptico - 75.83 % Divergencia - 75.23 %

Esta comparación resulta fundamental en el contexto de la aplicación. Como se puede observar, la arquitectura convolucional resulta más robusta siempre y cuando exista un conjunto considerable de ejemplo. Estos modelos pueden entonces implementarse en un escenario clínico para condiciones cardiacas comunes. Sin embargo, el análisis multi-escala siempre resulta beneficioso como herramienta primaria para observar y establecer diferencias entre ejemplos cardiacos. Esta además podría ser útil para lograr una caracterización con pocos ejemplos, lo cual es habitual en escenarios reales.

7. CONCLUSIONES Y PERSPECTIVAS

En este trabajo como primera estrategia se introdujo un enfoque novedoso que permite cuantificar y caracterizar diversos patrones de movimiento espacio temporales a través del ciclo cardíaco, siendo estos codificados desde un análisis regional multi-escala. A partir de esta representación del campo de movimiento, varias cinemáticas fueron calculadas y codificadas como histogramas de ocurrencia para representar los patrones cardíacos. La información del movimiento cinemático se captura a partir de un flujo óptico denso, que considera largos desplazamientos y deformaciones de la estructura a lo largo del tiempo. Estos patrones se obtienen a través de diferentes escalas espaciales, que en conjunto logran una representación robusta del movimiento con capacidad para clasificar entre diversas enfermedades cardíacas. Indudablemente, se obtuvieron resultados notables de distintas cinemáticas calculadas las cuales por sí mismas logran obtener una descripción adecuada de la enfermedad cardiovascular. Como por ejemplo, los patrones de aceleración y velocidad alcanzan más del 90 % de exactitud para diferenciar entre los patrones de movimiento de insuficiencia cardíaca sin infarto y las secuencias de cine-MRI que presentan patrones normales. Así mismo, estas representaciones de ocurrencia cinemática se integraron, permitiendo así, la descripción de enfermedades más complejas, y posibilitando, por ejemplo, la clasificación entre patrones de enfermedades cardiovasculares. De la misma forma, se obtuvieron exactitudes de hasta del 91 % para cinemáticas de primer y segundo orden en la tarea de clasificación entre la insuficiencia cardíaca y la hipertrofia. Cada uno de los descriptores de movimiento cinemático fueron evaluados sobre diferentes clasificadores, resultando el conjunto de la partición discreta, dada por *Random Forest*, la mejor manera de encontrar una correspondencia entre las características de movimiento y las etiquetas de enfermedades. El enfoque propuesto, también tuvo en cuenta el conjunto de datos ACDC

en la fase de experimentación, el cual reporta una cantidad mayor de casos para cinco condiciones cardíacas diferentes. En este conjunto de datos, la velocidad normal y tangencial fueron fundamentales para llevar a cabo una caracterización adecuada de las condiciones cardíacas. Un ejemplo de esto, se puede ver entre los casos MINF y los pacientes control, en donde se logran porcentajes para la velocidad normal, velocidad tangencial y aceleración normal de 90 %, 90,4 % y 87,59 % respectivamente.

De manera particular, el conjunto de datos ACDC ha sido usado en las tareas de segmentación y predicción cardíaca. A pesar de los destacados resultados en la literatura, en lo que respecta a la predicción de las enfermedades, los enfoques reportados basaron la estimación de las medidas tomadas a partir de una segmentación previa de los ventrículos, es decir, siguiendo los patrones clínicos estándar. En estos casos, los métodos dependen de una segmentación apropiada, y sólo tienen en cuenta el final de las fases diástole y sístole para definir las condiciones cardíacas. Por el contrario, el método propuesto puede ser utilizado eventualmente para analizar patrones de movimiento ocultos, los cuales podrían respaldar un diagnóstico complejo a partir de la información adicional de condiciones particulares. Además de esto, el enfoque inicia un análisis a partir de patrones de velocidad, evitando las dependencias de forma y/o geometría del corazón, para caracterizar las enfermedades cardiovasculares. Adicionalmente, el enfoque propuesto proporciona mapas cinemáticos los cuales pueden ser usados en el análisis observacional. También se realizó una integración del cálculo de cinemáticas, manteniendo una eficiencia computacional e igualmente brindando un mayor análisis a las condiciones cardíacas complejas. Por ejemplo, la clasificación realizada entre HF-NI vs HYP logró resultados del 96,15 % y 92,86 % al integrar la velocidad tangencial tanto con la aceleración normal como con la tangencial respectivamente.

