

**CARACTERIZACIÓN DE PATOLOGÍAS
CARDÍACAS UTILIZANDO PATRONES DE
VELOCIDAD APARENTE DEL MOVIMIENTO**

EVERSON SARMIENTO SANTOS

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

2018

CARACTERIZACIÓN DE PATOLOGÍAS CARDÍACAS UTILIZANDO PATRONES DE VELOCIDAD APARENTE DEL MOVIMIENTO

EVERSON SARMIENTO SANTOS

Trabajo de grado para optar por el título de:
Ingeniero de Sistemas

Director:

FABIO MARTÍNEZ CARRRILLO

Ph.D en Ingeniería de Sistemas y Computación

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

2018

A Dios por darme la oportunidad de vivir y por brindarme el conocimiento necesario para culminar esta etapa.

A mi madre, por ser mi fiel compañera, por haberme enseñado a ser fuerte, por todos los momentos que me dio apoyo cuando estuve a punto de rendirme, por ese amor incondicional que me ha dado.

A mi padre, por ser un hombre tan guerrero, por enseñarme que con esfuerzo y dedicación todo es posible.

A todos mis hermanos, en especial a Edixon, por ser como mi segundo padre, por el sacrificio tan grande que hizo para que yo pudiera terminar mis estudios.

A Viviana Andrea Maldonado, por ser una mujer tan especial, por la ayuda que me brindó al escribir este libro, pero sobre todo por los momentos tan maravillosos que hemos pasado juntos.

A la memoria de mi tío Juan Sarmiento, gracias por haber sido esa persona tan buena y especial.

EVERSON SARMIENTO SANTOS

AGRADECIMIENTOS

El autor expresa su agradecimiento:

Al grupo GIB y al semillero de investigación MACV, principalmente al profesor Fabio Martínez Carrillo por ser un gran líder, sin él no hubiera sido posible la realización de este trabajo, gracias por todo el apoyo y la paciencia que me tuvo.

A todos mis amigos de infancia y de universidad, en especial a Mauricio Cepeda y Ángel Cruz, por esa amistad sincera que me han ofrecido.

Finalmente, muchas gracias a todos los profesores a lo largo de mi carrera, que me brindaron su conocimiento para poder ser un gran profesional.

CONTENIDO

INTRODUCCIÓN	12
1 FUNDAMENTOS Y TRABAJOS ANTERIORES	14
1.1 FLUJO ÓPTICO	14
1.2 SEGMENTACIÓN VENTRICULAR	16
1.3 IMÁGENES ETIQUETADAS (TAGGED)	17
1.4 CARACTERIZACIÓN DE PATRONES	19
2 METODOLOGÍA	21
2.1 DETECCIÓN AUTOMÁTICA DE LA ROI	22
2.2 CARACTERIZACIÓN DEL MOVIMIENTO	23
2.2.1 Restricciones consideradas	23
2.2.2 Minimización	25
2.2.3 Cálculo del flujo óptico de largo desplazamiento a las RMC	29
2.3 MOVIMIENTO ESPACIO-TEMPORAL	30
2.3.1 Modelo de segmentación AHA	30
2.3.2 Representación espacio-temporal	31
2.4 PREDICIÓN DE PATRONES	34
3 EXPERIMENTOS Y RESULTADOS	36
3.1 ANÁLISIS GLOBAL	36
3.2 ANÁLISIS LOCAL	38
3.3 ANÁLISIS MULTIESCALA	40
4 CONCLUSIONES	42
REFERENCIAS	43
BIBLIOGRAFIA	46

LISTA DE FIGURAS

Figura 1	Segmentación ventricular utilizando umbrales.	17
Figura 2	Extracción de puntos característicos utilizando imágenes tagged.	18
Figura 3	Medición de la velocidad en un análisis multiescala.	20
Figura 4	Ilustración del método propuesto.	21
Figura 5	Detección automática de la región de interés del corazón. . . .	23
Figura 6	Código de colores para la representación del flujo óptico. . . .	29
Figura 7	Cálculo del flujo óptico a un ciclo cardíaco.	30
Figura 8	Modelo de segmentación AHA.	31
Figura 9	Representación similar al modelo AHA.	33
Figura 10	Cálculo de los histogramas de orientación para cada subregión.	34
Figura 11	Clasificador SVM para predecir patologías cardíacas.	35
Figura 12	Cálculo del flujo óptico denso para una secuencia típica de RMC.	37
Figura 13	Análisis multiescala a una secuencia cardíaca.	40

LISTA DE TABLAS

Tabla 1	Clasificación automática de patologías del corazón entre pares de clases utilizando 6 bins en toda la RMC.	37
Tabla 2	Clasificación automática de patologías del corazón entre tres clases utilizando 6 bins en toda la RMC.	38
Tabla 3	Clasificación automática de patologías del corazón entre pares de clases utilizando 6 bins para cada subregión a partir de una segmentación similar al modelo AHA.	39
Tabla 4	Clasificación automática de patologías del corazón entre tres clases utilizando 6 bins a partir de una segmentación similar al modelo AHA.	39
Tabla 5	Clasificación automática de patologías del corazón entre pares de clases utilizando 6 bins a partir de un análisis multiescala. . .	40
Tabla 6	Clasificación automática de patologías del corazón entre tres clases utilizando 6 bins a partir de un análisis multiescala. . . .	41
Tabla 7	Clasificación automática de patologías del corazón entre las 4 clases utilizando todos los métodos.	41

Resumen

TITULO: CARACTERIZACIÓN DE PATOLOGÍAS CARDÍACAS UTILIZANDO PATRONES DE VELOCIDAD APARENTE DEL MOVIMIENTO.^(*)

AUTOR: EVERSON SARMIENTO SANTOS ^(**)

PALABRAS CLAVE: Flujo óptico denso, velocidad aparente de movimiento, patrones de movimiento, caracterización, resonancia magnética cardíaca (RMC), región de interés (ROI), máquinas de soporte vectorial (SVM).

Este trabajo presenta un descriptor de movimiento que permite predecir enfermedades cardíacas a partir de la cuantificación de patrones de movimiento en secuencias de imágenes de resonancia magnética cardíaca (RMC). El enfoque propuesto comienza detectando automáticamente la región de interés (ROI) a partir de una representación de plantilla de Hough de densidad rápida. Luego, sobre la ROI seleccionada se computa un flujo óptico denso con la capacidad de caracterizar desplazamientos grandes locales. Se llevó a cabo una segmentación espacial regional de la ROI mediante el uso de una plantilla circular similar al modelo de segmentación AHA, con el fin de cuantificar localmente el movimiento del corazón, en este caso cada subregión se caracteriza por histogramas de flujo de orientación densa. Para obtener un descriptor más preciso se realizó un análisis multiescala, a partir de un estudio global y uno local para cada RMC. El conjunto de histogramas de movimiento de subregiones forman el descriptor que se asigna a un algoritmo de clasificación, en este caso una máquina de soporte vectorial (SVM), que entrenada previamente es capaz de predecir patologías cardíacas. El descriptor propuesto fue validado en un conjunto de datos públicos con 45 imágenes de RMC pertenecientes a 4 patologías. En promedio, el descriptor propuesto alcanzó una precisión de 60% en la tarea de reconocimiento de enfermedades del corazón desde un descriptor de movimiento con una longitud de 1254 elementos escalares.

^(*) Trabajo de Investigación.

^(**) Facultad de Ingenierías Fisicomecánicas. Escuela de Ingeniería de Sistemas e Informática. Director, Fabio Martínez Carrillo.

Abstract

TITLE: CHARACTERIZATION OF CARDIAC PATHOLOGIES USING PATTERNS OF SPEED APPARENT FROM THE MOVEMENT^(*)

AUTHOR: EVERSON SARMIENTO SANTOS ^(**)

KEYWORDS: Dense optical flow, apparent speed of movement, movement patterns, characterization, cardiac magnetic resonance (CMR), region of interest (ROI), support vector machines (SVM).

This work presents a movement descriptor that allows predicting heart diseases from the quantification of movement patterns in cardiac magnetic resonance imaging (CMR) sequences. The proposed approach begins by automatically detecting the region of interest (ROI) from a fast-density Hough template representation. Then, on the selected ROI, a dense optical flow is computed with the capacity to characterize local large displacements. A regional spatial segmentation of the ROI was carried out by using a circular template similar to the AHA segmentation model, in order to locally quantify the movement of the heart, in this case each subregion is characterized by dense orientation flow histograms. To obtain a more accurate descriptor, a multiscale analysis was carried out, based on a global study and a local one for each MRC. The set of subregional movement histograms form the descriptor that is assigned to a classification algorithm, in this case a vector support machine (SVM), which previously trained is capable of predicting cardiac pathologies. The proposed descriptor was validated in a public data set with 45 CMR images belonging to 4 pathologies. On average, the proposed descriptor reached a precision of 60% in the task of recognizing heart disease from a movement descriptor with a length of 1254 scalar elements.

^(*) Research Work.

^(**) School of Physical-Mechanical Engineering. Department of Systems Engineering and Informatics. Advisor, Fabio Martínez Carrillo.

INTRODUCCIÓN

Las enfermedades cardiovasculares son la principal causa de muerte en el mundo, con un promedio anual registrado en el año 2017 de 8.7 millones de personas según cifras entregadas por la Organización Mundial de la Salud (OMS)[1]. La resonancia magnética cardíaca (RMC) es comúnmente usada para el análisis y soporte clínico de enfermedades con compromisos principalmente morfológicos, pero en algunos casos con alcance fisiológico. En la rutina clínica, el análisis del ciclo cardíaco a partir de secuencias de imágenes de resonancia magnética cardíaca (RMC) es una evaluación crucial de la funcionalidad del corazón en términos anatómicos, lo que permite apoyar el diagnóstico y pronóstico de tales enfermedades [2]. La estimación cuantitativa de los patrones del corazón es, sin embargo, una labor desafiante [3] ya que el éxito de este examen depende completamente de las habilidades de la observación del médico experto, además, estos exámenes tienen un consumo de tiempo elevado.

El desarrollo de sistemas de DAO (diagnóstico asistido por ordenador), ayuda a los médicos en la detección de diferentes estructuras de interés, y soporta el diagnóstico y seguimiento de enfermedades cardíacas siendo esencial hoy en día para respaldar protocolos clínicos. En este sentido, la caracterización y el modelamiento de los patrones estructurales y dinámicos del corazón podrían ser relevantes por ejemplo, para reducir la ambigüedad y variabilidad entre expertos en cuanto a la valoración y diagnóstico de patologías cardíacas, para cuantificar la evolución de un tratamiento y para el desarrollo de protocolos más eficaces. El desarrollo de tales herramientas es una tarea desafiante debido a la complejidad estructural y dinámica del corazón que cambia drásticamente deformándose a lo largo del ciclo cardíaco [4].

En términos de movimiento, el corazón tiene comportamientos típicamente no lineales, los cuales a su vez son observados como grandes desplazamientos debido a la limitada resolución temporal de la RMC. Este hecho aumenta el desafío en cuanto al desarrollo de herramientas para analizar y cuantificar patrones dinámicos del corazón.

La principal contribución de este trabajo es una estrategia eficiente que caracteriza patrones de movimiento espacio-temporales del ventrículo izquierdo y derecho, durante el ciclo cardíaco registrado en una RMC. Esta carac-

terización es codificada como un descriptor de bajo nivel capaz de predecir automáticamente un conjunto de patologías. El enfoque propuesto comienza por la detección de una región de interés (ROI) que une las regiones de los ventrículos mediante el uso de una transformada densa. Entonces, se calcula un flujo óptico denso sobre las ROI calculadas. Cada ROI se divide en un conjunto de subregiones de movimiento coherente de acuerdo con la plantilla tipo AHA. Un análisis de flujo regional se lleva a cabo mediante el cálculo de histogramas de movimiento. La concatenación de los histogramas completos constituye el descriptor de movimiento que se usa para identificar una clase de corazón particular usando un algoritmo de máquina de soporte vectorial.

1. FUNDAMENTOS Y TRABAJOS ANTERIORES

La RMC es una técnica que registra patrones cardíacos en diferentes cortes y planos de captura. Esta técnica tiene una apropiada resolución para análisis observacionales de la morfología del corazón y logra una mayor diferenciación de tejidos sin necesidad de emplear contraste intravenoso [2]. Por otra parte, la caracterización de los patrones de movimiento del corazón han permitido disminuir la ambigüedad que existe en el diagnóstico de patologías cardíacas, disminuyendo la variabilidad en las observaciones por parte del experto clínico. En la actualidad, algunas herramientas tecnológicas han propuesto ciertas aproximaciones metódicas para dar soporte a la identificación de patologías cardíacas registradas en las RMC. Estas aproximaciones, sin embargo, están basadas principalmente en la apariencia del órgano. Estos descriptores y patrones basados en apariencia tienen limitaciones según la resolución de la RMC y son dependientes de la perspectiva de captura.

