

4. RESULTADOS

4.1 *Material*

Para la realización de este trabajo nos hemos basado en el artículo "*Color-texture image segmentation based on multistep region growing.*" [21], adaptándolo a la segmentación 3D de imágenes de tomografía axial computerizada.

Los estudios DICOM fuente provienen, bajo consentimiento precio del paciente para causa de investigación científica, de casos reales de pacientes del Hospital Universitario "Virgen del Rocío", sometidos a estudios de TAC adecuados para su posterior tratamiento y reconstrucción 3D. Estos estudios de tomografía axial computerizada suelen ocupar entre 120MB y 150MB, y tener aproximadamente en torno a 250 imágenes DICOM cada uno.

El programa software para las simulaciones realizadas sobre PC se ha desarrollado en *MATLAB – The language of Technical Computing (v7.0)*, empleando en ocasiones funciones del *Image Processing Toolbox*.

4.2 *Imágenes. Resultados.*

Para analizar la efectividad y el comportamiento el algoritmo en este tipo de aplicaciones médicas se han realizado simulaciones sobre tejido vascular que, en ocasiones, y en otros programas de reconstrucción que usan crecimiento de regiones para la segmentación 3D han sido tejidos problemáticos, provocando en ocasiones desbordamientos de la región.

En la figuras 15, 16 y 17 se muestran la imagen original, la imagen normalizada y con aumento de contraste, y un el fragmento de la región de interés seleccionada manualmente junto con la semilla inicial.

En la figura 18 se representa la evolución del contraste en las sucesivas iteraciones de crecimiento, respecto al parámetro alfa. Como podemos ver, el contraste alcanza su máximo la iteración con $\alpha=2.1$, y justo en la siguiente iteración ($\alpha=2.2$) decae considerablemente. Este es signo inequívoco de que la región ha

desbordado (ver figura 222) y por lo tanto ya el borde exterior e interior tienen valores similares. Por lo tanto, salimos de nuestra función de crecimiento en el slice actual actualizando la región a la que se obtuvo en la iteración anterior ($\alpha=2.1$)

La evolución del crecimiento de la región en otras iteraciones previas se representa en las figuras 19 y 20, $\alpha=1.0$ y $\alpha=1.5$ respectivamente.