Así mismo, un segundo enfoque fue realizado, con la idea principal de destacar la

importancia del movimiento a través de un aprendizaje profundo por medio de redes convolucionales temporales a largo plazo. Este aprendizaje es realizado a partir de diferentes cinemáticas calculadas a partir de un campo de flujo óptico denso. El aprendizaje de esta representación fue exitoso sobre todo en el procesamiento de cinemáticas individuales, las cuales lograron mejores resultados con respecto a las secuencias originales de cine-MRI. De igual manera, hay una diferencia entre las exactitudes obtenidas en cada uno de los conjuntos de datos, esto puede suceder debido a las limitaciones que se tienen en la cantidad de muestras por enfermedad en el ámbito clínico. En el caso del SCD el mejor comportamiento promedio es el flujo óptico y la aceleración tangencial con exactitudes de 69,99% y 63,40% respectivamente. Así mismo, se alcanzan porcentajes hasta del 80,95% en la clasificación binaria de cada una de las enfermedades cardiovasculares. Por el contrario, para el conjunto de datos ACDC, la divergencia es la cinemática que mayor representación brinda, obteniendo patrones convolucionales espacio temporales del flujo entrante y saliente producidos por las deformaciones cardíacas a través del tiempo con porcentajes de exactitud de 75,23%.

La clasificación y predicción automática de las enfermedades cardíacas se ha abordado principalmente mediante el cálculo de patrones volumétricos y dinámicos, como es el caso de la fracción de eyección. Tales índices cardíacos son usados para diagnosticar fallas cardíacas y, así mismo, asociarlas un diagnóstico a partir de las observaciones realizadas^{2 4}. No obstante, estos enfoques se basan principalmente en realizar una adecuada segmentación de los ventrículos a través de los volúmenes en las secuencias Cine-MRI, la cual es una labor manual tediosa que podría ser propensa a errores. A pesar de los elevados resultados que se han reportado en estos enfoques, se limitan de la misma manera, a computar patrones clásicos y evitar el descubrimiento de nuevas relaciones ocultas que podrían ser clave para apoyar el diagnóstico. Por el contrario, el enfoque propuesto está libre de cualquier

intervención manual, se centra sólo en los patrones de movimiento y potencialmente podría encontrar nuevos patrones que podrían sugerir anomalías asociadas a enfermedades particulares. Tal podría ser el caso, que a partir de los mapas generados por la cinemática, el experto podría evaluar el rendimiento cardíaco para encontrar evidencia de patologías.

Otros enfoques, manejan el modelado del movimiento en cine-MRI, tales secuencias etiquetadas logran una descripción del movimiento, sin embargo, requieren sofisticados protocolos de captura, limitando su uso en escenarios reales ^{8 9}. Las estrategias actuales de aprendizaje profundo han logrado representaciones complejas y robustas a fin de modelar patologías cardíacas ^{3 5}. Esta representación es efectiva para modelar patrones, no obstante, requiere de grandes conjuntos de datos, lo que podría ser difícil para algunas enfermedades específicas y centros clínicos. Por consiguiente, el enfoque propuesto requiere un número limitado de muestras para obtener predicciones estables, lo que podría resultar útil para complementar la observación de estas representaciones profundas. De este modo, los trabajos futuros considerarán el análisis y desarrollo de mapas de movimiento que aprendan relaciones más complejas, a partir de la representación que se expone en esta metodología. Además, se evaluará el enfoque propuesto con conjuntos de datos más grandes, que incluyan nuevas patologías cardíacas. El esquema de aprendizaje profundo será explorado en mayor detalle, para analizar los mapas de atención visual y medir su correspondencia con áreas espacio temporales relacionadas con las condiciones cardíacas.

BIBLIOGRAFÍA

BERNARD, Olivier, *et al.* “Deep learning techniques for automatic MRI cardiac multi-structures segmentation and diagnosis: is the problem solved?” En: *IEEE transactions on medical imaging* 37.11 (2018), págs. 2514-2525 (vid. pág. 41).