A continuación, se describirán brevemente los fundamentos utilizados para el método propuesto y los trabajos existentes en el estado del arte para caracterizar las enfermedades cardíacas en la RMC, permitiendo una cuantificación tanto morfológica como fisiológica en sus cavernas ventriculares. Inicialmente, se introducirá la definición de flujo óptico y los principales métodos que han ayudado a su estimación, ya que esta herramienta ha sido fundamental para la realización de este trabajo. Más adelante, se describirán las propuestas que se encargan de segmentar el ventrículo izquierdo debido a que las investigaciones actuales han comprobado que su análisis es primordial para la descripción de los segmentos afectados en patologías específicas [5]. En la siguiente sección se discutirá la caracterización de movimiento en imágenes etiquetadas o conocidas también como tagged, mostrando sus beneficios y limitaciones en cuanto a la cuantificación de patrones dinámicos cardíacos. Finalmente, en la última sección se mostrarán los trabajos relacionados con los patrones cardíacos tanto morfológicos como de movimiento.

1.1. FLUJO ÓPTICO

Una primitiva fundamental para la caracterización local del movimiento es el flujo óptico. Este concepto ha sido computacionalmente implementado como una interpretación a los mecanismos naturales que contienen los sistemas visuales para entender el entorno que los rodea. Para esta cuantificación, el movimiento en una imagen bidimensional es la proyección del movimiento tridimensional de objetos relativos a un sensor visual en su plano de imagen. Básicamente, el movimiento es estimado a partir de secuencias de imágenes a través del tiempo como campos de velocidad instantánea [6]. El cálculo del cambio de posición en todos los píxeles de la imagen produce un campo de movimiento. Dentro de las aplicaciones del flujo óptico se encuentran el reconocimiento de objetos, la segmentación de imágenes y aplicaciones en la

medicina.

Varios trabajos se han encargado de proponer algoritmos para una estimación más precisa del campo vectorial entre dos imágenes que representan la velocidad instantánea. Los métodos diferenciales pertenecen a las técnicas más utilizadas para el cálculo del flujo óptico en secuencias de imágenes [7]. Por ejemplo, en trabajos realizados por Lucas-Kanade [8] se presenta uno de los algoritmos más utilizados en la literatura de visión por computador. Este método resalta la importancia de los métodos diferenciales para la estimación del campo de velocidad. Inicialmente, los autores plantean que entre dos frames consecutivos que tienen un cambio en el tiempo Δt , el valor de la intensidad del píxel no va cambiar, es decir, que al existir un desplazamiento horizontal (Δx) y vertical (Δy) se cumple que:

$$I(x, y, t) = I(x + \Delta x, y + \Delta y, t + \Delta t) \quad (1.1)$$

La ecuación 1.1 es conocida como la *restricción de brillo*. Por otra parte, los autores consideran que debido a que se calcula el cambio de posición entre dos frames consecutivos éste será pequeño y constante. Finalmente, expresando el término derecho de la ecuación 1.1 como una serie de Taylor y despreciando los términos de mayor orden resulta:

$$I(x + \Delta x, y + \Delta y, t + \Delta t) = I(x, y, t) + \frac{\partial I}{\partial x} \Delta x + \frac{\partial I}{\partial y} \Delta y + \frac{\partial I}{\partial t} \Delta t \quad (1.2)$$

A partir de 1.1 y 1.2 se puede establecer que:

$$\frac{\partial I}{\partial x} \Delta x + \frac{\partial I}{\partial y} \Delta y + \frac{\partial I}{\partial t} \Delta t = 0 \quad (1.3)$$

Dividiendo 1.3 por Δt resulta la ecuación de flujo óptico donde V_x es la componente del vector velocidad en x y V_y es la componente del vector velocidad en y .

$$\frac{\partial I}{\partial x} V_x + \frac{\partial I}{\partial y} V_y + \frac{\partial I}{\partial t} = 0 \quad (1.4)$$

Si se expresa 1.4 en un sistema de ecuaciones lineales resulta un sistema de ecuaciones sobredeterminado. El método de Lucas-Kanade plantea una solución por mínimos cuadrados para un vecindario Ω . A pesar del gran impacto que ha tenido este trabajo en la estimación del flujo óptico presenta muchas limitaciones en la práctica. La primera, es que plantea que el valor de intensidad de los píxeles entre dos imágenes consecutivas no va a variar, algo que no se cumple en la experimentación por cambios de luminosidad en el escenario donde se capturan las imágenes. Otra gran limitación que posee el método es que establece que el movimiento de los píxeles entre frames consecutivos van

a ser corto y constante sin tener en cuenta los largos desplazamientos.

Los métodos globales han intentado buscar una aproximación más exacta al problema de la estimación del flujo óptico, haciendo uso del cálculo variacional para minimizar los errores posibles. Por ejemplo, en la propuesta de Horn-Schunck [9] los autores buscan estimar un flujo denso minimizando la restricción de brillo (ecuación 1.1) e incluyendo la *restricción de suavidad* que establece que el movimiento en un vecindario pequeño tendrá comportamiento similar entre todos sus píxeles, minimizando el error entre velocidades muy dispersas al promedio de la velocidad del kernel. Finalmente, después de utilizar las ecuaciones de Euler-Lagrange, se llega a un sistema de ecuaciones que al reescribirse se soluciona por un método iterativo. Esta propuesta logra resultados destacables, pero al igual que Lucas-Kanade, no tienen en cuenta los largos desplazamientos tendiendo a tener un error grande ante esta situación.

1.2. SEGMENTACIÓN VENTRICULAR

La segmentación automática del ventrículo izquierdo desempeña una importante labor en la evaluación de la función cardíaca ya que su cuantificación es el primer indicador en el diagnóstico en muchas enfermedades cardíacas [10]. En la actualidad, la segmentación del ventrículo izquierdo y la detección de sus componentes sigue siendo una tarea compleja debido a la presencia de ruidos, la resolución de imágenes y los cambios de perspectiva. Por otra parte, en los protocolos clínicos a pesar que el experto realiza una segmentación apropiada, el tiempo de la delineación es dramático durante una rutina de análisis y evaluación de exámenes, existiendo una variabilidad inter-especialista que puede influir a la hora de tomar decisiones con respecto a las evidencias observadas en la RMC. En la literatura se han propuesto varios estudios para la caracterización ventricular a lo largo del ciclo cardíaco para apoyar el diagnóstico de las enfermedades del corazón[11].

Inicialmente, en trabajos desarrollados por Higgins *et. al.* [12], se presenta una propuesta encargada de detectar las regiones más importantes a partir del valor de intensidad del píxel, calculando con esta información umbrales manuales que limitan el trabajo propuesto siendo altamente dependientes a la apariencia, lo que conlleva a ser sensibles a cambios de intensidad y siendo computacionalmente costoso.

Para solucionar este problema, en cuanto a la segmentación ventricular, Weng *et. al.* [13] planteó la selección automática del umbral a partir de los puntos críticos del histograma en imágenes RMC. En la Figura 1 se observan los resultados obtenidos por este autor después de lograr una segmentación ventricular. Este trabajo modela entonces el problema de segmentación como la clasificación local de píxeles en las RMC. Este método, sin embargo, también tiene restricciones por la dependencia de la apariencia ya que trabaja

con la intensidad del píxel. Otras propuestas se han encargado de segmentar el endocardio y epicardio con el fin de extraerlos del ventrículo izquierdo [14], para realizar esto, los autores se basan en la detección de bordes radiales en el gradiente de la imagen y realizando suavizados basados en agrupamientos no supervisados como el algoritmo k-means [15, 16]. Estos métodos son totalmente automáticos, con algunos errores en volúmenes que tienen variaciones de luminosidad o detectan gradientes pequeños. A pesar del gran avance que ha existido en la segmentación ventricular, muchas propuestas se encargan únicamente del análisis del ventrículo izquierdo, sin tener en cuenta que existen patrones relevantes en el ventrículo derecho que pueden ser esenciales para resultados más precisos; su caracterización continúa siendo un tema de investigación.

Figura 1: Segmentación ventricular utilizando umbrales.



Fuente: tomada de [13].

1.3. IMÁGENES ETIQUETADAS (TAGGED)

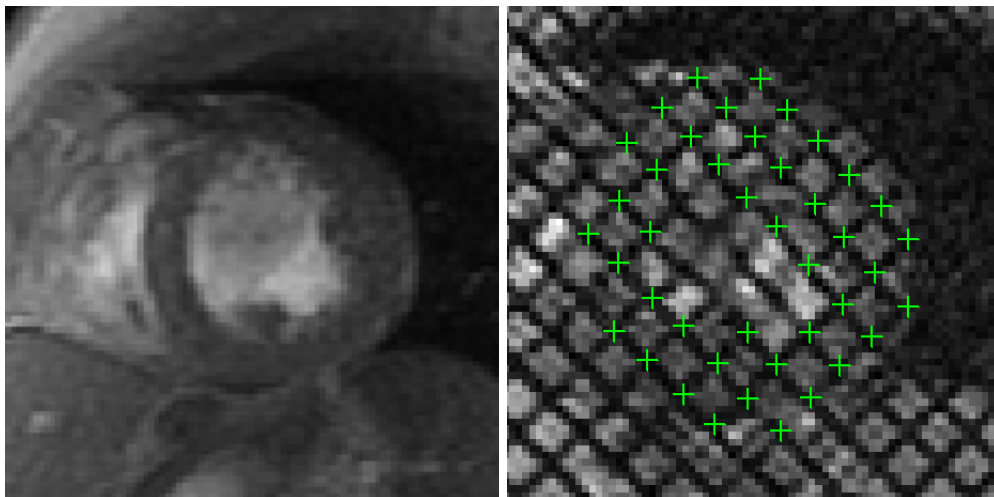
Las estimaciones precisas del movimiento y la deformación de la pared del corazón permiten realizar una diferenciación entre los patrones normales y anormales que se producen para ciertas patologías. Es por ello, que se han desarrollado diferentes análisis y se han propuesto diversas técnicas para la evaluación del desplazamiento del miocardio durante los ciclos cardíacos registrados en una RMC. A pesar de la importancia de la cuantificación de patrones de movimiento cardíaco, los métodos para la medición de la tensión cardíaca han sido limitados debido a la baja resolución espacial o se han requerido métodos invasivos que pueden alterar los patrones naturales del corazón [17].

Una herramienta utilizada para la cuantificación de patrones de movimiento cardíaco es el uso de marcadores metálicos implantados cerca de la pared media del corazón [18]. Este método, sin embargo, puede causar un daño en las paredes cardíacas debido a la implantación de estos marcadores y alteran los patrones normales de movimiento. Además, estos marcadores contribuyen a la deformación del miocardio y por lo tanto, limitan el valor de estas técnicas [19].

Para poder solucionar estos problemas se han creado diferentes técnicas que permiten estudiar la dinámica del corazón sin necesidad de influir negativamente en los patrones cinemáticos. Una de las primeras propuestas que se encargó de tener un acercamiento al uso de etiquetas (tags) fue realizada en [20]. En este trabajo, inicialmente propuesto por Zerhouni *et. al.*, las regiones marcadas aparecen como rayas hipointensas y sus patrones de desplazamiento reflejan el movimiento cardíaco intermedio durante el ciclo cardíaco. A partir de un análisis de frecuencia temporal de la deformación de los rayos hipointensos, es posible estimar los principales desplazamientos de las paredes del miocardio. A pesar de la importancia de esta técnica, las divisiones son realizadas de una manera gruesa haciendo que se pierda resolución espacial limitando tanto el análisis observacional como la información temporal.

El análisis de movimiento cuantitativo de imágenes cardíacas es un problema importante pero desafiante. La mayoría de los métodos existentes de estimación del movimiento cardíaco ignoran el hecho de que el miocardio es una estructura fibrosa con anisotropía elástica. En trabajos realizados por Zhang *et. al.* [21] el uso de los puntos de referencia que logran ser extraídos de las secuencias de RMC etiquetadas (tagged), son fundamentales para proponer un método novedoso en el que se utiliza una energía de regularización anisotrópica, para favorecer la consistencia del movimiento con la orientación de la miofibra (en la Figura Figura 2 se puede observar la aplicación del tagged de RMC en este método). Aunque la mayoría de los puntos extraídos son primordiales, mucha información se pierde debido al momento de etiquetar la imagen RMC.

Figura 2: Extracción de puntos característicos utilizando imágenes tagged.



Fuente: tomada de [21].