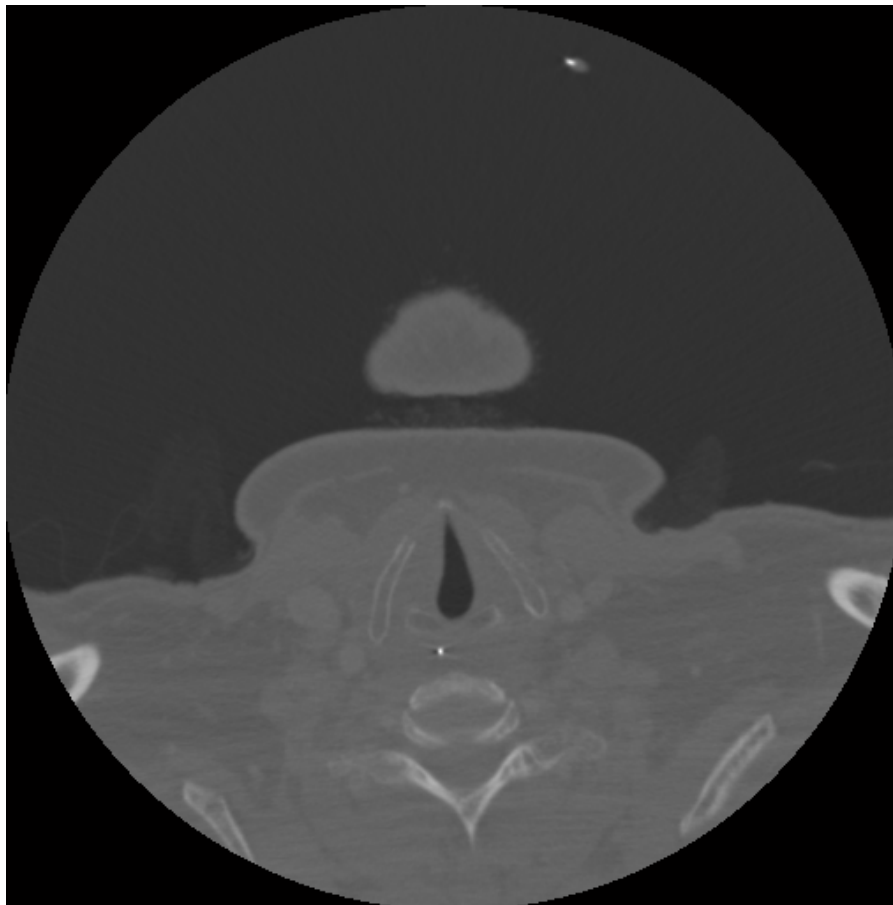


Fig. 15 – Imagen original

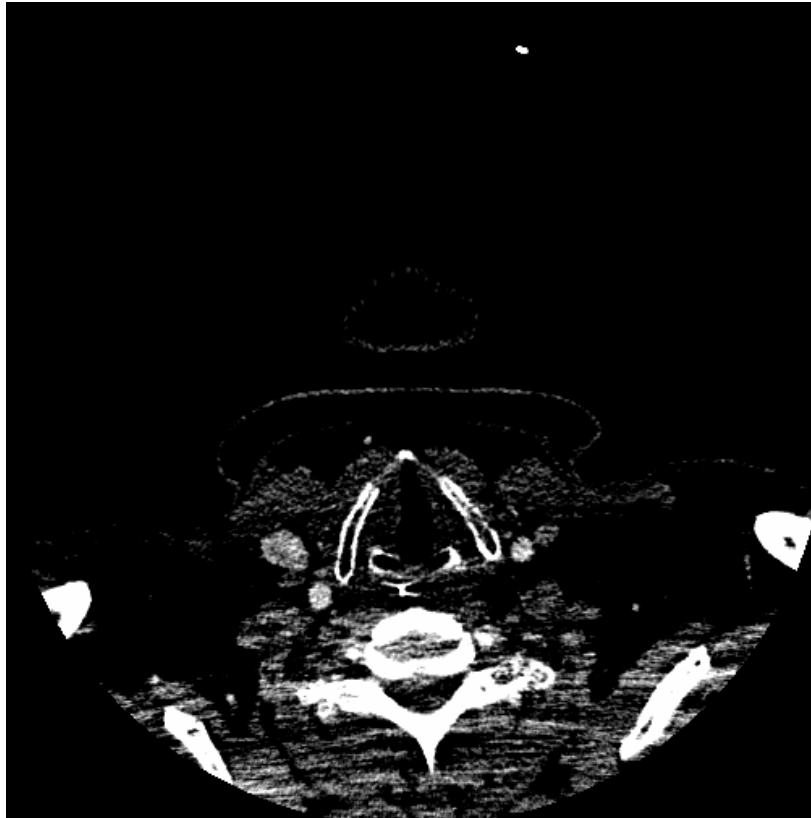


Fig. 16 – Imagen tras el preprocesado previo a la segmentación de vasos

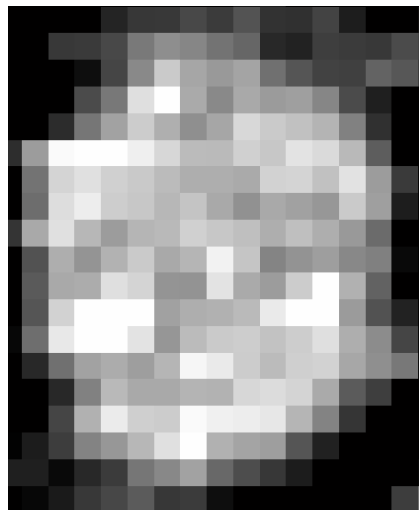


Fig. 17 – Trozo de la región de interés seleccionada para iniciar la segmentación

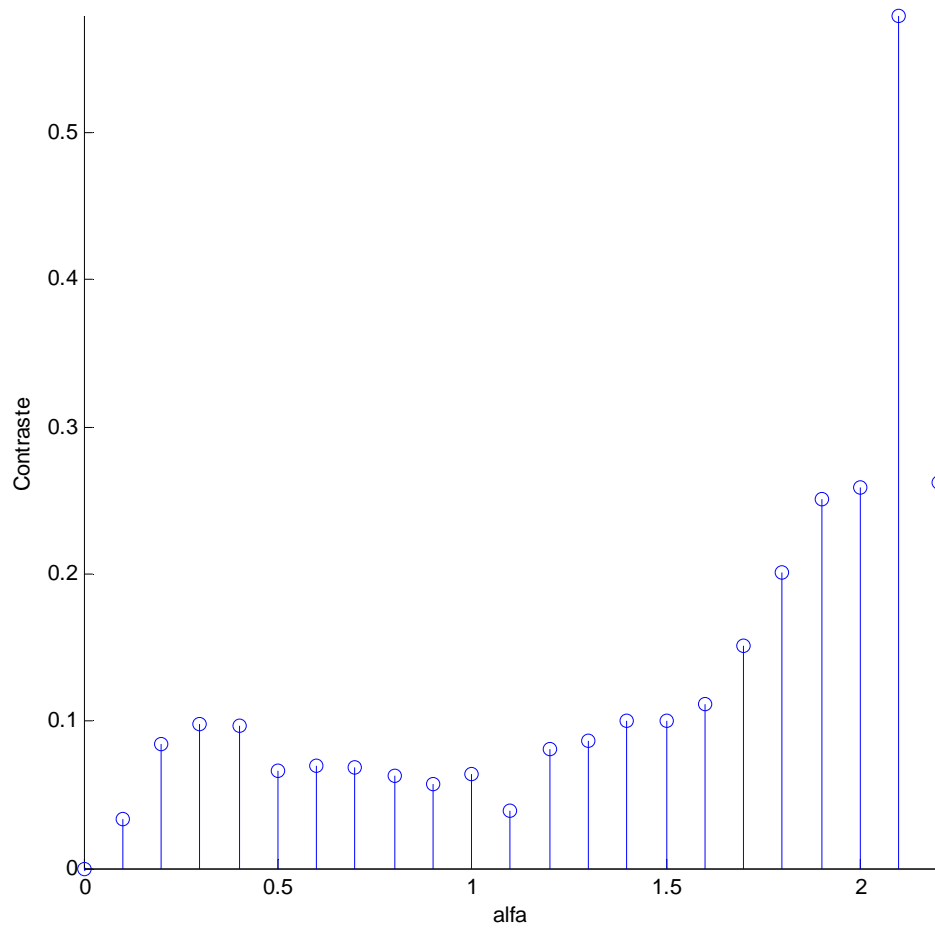
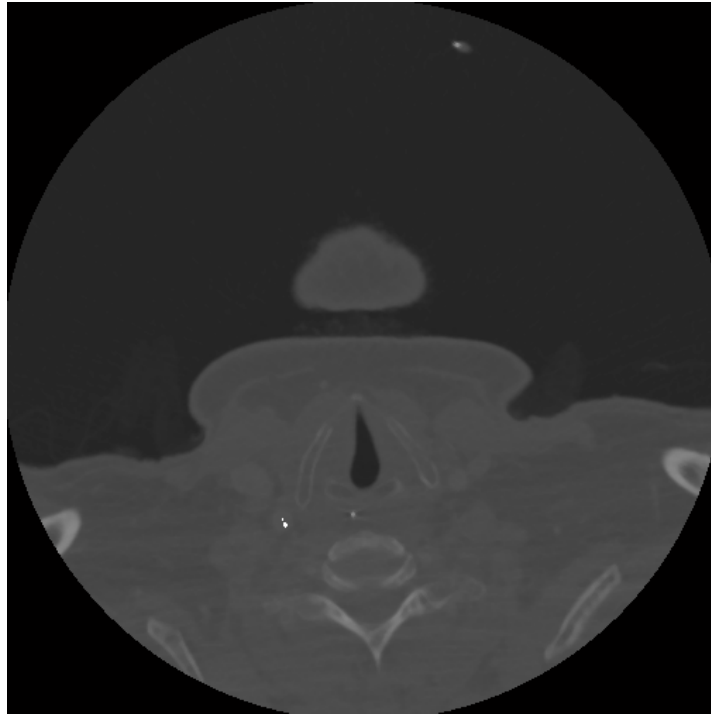
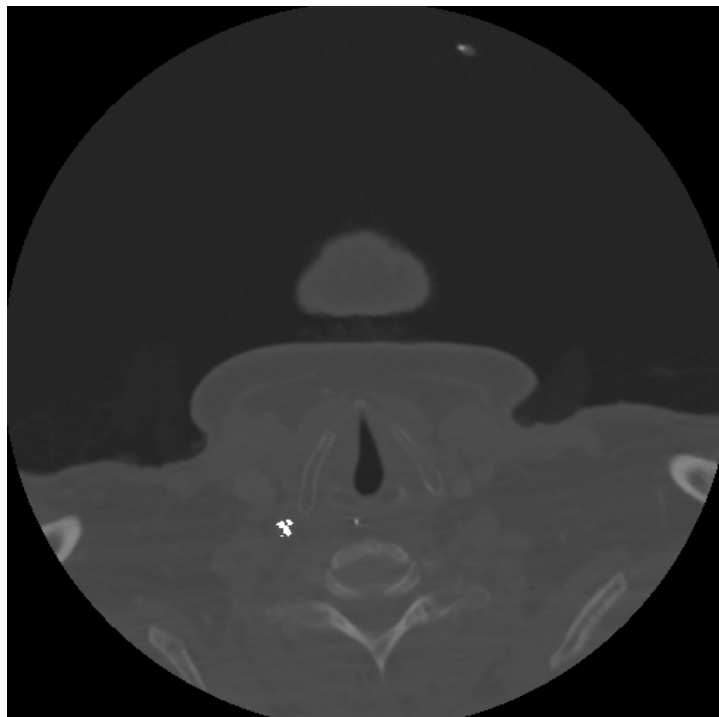