BREIMAN, Leo. “Random forests”. En: *Machine learning* 45.1 (2001), págs. 5-32 (vid. pág. 32).

BROX, Thomas; BREGLER, Christoph y MALIK, Jitendra. “Large displacement optical flow”. En: *2009 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*. IEEE. 2009, págs. 41-48 (vid. pág. 21).

CETIN, Irem, *et al.* “A Radiomics Approach to Computer-Aided Diagnosis with Cardiac Cine-MRI”. En: *International Workshop on Statistical Atlases and Computational Models of the Heart*. Springer. 2017, págs. 82-90 (vid. págs. 12, 16, 61).

GOKSEL, D; OZKAN, M y OZTURK, C. “Cardiac motion analysis in MRI for classification”. En: *Biomedical Imaging, 2002. Proceedings. 2002 IEEE International Symposium on*. IEEE. 2002, págs. 935-938 (vid. pág. 18).

— “Towards rapid screening of tagged MR images of the heart”. En: *2001 Conference Proceedings of the 23rd Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*. Vol. 1. IEEE. 2001, págs. 156-159 (vid. pág. 18).

ISENSEE, Fabian, *et al.* “Automatic cardiac disease assessment on cine-mri via time-series segmentation and domain specific features”. En: *International Works-*

hop on Statistical Atlases and Computational Models of the Heart. Springer. 2017, págs. 120-129 (vid. págs. 12, 16, 62).

KHENED, Mahendra; KOLLERATHU, Varghese Alex y KRISHNAMURTHI, Ganapathy. “Fully convolutional multi-scale residual DenseNets for cardiac segmentation and automated cardiac diagnosis using ensemble of classifiers”. En: *Medical image analysis* 51 (2019), págs. 21-45 (vid. págs. 12, 17, 62).

LIANG, Xi , *et al.* “Automatic segmentation of the left ventricle into 17 anatomical regions in cardiac MR imaging”. En: *Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC), 2015 37th Annual International Conference of the IEEE*. IEEE. 2015, págs. 6531-6535 (vid. pág. 29).

ORGANIZATION, World Health, *et al.* “World health statistics 2018: monitoring health for the SDGs, sustainable development goals”. En: (2018) (vid. pág. 11).

PUNITHAKUMAR, Kumaradevan, *et al.* “Regional heart motion abnormality detection: An information theoretic approach”. En: *Medical image analysis* 17.3 (2013), págs. 311-324 (vid. págs. 19, 62).

RADAU, P, *et al.* “Evaluation framework for algorithms segmenting short axis cardiac MRI”. En: *The MIDAS Journal-Cardiac MR Left Ventricle Segmentation Challenge* 49 (2009) (vid. pág. 40).

VAROL, Gül; LAPTEV, Ivan y SCHMID, Cordelia. “Long-term temporal convolutions for action recognition”. En: *IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence* 40.6 (2017), págs. 1510-1517 (vid. pág. 35).

WOLTERINK, Jelmer M , *et al.* “Automatic segmentation and disease classification using cardiac cine MR images”. En: *International Workshop on Statistical Atla-*

ses and Computational Models of the Heart. Springer. 2017, págs. 101-110 (vid. págs. 12, 17, 61).

ZHENG, Qiao; DELINGETTE, Hervé y AYACHE, Nicholas. “Explainable cardiac pathology classification on cine MRI with motion characterization by semi-supervised learning of apparent flow”. En: *Medical image analysis* (2019) (vid. págs. 19, 62).

APÉNDICES

Anexo A. Productos Académicos

- Moreno, A., Rodriguez, J., Martínez, F. (2019, April). "Regional multiscale motion representation for cardiac disease prediction". In 2019 XXII Symposium on Image, Signal Processing and Artificial Vision (STSIVA) (pp. 1-5). IEEE.
Estado: publicado.
- Moreno, A., Rodriguez, J., Martínez, F. (2020, Agosto). "Kinematic Motion Representation, in Cine-MRI, to support Cardiac Disease Classification". Computerized Medical Imaging and Graphics
Estado: en revisión.