Por otra parte, las imágenes de modulación espacial de magnetización conocidas también como (SPAMM), han surgido como una alternativa para el seguimiento y caracterización del movimiento cardíaco. Estas imágenes contienen un gran número de puntos característicos, por lo que se puede realizar

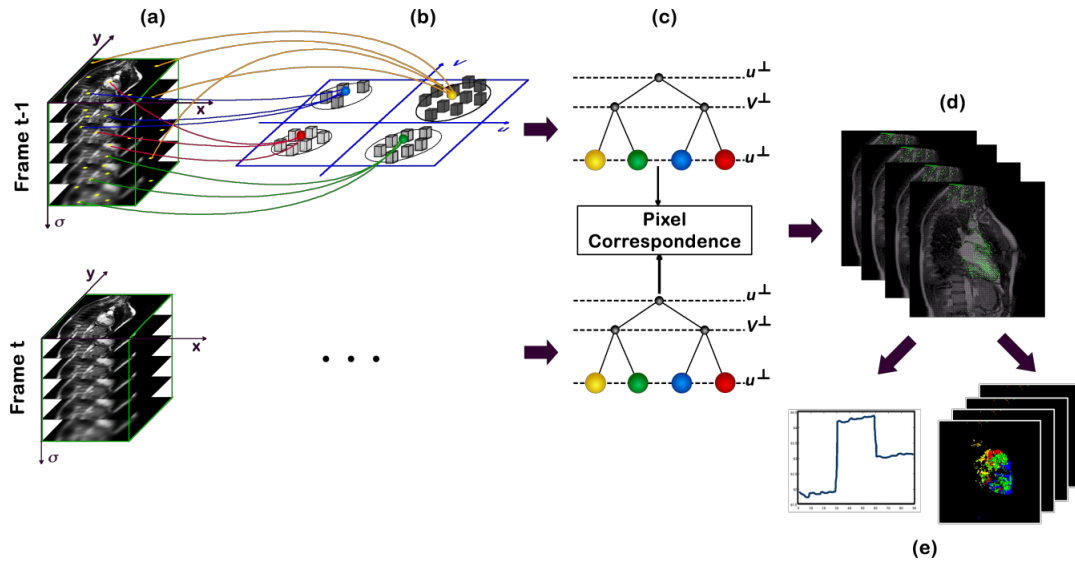
un análisis regional completo. Sin embargo, debido a que un gran número de etiquetas deben ser detectadas y seguidas, el análisis manual de estas imágenes es tedioso, requiere mucho tiempo y es propenso a imprecisiones [19]. En cuanto al análisis automático, existen diferentes técnicas que analizan el espectro de movimiento en el espacio de frecuencia, pero limitado al número de puntos definidos en la imagen. A pesar de que las técnicas desarrolladas hoy en día permiten cuantificar patrones de movimiento, aún existen limitaciones para modelar los comportamientos no lineales de los patrones cardíacos con una resolución temporal apropiada. Estas técnicas, siguen siendo limitadas para la apropiada caracterización del amplio espectro de patologías cardíacas.

1.4. CARACTERIZACIÓN DE PATRONES

Los patrones cardíacos en una RMC ya sean de movimiento o morfológicos han resultado ser fundamentales para una detección precoz de enfermedades. Estos patrones son por lo general, medidas y observaciones globales de la función miocárdica [22], sirviendo como indicadores de movimientos patológicos y normales. Estos indicadores son realizados por observaciones de médicos cardiólogos, lo que suele ser subjetivo y dependiente de la experiencia clínica [23]. Hoy en día es bien aceptado en la visión por computador que la información relevante en una secuencia de imágenes puede ser determinada por diferentes estrategias, que miden la correlación o coherencia a través de diferentes escalas [24]. Particularmente, existen trabajos que han intentado caracterizar globalmente los patrones de movimiento para etiquetar las RMC utilizando medidas de velocidad a partir de un análisis multi-escala [23]. Para ello, se calculó una trayectoria global de orientación cardíaca a lo largo del ciclo cardíaco como biomarcador principal para identificar patologías (Figura 3). Sin embargo, este enfoque es muy sensible a los grandes desplazamientos, además, la caracterización global puede ser muy limitada para la caracterización de diferentes patologías que tienen comportamientos regionales similares.

Por otro lado, en [25] se propuso un enfoque que combina algoritmos de aprendizaje con modelos deformables para segmentar y detectar automáticamente patrones de corazón. Este enfoque obtiene buenos resultados en términos de precisión pero con un costo computacional considerable. Khemphila *et. al.* [26] propuso una estrategia de clasificación de patologías cardíacas a partir de una red neuronal profunda, sin embargo, este enfoque computacional requiere una gran cantidad de datos de entrenamiento, lo que implica un alto costo computacional. Este hecho resulta ser crítico en los protocolos y ambientes clínicos donde el tiempo de atención por paciente es un indicador fundamental para la atención, además, no existe una amplia gama de ejemplos por cada patología caracterizada.

Figura 3: Medición de la velocidad en un análisis multiescala.



Fuente: tomada de [23].

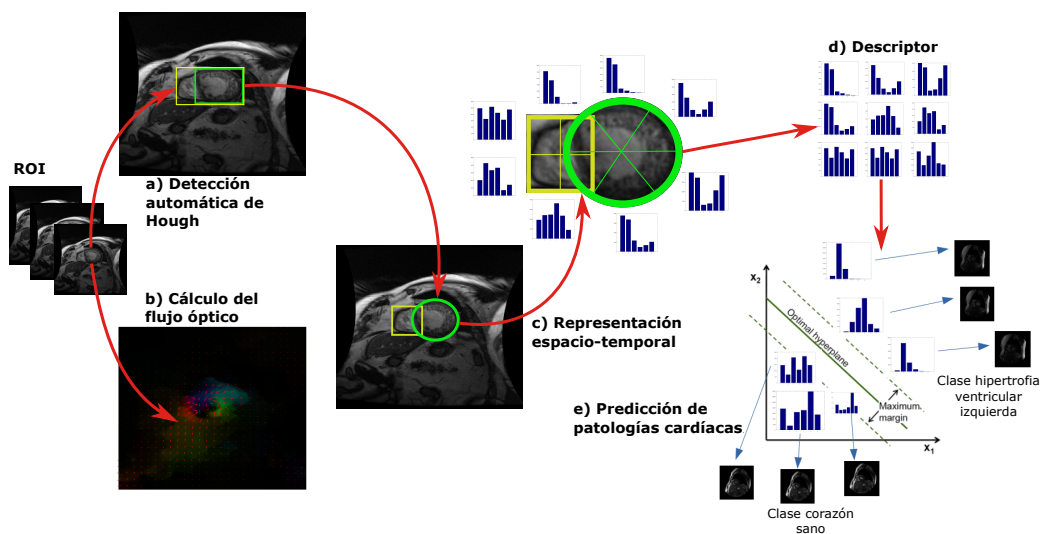
2. METODOLOGÍA

El movimiento del corazón es uno de los principales biomarcadores en cardiología, permitiendo por sí mismo una evaluación apropiada de la función cardíaca. La estrategia aquí propuesta es capaz de capturar patrones de movimiento cardíaco espacio-temporales, los cuales representan una firma particular de la RMC.

El enfoque comienza codificando la información temporal de la RMC. Una identificación cardíaca completamente automática en las Regiones de Interés (ROI) se logró aquí, mediante el uso de una representación densa de Hough. Luego, se computó un flujo óptico denso en las ROI detectadas con la capacidad de recuperar grandes desplazamientos. El campo denso calculado se analizó regionalmente mediante el uso de una plantilla circular tipo AHA. Cada subregión se caracterizó por utilizar un histograma de movimiento, que al concatenarse, se encargan de formar la firma del descriptor de cada RMC. Este descriptor de movimiento calculado se proyectó en una Máquina de Soporte Vectorial (SVM) para obtener una clasificación automática.

En la Figura 4, se puede observar el método propuesto que se desarrolló en este trabajo. A continuación, se explicará detalladamente en qué consisten cada una de las etapas realizadas.

Figura 4: Ilustración del método propuesto. En (a) se lleva a cabo una detección automática del corazón y ventrículos utilizando la transformada densa de Hough. Luego en (b), se calcula un flujo óptico denso sobre la RMC proyectada. En (c) se calculan los histogramas de movimiento para cada subregión de la ROI. En (d) el conjunto de histogramas de movimiento se concatenan. Finalmente, en (e) se asignan los histogramas concatenados al SVM para predecir la patología cardíaca.



2.1. DETECCIÓN AUTOMÁTICA DE LA ROI

El trabajo propuesto comienza detectando automáticamente las regiones de interés (ROI), que corresponden a la región global del corazón o a las regiones de los ventrículos derecho e izquierdo, calculadas de forma independiente. Para que esto fuera posible, se utilizó una plantilla que se encargó de buscar y detectar en toda la imagen las respectivas ROI para todos los volúmenes de la RMC. Esta plantilla se caracteriza por el uso de un marco multiescala $\{\zeta_{\mathbf{x},i}^\sigma = \zeta_{\mathbf{x}} * (\frac{\partial G_\sigma}{\partial \mathbf{x}^i})\}$, que explota esencialmente la estructura espacial proporcionada por la primera y segunda derivada en las escalas $\sigma = \{\sigma_1, \dots, \sigma_n\}$. Desde esta plantilla $\zeta_{\mathbf{x},i}^\sigma$ fue posible calcular las primitivas locales en cada punto \mathbf{x} como la curvatura $\kappa_{\mathbf{x}}$ y el gradiente de orientación $\theta(\nabla\zeta_{\mathbf{x},i})$ [27]. Después de esto, se considera una transformación Hough densa utilizando una proyección densa sobre un mapa de votación. Para hacerlo, se definieron dos tablas de representación (RT) como matrices de acumuladores, que se encargaban de contar las ocurrencias de dirección de gradiente y curvatura para cada píxel, respectivamente. Las dos RT se definen entonces como:

- $RT_1(\sigma, \theta(\nabla\zeta_{\mathbf{x},i})) += (\Delta_{\mathbf{x}}, \|\nabla I\|)$ que cuenta la frecuencia de las orientaciones de gradiente, ponderadas por la magnitud del gradiente $\|\nabla\zeta_{\mathbf{x},i}\|$ y según la distancia ($\Delta_{\mathbf{x}}$) w.r.t del centro de la plantilla.
- $RT_2(\sigma, \kappa) += (\Delta_{\mathbf{x}}, \|H_I\|)$ que cuenta la curvatura calculada en cada escala y pondera la norma de Frobenius de la matriz de Hesse $\|H_{\zeta_{\mathbf{x},i}}\|$, con distancia ($\Delta_{\mathbf{x}}$).

A partir de dicha caracterización de la ROI local se detectaron formas arbitrarias no analíticas, como los ventrículos. Luego, cada RT se proyectó en cada nueva porción para buscar características similares y se generó un mapa de acumulación (Γ). Cada píxel vota de acuerdo con su orientación y sus índices de curvatura, y sus votos se ponderan como se indica en la RT. El máximo local en el mapa de acumulación se consideró el centro de la ROI detectada. En el algoritmo 1, se resume la detección automática de la ROI para cada sector en cada RMC del conjunto de datos.

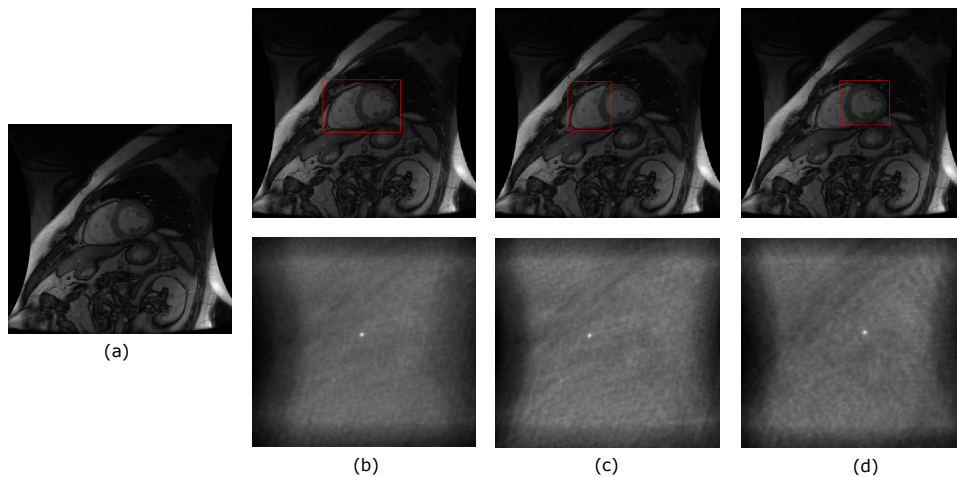
Algoritmo 1 Algoritmo para buscar la plantilla de la ROI en una nueva porción de la transformada Hough densa. Los RT se mapean en la nueva RMC y se construye un mapa de acotación como la probabilidad de cada plantilla en la región de la imagen.

Require: Imagen en escala de grises / RT_1 / RT_2

Ensure: $\Gamma \rightarrow$ Mapa de acumulación

- 1: **for** todos los píxeles \mathbf{x} $f_i^\sigma : \{\theta^\sigma, \kappa^\sigma\}$ **do**
 - 2: Compute $\{\theta^\sigma, \kappa^\sigma, \nabla I^\sigma, \|H_I\|_F^\sigma\}$
 - 3: **for** $(\Delta_{\mathbf{x}}, w)$ in $RT_i(\sigma, f_i^\sigma)$ **do**
 - 4: $\Gamma(\mathbf{x} + \Delta_{\mathbf{x}}) += w$
 - 5: **end for**
 - 6: **end for**
-

Figura 5: Detección automática de la región de interés del corazón. (a) RMC original. (b) **Superior:** segmentación del corazón completo. **Inferior:** centro del corazón utilizando el método de Hough. (c) **Superior:** segmentación del ventrículo derecho. **Inferior:** centro del ventrículo derecho utilizando el método de Hough. (d) **Superior:** segmentación del ventrículo izquierdo. **Inferior:** centro del ventrículo izquierdo utilizando el método de Hough.