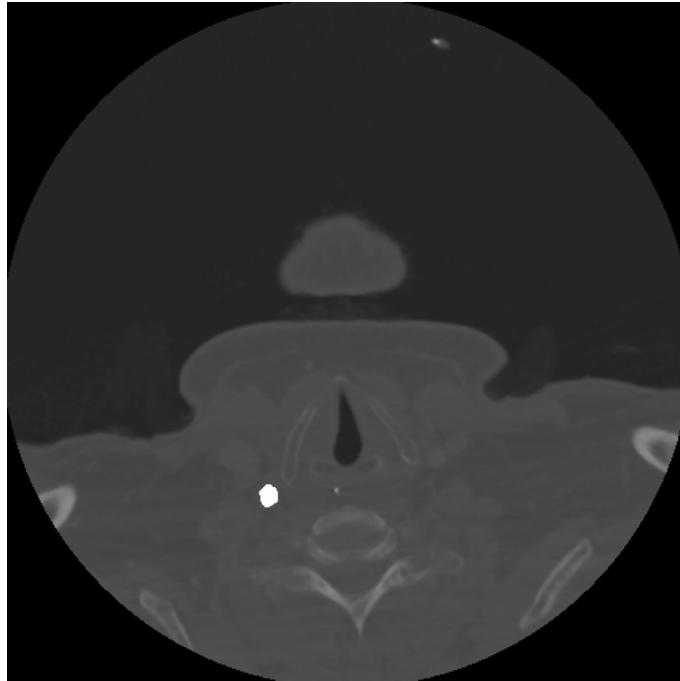
Fig. 18 – Evolución del contraste a lo largo de las diferentes iteraciones con aumento del parámetro alfa. La región óptima se alcanzará con alfa=2.1



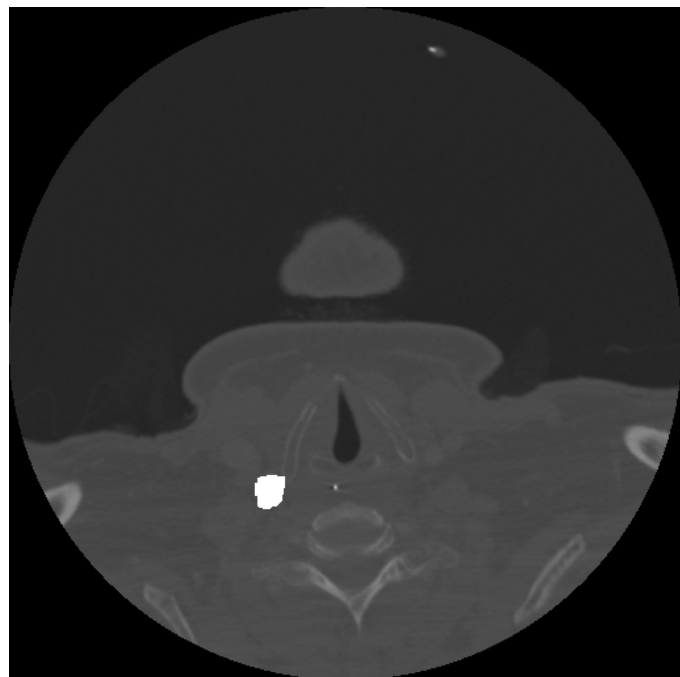
**Fig. 19– Resultado de la segmentación del vaso en la iteración 10
(alfa=1.0, slice=3)**