2.2. CARACTERIZACIÓN DEL MOVIMIENTO

Una vez detectadas las principales regiones cardíacas para el análisis y cuantificación de patrones cardíacos, se procedió a la cuantificación del movimiento en la región seleccionada. Esta tarea fue, sin embargo, un desafío debido a los desplazamientos del corazón no lineales y la deformación continua de las cámaras del corazón a lo largo del ciclo cardíaco. El enfoque propuesto se basó en el cálculo de un flujo óptico denso que considera grandes desplazamientos locales [28]. Tal hecho permitió cuantificar los desplazamientos cardíacos locales y recuperar el rendimiento típico no lineal del ciclo cardíaco. Esta estrategia basada en un enfoque de flujo variacional, introduce varias restricciones que permiten el análisis de movimiento de muestreo denso en secuencias con grandes intervalos de captura. Las restricciones utilizadas en este método para la estimación del flujo óptico son:

2.2.1 Restricciones consideradas

- **La restricción de color**

Considera el cambio mínimo de intensidad de cortes consecutivos en el tiempo de una secuencia de RMC, es decir, expresa que entre dos imágenes de RMC consecutivas la intensidad de color debe permanecer constante. Esta restricción puede verse afectada en secuencias cardíacas donde los píxeles, que representan estructuras cardíacas, se pueden afectar por ruidos en la adquisición o métodos de contraste durante el ciclo cardíaco. Por esta razón, la restricción de brillo busca minimizar

el posible error que se pueda encontrar, expresándose en términos de energía:

$$E_{color}(w) = \int_{\Omega} \Psi((I_{t_{i+1}}(\mathbf{x} + w(\mathbf{x})) - I_{t_i}(\mathbf{x}))^2) \cdot d\mathbf{x} \quad (2.1)$$

Donde, $\mathbf{x} := (x, y)^T$ es la posición de un píxel específico en una imagen determinada; $w := (u, v)^T$ denota el vector velocidad en la posición \mathbf{x} ; Ω establece que se busca el error en un kernel típicamente pequeño y finalmente, Ψ se conoce como una función penalizadora en métodos variacionales, que permite regularizar los valores atípicos.

■ La restricción de gradiente

En el momento en el que se calcula el gradiente de una imagen, se puede conocer la información estructural de los objetos desde una perspectiva local. Esta restricción establece que el gradiente entre dos imágenes consecutivas tiene mínimas variaciones locales, y por lo tanto, su estructura varía muy poco entre imágenes consecutivas. En las secuencias cardíacas, este análisis es sensible debido a las constantes deformaciones del corazón durante el ciclo cardíaco. La manera en que se calcula el error existente con el fin de minimizarlo, se presenta en esta expresión:

$$E_{gradiente}(w) = \int_{\Omega} \gamma \Psi((\nabla I_{t_{i+1}}(\mathbf{x} + w(\mathbf{x})) - \nabla I_{t_i}(\mathbf{x}))^2) \cdot d\mathbf{x} \quad (2.2)$$

■ La restricción de suavidad

El objetivo de esta restricción es cuantificar la diferencia mínima entre los vectores velocidad en una región, es decir, hacer que la velocidad en un vecindario en específico tenga un comportamiento similar. Esta restricción actúa como un filtro local del campo vectorial, donde vectores con una magnitud atípica dentro de un vecindario, pueden ser eliminados. La restricción de suavidad se puede expresar de la siguiente manera:

$$E_{suavidad}(w) = \int_{\Omega} \alpha \Psi(|\nabla u| + |\nabla v|) \cdot d\mathbf{x} \quad (2.3)$$

Debido a que el ciclo de sístole y diástole no se realiza simultáneamente en todo el corazón, en un vecindario en concreto, pueden existir patrones de movimiento diferentes; por esta razón es importante la anterior restricción (Ecuación 2.3) para lograr un flujo más suave.

■ Restricciones regionales no locales

Se encargan de relacionar los grandes desplazamientos locales producidos entre imágenes consecutivas, al comparar regiones coincidentes calculadas a partir de los vectores de características. En regiones coinci-

dentos $\mathbf{f}_{t_i}(\mathbf{x})$, se miden los errores entre flujos.

$$E_{matching}(w, w_1) = \int_{\Omega} \beta \delta(\mathbf{x}) \rho(\mathbf{x}) \Psi((w(\mathbf{x}) - w_1(\mathbf{x}))^2) \cdot d\mathbf{x} \quad (2.4)$$

$$E_{desc}(w_1) = \int_{\Omega} \delta(\mathbf{x}) \Psi((\mathbf{f}_{t_{i+1}}(\mathbf{x} + w_1(\mathbf{x})) - \mathbf{f}_{t_i}(\mathbf{x}))^2) \cdot d\mathbf{x} \quad (2.5)$$

Donde $\delta(\mathbf{x})$ representa una función que es 1 si el descriptor se encuentra en el frame i en la posición \mathbf{x} y 0 en el caso contrario.

Al sumar todas las energías se obtiene un flujo óptico denso calculado sobre todo el conjunto de datos de la RMC; puede tratar múltiples deformaciones locales del corazón, discontinuidades del movimiento cardíaco y desplazamientos arbitrariamente grandes. Los parámetros (γ, α, β) regulan la importancia dada a cada una de las restricciones definidas previamente. La función total de regularización es entonces definida como:

$$E(w) = E_{color}(w) + \gamma E_{gradiente}(w) + \alpha E_{suavidad}(w) + \beta E_{matching}(w, w_1) + E_{desc}(w_1) \quad (2.6)$$

Los términos γ, α y β representan constantes de regularización y sus valores se hallan de manera experimental.

2.2.2 Minimización

La minimización se llevó a cabo utilizando el sistema de dos ecuaciones de Euler-Lagrange:

$$\frac{\partial \Psi}{\partial u} - \frac{\partial}{\partial x} \frac{\partial \Psi}{\partial u_x} - \frac{\partial}{\partial y} \frac{\partial \Psi}{\partial u_y} = 0 \quad (2.7)$$

$$\frac{\partial \Psi}{\partial v} - \frac{\partial}{\partial x} \frac{\partial \Psi}{\partial v_x} - \frac{\partial}{\partial y} \frac{\partial \Psi}{\partial v_y} = 0$$

La energía total se minimiza con respecto a las componentes de la velocidad (u, v) , en las direcciones (x, y) , respectivamente. En este caso, los autores definen Ψ como la función penalizadora de métodos varacionales conveniente, ya que conduce a ecuaciones lineales de Euler-Lagrange, para garantizar que los funcionales energéticos tengan una única solución. Es necesario aplicar una regularización al penalizador de la siguiente manera: $\Psi(s^2) = \sqrt{s^2 + \varepsilon}$ donde, $\varepsilon = 0,001$; así se podrá encontrar el óptimo global mediante un esquema iterativo. A continuación, se muestra el procedimiento minimizando cada una de las restricciones.

- **Minimización de la restricción de color**

Por la ecuación de flujo óptico 1.4 se obtiene la siguiente expresión:

$$\begin{aligned} I_{t_{i+1}}(\mathbf{x} + w) - I_{t_i}(\mathbf{x}) &= I(x + u, y + v, t + 1) - I(x, y, t) \\ &= I_x u + I_y v + I_t \end{aligned} \quad (2.8)$$

Entonces, la restricción de color (Ecuación 2.1) se puede reescribir como:

$$E_{color}(u, v) = \int_{\Omega} \Psi((I_x u + I_y v + I_t)^2) \cdot d\mathbf{x} \quad (2.9)$$

Y aplicando las ecuaciones de Euler-Lagrange (Ecuaciones 2.7), queda que:

$$\begin{aligned} 2\Psi'((I_x u + I_y v + I_t)^2)(I_x u + I_y v + I_t)(I_x) &= 0 \\ 2\Psi'((I_x u + I_y v + I_t)^2)(I_x u + I_y v + I_t)(I_y) &= 0 \end{aligned} \quad (2.10)$$

- **Minimización de la restricción de gradiente**

La siguiente expresión

$$\nabla I_{t_{i+1}}(\mathbf{x} + w(\mathbf{x})) - \nabla I_{t_i}(\mathbf{x}) = 0 \quad (2.11)$$

Se puede denotar como:

$$\begin{aligned} I_{xx}u + I_{xy}v + I_{xt} &= 0 \\ I_{xy}u + I_{yy}v + I_{yt} &= 0 \end{aligned} \quad (2.12)$$

donde los subíndices dobles denotan las segundas derivadas. Ahora, se puede expresar la restricción de gradiente (Ecuación 2.2) como:

$$E_{gradiente}(u, v) = \int_{\Omega} \gamma \Psi((I_{xx}u + I_{xy}v + I_{xt})^2 + (I_{xy}u + I_{yy}v + I_{yt})^2) \cdot d\mathbf{x} \quad (2.13)$$

Finalmente, al usar Euler-Lagrange (Ecuación 2.7) resulta:

$$\begin{aligned}
& 2 \gamma \Psi'((I_{xx}u + I_{xy}v + I_{xt})^2 + (I_{xy}u + I_{yy}v + I_{yt})^2)((I_{xx}u + I_{xy}v + I_{xt})(I_{xx}) \\
& + (I_{xy}u + I_{yy}v + I_{yt})(I_{xy})) = 0 \\
& 2 \gamma \Psi'((I_{xx}u + I_{xy}v + I_{xt})^2 + (I_{xy}u + I_{yy}v + I_{yt})^2)((I_{xx}u + I_{xy}v + I_{xt})(I_{xy}) \\
& + (I_{xy}u + I_{yy}v + I_{yt})(I_{yy})) = 0
\end{aligned} \tag{2.14}$$

■ Minimización de la restricción de suavidad

Utilizando directamente Euler-Lagrange (Ecuación 2.7) en la restricción de suavidad (Ecuación 2.3), se obtienen las siguientes expresiones:

$$\begin{aligned}
& -2 \alpha \left(\frac{\partial}{\partial x} \Psi'(|\nabla u|^2 + |\nabla v|^2) \nabla u + \frac{\partial}{\partial y} \Psi'(|\nabla u|^2 + |\nabla v|^2) \nabla u \right) = 0 \\
& -2 \alpha \left(\frac{\partial}{\partial x} \Psi'(|\nabla u|^2 + |\nabla v|^2) \nabla v + \frac{\partial}{\partial y} \Psi'(|\nabla u|^2 + |\nabla v|^2) \nabla v \right) = 0
\end{aligned} \tag{2.15}$$

Reescribiendo las ecuaciones:

$$\begin{aligned}
div(\Psi'(|\nabla u|^2 + |\nabla v|^2) \nabla u) &= \frac{\partial}{\partial x} \Psi'(|\nabla u|^2 + |\nabla v|^2) \nabla u + \\
& \frac{\partial}{\partial y} \Psi'(|\nabla u|^2 + |\nabla v|^2) \nabla u \\
div(\Psi'(|\nabla u|^2 + |\nabla v|^2) \nabla v) &= \frac{\partial}{\partial x} \Psi'(|\nabla u|^2 + |\nabla v|^2) \nabla v + \\
& \frac{\partial}{\partial y} \Psi'(|\nabla u|^2 + |\nabla v|^2) \nabla v
\end{aligned} \tag{2.16}$$

El resultado de la minimización de la restricción de suavidad (Ecuación 2.3) se presenta a continuación:

$$\begin{aligned}
& -2\alpha div(\Psi'(|\nabla u|^2 + |\nabla v|^2) \nabla u) = 0 \\
& -2\alpha div(\Psi'(|\nabla u|^2 + |\nabla v|^2) \nabla v) = 0
\end{aligned} \tag{2.17}$$

■ Minimización de la restricción de matching

La restricción de matching (Ecuación 2.4) se puede expresar de la si-

guiente manera:

$$\int_{\Omega} \beta \delta(\mathbf{x}) \rho(\mathbf{x}) \Psi((u(\mathbf{x}) - u_1(\mathbf{x}))^2 + (v(\mathbf{x}) - v_1(\mathbf{x}))^2) \cdot d\mathbf{x} \quad (2.18)$$

Solucionando la ecuación 2.18 por Euler-Lagrange (Ecuación 2.7) resulta:

$$\begin{aligned} 2 \beta \rho \Psi'((u - u_1)^2 + (v - v_1)^2)(u - u_1) \\ 2 \beta \rho \Psi'((u - u_1)^2 + (v - v_1)^2)(v - v_1) \end{aligned} \quad (2.19)$$

El término E_{desc} (Ecuación 2.5) no se minimiza con las demás restricciones debido a que busca un error global, a diferencia de las otras energías que buscan un error local. Uniendo cada una de las minimizaciones locales y simplificando el dos que acompaña a cada expresión, se llega al siguiente sistema ecuaciones:

$$\begin{aligned} \overbrace{\Psi'(I_z^2)(I_z)I_x}^{color} + \overbrace{\gamma \Psi'(I_{xz}^2 + I_{yz}^2)(I_{xx}I_{xz} + I_{xy}I_{yz})}^{gradiente} \\ + \overbrace{\beta \rho \Psi'((u - u_1)^2 + (v - v_1)^2)(u - u_1)}^{suavidad} - \overbrace{\alpha \operatorname{div}(\Psi'(|\nabla u|^2 + |\nabla v|^2)\nabla u)}^{matching} = 0 \\ \Psi'(I_z^2)(I_z)I_y + \gamma \Psi'(I_{xz}^2 + I_{yz}^2)(I_{xy}I_{xz} + I_{yy}I_{yz}) \\ + \beta \rho \Psi'((u - u_1)^2 + (v - v_1)^2)(v - v_1) - \alpha \operatorname{div}(\Psi'(|\nabla u|^2 + |\nabla v|^2)\nabla v) = 0 \end{aligned} \quad (2.20)$$

Algunos términos fueron simplificados para reducir la notación en las ecuaciones. A continuación, se definen las simplificaciones simbólicas de los términos:

$$\begin{aligned} I_x &:= \partial_x I_{t_{i+1}}(\mathbf{x} + w) & I_{xy} &:= \partial_{xy} I_{t_{i+1}}(\mathbf{x} + w) \\ I_y &:= \partial_y I_{t_{i+1}}(\mathbf{x} + w) & I_{yy} &:= \partial_{yy} I_{t_{i+1}}(\mathbf{x} + w) \\ I_z &:= I_x u + I_y v + I_t & I_{xz} &:= I_{xx} u + I_{xy} v + I_{xt} \\ I_{xx} &:= \partial_{xx} I_{t_{i+1}}(\mathbf{x} + w) & I_{yz} &:= I_{xy} u + I_{yy} v + I_{yt} \end{aligned}$$

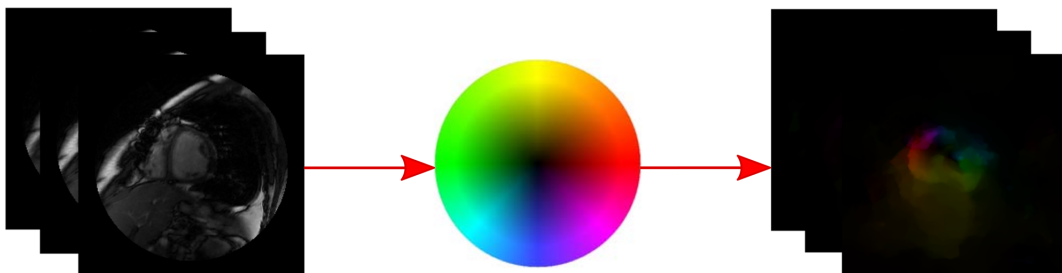
La minimización del método implementado, utiliza una resolución múltiple con dos iteraciones de puntos fijos anidados, para eliminar las no linealidades en las ecuaciones.