**Fig. 20 – Resultado de la segmentación del vaso en la iteración 15
(alfa=1.5, slice=3)**



**Fig. 21 – Resultado final de la segmentación del vaso
($\alpha=2.1$, slice=3)**



**Fig. 22 – Resultado del inicio de desbordamiento del vaso
($\alpha=2.3$, slice=3)**

A continuación se presentan los resultados obtenidos en una segunda prueba de segmentación con fuente otro DICOM, esta vez segmentamos tejido óseo. Como podemos ver en la figura 23, la región óptima se alcanzaría con $\alpha=2.3$, cuando el contraste es máximo (figuras 24 y 25). Sin embargo, una iteración después ($\alpha=2.4$) el contraste cae drásticamente y comienza el desbordamiento de la región (figuras 26 y 27).

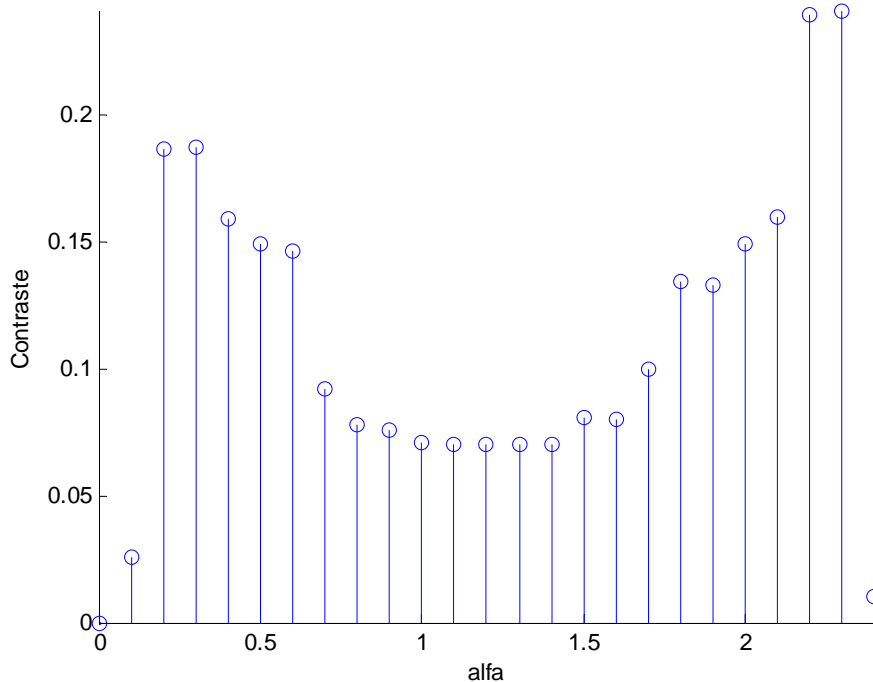


Fig. 23 – Evolución del contraste a lo largo de las diferentes iteraciones con aumento del parámetro alfa. La región óptima se alcanzará con $\alpha=2.3$

Respecto a máximo relativo que se produce en $\alpha=0.3$ y el descenso posterior para $\alpha=0.4$, cabría preguntarse a qué se debe y por qué no se considera el alfa óptimo y seguimos aumentando alfa. La respuesta es la que hemos comentado anteriormente, la caída para identificar el alfa que nos da región óptima debe ser drástica (varias décimas de contraste). Cualquier otra situación de máximo relativo que se pueda producir en las primeras iteraciones se deben a que la región es pequeña y más susceptible a que el tejido pueda ser no muy homogéneo en su interior. De hecho, la respuesta a esta situación se muestra en las figura 28 donde, efectivamente, se puede ver que se trata de algunos puntos interiores de la región.