2.2.3 Cálculo del flujo óptico de largo desplazamiento a las RMC

El cálculo de flujo óptico de largo desplazamiento se realizó en cada volumen de RMC, del conjunto de datos académico para la evaluación del método propuesto. Debido a que el flujo óptico obtenido es una representación densa, es decir, existe una información de velocidad instantánea por cada píxel, la información de movimiento se obtuvo basado en el código de colores de la Figura 6 - *centro*. Esta codificación de colores es típicamente utilizada para representar los flujos densos, donde la información es mapeada en un espacio de color $YCbCr$, en el cual el canal Y contiene la información amplificada de la magnitud. Los canales Cr y Cb contienen la información resultante de las componentes u y v , respectivamente. Entonces, los movimientos de u hacia la izquierda son verdes, mientras los movimientos a la derecha son rojos. Por otra parte, en cuanto a la información v , los movimientos en amarillo representan un desplazamiento positivo en y , mientras que en azul se representan los movimientos negativos verticales.

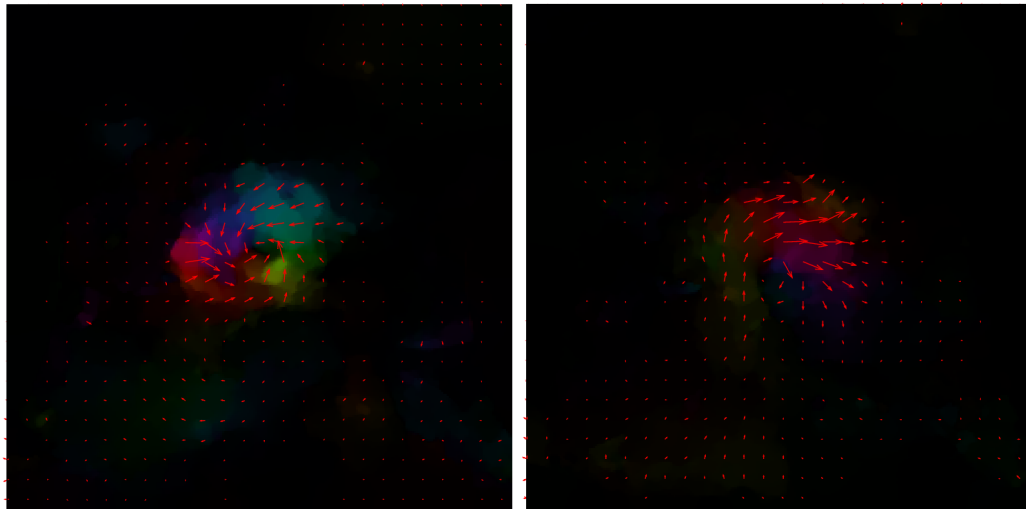
Figura 6: Código de colores para la representación del flujo óptico.

Izquierda: imágenes iniciales de RMC que pertenecen a un paciente específico. **Centro:** código de colores para visualizar el campo de flujo óptico. **Derecha:** representación del flujo óptico denso de las imágenes de RMC.



En la Figura 7, se muestra el flujo denso obtenido para un cuadro típico de la RMC que registra los movimientos cardíacos. En la izquierda se ilustra un movimiento de sístole, mientras que la figura de la derecha representa un movimiento de diástole. Se puede observar que el flujo predominante en la escena es principalmente asociado a los movimientos cardíacos, con algunos errores en sectores del vecindario.

Figura 7: Cálculo del flujo óptico a un ciclo cardíaco. Izquierda: cálculo de flujo óptico en el ciclo de sístole del corazón, con la representación de la velocidad en cada píxel de la imagen en forma de vector. **Derecha:** cálculo de flujo óptico en el ciclo de diástole del corazón, con la representación de la velocidad en cada píxel de la imagen en forma de vector.

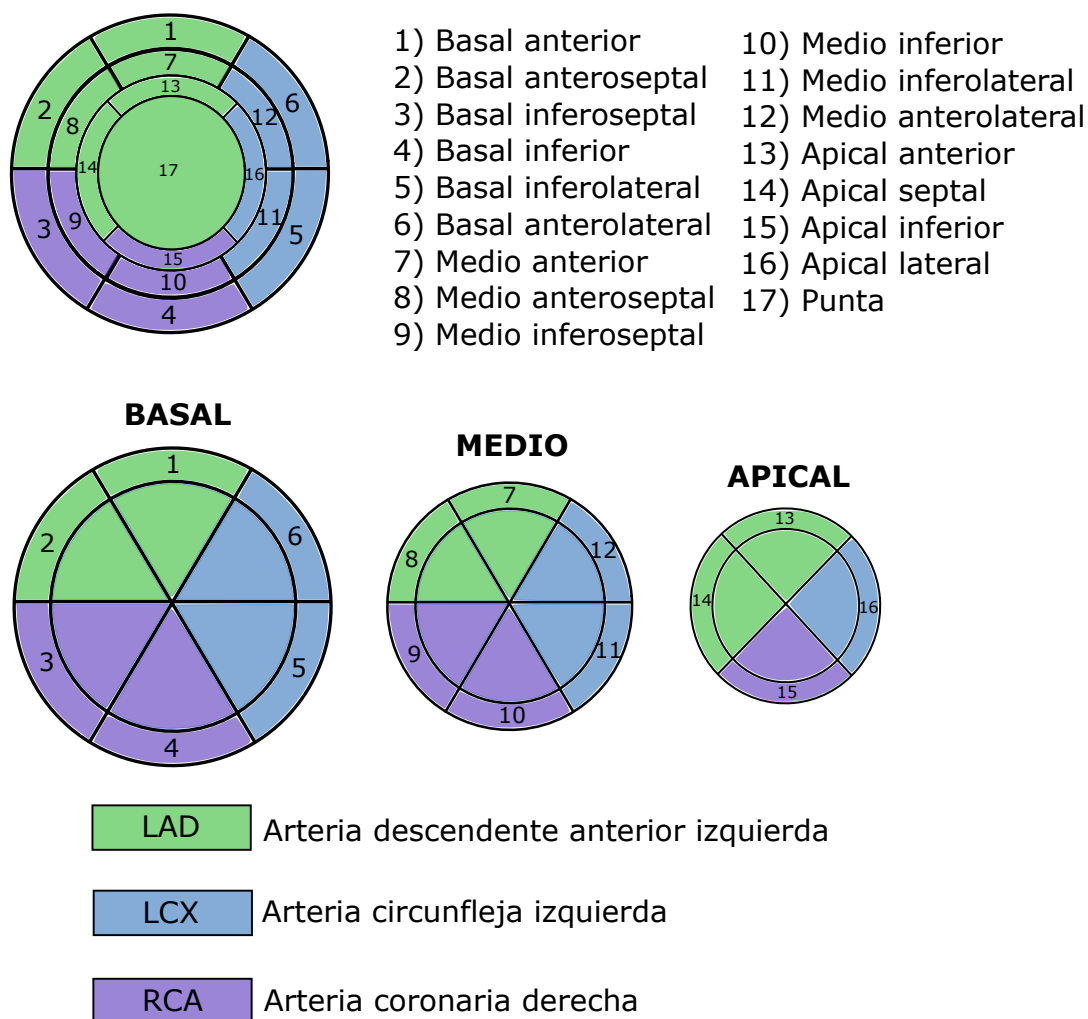


2.3. MOVIMIENTO ESPACIO-TEMPORAL

2.3.1 Modelo de segmentación AHA

La Asociación Americana del Corazón (AHA) ha publicado una nomenclatura que se encarga de la segmentación del miocardio del ventrículo izquierdo. Actualmente, es ampliamente utilizada ya que permite describir detalladamente las zonas afectadas del miocardio por alguna enfermedad. Este modelo de segmentación estándar se puede utilizar en pruebas de resonancia magnética, tomografía computarizada, ecocardiografía y angiografía coronaria [5]. Expertos cardiólogos lo usan para identificar y relacionar zonas cardíacas afectadas por ciertas patologías, además, para estandarizar el lenguaje en cuanto al diagnóstico morfológico del corazón. Esta nomenclatura plantea que en el eje largo, el ventrículo izquierdo se divide en tercios iguales, llamados: *basal* (su división es en 6 segmentos con un ángulo de 60 grados entre cada uno de ellos); *medio* (su división es en 6 segmentos con un ángulo de 60 grados entre cada uno de ellos); y finalmente, *apical* (su división es en 4 segmentos con un ángulo de 90 grados entre cada uno de ellos). Solo se incluyen los cortes que contienen miocardio en los 360 grados. La punta del vértice forma un segmento final separado. Cuando estos tercios se ven en eje corto, forman anillos que se pueden dividir en sectores iguales[29].

Figura 8: Modelo de segmentación AHA. La figura es una representación diagramática de las vistas de eje corto de las regiones basal, medioventricular y apical de los ventrículos de acuerdo con el modelo AHA de 17 segmentos. Los ventrículos están divididos en tercios a lo largo del eje. Los territorios de la arteria descendente anterior izquierda (LAD), la arteria coronaria derecha (RCA) y la arteria circunfleja izquierda (LCX) tienen su propio color y ángulo.



Teniendo en cuenta el modelo de segmentación AHA, el método propuesto dividió la región detectada del ventrículo izquierdo de forma radial. Debido a que la RMC es de baja resolución, solo fue considerado un slice basal ó medio del volumen para realizar la segmentación (Figura Figura 9). A partir de estos segmentos fue posible realizar un análisis regional más detallado de los patrones de movimiento, como se muestra a continuación.

2.3.2 Representación espacio-temporal

Se construyó un descriptor de movimiento estadístico sobre cada RMC, ba-

sado en un conjunto de histogramas de flujo óptico, que cuenta las tendencias de movimiento de segmentos específicos en cada una de las ROI detectadas ζ_x . Estos histogramas, cuantifican un conjunto de orientación de ocurrencia ponderado por la norma de cada vector de velocidad. La representación de cada histograma está dada por :

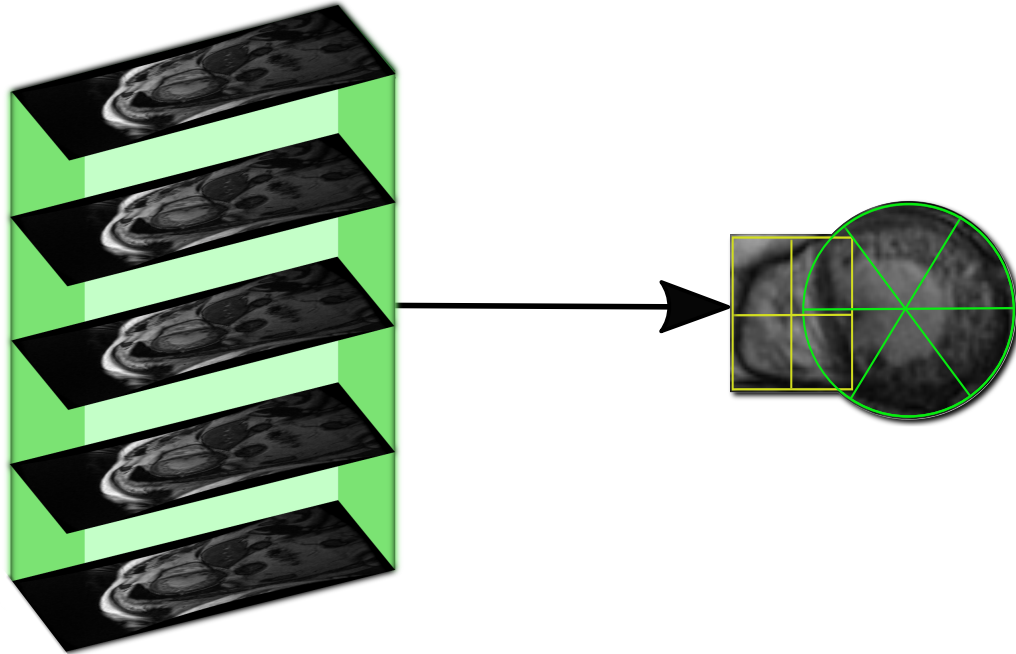
$$h(k) = \sum_{(x,y) \in I} S_k(x,y)M(x,y) \quad (2.21)$$

Donde, k es el bin del histograma, $M(x,y)$ es la magnitud del vector velocidad en determinada posición y S_k se calcula de la siguiente manera:

$$S_k(x,y) = \begin{cases} 1, & \text{si } (k-1)\Delta\theta \leq \theta(x,y) < k\Delta\theta \\ 0, & \text{en otro caso} \end{cases} \quad (2.22)$$

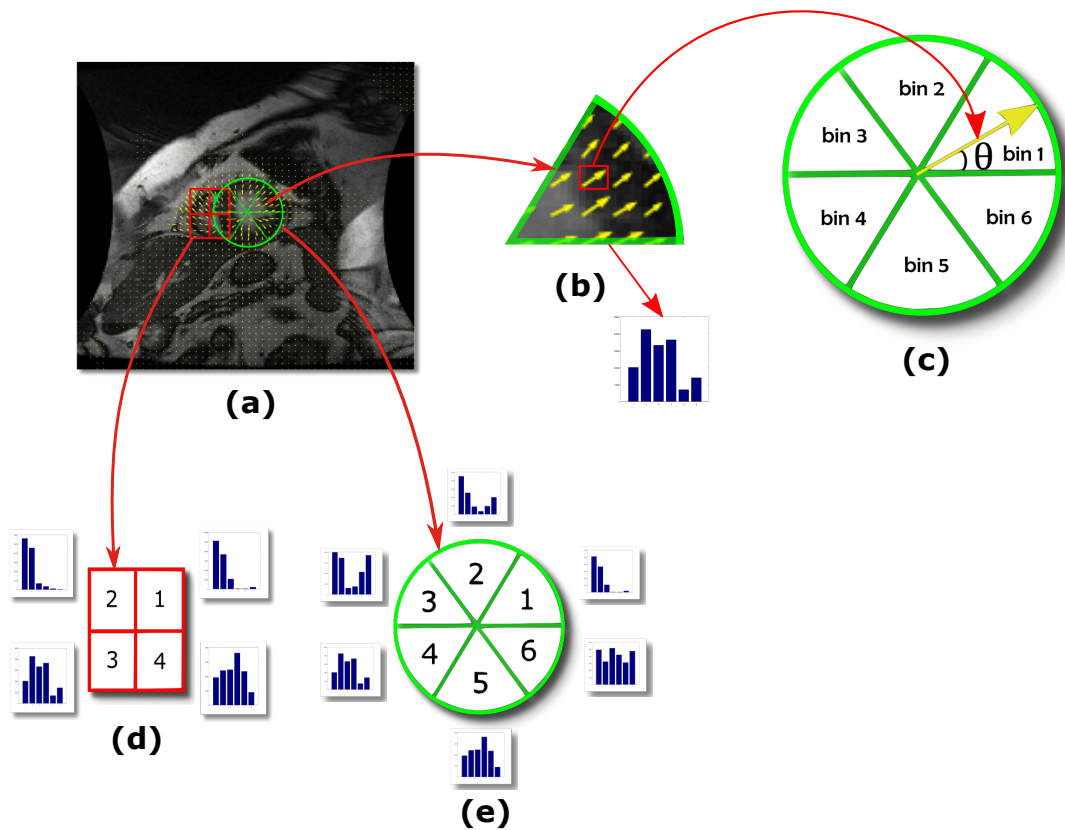
En este caso θ hace referencia a la dirección de la velocidad en el punto (x,y) y $\Delta\theta$ es el intervalo definido para cada contenedor de orientación; se puede estimar a partir de la siguiente expresión: $\Delta\theta = \frac{\theta_{max}}{\#bin}$ donde, θ_{max} representa el ángulo máximo (en este caso 360 grados) y $\#bin$ es el número de bin del histograma (en este caso 6). Dichos histogramas de flujo de orientación, fueron calculados regionalmente de acuerdo con el modelo sugerido para la Asociación Americana del Corazón (AHA) (Figura Figura 8), que agrupa segmentos del corazón de acuerdo con la información del movimiento. Este modelo AHA es ampliamente utilizado por los médicos, para informar regiones anormales en el corazón y para diagnosticar patologías específicas de acuerdo con el examen regional. Para cada segmento, se calculó un histograma de flujo de movimiento, que en conjunto permite describir el rendimiento dinámico del corazón en un tiempo específico t , de acuerdo con las ocurrencias de la velocidad de aparición local.

Figura 9: Representación similar al modelo AHA. El ventrículo izquierdo se segmentó a partir del modelo AHA. Para no perder la información proveniente del ventrículo derecho, se realizó una segmentación cuadrada que a su vez se divide en 4 regiones.



En la Figura 10, se muestra el procedimiento para calcular el descriptor global para cada RMC de estudio. A partir del flujo óptico de largo desplazamiento que se estimó anteriormente, se pudo conocer la velocidad de cada píxel que se desplazó, en este caso solo se tuvieron en cuenta aquellas velocidades dentro de la ROI, como se muestra en la Figura 10 (a). Con el fin de hacer un análisis regional detallado, se calculó un histograma para cada subregión como se puede observar en la Figura 10 (b). Para sumarle peso a cada bin, se tuvo en cuenta cada vector velocidad perteneciente a la subregión y se calculó su dirección y magnitud. A partir de la orientación del vector se pudo saber a cuál bin en específico sumarle peso, es decir, si la dirección de un vector en especial está dentro del rango de orientaciones $\Delta\theta$ (en este caso $\Delta\theta = 60 \text{ grados}$); se le suma en peso la magnitud del vector a determinado bin. Finalmente, se puede observar en la Figura 10 (d) que el cálculo de los histogramas se realizó para cada subregión del ventrículo izquierdo como derecho. Al concatenarse los 10 histogramas se obtuvo un descriptor que representa el movimiento global de la RMC. Para conocer el descriptor de movimiento de una patología en específico se concatenaron todas las RMC pertenecientes a un ciclo cardíaco.

Figura 10: Cálculo de los histogramas de orientación. La figura muestra en a) las velocidades calculadas para cada píxel, en este caso solo se tienen en cuenta aquellas que se encuentren en la ROI. En b) se selecciona una subregión específica para calcular un histograma de orientación. En c) se calcula el peso del bin. En d) se calculan todos los bins correspondientes al ventrículo derecho. En el caso de e), se muestra el cálculo de todos los bins correspondientes al ventrículo izquierdo.



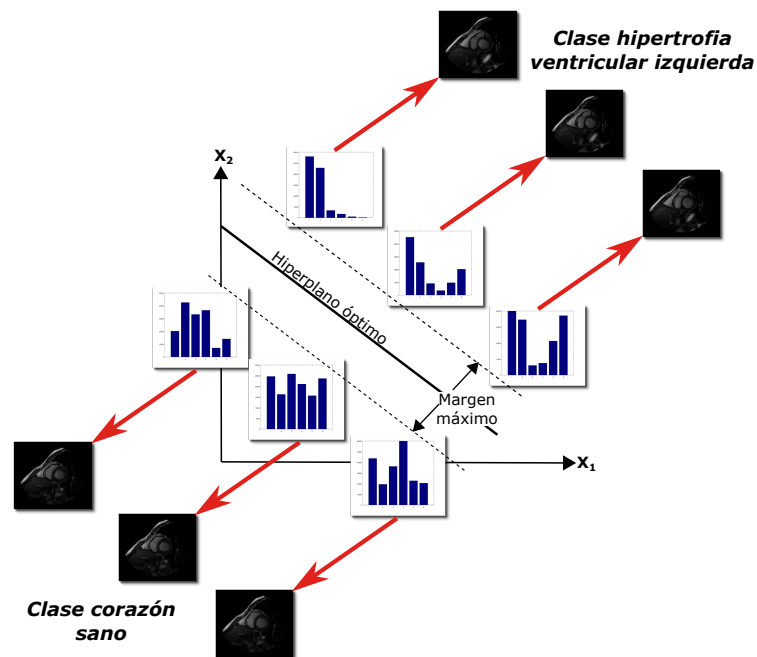
2.4. PREDICIÓN DE PATRONES

Una vez que los histogramas espacio-temporales se calcularon para cada subregión y para las diferentes ROI, estos se concatenaron en un solo descriptor de movimiento que resume el rendimiento de una muestra particular de la RMC. El reconocimiento de cada posible condición cardíaca en una RMC se llevó a cabo mediante un clasificador basado en máquinas de soporte vectorial, *Support Vector Machines (SVM)*. Esta técnica es ampliamente utilizada para resolver diversos problemas de clasificación, reconocimiento de patrones y regresión en diferentes áreas de la visión por computador [30].

De manera general, para la clasificación entre dos clases, se realizó una separación de un conjunto de datos de entrenamiento etiquetados a través de un hiperplano que está a la máxima distancia entre los datos de muestra [31]. A los planos que definen el hiperplano se les conoce como vectores de soporte, los cuales definen un modelo que logra predecir la clase de una nueva

muestra. En cuanto al entrenamiento específico del problema, se asignaron volúmenes etiquetados para cada patología. A partir de los datos de entrenamiento, se calculó el descriptor utilizando un corte basal ó medio durante toda la secuencia del ciclo. Para la etapa de evaluación se mapeó un volumen sin etiqueta al modelo previamente entrenado, y se devolvió una etiqueta de la predicción. Se realizó un análisis de sensibilidad de parámetro (C) con una búsqueda de cuadrícula, utilizando un esquema de validación cruzada (cross-validation) y seleccionando los parámetros con el mayor número de verdaderos positivos. En la Figura 11 se ilustra el método de clasificación de patologías cardíacas en RMC.

Figura 11: Clasificador SVM para predecir patologías cardíacas.



Después del cálculo del histograma global que representa el movimiento de cada enfermedad, se mapearon los datos en el SVM; para ello se le asignó una etiqueta a cada clase y se entrenó el modelo para obtener un porcentaje de clasificación correcto. Después de introducir un nuevo histograma sin una etiqueta específica, el clasificador logró predecir correctamente ese porcentaje.

3. EXPERIMENTOS Y RESULTADOS

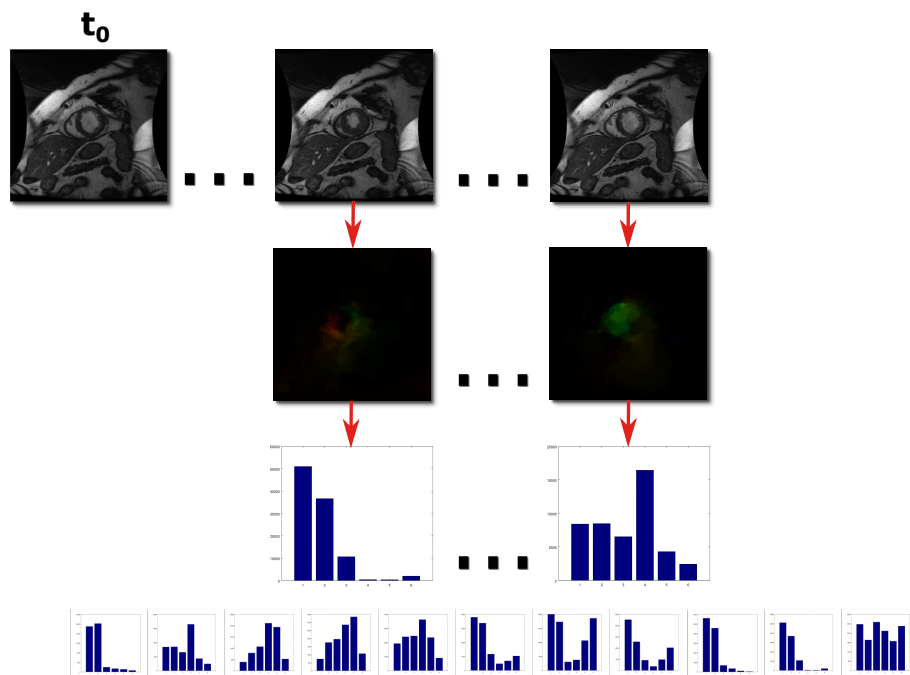
La evaluación del enfoque propuesto se realizó sobre un conjunto de datos público de resonancia magnética cardíaca **Sunnybrook Cardiac Data (SCD)** [32]. Éste está conformado por 45 pacientes registrados que fueron diagnosticados con cuatro patologías cardíacas como hipertrofia ventricular izquierda (HYP), insuficiencia cardíaca con infarto (HF-I), insuficiencia cardíaca sin infarto (HF-NI) y saludable (N). Las RMC capturadas son imágenes de eje corto (SAX) de RM, obtenidas con una Resonancia magnética GE Signa 1.5T y codificadas en formato DICOM anonimizado. La resolución temporal es de 20 fases cardíacas sobre el ciclo cardíaco con punto de inicio desde la fase ED. Los datos se dividen en 15 mujeres y 32 hombres, respectivamente, con una edad promedio de 61 años. Las ROI correspondientes al ventrículo izquierdo se dividieron en 6 subregiones a partir de una plantilla circular. Las ROI del ventrículo derecho se dividieron en cuatro. Cada una de las subregiones se caracterizó por utilizar histogramas de orientación de flujo de 6 bins.