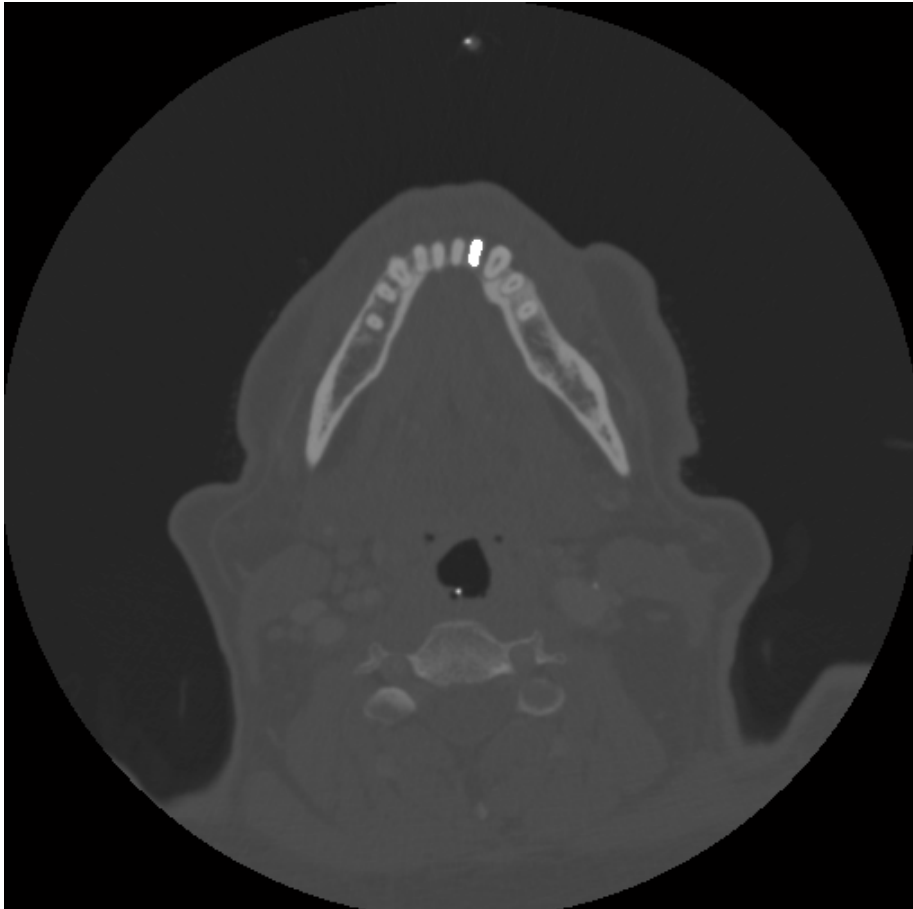


Fig. 24 – Resultado de la región óptima segmentada (alfa=2.3)



Fig. 25 – Zoom de la región óptima segmentada (alfa=2.3)

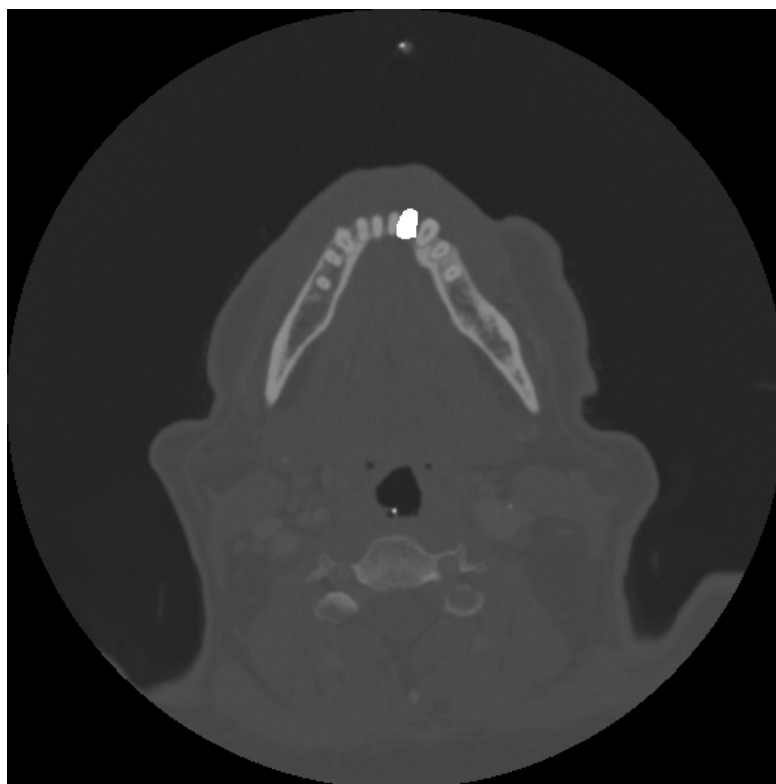


Fig. 26 – Resultado del inicio de desbordamiento (alfa=2.4)

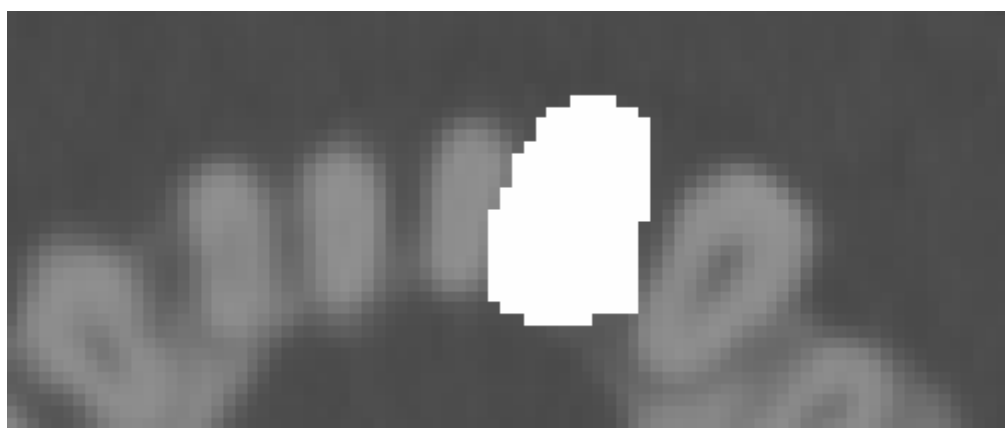


Fig. 27 – Zoom del inicio de desbordamiento (alfa=2.4)