Se realizó una validación utilizando una estrategia *k-fold cross-validation* que permite evaluar y comparar algoritmos de aprendizaje al dividir los datos en dos segmentos: uno utilizado para aprender o entrenar un modelo y el otro usado para validar el modelo [33]. En la validación cruzada, los conjuntos de entrenamiento y validación deben cruzarse en rondas sucesivas, de modo que cada punto de datos tenga una posibilidad de ser validado. La regla de decisión SVM se obtiene usando $k - 1$ de los subconjuntos y luego se prueba en el subconjunto omitido. Este procedimiento se repite k veces y de esta manera cada subconjunto se usa para probarse una vez. Finalmente, en este experimento se promedia el error de prueba, sobre los k ensayos de una estimación del error de generalización esperado [34]. El resultado final se obtiene a partir de realizar la media aritmética de los K valores de errores obtenidos, según la fórmula: $E = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^k E_i$. En este trabajo, se realizó una evaluación utilizando un k -fold con $k = 10$, valor sugerido por la literatura y, además, que obtuvo mejores resultados al hallarse de forma experimental. Por otra parte, las constantes de regularización utilizadas para el cálculo de la velocidad aparente en cada instante de la RMC fueron: $\alpha = 80.0f$, $\beta = 2000.0f$ y $\gamma = 5.0f$; valores que recomienda el autor del método para el cálculo de flujo óptico de largo desplazamiento.

3.1. ANÁLISIS GLOBAL

Inicialmente, se calculó un descriptor de 6 bins para toda la RMC, utilizando 20 cuadros pertenecientes a un ciclo cardíaco y para un tamaño total del descriptor de 114 valores escalares. En la Figura 12, se ilustra el procedimiento para la caracterización global del volumen de RMC.

Figura 12: Cálculo del flujo óptico denso para una secuencia típica de RMC. La primera fila corresponde a cortes de RMC a lo largo de un ciclo cardíaco. En la segunda fila se ilustra el flujo óptico denso correspondiente para cada corte. En la tercera fila se ilustra un histograma global de movimiento para cada RMC. Finalmente, en la cuarta fila se encuentran los histogramas concatenados que representan el movimiento global del corazón en un ciclo cardíaco.



En términos cuantitativos, teniendo en cuenta que el número de ejemplos de cada clase es limitado, la evaluación fue inicialmente realizada por pares de clases. La Tabla 1 resume los resultados de precisión obtenidos para este experimento.

Tabla 1: Clasificación automática de patologías del corazón entre pares de clases utilizando 6 bins en toda la RMC.

Patologías cardíacas	Porcentaje de predicción(%)
HF-I vs HF-NI	62.5
HF-I vs HYP	75.0
HF-I vs N	57.14
HF-NI vs HYP	75
HF-NI vs N	71.42
HYP vs N	80.95

En general, se pudo observar un comportamiento apropiado del descriptor para predecir las patologías cardíacas, siendo sobresaliente la comparación entre: **HYP (hipertrofia) vs N (normal)** con un 80,95%. Esto debido a que,

el mayor indicador para encontrar las zonas afectadas provienen del ventrículo izquierdo. Al realizar una comparación entre estas dos clases, un corazón con hipertrofia ventricular izquierda tendrá menor movimiento en esta zona, facilitando la comparación con un corazón de un paciente que su movimiento es normal y realiza un ciclo cardíaco adecuadamente. La clasificación binaria mostró resultados favorables para diferenciar entre las patologías evaluadas.

En la tabla Tabla 2 se introducen los resultados obtenidos del descriptor propuesto clasificando tres clases en cada experimento.

Tabla 2: Clasificación automática de patologías del corazón entre tres clases utilizando 6 bins en toda la RMC.

Patologías cardíacas	Porcentaje de predicción(%)
HF-I vs HF-NI vs HYP	55.55
HF-I vs HF-NI vs N	48.48
HF-NI vs HYP vs N	51.51

En este caso, el descriptor global caracteriza el volumen completo de la RMC y luego se utiliza una estrategia de SVM basada en un algoritmo multiclase, para clasificar patologías. Para este experimento el mejor resultado se logró entre las clases **insuficiencia cardíaca con antecedentes de infarto (HF-I), sin antecedentes de infarto (HF-NI) e hipertrofia (HYP)** con un promedio de 55,55%. Como se puede observar, el método presentó limitaciones cuando se introdujo una nueva clase debido a las limitaciones del descriptor para encontrar diferencias globales en la dinámica del corazón.

3.2. ANÁLISIS LOCAL

En este experimento se realizó una segmentación similar al modelo AHA (Figura Figura 9). Esta representación espacial permitió obtener una mayor descripción localizada de los patrones de movimiento del flujo óptico, en cada segmento del corazón. A partir de esta representación, se calculó un histograma de orientación para cada subregión (en total 10 histogramas por RMC). El tamaño del descriptor para cada subregión fue de 6 bins y se calculó para 20 RMC pertenecientes a un ciclo cardíaco. Como resultado, se obtuvo un descriptor de 1140 bins. Los resultados se encuentran en la tabla Tabla 3:

Tabla 3: Clasificación automática de patologías del corazón entre pares de clases utilizando 6 bins para cada subregión a partir de una segmentación similar al modelo AHA.

Patologías cardíacas	Porcentaje de predicción(%)
HF-I vs HF-NI	62.5
HF-I vs HYP	75
HF-I vs N	71.42
HF-NI vs HYP	75
HF-NI vs N	66.66
HYP vs N	80.95

En concordancia con el primer experimento, se pudo observar que la clasificación con una mayor precisión también fue entre las clases de **hipertrofia (HYP) y normal (N)**, obteniendo un 80,95 %. Para el experimento entre las clases de **insuficiencia cardíaca sin infarto (HF-NI) y normal (N)** se destacó una mejora considerable del 18 %, en términos de predicción. De esta forma, en promedio se alcanzó una precisión del 71,92 %, que es significativo para una herramienta de apoyo al diagnóstico. Además, se resalta que el costo computacional es mucho más eficiente porque el descriptor propuesto solamente se calculó en la región de interés que incluye los ventrículos.

En la tabla Tabla 4 se reportan los resultados al tomar tres clases para el desarrollo de los experimentos.

Tabla 4: Clasificación automática de patologías del corazón entre tres clases utilizando 6 bins a partir de una segmentación similar al modelo AHA.

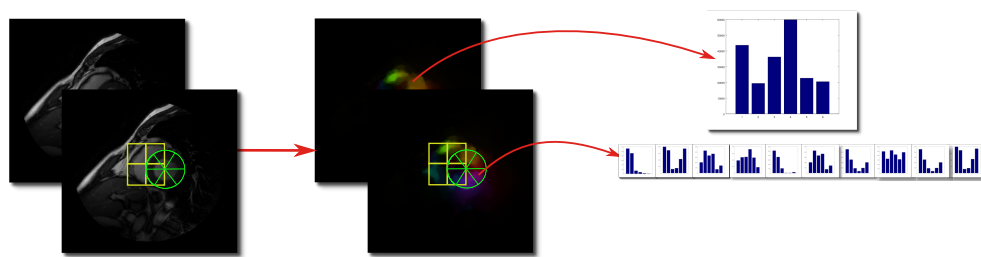
Patologías cardíacas	Porcentaje de predicción(%)
HF-I vs HF-NI vs HYP	50.0
HF-I vs HF-NI vs N	42.42
HF-NI vs HYP vs N	57.57

Al igual que en el experimento de la caracterización global, se observó una notable disminución de la predicción, mostrando limitaciones del descriptor propuesto para la cuantificación y análisis de patrones dinámicos entre tres clases. Esto debido a que los patrones espacio-temporales entre tres patologías comparten similitudes a lo largo del ciclo cardíaco. Por otra parte, cabe destacar que el número de muestras para el entrenamiento que se utilizó fue muy pequeño impidiendo que el algoritmo de SVM pudiera crear de forma apropiada los hiperplanos de corte.

3.3. ANÁLISIS MULTIESCALA

En este experimento se tuvo en cuenta un análisis regional a diferentes escalas de segmentación. Para este caso, inicialmente en la primera escala se tomaron regiones completas del ventrículo izquierdo y derecho, y luego, en la segunda escala se subdividieron estas regiones en porciones más pequeñas para recopilar patrones espacio-temporales más específicos. Con esta representación, se buscaban resaltar los patrones de movimiento que predominaban en las diferentes escalas, dándoles un peso mayor al los que se repetían. La Figura 13 ilustra la representación propuesta para el análisis multiescala espacial de la región de interés.

Figura 13: Análisis multiescala a una secuencia cardíaca. Cálculo de los patrones de movimiento en dos escalas. En la primera de ellas, se calcula un histograma para toda la RMC y en la segunda, a través del modelo AHA, se calculan 10 histogramas por cada RMC.



En la Tabla 5, se reportan los resultados obtenidos en cuanto a la predicción entre pares de clases, para el análisis multiescala propuesto.

Tabla 5: Clasificación automática de patologías del corazón entre pares de clases utilizando 6 bins a partir de un análisis multiescala.

Patologías cardíacas	Porcentaje de predicción(%)
HF-I vs HF-NI	75
HF-I vs HYP	83.33
HF-I vs N	66.66
HF-NI vs HYP	75
HF-NI vs N	76.19
HYP vs N	80.95

En esta tabla se logra observar que los resultados mejoraron bastante al realizar un análisis en dos escalas. En este experimento, el tamaño del descriptor fue de 1254, con un tamaño un poco mayor al experimento donde se utilizó la segmentación AHA. Al utilizar un análisis multiescala se lograron mejorar los resultados notablemente.

Cabe resaltar la comparación entre las clases **Insuficiencia cardíaca con antecedentes de infarto (HF-I) e Hipertrofia ventricular izquierda (HYP)** con

un 83,33 %, logrando una mejora de 8,33 % con respecto a la caracterización global y la caracterización según el modelo AHA. Estos experimentos sustentaron la hipótesis de que el análisis regional a diferentes escalas, permite ponderar los patrones de movimiento que permanecen en las diferentes escalas, los cuales son coherentes para la representación de patologías. En promedio se alcanzó una precisión del 76,18 %, mostrando una mejora significativa con respecto a los experimentos anteriores y un comportamiento apropiado para usarse como herramienta de soporte clínico.

La representación multiescala también permitió mejorar los resultados entre tres clases, como se presenta en la Tabla 6.

Tabla 6: Clasificación automática de patologías del corazón entre tres clases utilizando 6 bins a partir de un análisis multiescala.

Patologías cardíacas	Porcentaje de predicción(%)
HF-I vs HF-NI vs HYP	66.66
HF-I vs HF-NI vs N	63.63
HF-NI vs HYP vs N	63.63

En general, todos los experimentos entre tres clases mejoraron significativamente con un promedio mayor al 64 %. A pesar de las limitaciones en cuanto al conjunto de datos de entrenamiento, la caracterización dinámica en diferentes escalas permitió dar unos resultados apropiados para la predicción de patologías.

Finalmente, se realizó un experimento general teniendo en cuenta las cuatro clases del conjunto de datos usado para la evaluación. La Tabla 7, resume los resultados obtenidos en los tres experimentos presentados anteriormente, utilizando las cuatro clases en cada experimento.

Tabla 7: Clasificación automática de patologías del corazón entre las 4 clases utilizando todos los métodos.

Experimento	Porcentaje de predicción(%)
RMC completa	44.44
RMC segmentación AHA	44.44
RMC multiescala	60.0

A pesar de las limitaciones reportadas en los resultados, se pudo notar una mejor predicción del método multiescala, con un 60 %. Los descriptores propuestos, además, son de muy bajo costo computacional, pudiéndose hacer una estimación en línea, característica fundamental en los ambientes clínicos.

4. CONCLUSIONES

En este trabajo se presentó una nueva estrategia para caracterizar los patrones de movimiento en las secuencias RMC que permiten clasificar las enfermedades cardíacas. El enfoque propuesto comienza con una identificación automática de los ROI del corazón, mediante el uso de una transformada Hough densa. Entonces, cada ROI se caracteriza completamente por un campo de movimiento denso analizado en varias subregiones, que sigue una plantilla tipo AHA. Luego, cada subregión se resumió a partir de histogramas de flujo de orientación. Para obtener un descriptor más preciso se realizó un análisis multiescala. El enfoque propuesto logra una compensación adecuada entre la precisión y la complejidad computacional con un descriptor de 1254 valores escalares.

Esta propuesta representa un enfoque preliminar para el diseño de herramientas de soporte clínico en cuanto al diagnóstico y seguimiento de enfermedades cardíacas, demostrando la importancia que tienen los patrones de movimiento en la caracterización de patologías en imágenes de RMC. Del mismo modo, cabe mencionar que el uso de estas herramientas tiene como finalidad ayudar en un diagnóstico más preciso, sirviendo como material de apoyo al experto clínico ya que él es el encargado de dar la valoración final. Durante la validación se desarrollaron diferentes experimentos a diferentes niveles de regiones de análisis del corazón, evidenciando la importancia de hacer análisis a nivel local para encontrar detalles diferenciadores entre las clases.

En trabajos futuros, se considerarán conjuntos de datos más amplios que tengan un mayor número de ejemplos por clase y permitan desarrollar metodologías de aprendizaje más robustas. También, se planean proponer nuevos descriptores que incluyan patrones morfológicos específicos de cada una de las patologías consideradas en el trabajo.

REFERENCIAS

- [1] Arnaldo Kraus. Oms: causas de muerte en el mundo. [revisado 10 Noviembre 2017], disponible en: <http://www.eluniversal.com.mx/entrada-de-opinion/articulo/arnaldo-kraus/nacion/2017/06/18/oms-causas-de-muerte-en-el-mundo>, 2017.
- [2] Matthias F et. al. Cardiovascular magnetic resonance in myocarditis: A jacc white paper. *Journal of the American College of Cardiology*, 53(17):1475–1487, 2009.
- [3] Caroline P and Jean-Nicolas D. A review of segmentation methods in short axis cardiac mr images. *Medical image analysis*, 15(2):169–184, 2011.
- [4] Phi Vu T. A fully convolutional neural network for cardiac segmentation in short-axis mri. *arXiv preprint arXiv:1604.00494*, 2016.
- [5] José T Ortiz-Pérez, José Rodríguez, Sheridan N Meyers, Daniel C Lee, Charles Davidson, and Edwin Wu. Correspondence between the 17-segment model and coronary arterial anatomy using contrast-enhanced cardiac magnetic resonance imaging. *JACC: Cardiovascular Imaging*, 1(3):282–293, 2008.
- [6] Steven S. Beauchemin and John L. Barron. The computation of optical flow. *ACM computing surveys (CSUR)*, 27(3):433–466, 1995.
- [7] Andrés Bruhn, Joachim Weickert, and Christoph Schnörr. Lucas/kanade meets horn/schunck: Combining local and global optic flow methods. *International Journal of Computer Vision*, 61(3):211–231, 2005.
- [8] Bruce D Lucas, Takeo Kanade, et al. An iterative image registration technique with an application to stereo vision. 1981.
- [9] Berthold KP Horn and Brian G Schunck. Determining optical flow. *Artificial intelligence*, 17(1-3):185–203, 1981.
- [10] HAIM Azhari, SAMUEL Sideman, JAMES L Weiss, EDWARD P Shapiro, MYRON L Weisfeldt, WILLARD L Graves, WALTER J Rogers, and RAFAEL Beyar. Three-dimensional mapping of acute ischemic regions using mri: wall thickening versus motion analysis. *American Journal of Physiology-Heart and Circulatory Physiology*, 259(5):H1492–H1503, 1990.
- [11] Carissa F et. al. The cardiac atlas project—an imaging database for computational modeling and statistical atlases of the heart. *Bioinformatics*, 27(16):2288–2295, 2011.

-
- [12] William E Higgins, Namsik Chung, and Erik L Ritman. Extraction of left-ventricular chamber from 3-d ct images of the heart. *IEEE transactions on medical imaging*, 9(4):384–395, 1990.
- [13] Juyang Weng, Ajit Singh, and MY Chiu. Learning-based ventricle detection from cardiac mr and ct images. *IEEE transactions on medical imaging*, 16(4):378–391, 1997.
- [14] Michael Lynch, Ovidiu Ghita, and Paul F Whelan. Automatic segmentation of the left ventricle cavity and myocardium in mri data. *Computers in biology and medicine*, 36(4):389–407, 2006.
- [15] Konstantinos K Delibasis, N Mouravliansky, George K Matsopoulos, Konstantina S Nikita, and Andy Marsh. Mr functional cardiac imaging: Segmentation, measurement and www based visualisation of 4d data. *Future Generation Computer Systems*, 15(2):185–193, 1999.
- [16] Amol Pednekar. Cardiac image analysis: morphology, function, and dynamics. 2003.
- [17] Michael J Potel, Jonathan M Rubin, STEVEN A MacKAY, Alex M Aisen, Jafar Al-sadir, and Richard E Sayre. Methods for evaluating cardiac wall motion in three dimensions using bifurcation points of the coronary arterial tree. *Investigative Radiology*, 18(1):47–57, 1983.
- [18] Neil B Ingels, George T Daughters, Edward B Stinson, and Edwin L Alderman. Measurement of midwall myocardial dynamics in intact man by radiography of surgically implanted markers. *Circulation*, 52(5):859–867, 1975.
- [19] Dara L Kraitchman, Alistair A Young, Cheng-Ning Chang, and Leon Axel. Semi-automatic tracking of myocardial motion in mr tagged images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 14(3):422–433, 1995.
- [20] Elias A Zerhouni, David M Parish, Walter J Rogers, Andrew Yang, and Edward P Shapiro. Human heart: tagging with mr imaging—a method for noninvasive assessment of myocardial motion. *Radiology*, 169(1):59–63, 1988.
- [21] Zhijun Zhang, David Sahn, and Xubo Song. Diffeomorphic cardiac motion estimation with anisotropic regularization along myofiber orientation. *Biomedical Image Registration*, pages 199–208, 2012.
- [22] Anja Hennemuth, Achim Seeger, Ola Friman, Stephan Miller, Bernhard Klumpp, Steffen Oeltze, and Heinz-Otto Peitgen. A comprehensive approach to the analysis of contrast enhanced cardiac mr images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 27(11):1592–1610, 2008.
- [23] Martínez F et. al. Characterization of motion cardiac patterns in magnetic resonance cine. In *Image Information Processing (ICIIP)*,, pages 1–5. IEEE, 2011.

-
- [24] Tony Lindeberg. Feature detection with automatic scale selection. *International journal of computer vision*, 30(2):79–116, 1998.
- [25] Avendi MR et. al. A combined deep-learning and deformable-model approach to fully automatic segmentation of the left ventricle in cardiac mri. *Medical image analysis*, 30:108–119, 2016.
- [26] Anchana Khemphila and Veera Boonjing. Heart disease classification using neural network and feature selection. In *Systems Engineering (IC-SEng)*, pages 406–409. IEEE, 2011.
- [27] Antoine Manzanera. Dense hough transforms on gray level images using multi-scale derivatives. In *AMINA 2012*. hal-01119654, Dec 2012.
- [28] T Brox and J Malik. Large displacement optical flow: descriptor matching in variational motion estimation. *IEEE PAMI*, 33(3):500–513, 2011.
- [29] Manuel D Cerqueira, Neil J Weissman, Vasken Dilsizian, Alice K Jacobs, Sanjiv Kaul, Warren K Laskey, Dudley J Pennell, John A Rumberger, Thomas Ryan, Mario S Verani, et al. Standardized myocardial segmentation and nomenclature for tomographic imaging of the heart. *Circulation*, 105(4):539–542, 2002.
- [30] Johan AK Suykens and Joos Vandewalle. Least squares support vector machine classifiers. *Neural processing letters*, 9(3):293–300, 1999.
- [31] Terrence S Furey, Nello Cristianini, Nigel Duffy, David W Bednarski, Michel Schummer, and David Haussler. Support vector machine classification and validation of cancer tissue samples using microarray expression data. *Bioinformatics*, 16(10):906–914, 2000.
- [32] Radau P et. al. Evaluation framework for algorithms segmenting short axis cardiac mri. *The MIDAS Challenge*, 49, 2009.
- [33] Payam Refaeilzadeh, Lei Tang, and Huan Liu. Cross-validation. In *Encyclopedia of database systems*, pages 532–538. Springer, 2009.
- [34] Kaibo Duan, S Sathiya Keerthi, and Aun Neow Poo. Evaluation of simple performance measures for tuning svm hyperparameters. *Neurocomputing*, 51:41–59, 2003.

BIBLIOGRAFIA

AVENDI, M. R.; KHERADVAR, Arash and JAFARKHANI, Hamid. A combined deep-learning and deformable-model approach to fully automatic segmentation of the left ventricle in cardiac MRI. *Medical image analysis* 30 (2016): 108-119.

AXEL, Leon; GONCALVES, Roberto C. and BLOOMGARDEN, Daniel. Regional heart wall motion: two-dimensional analysis and functional imaging with MR imaging. *Radiology* 183.3 (1992): 745-750.

AZHARI, H. A. I. M., *et al.* Three-dimensional mapping of acute ischemic regions using MRI: wall thickening versus motion analysis. *American Journal of Physiology-Heart and Circulatory Physiology* 259.5 (1990): H1492-H1503.

BEAUCHEMIN, Steven S. and BARRON, John L. The computation of optical flow. *ACM computing surveys (CSUR)* 27.3 (1995): 433-466.

BROX, Thomas and MALIK, Jitendra. Large displacement optical flow: descriptor matching in variational motion estimation. *IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence* 33.3 (2011): 500-513.

BRUHN, Andrés; WEICKERT, Joachim and SCHNÖRR, Christoph. Lucas/Kanade meets Horn/Schunck: Combining local and global optic flow methods. *International journal of computer vision* 61.3 (2005): 211-231.

CHANG, Chih-Chung and LIN, Chih-Jen. LIBSVM: a library for support vector machines. *ACM transactions on intelligent systems and technology (TIST)* 2.3 (2011): 27.

DELIBASIS, Konstantinos K., *et al.* MR functional cardiac imaging: Segmentation, measurement and WWW based visualisation of 4D data. *Future Generation Computer Systems* 15.2 (1999): 185-193.

DUAN, Kaibo; KEERTHI, S. Sathiya and POO, Aun Neow. Evaluation of simple performance measures for tuning SVM hyperparameters. *Neurocomputing* 51 (2003): 41-59.

FONSECA, Carissa G., *et al.* The Cardiac Atlas Project—an imaging database for computational modeling and statistical atlases of the heart. *Bioinformatics* 27.16 (2011): 2288-2295.

FRIEDRICH, Matthias G., *et al.* Cardiovascular magnetic resonance in myocarditis: A JACC White Paper. *Journal of the American College of Cardiology* 53.17 (2009): 1475-1487.

GUPTA, Anamika; KUMAR, Naveen and BHATNAGAR, Vasudha. Analysis of medical data using data mining and formal concept analysis. *World Academy of Science, Engineering and Technology* 11 (2005): 61-64.

HENNEMUTH, Anja, *et al.* A comprehensive approach to the analysis of contrast enhanced cardiac MR images. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 27.11 (2008): 1592-1610.

HIGGINS, William E.; CHUNG, Namsik and RITMAN, Erik L. Extraction of left-ventricular chamber from 3-D CT images of the heart. *IEEE transactions on medical imaging* 9.4 (1990): 384-395.

INGELS, Neil B., *et al.* Measurement of midwall myocardial dynamics in intact man by radiography of surgically implanted markers. *Circulation* 52.5 (1975): 859-867.

KELLER, James M.; GRAY, Michael R. and GIVENS, James A. A fuzzy k-nearest neighbor algorithm. *IEEE transactions on systems, man, and cybernetics* 4 (1985): 580-585.

KHEMPHILA, Anchana and BOONJING, Veera. Heart disease classification using neural network and feature selection. *Systems Engineering (ICSEng)*, 2011 21st International Conference on. IEEE, 2011.

KRAITCHMAN, Dara L., *et al.* Semi-automatic tracking of myocardial motion in MR tagged images. *IEEE Transactions on Medical Imaging* 14.3 (1995): 422-433.

LINDEBERG, Tony. Feature detection with automatic scale selection. *International journal of computer vision* 30.2 (1998): 79-116.

LUCAS, Bruce D., *et al.* An iterative image registration technique with an application to stereo vision. (1981): 674-679.

LYNCH, Michael; GHITA, Ovidiu and WHELAN, Paul F. Automatic segmentation of the left ventricle cavity and myocardium in MRI data. *Computers in biology and medicine* 36.4 (2006): 389-407.

MANZANERA, Antoine. Dense Hough transforms on gray level images using multi-scale derivatives."SIXIEME WORKSHOP AMINA 2012 Applications Médicales de l'Informatique: Nouvelles Approches". 2012.

MARTÍNEZ, Fabio, *et al.* Characterization of motion cardiac patterns in magnetic resonance cine. *Image Information Processing (ICIIP)*, 2011 International Conference on. IEEE, 2011.

NAMBAKSH, Cyrus MS, *et al.* Left ventricle segmentation in MRI via convex relaxed distribution matching. *Medical image analysis* 17.8 (2013): 1010-1024.

ORTIZ-PÉREZ, José T., *et al.* Correspondence between the 17-segment model and coronary arterial anatomy using contrast-enhanced cardiac magnetic resonance imaging. *JACC: Cardiovascular Imaging* 1.3 (2008): 282-293.

PETITJEAN, Caroline and DACHER, Jean-Nicolas. A review of segmentation methods in short axis cardiac MR images. *Medical image analysis* 15.2 (2011): 169-184.

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

REFAEILZADEH, Payam; TANG, Lei and LIU, Huan. Cross-validation. *Encyclopedia of database systems*. Springer US, 2009. 532-538.

ZHANG, Zhijun; SAHN, David J. and SONG, Xubo. Diffeomorphic cardiac motion estimation with anisotropic regularization along myofiber orientation. *International Workshop on Biomedical Image Registration*. Springer, Berlin, Heidelberg, 2012.