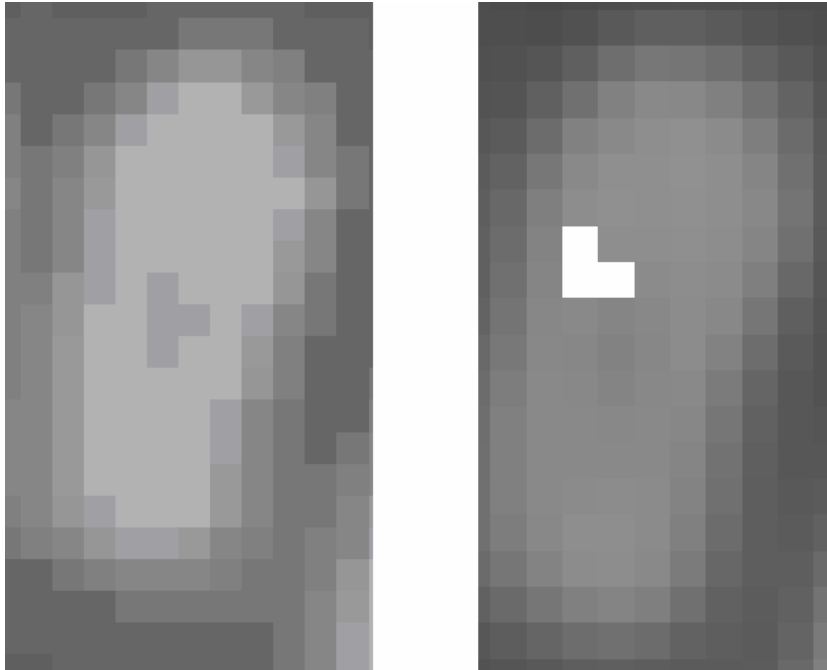


Fig. 28 – Zoom de la imagen original y del resultado de la segmentación (alfa=0.3)

Por último, mostremos los resultados de la segmentación 3D, extendiendo el crecimiento a todos los slices del estudio. Los resultados que se muestran a continuación pertenecen a la segmentación de tejido vascular presentada anteriormente. Dado el elevado número de slices que intervinieron en el crecimiento, tan sólo mostraremos aquellos más significativos y que evidencien la continuidad del crecimiento de forma lógica (figuras 29 a 45).

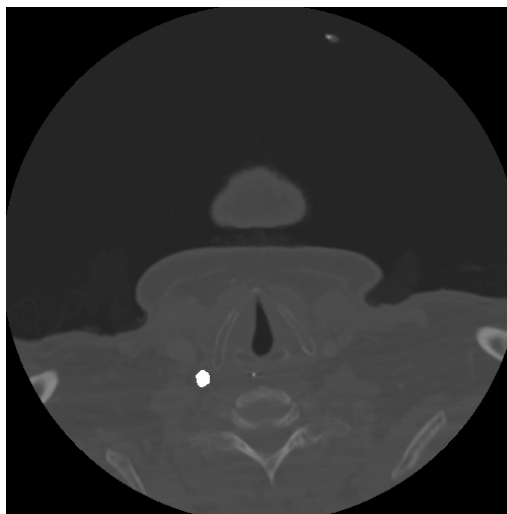


Fig. 29 - Slice 3

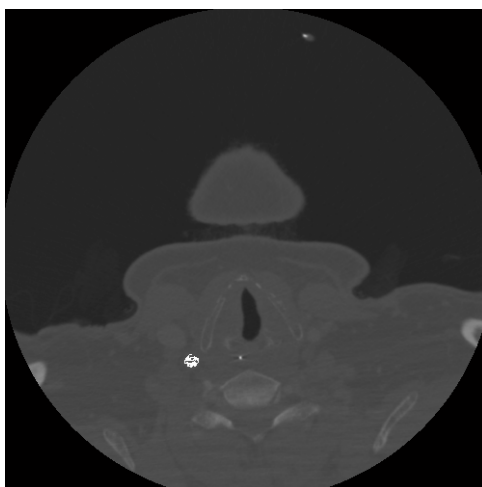


Fig. 30 - Slice 7

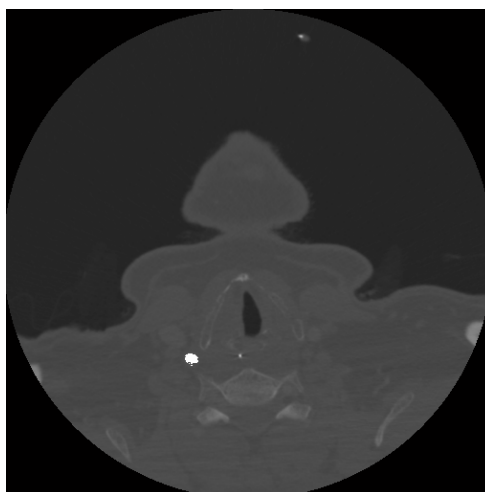


Fig. 31 - Slice 11

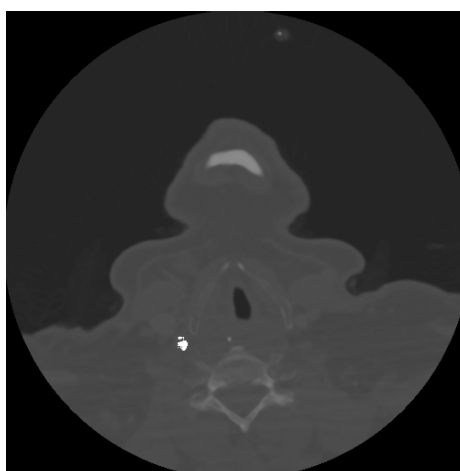


Fig. 32 - Slice 22

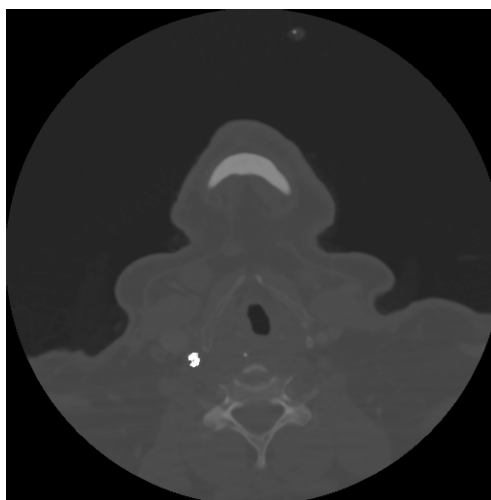


Fig. 33 - Slice 27

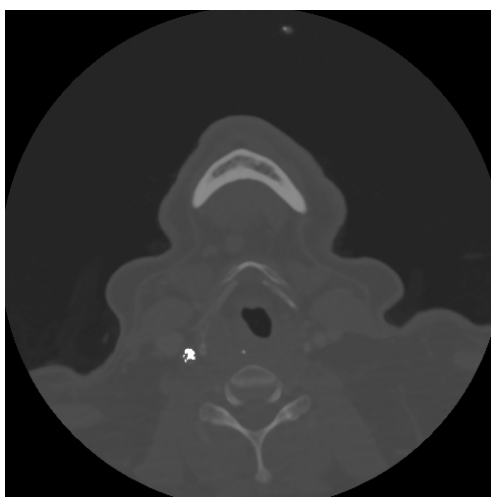


Fig. 34 - Slice 37

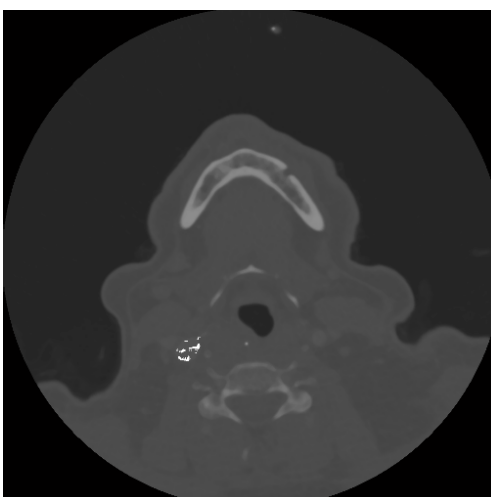


Fig. 35 - Slice 52

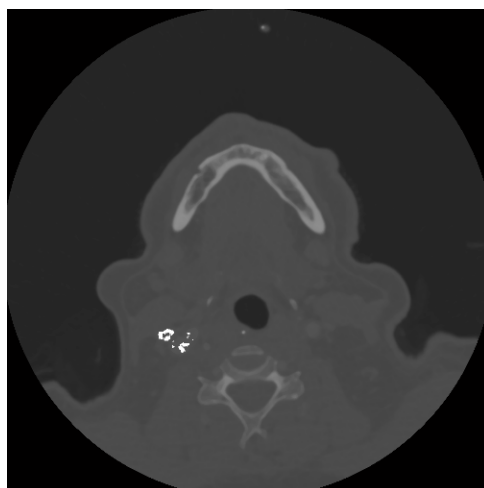


Fig. 36 - Slice 60

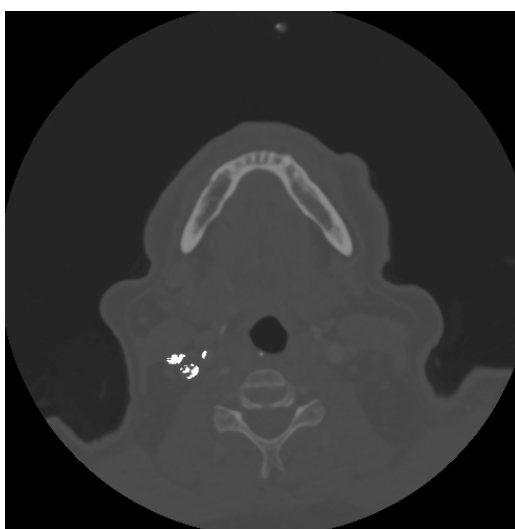


Fig. 37 - Slice 65

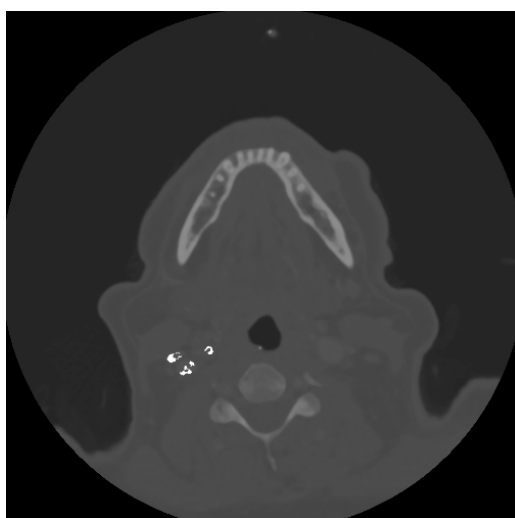


Fig. 38 - Slice 73

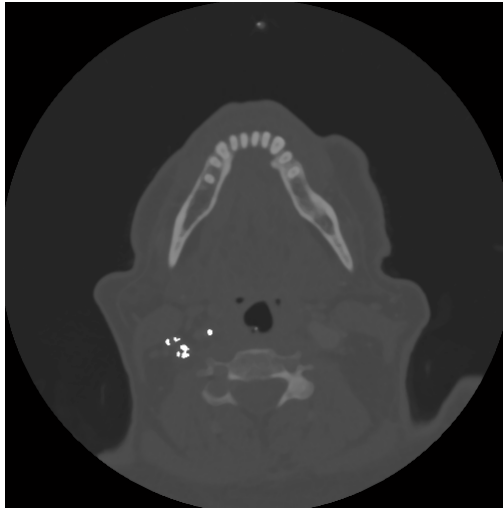


Fig. 39 - Slice 81

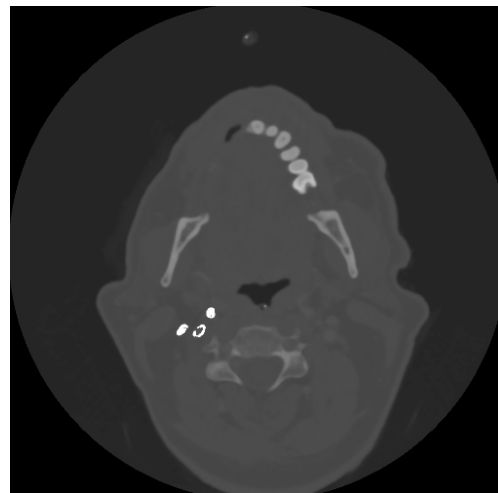


Fig. 40 - Slice 111

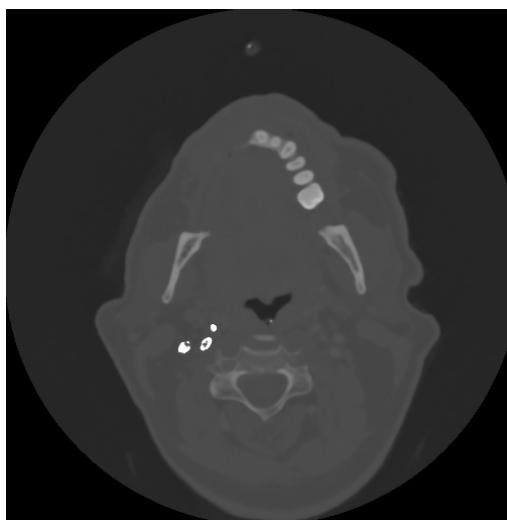


Fig. 41 - Slice 115

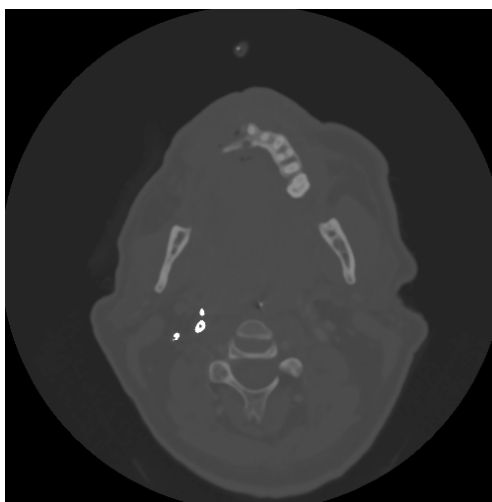


Fig. 42 - Slice 125

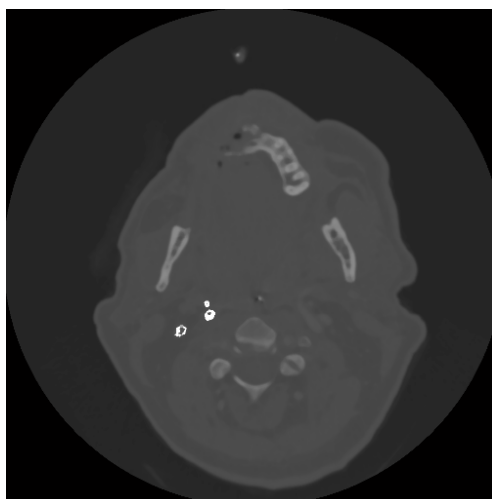


Fig. 43 - Slice 130

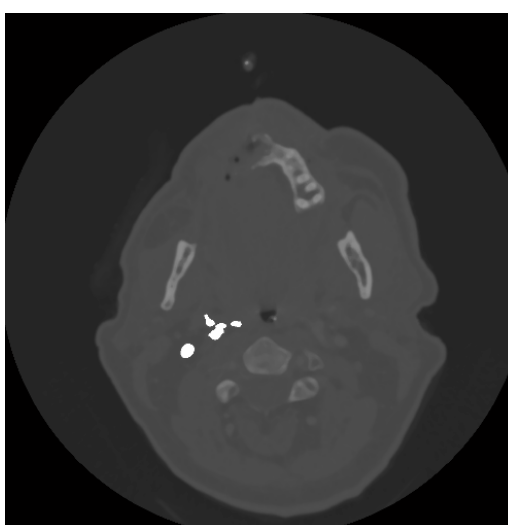


Fig. 44 - Slice 133

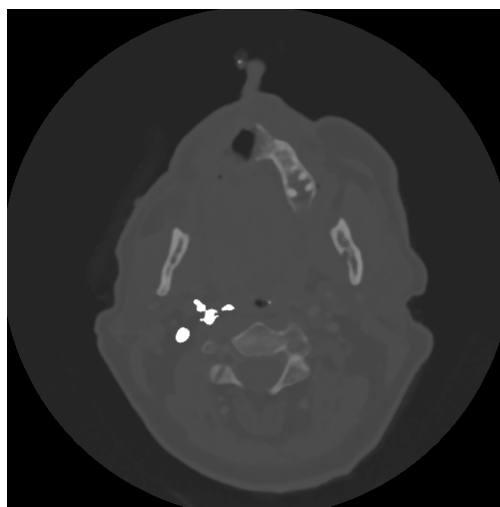


Fig. 45 - Slice 138